

Eckard Moll¹, Kerstin Flath², Ines Tessenow²

Julius Kühn-Institut

¹ Zentrale Datenverarbeitung

² Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Bewertung der Resistenz von Getreidesortimenten Planung und Auswertung der Versuche mit Hilfe der SAS-Anwendung RESI 2

Assessment of resistance in cereal cultivars
Design and analysis of experiments using
the SAS-application RESI 2



Berichte aus dem Julius Kühn-Institut

154

Kontaktadresse

Dr. Eckard Moll
Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Zentrale Datenverarbeitung
Stahnsdorfer Damm 81
14532 Kleinmachnow

Telefon +49 (0)33203 48-0
Telefax +49 (0)33203 48-425

Der Forschungsbereich des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) hat seit dem 1. Januar 2008 eine neue Struktur.

Die Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA), die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) sowie zwei Institute der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) wurden zum Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen zusammengeschlossen. Das Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) wurde aus der Bundesforschungsanstalt für Fischerei, der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft und aus Teilen der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft errichtet.

The research branch of the Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (BMELV) has been reorganized. The former Biological Research Centre for Agriculture and Forestry (BBA) has been merged with other institutions. The newly established Julius Kühn-Institut (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, is working on plant protection, plant breeding, crop and soil science. The Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) was created from the German Federal Research Centre for Fisheries, the German Federal Research Centre for Forestry and Forest Products and part of the German Federal Agricultural Research Centre.

Wir unterstützen den offenen Zugang zu wissenschaftlichem Wissen.

Die Berichte aus dem Julius Kühn-Institut erscheinen daher als OPEN ACCESS-Zeitschrift.

Alle Ausgaben stehen kostenfrei im Internet zur Verfügung:

<http://www.jki.bund.de> Bereich Veröffentlichungen – Berichte.

We advocate open access to scientific knowledge. Reports from the Julius Kühn-Institut are therefore published as open access journal. All issues are available free of charge under <http://www.jki.bund.de> (see Publications – Reports).

Herausgeber / Editor

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Braunschweig, Deutschland
Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Braunschweig, Germany

Verlag

Eigenverlag

Vertrieb

Saphir Verlag, Gutsstraße 15, 38551 Ribbesbüttel
Telefon +49 (0)5374 6576
Telefax +49 (0)5374 6577

ISSN 1866-590X

© Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, 2010

Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die der Übersendung, des Nachdrucks, des Vortrages, der Entnahme von Abbildungen, der Funksendung, der Wiedergabe auf fotomechanischem oder ähnlichem Wege und der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen, bleiben, auch bei nur auszugsweiser Verwertung, vorbehalten.

Inhaltsverzeichnis

Vorwort	7
1 Bemerkungen zur Geschichte	9
1.1 Die SAS/AF-Anwendung RESI	9
1.2 Zur Notwendigkeit RESI 2 zu entwickeln	9
2 Methodische Grundlagen	10
2.0 Vorbemerkung	10
2.1 Zur Bewertung der Resistenz	10
2.2 Versuchsanlagen	10
2.3 Bonitur des Befalls	11
2.4 Merkmal Fläche unter der Befallsverlaufskurve	11
2.5 Boniturnote	12
2.6 Versuchsauswertung	13
3 Struktur von RESI 2	14
4 Schadbilder	15
4.1 Getreidekrankheiten	15
4.2 Visualisierung der Symptome	15
4.3 Schätzen des Befalls	29
4.4 Befallsverlauf	30
4.5 Schätzen des Befalls mit Hilfe einer webgestützten Anwendung	30
5 Konstruktion eines randomisierten Lageplans	33
5.1 Notwendige Informationen zur Planung einer Versuchsanlage	33
5.1.1 Das Prüfsortiment	33
5.1.2 Wiederholungen und Standards	34
5.2 Randomisierter Lageplan	35
5.2.1 Entscheidung für das Modell der Versuchsanlage	35
5.2.2 Einfaktorielle randomisierte Blockanlage A-BI	35
5.2.3 Alpha-Anlage	36
5.2.4 Bemerkungen zur gelenkten gerechten Anordnung	36
5.3 Ausgabe eines Lageplans	37
6 Erfassen der Befallsdaten	42
6.1 Befallsschätzwerte mehrerer Boniturtermine je Parzelle	42
6.2 Kennzeichnung fehlender bzw. nicht in die Analyse einzubeziehender Werte	45
7 Auswertung eines Einzelversuchs	46
7.1 Notwendige Eingaben	46
7.2 Berechnen des mittleren Befalls	46
7.3 Auswirkungen der Kennzeichnung fehlender Werte auf die Analyse	49
7.4 Mittlerer Befall und statistische Analyse	50
7.4.1 Weitere Eingaben	50
7.4.2 Auszuwertendes Merkmal	51
7.4.3 Varianzanalyse	51
7.4.4 Mittelwertvergleiche	53
7.4.4.1 Bemerkungen zur Wahl des Simulate-Verfahrens	53
7.4.4.2 Vergleich der Prüfglieder untereinander	54
7.4.4.3 Alle Vergleiche zum Versuchsmittel	56
7.4.4.4 Vergleich der Prüfglieder zu einem Standard	58
7.4.4.5 Unterschiedliche Breite der Konfidenzintervalle bei den paarweisen Vergleichen aller Prüfglieder untereinander und der Vergleiche der Prüfglieder zu einem Standard	59
7.4.5 Die Ausgabedateien	59

8	Auswertung einer Versuchsserie	63
8.1	Zusammenführung von Einzelversuchen zur Versuchsserie	63
8.1.1	Die Versuche einer Serie	63
8.1.2	Korrekturmöglichkeit für die zusammenzustellende Serie	63
8.1.3	Eigenschaften und Eingaben zur Analyse einer Versuchsserie	64
8.2	Beispiel für eine Versuchsserie aus einfaktoriellen Blockanlagen an einem Ort und in mehreren Jahren	65
8.2.1	Die Befallsdaten	65
8.2.2	Analyse der Versuchsserie: 1 Ort, Jahre zufällig	66
8.2.2.1	Mittelwerte und Varianzanalyse	66
8.2.2.2	Mittelwertvergleich: alle paarweisen Vergleiche untereinander	68
8.2.2.3	Mittelwertvergleich: Vergleiche zu einem Standard	69
8.2.2.4	Ausgabe der Boniturnoten	69
8.2.3	Analyse der Versuchsserie: 1 Ort, Jahre fix	69
8.2.3.1	Mittelwerte und Varianzanalyse	69
8.2.3.2	Mittelwertvergleich: alle paarweisen Vergleiche untereinander	71
8.2.3.3	Mittelwertvergleich: Vergleiche zu einem Standard	73
8.2.3.4	Ausgabe der Boniturnoten	74
8.3	Versuchsserie aus einfaktoriellen Blockanlagen an mehreren Orten und in mehreren Jahren	75
8.3.1	Bemerkungen zur Abfolge der Mittelwertvergleiche der fixen Effekte	75
8.3.2	Die Befallsdaten eines Demonstrationsbeispiels	76
8.3.3	Analyse der Versuchsserie: Orte zufällig, Jahre zufällig	78
8.3.3.1	Mittelwerte und Varianzanalyse	78
8.3.3.2	Mittelwertvergleich: alle paarweisen Vergleiche untereinander	80
8.3.3.3	Mittelwertvergleich: Vergleiche zu einem Standard	81
8.3.3.4	Ausgabe der Boniturnoten	81
8.3.4	Analyse der Versuchsserie: Orte zufällig, Jahre fix	81
8.3.5	Analyse der Versuchsserie: Orte fix, Jahre zufällig	84
8.3.6	Analyse der Versuchsserie: Orte fix, Jahre fix	87
8.4	Bemerkungen zur Analyse einer Serie aus einfaktoriellen Alpha-Anlagen oder Einzelversuchen, die in vollständigen Blocks und Alpha Anlagen angelegt sind	90
8.5	Kompromiss der Analyse einer Serie aus Einzelversuchen des gleichen Modells mit einem zufälligen Faktor Orte und/oder Jahre in puncto Rechenzeit	91
8.6	SAS-Umsetzung der Modelle mit PROC MIXED	91
8.6.1	Zur varianzanalytischen Auswertung einer Versuchsserie	91
8.6.2	Modell: 1 Jahr, Orte fix	93
8.6.3	Modell: 1 Jahr, Orte zufällig	94
8.6.4	Modell: 1 Ort, Jahre fix	95
8.6.5	Modell: 1 Ort, Jahre zufällig	96
8.6.6	Modell: Orte fix, Jahre fix	97
8.6.7	Modell: Orte fix, Jahre zufällig	98
8.6.8	Modell: Orte zufällig, Jahre fix	98
8.6.9	Modell: Orte zufällig, Jahre zufällig	99
9	SAS/AF-Anwendung RESI 2 – ein geschlossenes System	101
10	Installation der SAS/AF-Anwendung RESI 2	102
10.1	Umfang der SAS/AF-Anwendung RESI 2	102
10.2	Voraussetzung: SAS	102
10.3	Lokale Installation von RESI 2	102
10.4	Client-Server-Installation von RESI 2	103
10.4.1	Einrichtung des Servers	103
10.4.2	Client-Installation	103

11	RESI 2 - Kurzübersicht	104
11.1	Zu den methodischen Grundlagen	104
11.2	Schadbilder	104
11.3	Konstruktion eines randomisierten Lageplans	104
11.4	Erfassen der Befallsdaten	104
11.5	Auswertung eines Einzelversuchs	105
11.5.1	Eingaben	105
11.5.2	Auswertung: Berechnung des mittleren Befalls	105
11.5.3	Auswertung: mittlerer Befall und statistische Analyse	105
11.5.3.1	Weitere Eingaben	105
11.5.3.2	Auszuwertendes Merkmal, Varianzanalysemodell und Tests	105
11.5.3.3	Boniturnoten	106
11.5.3.4	Ausgaben	106
11.6	Auswertung einer Versuchsserie	106
11.6.1	Eingaben	106
11.6.2	Auszuwertendes Merkmal, Varianzanalysemodell und Tests	107
11.6.3	Boniturnoten	107
11.6.4	Ausgaben	107
	Literatur	108

Vorwort

RESI 2 ist eine SAS/AF[®]-Anwendung zur Bewertung der Widerstandsfähigkeit von Getreidesortimenten gegen Schadorganismen. Sowohl die grafische Oberfläche von RESI 2 als auch alle Programme sind in SAS[®] entwickelt worden. Der Nutzer merkt davon nichts, außer, dass SAS[®] lizenziert sein muss. Er kommt mit SAS[®] selbst nicht in Berührung. Für ihn ist wichtig, dass der Leistungsumfang von SAS[®] im Hintergrund genutzt wird. Hinter der grafischen Oberfläche von RESI 2 verbergen sich eine Vielzahl von Programmen, die alle zur Bewertung der Resistenz von Getreidesortimenten erforderlichen Teilbereiche

- Konstruktion randomisierter Lagepläne,
- Ausgabe von Strukturen zur einfachen Datenerfassung,
- Unterstützung bei der Schätzung des Befalls,
- Auswertung eines einzelnen Versuchs und
- Auswertung einer Versuchsserie.

vereinen.

Die Entwicklung von RESI 2 umfasste mehrere Jahre. Mehr als zwei Jahre entfallen davon auf die sehr aufwändige Konstruktion der Schadbilder. Kann man aber von einer Software – zumal von einer derart komplexen – sagen, dass sie fertig ist? Wohl kaum. Die einzelnen Programme sind getestet, auch ihr Zusammenspiel unter der grafischen Oberfläche, die der Nutzer wahrnimmt. Aber erst der praktische mehrjährige Einsatz kann zeigen, ob und wo eventuelle Änderungen erforderlich sind. Deshalb ist die Aufmerksamkeit des Nutzers gefragt und erforderlich.

Die vorliegende Beschreibung soll dem Nutzer helfen, RESI 2 anzuwenden. Sie kann aber nicht nur die Bedienung des Programmsystems beinhalten, sondern muss auch den fachlichen Gesichtspunkt der Bewertung der Resistenz berücksichtigen. Gleichfalls ist es notwendig, an einigen Stellen näher auf die Umsetzung mit SAS[®] einzugehen da zur Planung und zur statistischen Analyse leistungsstarke SAS[®]-Prozeduren eingesetzt werden, deren Verwendung für SAS[®]-Kundige interessant ist.

Für die Durchsicht dieses Heftes und für ihre Anregungen bedanken sich die Autoren herzlich bei Herrn Dr. Krüger, Landesamt für Verbraucherschutz, Landwirtschaft und Flurneuordnung des Landes Brandenburg, Herrn Rentel, Bundessortenamt, und für die Durchsicht der Modelle im Kap. 8.6 bei Herrn Prof. Dr. Piepho, Universität Hohenheim.

1 Bemerkungen zur Geschichte

1.1 Die SAS/AF-Anwendung RESI

Die Entwicklung der SAS/AF®-Anwendung RESI begann Mitte der 1990er Jahre unter der DOS-Version von SAS, SAS 6.04. Sie entstand aus einer engen Zusammenarbeit zwischen der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) und der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) (MOLL u.a. 1996).

Es sollten die methodischen Richtlinien zur Bewertung der Resistenz von Sorten bzw. Linien unter Berücksichtigung epidemiologischer Aspekte softwareseitig von der Versuchsplanung bis zur Versuchsauswertung realisiert werden.

Mit dem Wechsel der SAS®-Versionen wurden auch Programmänderungen und –erweiterungen vorgenommen. Diese wurden mit der Zeit eher weniger, Versionsanpassungen waren dafür notwendiger. So wurde RESI für die Versionen SAS 6.08 (unter MS-Windows), SAS 6.10, SAS 6.11 und SAS 6.12 angepasst. Die letzte Version unter SAS 6.12 lief unverändert viele Jahre, bis Anfang 2009 SAS 6.12 abgeschaltet wurde. Das Eröffnungsbild dieser Version zeigt die Abb. 1.

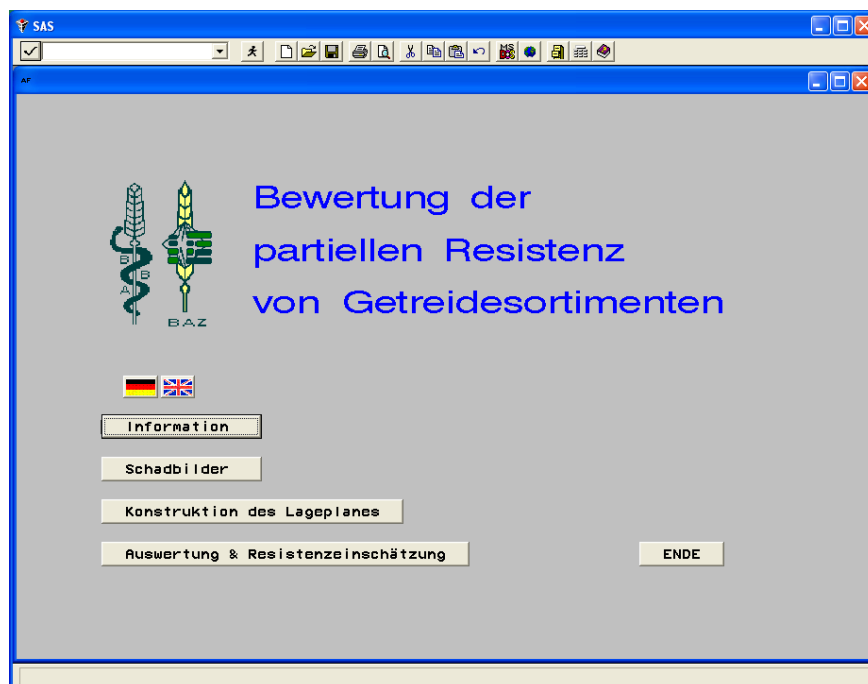


Abb. 1:
Eröffnungsbildschirm der
SAS/AF-Anwendung RESI für
SAS 6.12

Aus der langjährigen erfolgreichen Zusammenarbeit resultierten einige Veröffentlichungen. Die beiden umfassendsten darunter sind MOLL u.a. (1996) und MOLL u.a. (2000). Auf mehrere nationale und internationale Vorträge kann verwiesen werden. Als Auswahl sollen FLATH u.a. (1997), MOLL und FLATH (1998) sowie FLATH und MOLL (2000) genannt werden.

1.2 Zur Notwendigkeit RESI 2 zu entwickeln

Um eine langjährig genutzte und bewährte Software völlig neu zu entwickeln, muss es triftige Gründe geben. Die gab es gleich mehrfach. Ein äußerer Zwang war die Tatsache, dass „ältere“ SAS/AF®-Anwendungen in der Regel nicht von SAS 6.x auf SAS 8.x oder SAS 9.x übernommen werden können. Die Überarbeitung und Anpassung muss auf der Ebene der Programme vorgenommen werden und das war z.T. sehr aufwändig. Von Vorteil sind bei der Neuprogrammierung die in den Nachfolgeversionen von SAS 6.12 verwendeten ODS-Ausgabemöglichkeiten. Das Output Delivery System (ODS) gestattet es, die SAS-Ausgaben in Dateien abzulegen und die Ausgabe der Ergebnisse für den Nutzer anzupassen.

Ein weiterer Grund war, die in die SAS/AF[®]-Anwendung RESI aufgenommenen handgezeichneten Schadbilder auszutauschen. Sie wurden damals mit viel Aufwand erstellt, entsprechen aber nicht dem Befall, den sie veranschaulichen sollten. Zudem war es notwendig, die Planung der Versuchsanlage nicht nur auf die einfaktorielle randomisierte vollständige Blockanlage zu begrenzen, sondern sie um eine Anlage mit unvollständigen Blocks zu ergänzen, weil das zu prüfenden Sortiment häufig mehr als 20 Sorten bzw. Linien umfasst. Das hat wiederum Auswirkungen auf die statistischen Analysen des Einzelversuchs und der Versuchsserie. Letztlich bietet eine Neuentwicklung auch die Möglichkeit, die Erweiterungen der statistischen SAS-Prozeduren wie Proc Mixed, neue Entwicklungen bei den multiplen Mittelwertvergleichen und andere SAS-Neuerungen anzuwenden. Notwendig war zudem die Entwicklung einer neuen grafischen Oberfläche für die SAS/AF-Anwendung RESI 2, um alle Schätz-, Planungs- und Auswertungsteile ansprechen zu können.

2 Methodische Grundlagen

2.0 Vorbemerkung

Die folgenden Ausführungen zur methodischen Anleitung entsprechen denen von WALTER u.a. (2000) und werden hier der Vollständigkeit halber gekürzt übernommen und bei den Versuchsanlagen um die Anlage mit unvollständigen Blocks erweitert.

2.1 Zur Bewertung der Resistenz

Zur Bewertung der Resistenz ist die Krankheitsentwicklung an den Pflanzen zu erfassen. Dazu gehören der Befallsbeginn, die Befallsstärke (als mittlerer Befall aus der Fläche unter der Befallsverlaufskurve ermittelt) sowie die Höhe des Endbefalls.

Die Vergabe einer Boniturnote zum Zeitpunkt der deutlichsten Befallsdifferenzierung erfasst die Resistenz nur unvollständig. Unterschiedliche Prüfmethode erschweren darüber hinaus das Auswerten der Ergebnisse durch die Nutzer und komplizieren Vergleiche zwischen verschiedenen Krankheiten. Die vorliegende Methodik basiert deshalb auf der Fläche unter der Befallsverlaufskurve als Merkmal für die Beschreibung der Resistenz.

2.2 Versuchsanlagen

Bedingt durch die Eigenvariabilität der Resistenz sollten mindestens vier Wiederholungen geplant werden. Der Anbau der Prüfglieder erfolgt in Versuchsanlagen mit Blocks, die entweder aus Mikroparzellen mit 90 bis 120 cm langen Reihen im Abstand von 20 bis 25 cm oder aus Horstparzellen mit einem Durchmesser von 40 bis 50 cm bestehen. Zur Erzeugung eines ausreichenden Infektionsdrucks können speziell bei luftbürtigen Pathogenen Streifen anfälliger Sorten oder Linien mit unterschiedlichen Sporulationszeitpunkten (frühe, mittlere und späte Befallsentwicklung) zwischen den Prüfgliederparzellen angelegt werden. Sie sollten in der Hauptwindrichtung auf jedem zweiten Weg bzw. im Abstand von 3 bis 4 m ausgesät werden (Abb. 2).

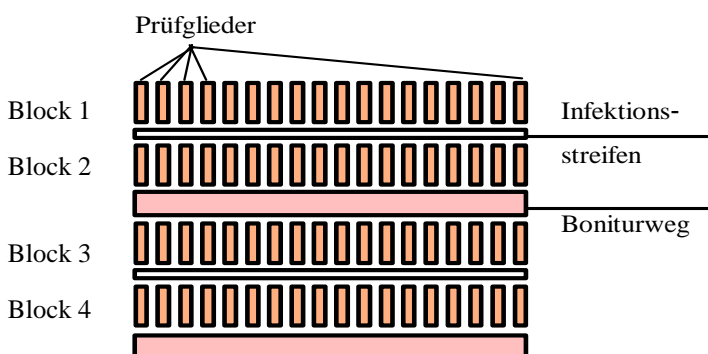


Abb. 2: Versuchsanlage (Anlage in vollständigen Blocks)

Zur Einschätzung des Resistenzniveaus wird empfohlen, zusätzliche Standards einzubeziehen. Das können ein resistenter und/oder anfälliger Standard sein. Für Versuche, die an mehreren Orten und sogar in unterschiedlichen Ländern durchgeführt werden, empfiehlt sich zusätzlich die Verwendung eines lokalen Standards. Diese Standards werden in Anlehnung an die Versuchsplanung der Dunnett-Prozedur häufiger wiederholt, zumal mehrjährige Untersuchungen (WALTER 1988) belegen, dass die Rangfolge der Sorten innerhalb eines Sortimentes und bezogen auf einen Standard nahezu konstant ist.

Im Versuchswesen werden Blocks gebildet, um die auf die Sorten bzw. Linien (Prüfglieder) wirkenden störenden Einflüsse (z.B. Bodeneigenschaften) innerhalb der Blocks möglichst konstant zu halten. Während in jedem Block einer Anlage in vollständigen Blocks alle Prüfglieder einmal vorkommen, ist in jedem Block einer Anlage in unvollständigen Blocks nur eine (zufällige) Auswahl von Prüfgliedern zu finden. Es gibt mehrere Versuchsanlagen mit unvollständigen Blocks. In der SAS/AF®-Anwendung RESI 2 werden Alpha-Anlagen, Anlagen in unvollständigen Blocks bei denen jedes Prüfglied gleich oft wiederholt wird, konstruiert. Hinweise zur Konstruktion solcher Anlagen sind bei RASCH u.a. (1996, Verfahren 1/21/4160) und THOMAS (2005, S. 176 ff) zu finden.

Standards werden häufiger als die anderen Prüfglieder wiederholt. Bei der Konstruktion einer Versuchsanlage werden sie deshalb zunächst wie unterschiedliche Prüfglieder behandelt, randomisiert und danach als Standard umbezeichnet. Sind bei Anlagen mit unvollständigen Blocks Standards anzulegen, werden dafür zusätzlich auch solche konstruktionsbedingten frei bleibenden Parzellen genutzt, so dass dann die rechteckige Struktur erhalten bleibt und keine freien Parzellen auftreten.

2.3 Bonitur des Befalls

Bei der Resistenzbewertung von großen Prüfsortimenten im Freiland ist es aus Zeitgründen nicht möglich, Einzelpflanzenbonituren durchzuführen. Deshalb wird jede Parzelle als Gesamtheit bezüglich der Resistenz bewertet. Dazu wird der Befall als prozentualer Anteil befallener Blattfläche bzw. befallener Ähren geschätzt. Solche Schätzungen können nur von geringer Genauigkeit sein und sind zudem noch stark vom Boniturzeitpunkt abhängig. Um den Krankheitsverlauf zu erfassen, müssen mehrere Bonituren in zeitlichen Abständen durchgeführt werden, so dass in Abhängigkeit von der Länge der Pathogenese mehrere Boniturwerte für jede Parzelle vorliegen. Mindestens dreimal sollte der Befall eingeschätzt werden.

2.4 Merkmal Fläche unter der Befallsverlaufskurve

Zur Einschätzung der Resistenz ist nicht ein Zeitpunkt, sondern der Befallsverlauf entscheidend. Zwei Bonituren können den Befallsverlauf nur sehr ungenau beschreiben, d.h. das würde ohne Verlaufsberücksichtigung nur auf den Mittelwert der beiden geschätzten Prozentwerte hinaus laufen. Deshalb sollten unbedingt drei oder mehr Schätzungen des Befalls für jede Parzelle vorgenommen werden (Abb. 3).

Ein Schätzwert für den mittleren Befall wird bei mehreren Bonituren „besser“, da er aus der Fläche unter der Befallsverlaufskurve (Abb. 4) berechnet wird. So entspricht beispielsweise der Wert 16,77 % aus der Abb. 4 einem mittleren Befall eines Teilstücks mit den einzelnen Befallsschätzungen von 5 %, 10 %, 20 %, 20 % und 30 % unter Berücksichtigung der einzelnen Boniturabstände. Der so berechnete Wert für den mittleren Befall jeder Parzelle, die Fläche unter der Befallsverlaufskurve, ist das auszuwertende Merkmal.

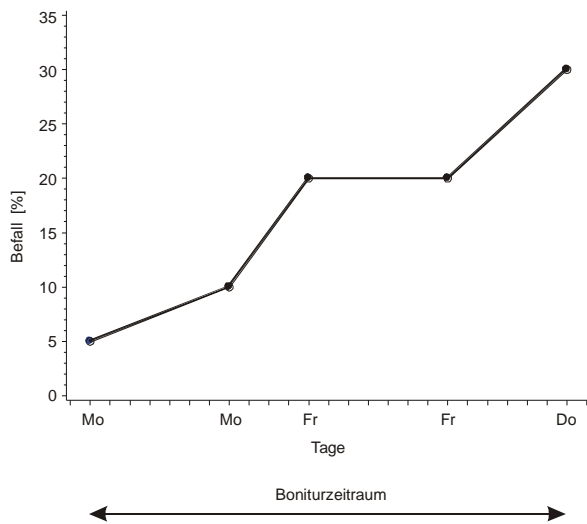


Abb. 3: Befallsverlauf

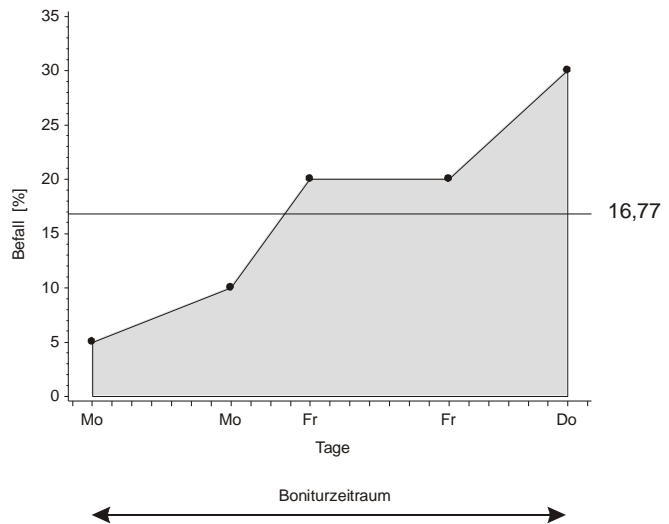


Abb. 4: Fläche unter der Befallsverlaufskurve

2.5 Boniturnote

Unabhängig von jedweder statistischen Analyse wird für jede Sorte oder Linie aus dem mittleren Befall des Prüfgliedes eine Boniturnote berechnet. Das ist deshalb notwendig, weil die Bewertung der Resistenz traditionell auf der Grundlage einer neunstufigen Boniturskala erfolgte und eine Vergleichbarkeit ermöglicht werden soll.

In Abhängigkeit vom Schadorganismus kann die zugrunde gelegte Boniturskala von logarithmischer oder linearer Einteilung sein. Diese Entscheidung muss der Versuchsansteller entsprechend seiner Aufgabenstellung spätestens zum Zeitpunkt der Auswertung der Einzelversuche treffen. Die beiden in Frage kommenden Skalen sind hier nachstehend noch einmal aufgeführt:

logarithmische Boniturskala			lineare Boniturskala		
Bonitur-note	mittlerer Befall		Bonitur-note	mittlerer Befall	
1	0	0,73 *	1	0	
2	>0,73	1,92	2	>0	12,5
3	>1,92	3,90	3	>12,5	25,0
4	>3,90	7,15	4	>25,0	37,5
5	>7,15	12,53	5	>37,5	50,0
6	>12,53	21,39	6	>50,0	62,5
7	>21,39	36,03	7	>62,5	75,0
8	>36,03	60,17	8	>75,0	87,5
9	>60,17	100	9	>87,5	100

* kein Befall bis Spuren

Die lineare Skala entsteht durch Teilung des Bereichs von 0 % bis 100 % in 8 gleich große Teile zuzüglich einer Klasse für keinen Befall. Der logarithmischen Skala liegt eine geometrische Reihe zugrunde (BOLLE 1965, MOLL 1981). Um aus den mittleren Werten für jedes Prüfglied Boniturnoten zu berechnen, werden die folgenden Vorschriften eingesetzt

logarithmische Skalierung: $Boniturnote = 1 + \log_{1,65} (0.5433 * Befall + 0.60606)$

lineare Skalierung: $Boniturnote = 1 + Befall/12.5$

Es ist zu erkennen, dass die Klassengrenzen der logarithmischen Skala reelle Zahlen sind, die je nach gewünschter Genauigkeit mit der entsprechender Anzahl Dezimalstellen angegeben werden können. Die

Klassengrenzen der obigen logarithmischen Skala sind für den praktischen Einsatz auf zwei Dezimalstellen gerundet.

2.6 Versuchsauswertung

Statistisch ausgewertet wird zum einen jeder einzelne Versuch und zum anderen die zu einer Versuchsserie zusammen gefassten Einzelversuche unter Berücksichtigung der Wechselwirkungen zwischen den zu prüfenden Sorten oder Linien und den Umwelten, die aus den Versuchsorten und Versuchsjahren gebildet werden. Das Merkmal ist der mittlere Befall jeder Parzelle.

Mit der Berücksichtigung zusätzlicher Standards im Versuchsplan, die häufiger als die anderen Prüfglieder wiederholt werden, bietet sich beim Vergleich zu einem Standard die Dunnett-Prozedur als Testverfahren an. Bei mehreren Standards würde die Tukey-Prozedur als Testverfahren heranzuziehen sein. Das Problem ist, dass mit Standards eine Unbalanziertheit konstruiert wird. Bei zunehmender Unbalanziertheit sind die Überschreitungswahrscheinlichkeiten der Tukey-Prozedur und Dunnett-Prozedur nur approximativ gültig. Das lässt sich mit Hilfe der Hayter-Bedingung prüfen. Erste Versuchsauswertungen mit Praxisdaten zeigten bereits, dass die mit Hilfe des SAS-Macros von SCHUMACHER und WEIMER (2006a) berechneten Hayter-Zahlen die Hayter-Bedingung für Modelle mit „Ein-Weg-Struktur“ nicht erfüllen. Die Anwendung der Tukey- und Dunnett-Test-Prozedur ist als nicht mehr zulässig anzusehen, weil sie das multiple Signifikanzniveau nur noch approximativ einhalten. Beide Autoren (2006b) favorisieren das Simulate-Verfahren. Es zeigt sich auch im Vergleich mit anderen Testverfahren als das trennschärfste.

Das Simulate-Verfahren ist ein exaktes Verfahren, das auf der Basis häufig gezogener Zufallsstichproben die Verteilung der kritischen Quantile zur Einhaltung des versuchsbezogenen Signifikanzniveaus für das zugrunde gelegte Modell simuliert. Die Entscheidung für dieses Verfahren

- bei nur einem Standard analog zur Dunnett-Prozedur die Vergleiche zum Standard oder
- bei mehreren Standards oder keinem Standard analog zur Tukey-Prozedur alle paarweisen Vergleiche

durchzuführen, resultiert nicht nur aus der konstruierten Unbalanziertheit, sondern auch aus der zu erwartenden Varianzinhomogenität. Das Merkmal „Fläche unter der Befallsverlaufskurve je Parzelle“ kann trotz seiner besseren Metrik die Eigenschaften von Prozentwerten, aus denen es berechnet wurde, nicht leugnen. Im Allgemeinen streuen die Werte im unteren und oberen Bereich weniger als im mittleren Bereich.

Das Simulate-Verfahren ist das Testverfahren, das auch bei der Analyse der Versuchsserie genutzt wird. Dort spitzen sich die bereits genannten Probleme der Unbalanziertheit und Varianzheterogenität noch zu.

3 Struktur von RESI 2

SAS/AF[®]-Anwendungen für Aufgabenstellungen aus dem Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) sind äußerst selten. Die Entwicklung einer solcher Anwendung wird erst effektiv durch den Aufbau einer grafischen Benutzeroberfläche genau für die spezielle Aufgabenstellung. Diese grafische Oberfläche besteht aus mehreren Bildschirmen, die fallweise aktiviert werden. Je nach Erfordernis können auf einem Bildschirm für unterschiedliche Aspekte verschiedene Fragestellungen behandelt werden. Das bewirken Eingaben, die der Nutzer vornimmt. Softwareseitig liegt dafür hinter jedem Bildschirm ein SCL-Programm. Je nach Vorgaben des Nutzers werden auch diverse SAS-Programme und übersetzte SAS-Macros angesprochen. Vorteile für den Nutzer sind, dass er keinerlei SAS-Kenntnisse braucht und mit wenigen Eingaben z.T. aufwändig erarbeitete und getestete SAS-Programme ablaufen lässt.

Der Eröffnungsbildschirm der SAS/AF[®]-Anwendung RESI 2 (Abb. 5) zeigt die Wahlmöglichkeiten

- Methoden,
- Schadbilder,
- Konstruktion eines randomisierten Lageplans,
- Auswertung eines Einzelversuchs und
- Auswertung einer Versuchsserie.



Abb. 5:
Eröffnungsbildschirm
von RESI 2

Unter Methoden werden die Versuchsanlage und die auszuwertenden Daten genannt bzw. kurz erläutert sowie ein kurzer Hinweis zur statistischen Analyse gegeben.

Die anderen vier Wahlmöglichkeiten werden in den folgenden Kapiteln näher vorgestellt.

4 Schadbilder

4.1 Getreidekrankheiten

Folgende pilzliche Krankheiten im Getreide werden betrachtet:

- | | |
|---|----|
| • <i>Blumeria graminis</i> (DC.) E.O. Speer f. sp. <i>tritici</i> Em. Marchal (Echter Mehltau des Weizens) | EW |
| • <i>Blumeria graminis</i> (DC.) E.O. Speer f. sp. <i>hordei</i> Em. Marchal (Echter Mehltau der Gerste) | EG |
| • <i>Pyrenophora teres</i> Drechs. (Netzfleckenkrankheit der Gerste) | NE |
| • <i>Septoria tritici</i> Roberge in Desmaz., <i>Stagonospora nodorum</i> (Berk.) Castell. & E.G. Germano (Septoria-Blattdürre des Weizens, Stagonospora-Blattbräune des Weizens) | BB |
| • <i>Stagonospora nodorum</i> (Berk.) Castell. & E.G. Germano (Stagonospora-Spelzenbräune des Weizens) | SB |
| • <i>Fusarium culmorum</i> (W.G. Smith) Sacc., <i>Fusarium graminearum</i> Schwabe (Partielle Weißährigkeit des Weizens) | FU |
| • <i>Puccinia striiformis</i> Westend. (Gelbrost des Weizens) | GR |
| • <i>Puccinia triticina</i> Eriks., <i>Puccinia hordei</i> Otth (Braunrost des Weizens, Zwergrost der Gerste) | BR |
| • <i>Rhynchosporium secalis</i> (Oudem.) J. J. Davis (Rhynchosporium-Blattkrankheit der Gerste) | RH |
| • <i>Pyrenophora tritici-repentis</i> (Died.) Drechs. (Pyrenophora-Blattdürre des Weizens) | DT |

Die rechts stehende Kurzform dient der projektinternen einheitlichen Speicherung aller Informationen und Bilder zu der jeweiligen Krankheit.

4.2 Visualisierung der Symptome

Für die o.g. Krankheiten werden konstruierte Schadbilder zu 11 konkreten Befallswerten und je eine Aufnahme natürlicher Befallssymptome abgebildet (Abb. 6).

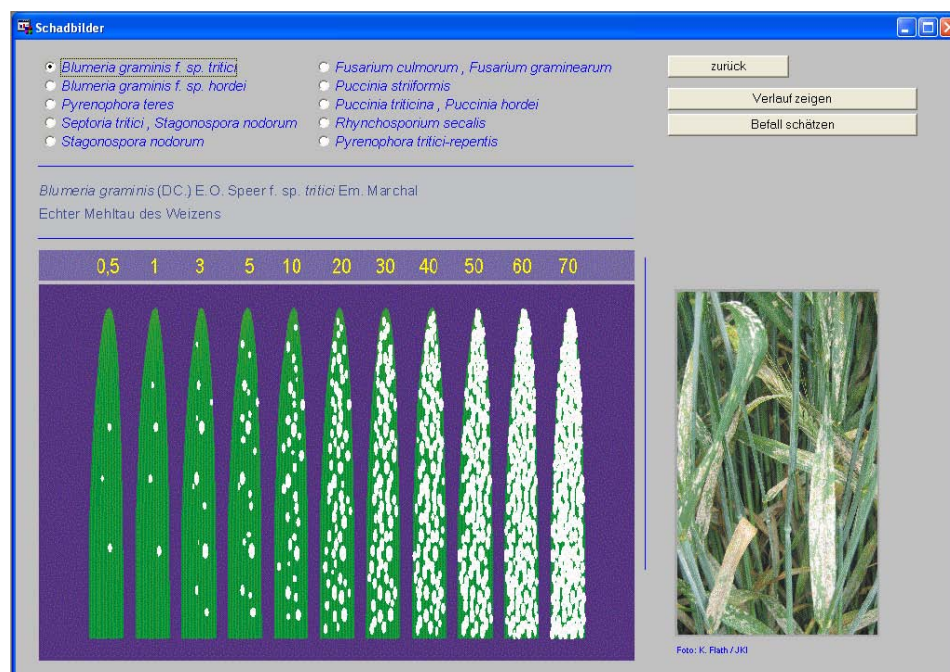
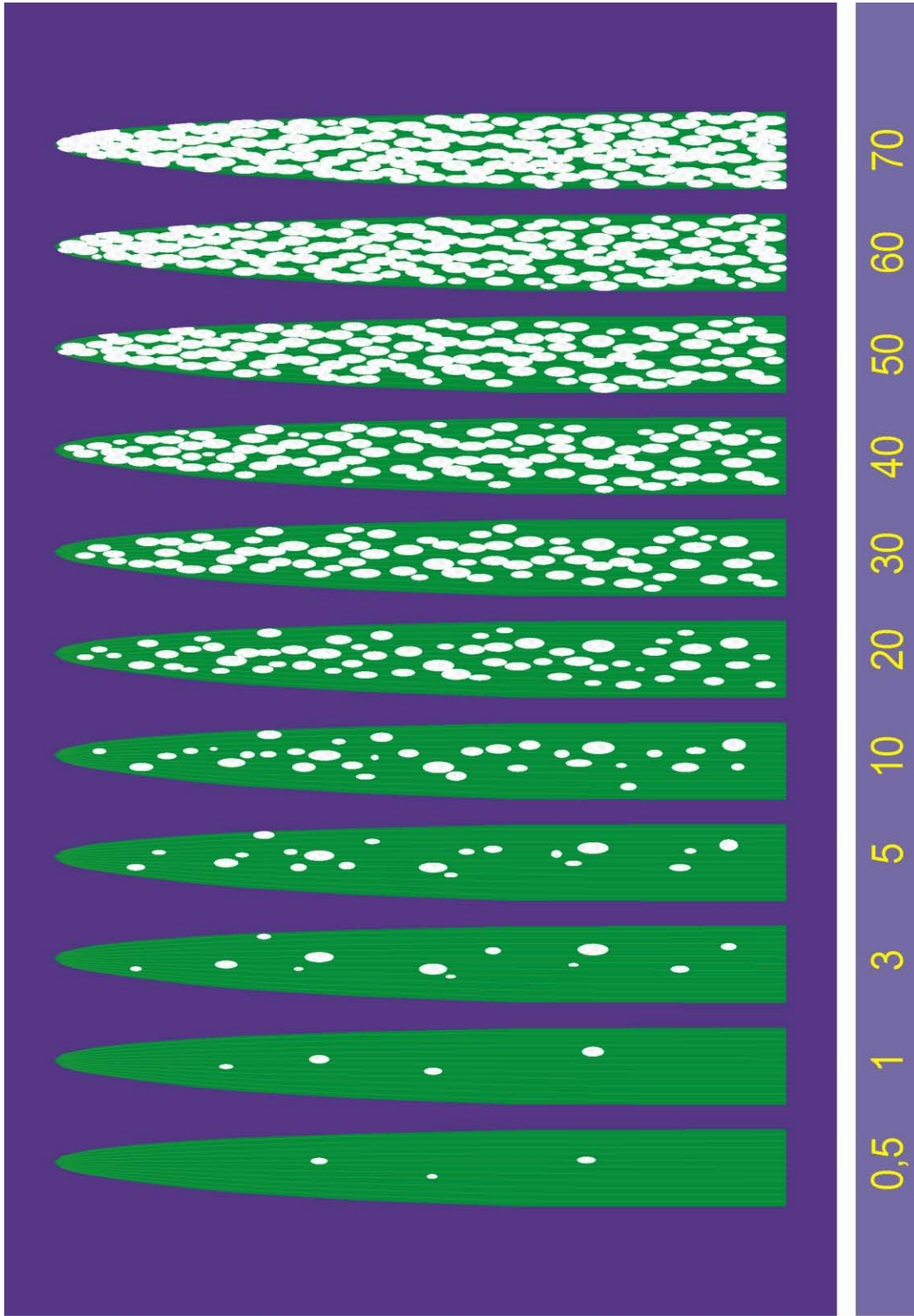


Abb. 6: Schadbilder mit konstruiertem unterschiedlichen und natürlichem Befall für verschiedene Getreidekrankheiten

Konstruiert haben die vielen einzelnen Schadbilder E. Moll, R. Gewinnus, L. Preuss, I. Tessenow und S. Weissenberg.

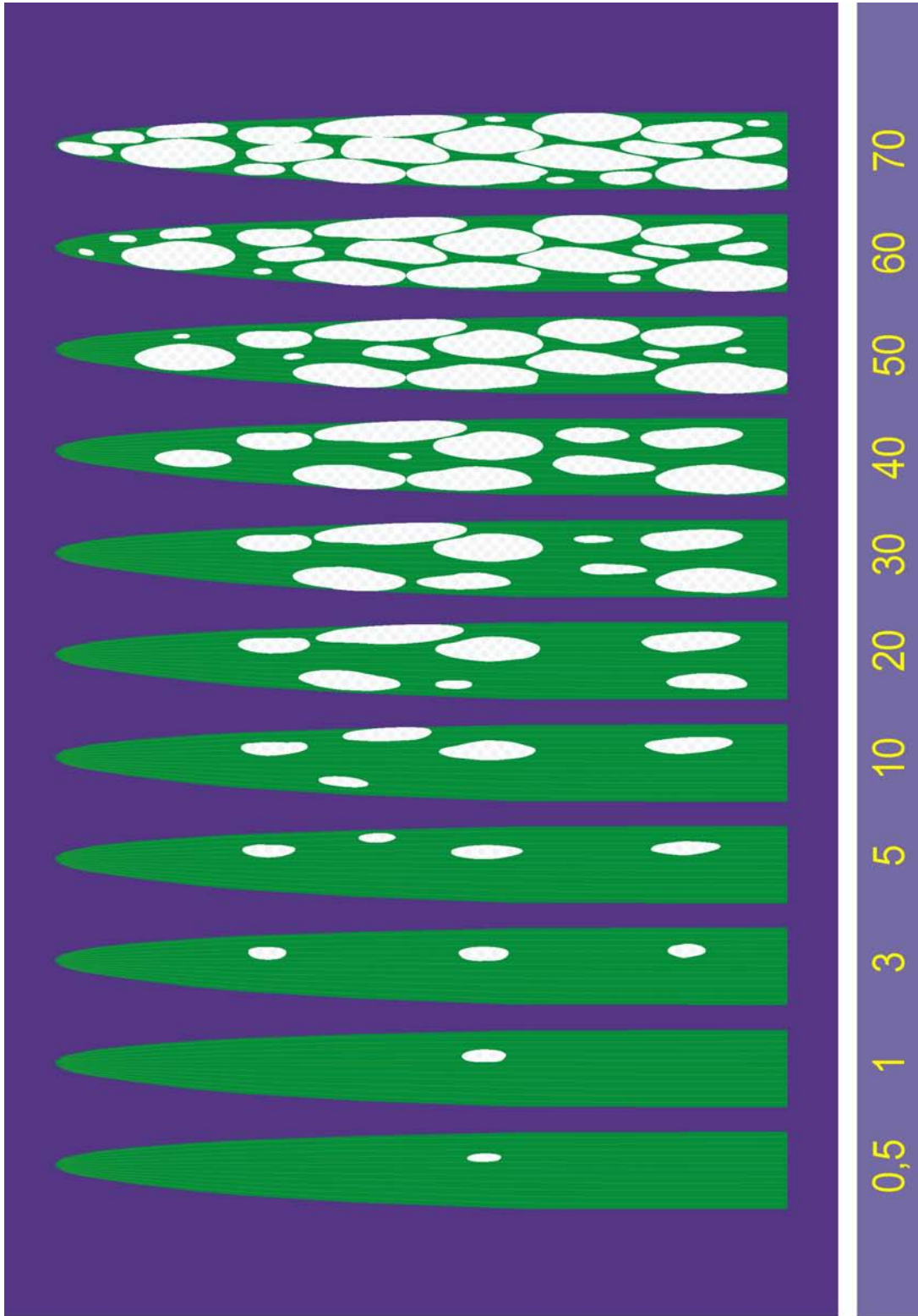
Bereits während der Entwicklung von RESI 2 riefen besonders die konstruierten Schadbilder sehr starkes Interesse auch bei Mitarbeitern hervor, die sich nicht mit der Resistenzforschung beschäftigen. Die im Folgenden aufgeführten Schadbilder können als Vorlage für Befallsschätzungen in der Resistenz- und Pflanzenschutzmittelpfung verwendet werden.



JKI, Moll

Blumeria graminis (DC.) E.O. Speer f. sp. *tritici* Em. Marchal
Echter Mehltau des Weizens

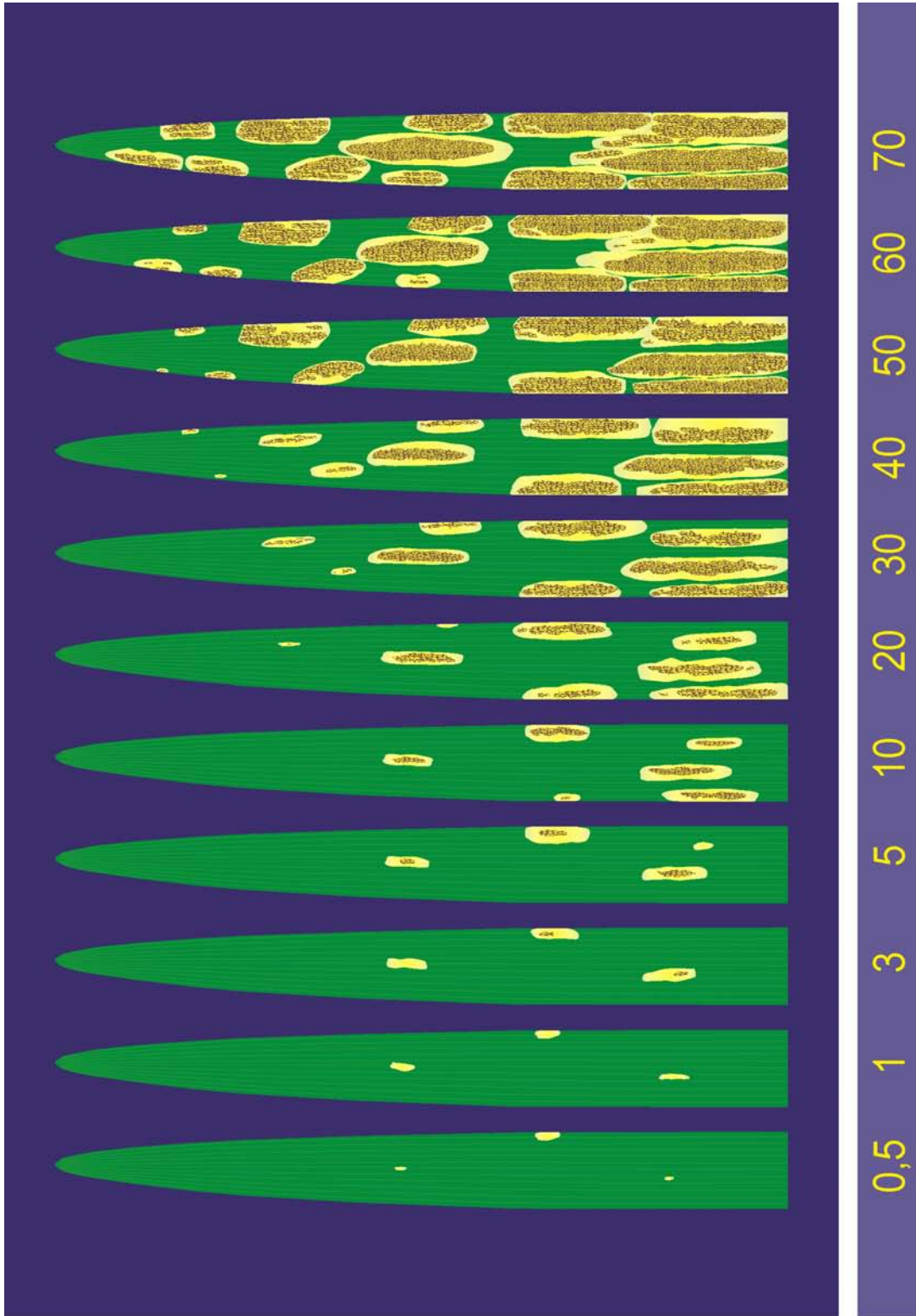




JKI, Moll



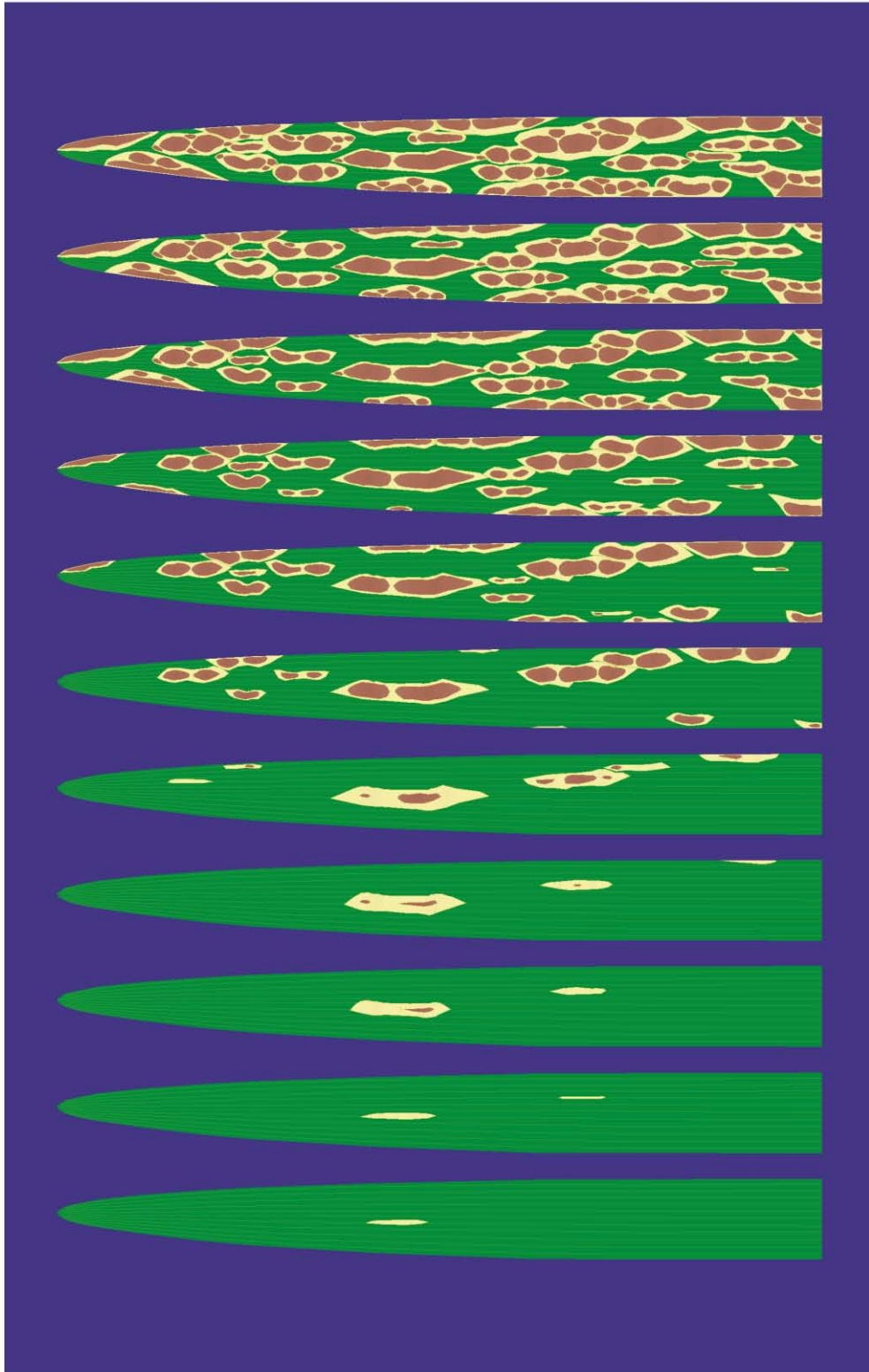
Blumeria graminis (DC.) E.O. Speer f. sp. *hordei* Em. Marchal
Echter Mehltau der Gerste



JKI, Gewinnus, Weißenberg, Moll

Pyrenophora teres Drechs.
Netzfleckenkrankheit der Gerste





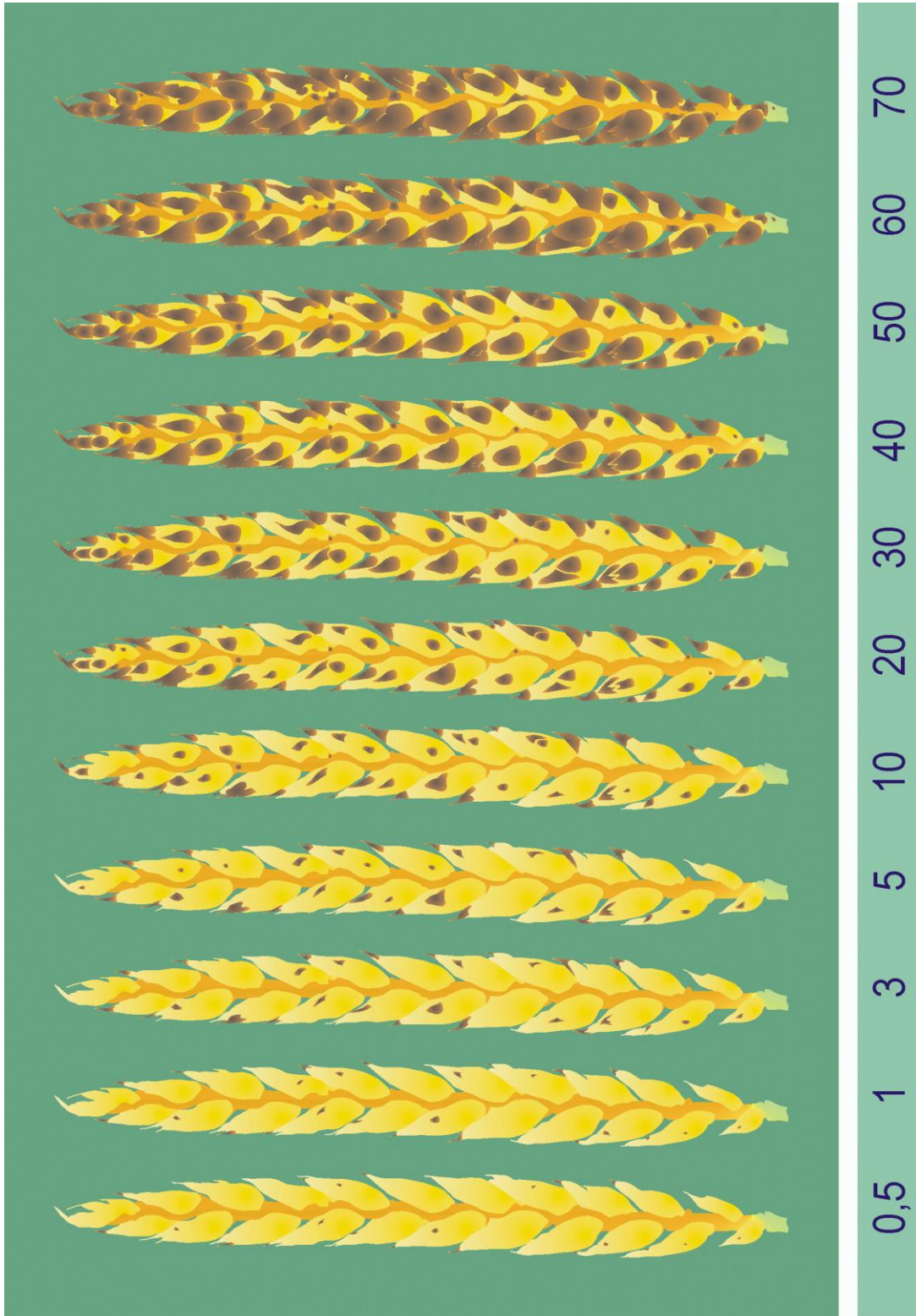
0,5 1 3 5 10 20 30 40 50 60 70

JKI, Tessenow

Septoria tritici Roberge in Desmaz., *Stagonospora nodorum* (Berk.) Castell. & E.G. Germano

Septoria-Blattdürre des Weizens, Stagonospora-Blattbräune des Weizens

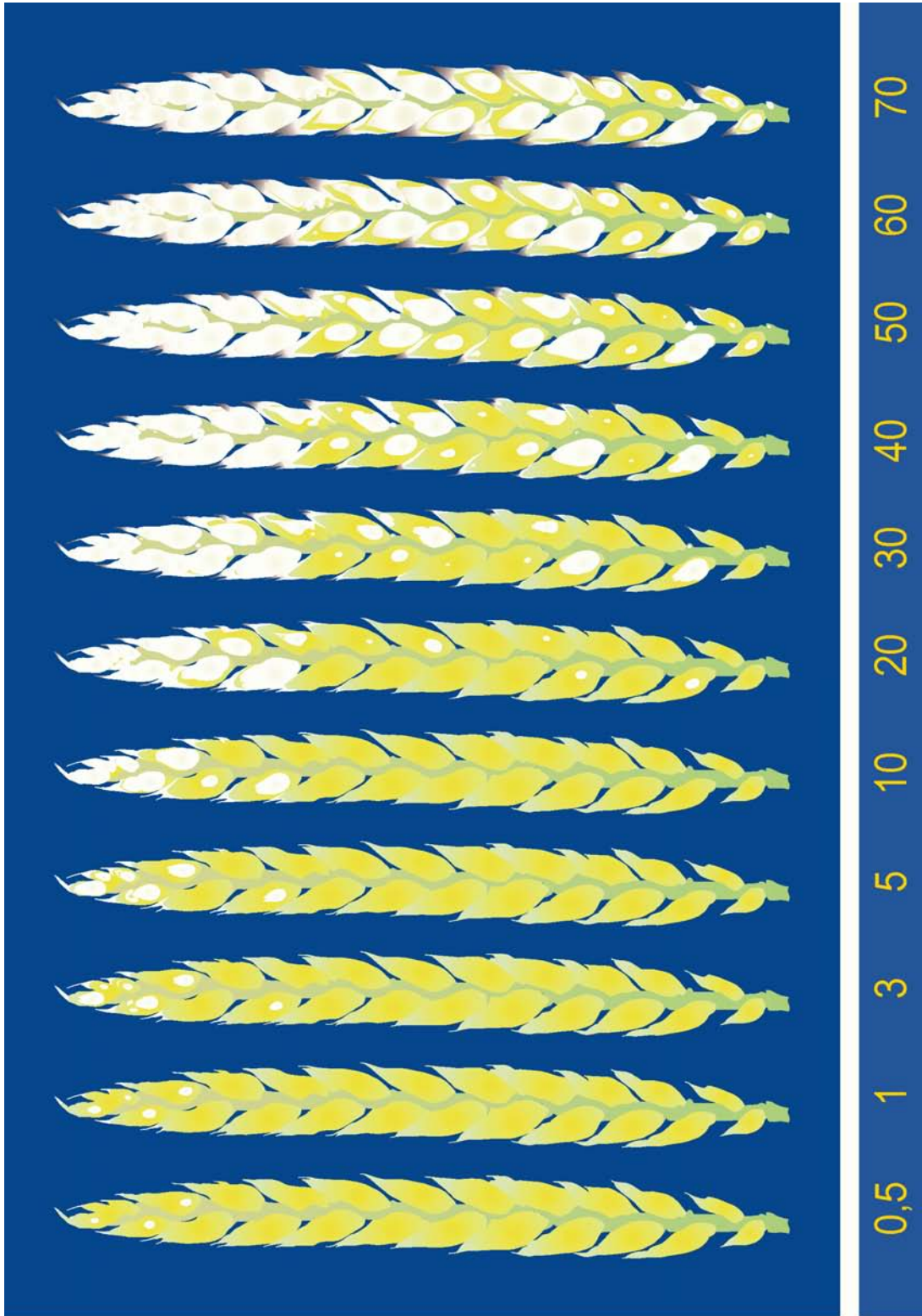




JKI, Meil



Stagonospora nodorum (Berk.) Castell. & E.G. Germano
Stagonospora-Spelzenbräune des Weizens

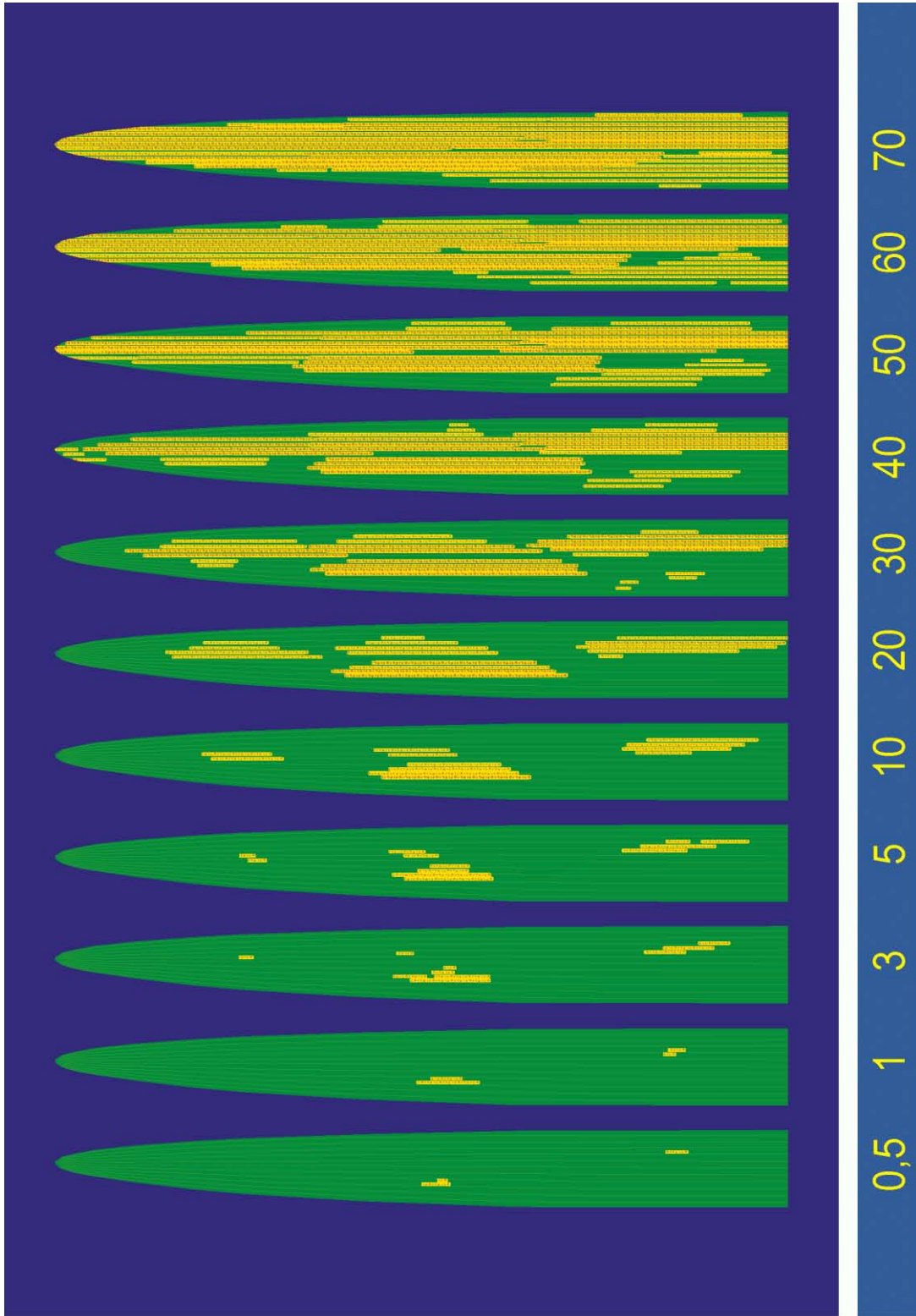


JKI, Moll

Fusarium culmorum (W.G. Smith) Sacc., *Fusarium graminearum* Schwabe

Partielle Weißfährigkeit des Weizens



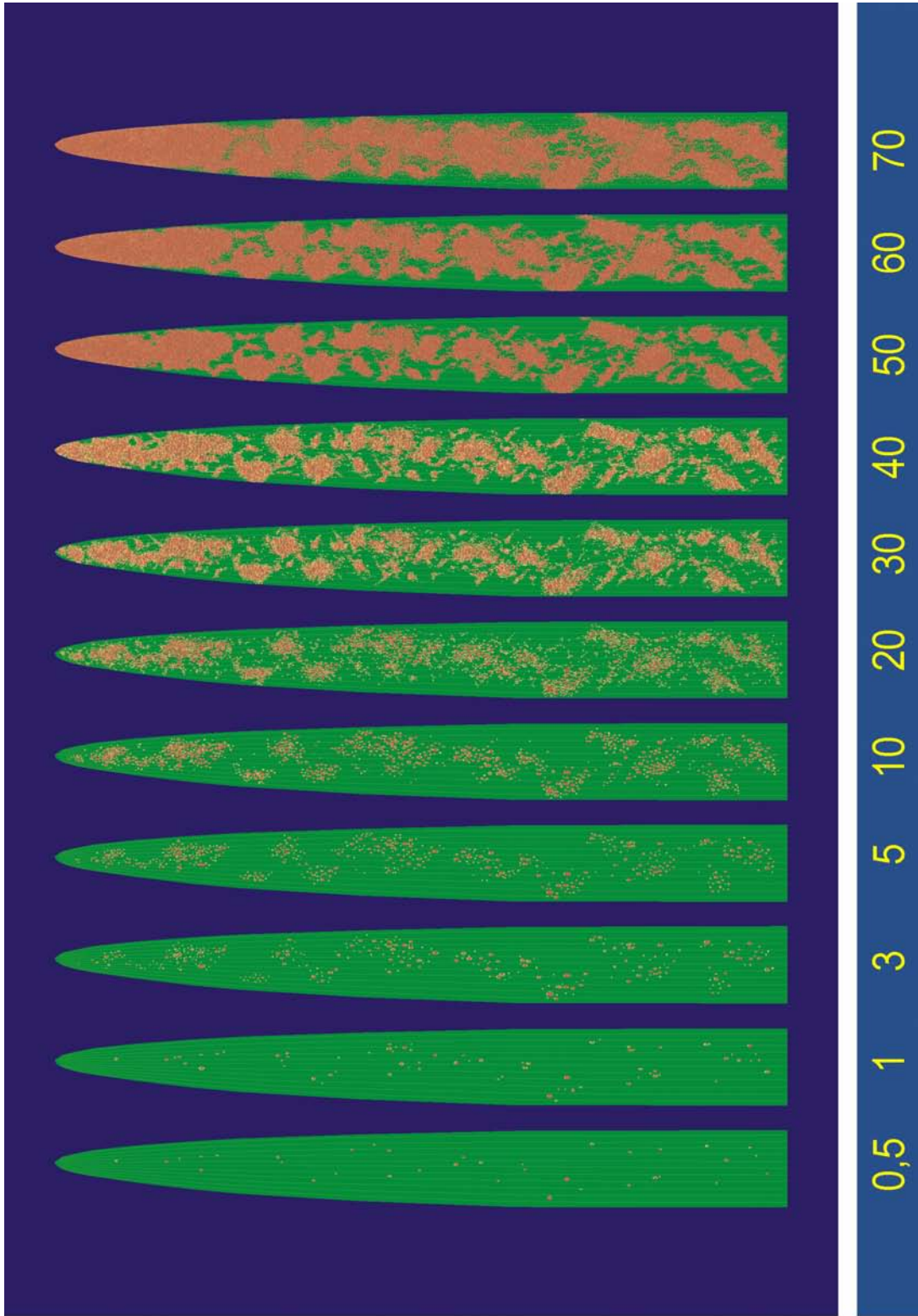


JKI, Gewinnus, Moll



JKI
Julius Kühn-Institut
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

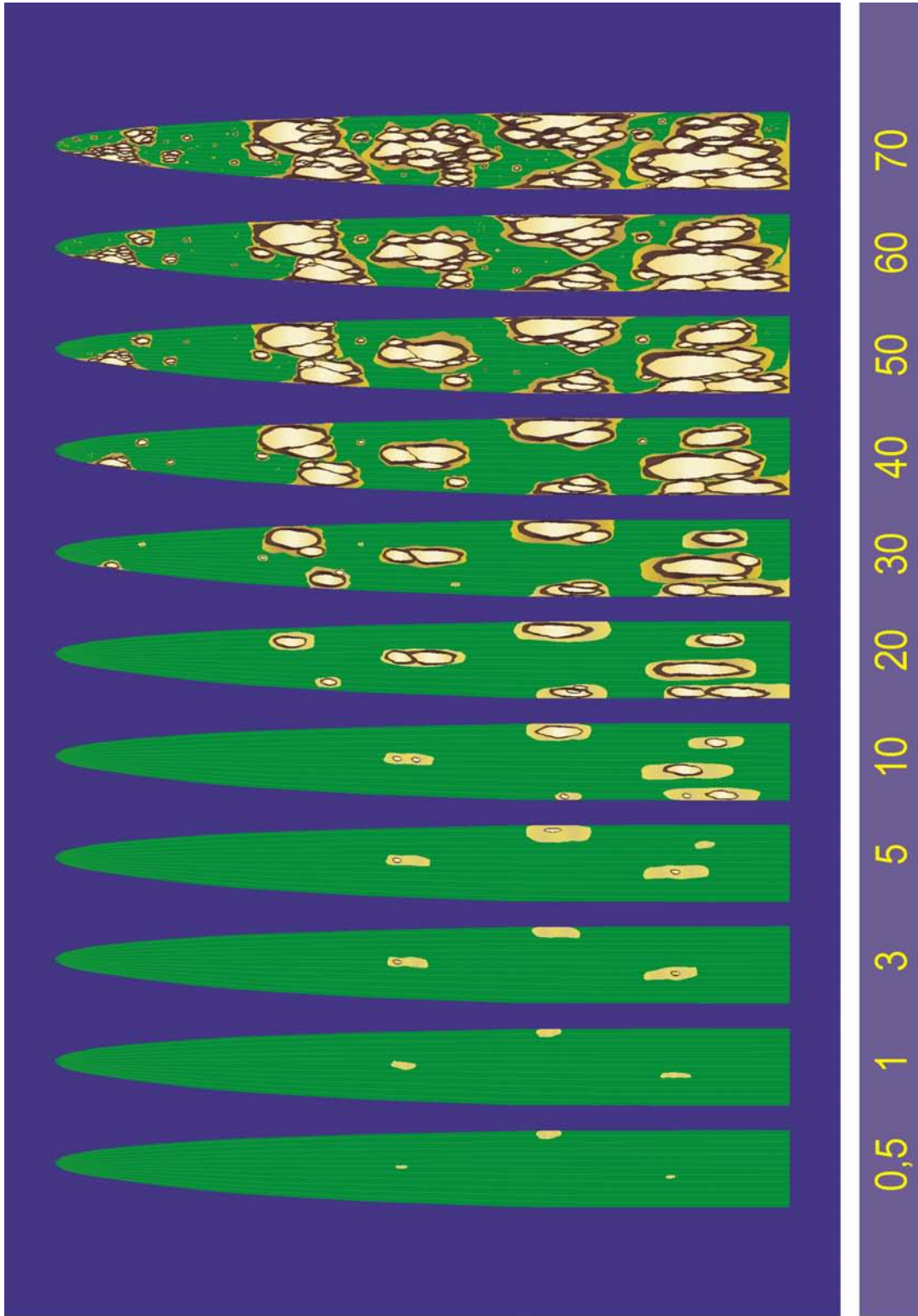
Puccinia striiformis Westend.
Gelbrost des Weizens



JKI, Moll, Preuß, Weißenberg

Puccinia triticina Eriks. , *Puccinia hordei* Otth
Braunrost des Weizens , Zwergrost der Gerste

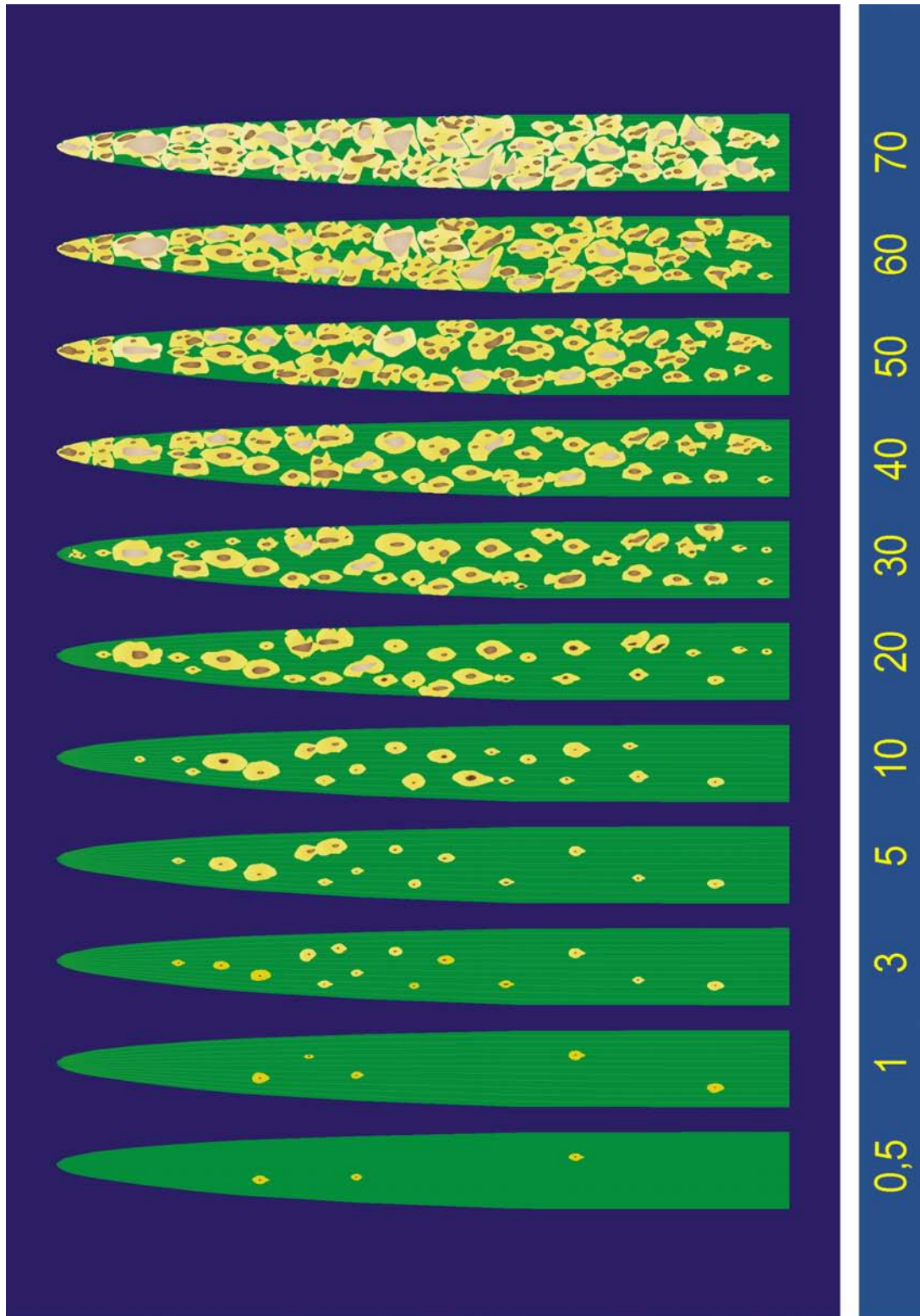




JKI, Gevimmus, Tessenow, Moll



Rhynchosporium secalis (Oudem.) J. J. Davis
Rhynchosporium-Blattkrankheit der Gerste



JKI, Gevimms, Weißenberg

Pyrenophora tritici-repentis (Died.) Drechs.
Pyrenophora-Blattdürre des Weizens



4 Schadbilder

Nachstehend folgen die Aufnahmen mit natürlichen Befallssymptomen (Flath, JKI).



Blumeria graminis (DC.) E.O. Speer f. sp. *tritici* Em. Marchal
(Echter Mehltau des Weizens)



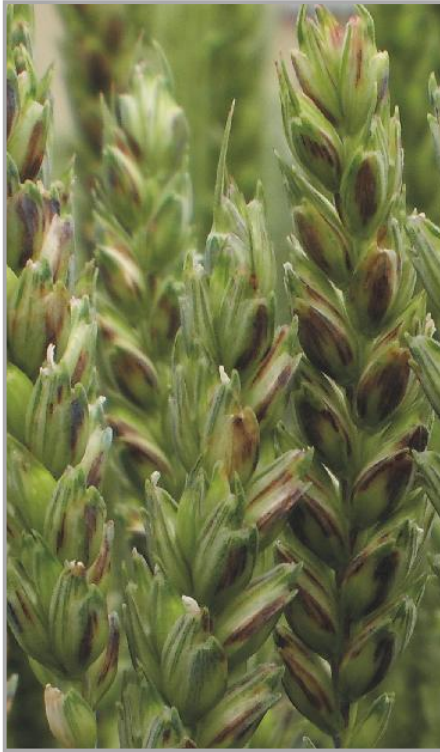
Blumeria graminis (DC.) E.O. Speer f. sp. *hordei* Em. Marchal
(Echter Mehltau der Gerste)



Pyrenophora teres Drechs.
(Netzfleckenkrankheit der Gerste)



Septoria tritici Roberge in Desmaz
(Septoria-Blattdürre des Weizens)



Stagonospora nodorum (Berk.) Castell. & E.G. Germano
(Stagonospora-Spelzenbräune des Weizens)



Fusarium culmorum (W.G. Smith) Sacc., *Fusarium graminearum* Schwabe
(Partielle Weißfährigkeit des Weizens)



Puccinia striiformis Westend.
(Gelbrost des Weizens)



Puccinia triticina Eriks.
(Braunrost des Weizens)

4 Schadbilder



Rhynchosporium secalis (Oudem.) J. J. Davis
(Rhynchosporium-Blattkrankheit der Gerste)



Pyrenophora tritici-repentis (Died.) Drechs.
(Pyrenophora-Blattdürre des Weizens)

4.3 Schätzen des Befalls

Für jede der unter 3.1 genannten Krankheit wurden 66 Schadbilder konstruiert. Jedes einzelne Schadbild wurde in CorelDRAW schrittweise gezeichnet. Dabei wurde die Anzahl der Pixel der den Befall charakterisierenden Fläche jeweils so lange ins Verhältnis zu den Pixeln der Gesamtfläche gesetzt, bis der zu konstruierende prozentuale Befall erreicht wurde. Das war eine sehr zeitaufwändige Angelegenheit. Basis dafür war eine im Julius Kühn-Institut entwickelte JAVA-Applikation (SELLMANN 2006) zur Ermittlung der Schwarz- und Weißanteile einer definierten Fläche. Befallene Blattflächen und Ähren wurden jeweils für folgende Befallswerte konstruiert: 0,3 %, 0,5 %, 0,75 % und 1 %, weiter bis 50 % in Einerschritten, bis 70 % in Schritten von 2 %, dann 75 %, 80 % und 90 %. Die idealisierte Farbgebung erfolgte anschließend in Anlehnung an natürliche Schadbilder. Mit dem Schadbild, das keinen Befall kennzeichnet, sind das für die Getreidekrankheiten jeweils 67 einzelne Bilder, insgesamt also 670 Bilder.

Um das Schätzen des Befalls zu erlernen, wurden drei sich überlappende Teilbereiche gebildet:

- Befall bis einschließlich 15 %: geringer Befall,
- Befall von 10 % bis 40 %: mittlerer Befall und
- Befall größer als 30 %: hoher Befall,

wobei die verbale Bezeichnung der Befallsstärke nur für diese Zielstellung gewählt wurde.

Der Anwender entscheidet sich für eine der Krankheiten und wählt einen der Befallsbereiche aus. Aus dem entsprechenden Befallsbereich wird dann zufällig ein Bild ausgewählt, für das der Nutzer den prozentualen Befall schätzt. Dieser Vorgang kann wiederholt erfolgen. Zwei Bilder werden in der Abb. 7 vorgestellt. Deren konkreter Befall ist 13 % für den Echten Mehltau der Gerste und 27 % für die Stagonospora-Spelzenbräune des Weizens.

Die konstruierten Schadbilder sind für jede Krankheit von 01 bis 66 durchnummeriert. Die Zufallsauswahl wird mit Hilfe der SAS-Funktion RANUNI vorgenommen. Das mögen die drei Programmzeilen veranschaulichen:

```
if &sclas = 1 then s1 = INT(18*RANUNI(0)+1);
if &sclas = 2 then s1 = INT(31*RANUNI(0)+1)+12;
if &sclas = 3 then s1 = INT(34*RANUNI(0)+1)+32;
```

Dabei werden die Befallsbereiche durch die Macrovariable *sclas* charakterisiert. Der untere Bereich umfasst die Bilder von 01 bis 18 (0,3 % bis 15 %), der zweite von 13 bis 43 (10 % bis 40 %) und der dritte von 33 bis 66 (30 % bis 90 %). Die Zuordnung zwischen den Nummern und den Befallswerten erfolgt durch zwei Matrizen.



Echter Mehltau der Gerste



Stagonospora-Spelzenbräune des Weizens

Abb. 7: Schadbilder

4.4 Befallsverlauf

Die in engem Befallsabstand konstruierten Schadbilder gestatten es, einen möglichen Befallsverlauf zu veranschaulichen. Dabei werden in kurzem zeitlichen Abstand alle 67 Schadbilder einer ausgewählten Krankheit nacheinander angezeigt, so dass der Eindruck eines Verlaufs entsteht. Die nachstehenden Programmzeilen aus dem SCL-Code setzen das um. Die Variable *Schad* beinhaltet die Kurzform der Krankheit (s. Kap. 4.1). Mit ihr wird zuerst die Bezeichnung jedes Schadbilds gebildet. Im Formular (Frame) wird dann zu jedem Bild der konstruierte Befall angegeben. Er wird dem Objekt *text5* als Text zugewiesen. Zuletzt wird noch die Verweilzeit festgelegt.

```
Schema.image='M.Resib.'||STRIP(Schad)||'01.IMAGE';
text5.label=' : 0,3 %.';
call wait(0.7);

Schema.image='M.Resib.'||STRIP(Schad)||'02.IMAGE';
text5.label=' : 0,5 %.';
call wait(0.7);

Schema.image='M.Resib.'||STRIP(Schad)||'03.IMAGE';
text5.label=' : 0,75 %.';
call wait(0.7);

...

Schema.image='M.Resib.'||STRIP(Schad)||'66.IMAGE';
text5.label=' : 90 %.';
call wait(3.1);
```

Jeweils nachdem dem Objekt *Schema* der Name des Bildes zugewiesen wurde, ist es vorteilhaft, die beiden Befehle einzufügen:

```
Schema._update();
__FRAME__._refresh();
```

Sie bewirken, dass diese Zuweisung aktualisiert und das Formular (Frame) neu aufgebaut wird.

In dieser Textform lässt sich ein Verlauf sehr schwer veranschaulichen. Um trotzdem einen Eindruck zu vermitteln, werden im Folgenden alle 67 Schadbilder für die einzelnen Krankheiten nebeneinander aufgeführt. Gleichzeitig verdeutlicht das den enormen Aufwand des Konstruierens der Schadbilder.

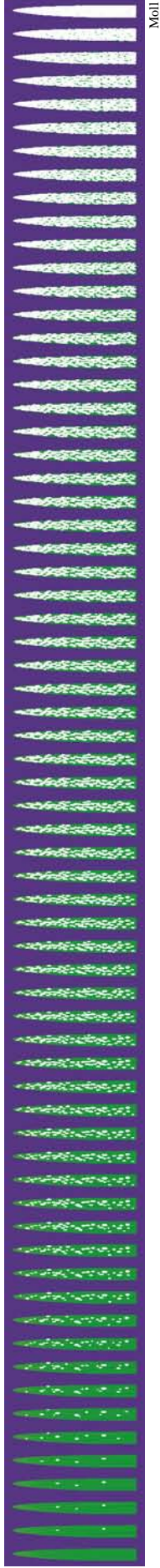
4.5 Schätzen des Befalls mit Hilfe einer webgestützten Anwendung

Das genaue Schätzen des Befalls ist nicht nur für Resistenzprüfungen gegen pilzliche Krankheiten ein Problem. Die Genauigkeit ist sehr stark vom Boniteur abhängig. Er bzw. sie verfügt über jahrelange Erfahrungen und hat das Schätzen oft geübt. Wenn nicht, sind Abweichungen der Befallsschätzungen vom tatsächlichen Befall um 5% noch als günstig anzusehen, um mehr als 10% aber eher die Regel.

Die für RESI 2 konstruierten Schadbilder zusätzlich für eine SAS-unabhängige Lösung des Erlernens des Schätzens des Befalls zu nutzen, war eine wichtige Entscheidung. Die Bilder - sowohl die konstruierten Schadbilder, als auch die mit natürlichem Befall - stehen in einer Datenbank und werden für die entsprechenden Aufgaben von dort abgerufen. Die Lösung über des Internet ist über den direkten Zugang <http://prozentualer-befall.jki.bund.de> (MOLL u.a. 2009) erreichbar.

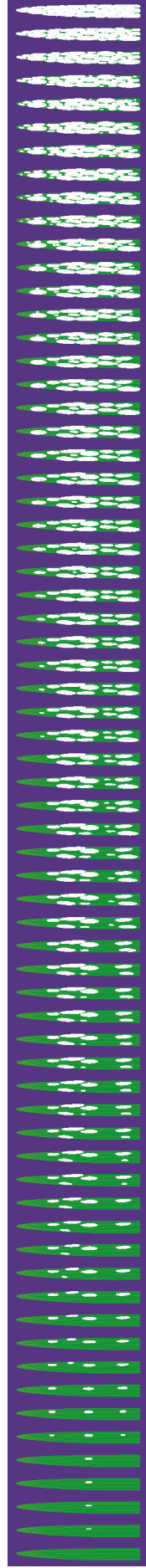
Man findet dort für jede der in Kapitel 4.1 aufgeführten Krankheiten drei Schalter zum Schätzen aus den Bereichen geringer, mittlerer und hoher Befall, einen für das Boniturschema und einen für die Darstellung des Befallsverlaufs. Zum Schätzen des Befalls wird ein zufällig ausgewähltes konstruiertes Schadbild angezeigt, für das der Befall zu schätzen ist. Ein Boniturschema umfasst die konstruierten Schadbilder zu den 11 Befallswerten 0,5, 1, 3, 5, 10, 20, 30, 40, 50, 60 und 70%. Dieses Schema kann als Bild gespeichert werden und damit bei einer Bonitur zur Hand sein. Die Darstellung des Befallsverlaufs wird durch das nacheinander Anzeigen der konstruierten Schadbilder eindrucksvoll erzeugt.

Blumeria graminis (DC.) E.O. Speer f. sp. *tritici* Em. Marchal (Echter Mehltau des Weizens)



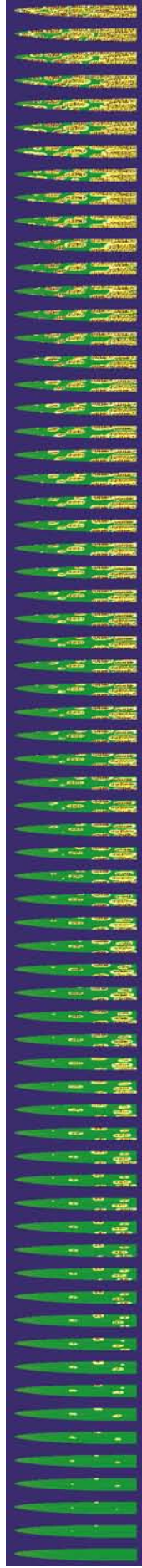
Moll

Blumeria graminis (DC.) E.O. Speer f. sp. *hordei* Em. Marchal (Echter Mehltau der Gerste)



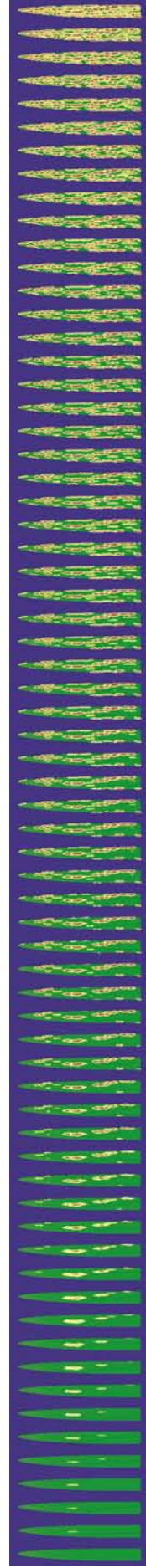
Moll

Pyrenophora teres Drechs. (Netzfleckenkrankheit der Gerste)



Gewinnus, Weibenberg, Moll

Septoria tritici Roberge in Desmaz., *Stagonospora nodorum* (Berk.) Castell. & E.G. Germano (Septoria-Blattdürre des Weizens, Stagonospora-Blattbräune des Weizens)



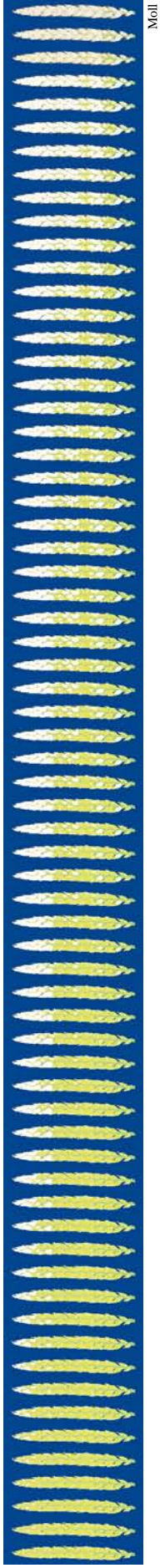
Tessenow

Stagonospora nodorum (Berk.) Castell. & E.G. Germano (Stagonospora-Spelzenbräune des Weizens)



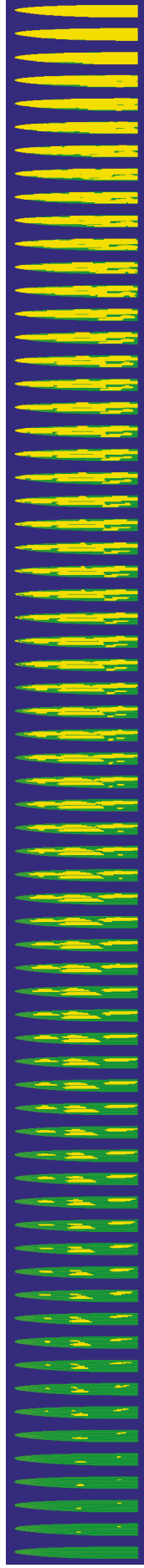
Moll

Fusarium culmorum (W.G. Smith) Sacc., *Fusarium graminearum* Schwabe (Partielle Weißfährigkeit des Weizens)



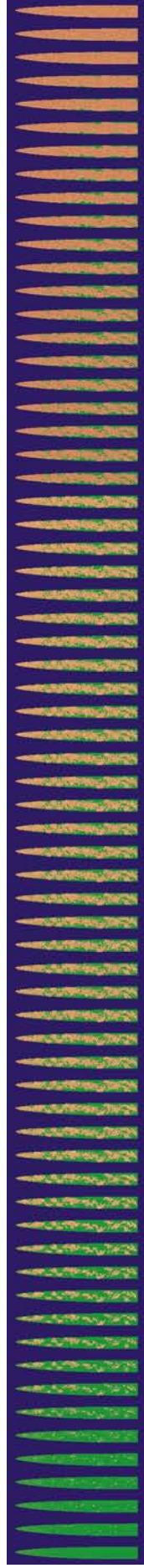
Moll

Puccinia striiformis Westend. (Gelbrost des Weizens)



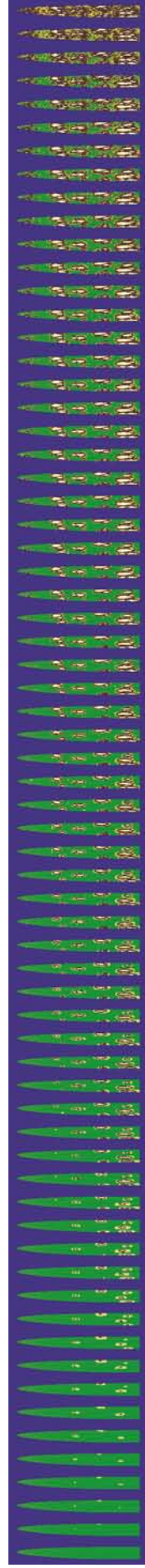
Gewinnus, Moll

Puccinia triticina Eriks., *Puccinia hordei* Otth (Braunrost des Weizens, Zwergrost der Gerste)



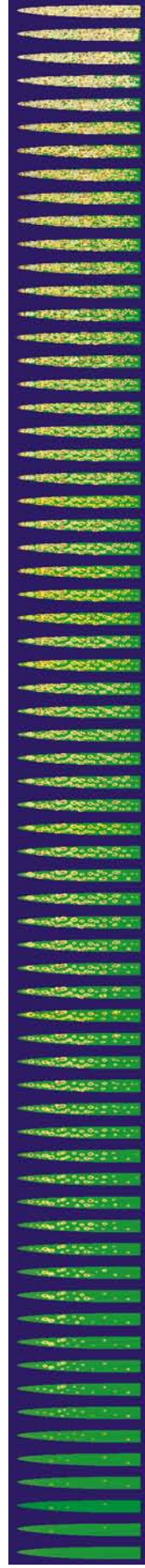
Moll, Preuß, Weissenberg

Rhynchosporium secalis (Oudem.) J. J. Davis (Rhynchosporium-Blattkrankheit der Gerste)



Gewinnus, Tessenow, Moll

Pyrenophora tritici-repentis (Died.) Drechs. (Pyrenophora-Blattdürre des Weizens)



Gewinnus, Weissenberg

5 Konstruktion eines randomisierten Lageplans

5.1 Notwendige Informationen zur Planung einer Versuchsanlage

5.1.1 Das Prüfsortiment

Das zu prüfende Sortiment kann in zwei verschiedenen Formen und Dateitypen vorliegen. Die eine Form wäre als Text-Datei und die andere als MS-Excel-Datei. Beispielhaft sei folgendes Sortiment zu prüfen:

Nummer (max. dreistellig)	sortenspezifisches vierstelliges Kennzeichen	Anmelder	Sorten- bzw. Linienbezeichnung
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c
3	7559	Saatzucht ABC	Beta
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta
8	7428	Verband 11	Eta
9	7430	Verband 11	Theta
10	7432	Verband 11	Jota
11	7434	Verband 11	Kappa
12	7435	Verband 11	Lambda
13	7512	Pflanzenzucht	My
14	7518	Pflanzenzucht	Ny
15	7574	Pflanzenzucht	Xi
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron
17	7480	Pflanzenzucht	Pi

Die Text- oder MS-Excel-Datei für das Prüfsortiment haben dann folgende Inhalte:

Text-Datei

```

1 7462 Saatzucht_ABC Alpha
2 7464 Saatzucht_ABC Alpha_8c
3 7559 Saatzucht_ABC Beta
4 7467 Saatzucht_ABC Gamma
5 7469 Saatzucht_XYZ Delta
6 7571 Saatzucht_XYZ Klein_Epsilon
7 7426 Saatzucht_XYZ Zeta
8 7428 Verband_11 Eta
9 7430 Verband_11 Theta
10 7432 Verband_11 Jota
11 7434 Verband_11 Kappa
12 7435 Verband_11 Lambda
13 7512 Pflanzenzucht My
14 7518 Pflanzenzucht Ny
15 7574 Pflanzenzucht Xi
16 7582 Pflanzenzucht Omikron
17 7480 Pflanzenzucht Pi

```

MS-Excel-Datei

	A	B	C	D
1	Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte
2	1	7462	Saatzucht ABC	Alpha
3	2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c
4	3	7559	Saatzucht ABC	Beta
5	4	7467	Saatzucht ABC	Gamma
6	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta
7	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon
8	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta
9	8	7428	Verband 11	Eta
10	9	7430	Verband 11	Theta
11	10	7432	Verband 11	Jota
12	11	7434	Verband 11	Kappa
13	12	7435	Verband 11	Lambda
14	13	7512	Pflanzenzucht	My
15	14	7518	Pflanzenzucht	Ny
16	15	7574	Pflanzenzucht	Xi
17	16	7582	Pflanzenzucht	Omikron
18	17	7480	Pflanzenzucht	Pi

Die Unterschiede sind sichtbar:

Die Bezeichnungen für die Anmelder und Sorten bzw. Linien dürfen keine Leer- und Sonderzeichen enthalten (solche Zeichen am besten durch „_“ ersetzen). Spaltenüberschriften sind nicht gestattet. Die maximale Zeichenanzahl für Anmelder und Sorte beträgt 20. Die Reihenfolge der Spalten (Nummer, Kennzeichen, Anmelder, Sorte) ist unbedingt einzuhalten. Die Spalten sind durch mindestens ein Leerzeichen getrennt, Tabulatoren sind nicht erlaubt.



Auf dem Tabellenblatt dürfen ausschließlich nur die Informationen für das Prüfsortiment stehen. Die Spalten müssen mit Nummer, Kennz, Anmelder und Sorte bezeichnet sein. Die Reihenfolge ist nicht bedeutsam. Leerzeichen sind möglich, Sonderzeichen sollten vermieden werden.

5 Konstruktion eines randomisierten Lageplans

Die erste Entscheidung für die Konstruktion eines randomisierten Lageplans betrifft also das Dateiformat, in der die Datei mit dem Prüfsortiment vorliegt: MS-Excel-Format oder Text-Format.

Der Dateiname ist dann auszuwählen oder einzutragen, beim MS-Excel-Format noch zusätzlich die Bezeichnung des Tabellenblatts:



Je nach Wahl des Dateiformats erscheint das Icon  oder . Mit seiner Hilfe kann man sich den Inhalt der Datei ansehen. Allerdings wird der Inhalt nicht vollständig angezeigt. Diese Möglichkeit dient ausschließlich der Kontrolle, ob die gewünschte Datei tatsächlich auch gewählt wurde.

5.1.2 Wiederholungen und Standards

Zusätzlich zum Prüfsortiment sind weitere Informationen einzugeben:

- Anzahl zu konstruierender Versuchspläne

Die Anzahl 1 ist voreingestellt, es können bis 99 Versuchspläne auf einmal konstruiert werden.

- Anzahl Wiederholungen

Die Anzahl der Wiederholungen bezieht sich auf die in der Datei mit dem Prüfsortiment aufgelisteten Sorten bzw. Linien. Soll ein Versuchsplan mit nur 2 Wiederholungen geplant werden, erfolgt ein Hinweis und keine Planung. Bei 3 Wiederholungen erfolgt ebenfalls ein Hinweis, aber es werden trotzdem Lagepläne erstellt.

- zusätzlich im Versuchsplan zu berücksichtigende Standards

- resistenter Standard
- lokaler Standard
- anfälliger Standard

Zusätzlich zu den Sorten bzw. Linien des Prüfsortiments können einer, zwei oder sogar alle drei Standards gewählt werden. Im Versuchsplan werden diese Standards häufiger als die anderen Sorten wiederholt. Die Anzahl dieser Wiederholungen jedes Standards orientiert sich (für die einfaktorielle Blockanlage) an der optimalen Versuchsplanung der Dunnett-Prozedur:

$$r_{\text{Standard}} = \sqrt{(\text{Anzahl zu prüfender Sorten})}.$$

Für die Berücksichtigung von Standards im Versuchsplan zusätzlich zu den anderen Prüfgliedern des Prüfsortiments gibt es folgende verschiedene Konstellationen:

a) es ist genau ein Standard zu berücksichtigen

Die wichtigste Zielstellung dürfte es sein, alle paarweisen Mittelwertvergleiche zu diesem Standard durchzuführen. Dann ist die häufigere Wiederholung dieses Standards aus der Sicht der Versuchsplanung richtig.

Sind aber doch alle Prüfglieder untereinander in ihrer mittleren Wirkung zu vergleichen, d.h. der Standard nimmt keine besondere Rolle mehr ein, dann ist es nicht sinnvoll, ihn häufiger als die anderen Prüfglieder zu wiederholen. In diesem Fall wird empfohlen, einen solchen Standard in die Liste des Prüfsortiments mit aufzunehmen und keinen zusätzlich im Versuchsplan zu berücksichtigenden Standard zu wählen. Er wird dann genauso oft im Versuchsplan wiederholt wie die anderen Prüfglieder.

b) es sind genau zwei Standards zu berücksichtigen

Es kann nur einer dieser beiden der Standard sein, zu dem alle paarweisen Mittelwertvergleiche durchgeführt werden sollen. Folglich ist es von Seiten der Versuchsplanung auch nur zu empfehlen, ausschließlich diesen Standard häufiger zu wiederholen. Der andere sollte dann in die Liste des Prüfsortiments aufgenommen werden, damit er (nur) genauso oft wie die anderen Prüfglieder wiederholt wird.

Sollen beide Standards „gleichberechtigt“ sein, dann ist die häufigere Wiederholung beider Standards nicht sinnvoll. Es sollten dann *alle paarweisen Mittelwertvergleiche untereinander* oder *alle Vergleiche zum Versuchsmittel* durchgeführt werden unabhängig davon, ob ein Prüfglied Standard ist oder nicht. In diesem Fall ist es sinnvoll, keinen zusätzlich im Versuchsplan zu berücksichtigenden Standard zu wählen und beide in die Liste des Prüfsortiments aufzunehmen.

c) es sind genau drei Standards zu berücksichtigen

Es kann nur einer dieser drei der Standard sein, zu dem alle paarweisen Mittelwertvergleiche durchgeführt werden sollen. Folglich ist es von Seiten der Versuchsplanung auch nur zu empfehlen, ausschließlich diesen Standard häufiger zu wiederholen. Die anderen sollte dann in die Liste des Prüfsortiments aufgenommen werden, damit sie (nur) genauso oft wie die anderen Prüfglieder wiederholt werden.

Sind alle drei Standards „gleichberechtigt“, dann ist die häufigere Wiederholung eines Standards nicht sinnvoll. Ziel wäre es, *alle paarweisen Mittelwertvergleiche untereinander* oder *alle Vergleiche zum Versuchsmittel* unabhängig davon, ob ein Prüfglied Standard ist oder nicht. In diesem Fall ist es sinnvoll, keinen zusätzlich im Versuchsplan zu berücksichtigenden Standard zu wählen und alle drei in die Liste des Prüfsortiments aufzunehmen.

5.2 Randomisierter Lageplan

5.2.1 Entscheidung für das Modell der Versuchsanlage

Die Entscheidung für das Modell der Versuchsanlage erfolgt unabhängig von den Entscheidungen des Nutzers. Wie bereits in Kap. 2.2 festgestellt, ist es besser bei einer größeren Anzahl von Prüfgliedern nicht mehr das Modell einer einfaktoriellen randomisierten Blockanlage, sondern das Modell einer Gitteranlage mit unvollständigen Blocks, einer Alpha-Anlage, zu wählen. Für diese Entscheidung wird die gebräuchliche Übereinkunft zugrunde gelegt, ab etwa 20 zu prüfenden Prüfgliedern eine Versuchsanlage mit unvollständigen Blocks vorzuziehen.

Betrachten wir weiterhin obiges Prüfsortiment, dann sind das 17 Sorten bzw. Linien. Die Entscheidung würde folglich zugunsten der einfaktoriellen randomisierten Blockanlage A-BI fallen. Kommt ein Standard hinzu, ist er bei der Versuchsplanung für die Konstruktion eines randomisierten Lageplans wegen seiner häufigeren Wiederholung wie mehrere Prüfglieder aufzufassen. Bei $\sqrt{17} \approx 4$ Wiederholungen des Standards wären das bereits $17 + 4 = 21$ in jedem (vollständigen) Block zu randomisierende Prüfglieder. Damit ist die Grenze von 20 überschritten.

Die Entscheidung wird immer unter Berücksichtigung der häufiger wiederholten Standards vorgenommen:

- bis 20 Prüfglieder ist die Versuchsanlage eine einfaktorielle randomisierte Blockanlage A-BI,
- ab 20 Prüfglieder ist die Versuchsanlage eine Alpha-Anlage,
- um 20 Prüfglieder werden beide Anlagen konstruiert.

5.2.2 Einfaktorielle randomisierte Blockanlage A-BI

Der Lageplan für eine einfaktorielle randomisierte Blockanlage A-BI mit 21 Prüfgliedern (17 + 1 viermal wiederholter Standard) und 4 Wiederholungen könnte z.B. so aussehen:

Block

1	9	20	2	11	12	7	6	17	5	13	16	4	8	1	14	3	18	21	19	15	10
2	15	18	1	13	14	17	7	4	9	19	2	16	21	10	11	12	3	5	8	6	20
3	10	2	5	7	20	6	11	8	15	17	9	1	3	16	19	12	13	21	4	18	14
4	18	3	13	1	16	7	15	12	11	20	17	6	8	19	21	4	14	10	9	5	2

In jedem Block sind alle 21 Prüfglieder einmal vorhanden und randomisiert angeordnet.

Nun könnten diesem Standard die Nummern 18, 19, 20 und 21 zugeordnet werden. Die Prüfglieder mit diesen Nummern sind im obigen Lageplan fett hervorgehoben. Das ergibt dann eine einfaktorielle randomisierte Blockanlage mit 17 Sorten bzw. Linien und einem häufiger wiederholten Standard, also insgesamt 18 Prüfglieder.

5.2.3 Alpha-Anlage

Alpha-Anlagen (oder α -zerlegbare Versuchspläne) sind Versuchsanlagen

- in unvollständigen Blocks,
- mit gleicher Wiederholungszahl für alle v Prüfglieder,
- mit v Prüfgliedern, die innerhalb jeder Wiederholung auf Blocks gleicher Blockgröße mit k Prüfgliedern ($k < v$) aufgeteilt werden,
- deren Konstruktion von (s, k) „erzeugenden Feldern“ ausgeht, wobei s die Spaltenlänge ist ($s \geq k, v = s \cdot k$).

Alpha-Anlagen sind spezielle Gitteranlagen. Für $v = s \cdot s$ gibt es quadratische (Gitter-)Anlagen, die den Alpha-Anlagen vorzuziehen wären; ebenso gibt es spezielle rechteckige Gitteranlagen. Derartige Anlagen werden in der SAS/AF-Anwendung RESI 2 nicht konstruiert.

Die rechteckige Grundstruktur der Alpha-Anlagen bedingt, dass u.U. freie Parzellen auftreten. Für einen Versuchsplan mit beispielsweise 35 Prüfgliedern (zu prüfende Sorten oder Linien) je Wiederholung wäre eine Anlage mit 6 Spalten und 6 Parzellen je Block zu konstruieren. Das ergäbe für jede Wiederholung $6 \cdot 6 = 36$ Parzellen. Eine Parzelle würde folglich in jeder Wiederholung frei bleiben. Sinnvoller Weise legt man diese an den Rand des betreffenden unvollständigen Blocks. Wenn zusätzlich Standards vorzusehen sind, werden solche leeren Parzellen mit Standards „aufgefüllt“. Dann entfällt auch die Sortierung an den Rand eines Blocks.

Ein einfaches Beispiel für 20 Prüfglieder, die in einer Alpha-Anlage mit $s = 5, k = 4$ und 4 Wiederholungen angeordnet sind, ist nachstehend aufgeführt:

Block	Wiederholung 1	Wiederholung 2	Wiederholung 3	Wiederholung 4
1	9 4 20 14	13 7 18 1	6 15 19 2	4 6 13 18
2	5 18 10 15	19 12 5 6	20 11 3 7	11 2 20 9
3	19 13 3 8	4 10 11 17	4 12 8 16	3 10 12 19
4	11 1 16 6	15 9 16 3	5 17 9 13	15 8 1 17
5	12 7 2 17	8 14 2 20	14 18 10 1	5 14 7 16

Jede Wiederholung umfasst 5 unvollständige Blocks mit einer Teilmenge von jeweils 4 Prüfgliedern. Würden wir wieder von 17 zu prüfenden Sorten bzw. Linien und einem zusätzlichen Standard ausgehen, dann wären den Nummern 18, 19 und 20 dem Standard zuzuordnen.

5.2.4 Bemerkungen zur gelenkten gerechten Anordnung

Grundsätzlich ist von einem randomisierten Versuchsplan auszugehen. Dieses Prinzip wird durch einen oder mehrere Standards, die häufiger als die anderen Prüfglieder wiederholt werden, erschwert. Es kommt vor, dass bei der zufälligen Anordnung Standards nebeneinander liegen, weil diese häufiger wiederholt werden. Im obigen Beispiel für die vollständige Blockanlage (Kap. 5.2.2) liegt im Block 1 der Standard dreimal und im Block 4 zweimal nebeneinander. Solche starken Paarbeziehungen haben im Versuch natürlich Wirkungen, die nicht quantifiziert werden und aus praktischen Erwägungen unerwünscht sind.

Die Umsetzung der Grundsätze einer gelenkten gerechten Anordnung der Prüfglieder bedeutet, dass Prüfgliedpaare nebeneinander oder bei unvollständigen Blockanlagen zusätzlich auch übereinander liegend sich

nicht oder gleich oft wiederholen, um so eine möglichst gleichmäßige Verteilung der Nachbarwirkungen und Bodeneinflüsse auf alle Prüfglieder (einschließlich Standards) zu erzielen.

Der randomisierte Versuchsplan für eine einfaktorielle randomisierte Blockanlage A-B1 wird mit Proc PLAN und für eine Alpha-Anlage mit Proc IML auf der Grundlage der von RASCH u.a. (1996, Verfahren 1/21/4160) und THOMAS (2005, S. 176 ff) beschriebenen Vorgehensweise erzeugt. In diesem Ausgangsplan werden mit Proc IML die Wiederholungen gleicher Paare ermittelt. Durch Austausch von Prüfgliedern wird diese Anzahl von Paaren verringert und so versucht, die Grundsätze einer gelenkten gerechten Anordnung der Prüfglieder umzusetzen. So ein Versuchsplan für eine Alpha-Anlage ist z.B. im Kap. 5.2.3 aufgeführt.

5.3 Ausgabe eines Lageplans

Für die Ausgabe des Lageplans bzw. der Lagepläne ist die Ausgabedatei mitzuteilen. Sie sollte als Text-Datei gekennzeichnet sein, d.h. die Dateierweiterungen .txt, .lst oder .out haben:



Diese Datei sei beispielhaft G:\Ergebnisse.txt. Dort werden alle Versuchspläne als Textausgabe abgelegt. Ein Versuchsplan soll für das obige Beispiel-Prüfsortiment (s. Kap. 5.1.1) mit einem resistenten Standard und 4 Wiederholungen ausgegeben werden. Im Bereich um 20 zu prüfende Sorten bzw. Linien werden in diesem Fall eine einfaktorielle randomisierte Blockanlage (①) und eine Alpha-Anlage (②) konstruiert. Die Text-Ausgabe könnte wie folgt aussehen.

```
*****
RESI 2                               tt.mm.jjjj
*****
Lageplan einer vollständigen Blockanlage mit 4 Blocks
(Jeder Block umfasst 18 Prüfglieder [= Sorten] )

          PLAN
Block1 Block2 Block3 Block4

   9      RR      14      15
   2      16      6       RR
RR       9       5       10
   8      11      16      17
RR       6       RR      RR
   6      2       15      8
RR      15      11      2
  16      5      3       6
   4      7      9       3
  17      12     13      RR
  12      17     RR      11
   5      4      7      16
  15      13     2       4
  11     RR     17      14
RR      3      12      5
   1     RR     8       13
  13     14     1       9
  10     8      10     12
   3     1     RR      1
   7     RR     4       7
  14     10     RR     RR
RR: resistenter Standard.
```

tt.mm.jjjj:
 Datum der Planung
 der Versuchsanlage

Lageplan unter
 Verwendung der
 Nummern

1

5 Konstruktion eines randomisierten Lageplans

Mit nachfolgender Zuordnung der Sortenbezeichnungen zu den Sortennummern ergibt sich der Lageplan mit den Sorten.

SORTENNUMMERN	KENNUNG	SORTENBEZEICHNUNGEN
1	7462	Alpha
2	7464	Alpha 8c
3	7559	Beta
4	7467	Gamma
5	7469	Delta
6	7571	Klein Epsilon
7	7426	Zeta
8	7428	Eta
9	7430	Theta
10	7432	Jota
11	7434	Kappa
12	7435	Lambda
13	7512	My
14	7518	Ny
15	7574	Xi
16	7582	Omikron
17	7480	Pi
RR	-RRR	res.Standard

Zuordnung Nummer
der Sorte und
Sortenbezeichnung

Lageplan einer vollständigen Blockanlage mit 4 Blocks
(Jeder Block umfasst 18 Prüfglieder [= Sorten])

SORTEN			
Block1	Block2	Block3	Block4
Theta	res.Standard	Ny	Xi
Alpha 8c	Omikron	Klein Epsilon	res.Standard
res.Standard	Theta	Delta	Jota
Eta	Kappa	Omikron	Pi
res.Standard	Klein Epsilon	res.Standard	res.Standard
Klein Epsilon	Alpha 8c	Xi	Eta
res.Standard	Xi	Kappa	Alpha 8c
Omikron	Delta	Beta	Klein Epsilon
Gamma	Zeta	Theta	Beta
Pi	Lambda	My	res.Standard
Lambda	Pi	res.Standard	Kappa
Delta	Gamma	Zeta	Omikron
Xi	My	Alpha 8c	Gamma
Kappa	res.Standard	Pi	Ny
res.Standard	Beta	Lambda	Delta
Alpha	res.Standard	Eta	My
My	Ny	Alpha	Theta
Jota	Eta	Jota	Lambda
Beta	Alpha	res.Standard	Alpha
Zeta	res.Standard	Gamma	Zeta
Ny	Jota	res.Standard	res.Standard

Lageplan unter
Verwendung der
Sorten- und
Linienbezeichnungen

Der Grundstock der Daten zur weiteren Erfassung der Befallsdaten:

Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Block
9	7430	Verband 11	Theta	1
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1
8	7428	Verband 11	Eta	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	1

Grundlage für die
Erfassung der
Befallsdaten in einer
Textdatei

• • •

5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	4
13	7512	Pflanzenzucht	My	4
9	7430	Verband 11	Theta	4
12	7435	Verband 11	Lambda	4
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	4
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	4
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4

Obiger Grundstock zur Erfassung der Befallsschätzungen ist in der MS-EXCEL-Datei
G:\Ergebnisse_v01_jjmmtt.xls
gespeichert.

mit Datumsangabe
jjmmtt

Unbedingt beachten:

Die Spalten der Befallsdaten werden als Variablenbezeichnungen bei der statistischen Auswertung verwendet. Deshalb müssen (!) sie Befall11, Befall12, Befall13 ... (ohne Leerzeichen) heißen. Sie sind nur einzurichten, wenn Befallsdaten in der betreffenden Spalte eingetragen werden. Es dürfen keine Datumswerte verwendet werden. Datumswerte, z.B. die Boniturtermine, dürfen auch nicht an anderen Stellen im Tabellenblatt stehen. Sie sind separat zu vermerken.

Die Bezeichnungen für die Standards (res.Standard, loc.Standard oder anf.Standard) sollten (bei der Serienanalyse: müssen) vor der statistischen Analyse durch die tatsächlichen Sortenbezeichnungen ersetzt werden.

RESI 2 tt.mm.jjjj

Lageplan einer unvollständigen Blockanlage mit 4*5 Blocks
(Jeder Block umfasst 4 Prüfglieder [= Sorten])
(Jeweils 5 Blocks bilden eine Wiederholung aller Sorten.)

WDHLG	BLOCK	SORTEN_NR				
1	1	9	4	14	RR	
1	2	3	13	RR	8	
1	3	16	6	11	1	
1	4	7	12	17	2	
1	5	15	10	5	RR	
2	1	13	7	RR	1	
2	2	12	RR	6	5	
2	3	15	3	9	16	
2	4	4	11	10	17	
2	5	RR	8	2	14	
3	1	13	17	5	9	
3	2	1	10	14	RR	
3	3	15	6	RR	2	
3	4	RR	3	11	7	
3	5	16	4	8	12	
4	1	9	11	RR	2	
4	2	RR	13	6	4	
4	3	12	RR	3	10	
4	4	16	7	5	14	
4	5	17	1	15	8	

RR: resistenter Standard.

tt.mm.jjjj:
Datum der Planung
der Versuchsanlage

2

Lageplan unter
Verwendung der
Nummern

Mit nachfolgender Zuordnung der Sortenbezeichnungen zu den Sortennummern ergibt sich der Lageplan mit den Sorten.

SORTENNUMMERN	KENNUNG	SORTENBEZEICHNUNGEN
1	7462	Alpha
2	7464	Alpha 8c
3	7559	Beta
4	7467	Gamma
5	7469	Delta
6	7571	Klein Epsilon
7	7426	Zeta
8	7428	Eta
9	7430	Theta

Zuordnung Nummer
der Sorte und
Sortenbezeichnung

5 Konstruktion eines randomisierten Lageplans

10	7432	Jota
11	7434	Kappa
12	7435	Lambda
13	7512	My
14	7518	Ny
15	7574	Xi
16	7582	Omikron
17	7480	Pi
RR	-RRR	res.Standard

Lageplan einer unvollständigen Blockanlage mit 4*5 Blocks für das Getreidesortiment incl. Standards (Jeder Block umfasst 4 Prüfglieder [= Sorten]) (Jeweils 5 Blocks bilden eine Wiederholung aller Sorten.)

Lageplan unter Verwendung der Sorten- und Linienbezeichnungen

WDHLG	BLOCK	SORTEN			
1	1	Theta	Gamma	Ny	res.Standard
1	2	Beta	My	res.Standard	Eta
1	3	Omikron	Klein Epsilon	Kappa	Alpha
1	4	Zeta	Lambda	Pi	Alpha 8c
1	5	Xi	Jota	Delta	res.Standard
2	1	My	Zeta	res.Standard	Alpha
2	2	Lambda	res.Standard	Klein Epsilon	Delta
2	3	Xi	Beta	Theta	Omikron
2	4	Gamma	Kappa	Jota	Pi
2	5	res.Standard	Eta	Alpha 8c	Ny
3	1	My	Pi	Delta	Theta
3	2	Alpha	Jota	Ny	res.Standard
3	3	Xi	Klein Epsilon	res.Standard	Alpha 8c
3	4	res.Standard	Beta	Kappa	Zeta
3	5	Omikron	Gamma	Eta	Lambda
4	1	Theta	Kappa	res.Standard	Alpha 8c
4	2	res.Standard	My	Klein Epsilon	Gamma
4	3	Lambda	res.Standard	Beta	Jota
4	4	Omikron	Zeta	Delta	Ny
4	5	Pi	Alpha	Xi	Eta

Der Grundstock der Daten zur weiteren Erfassung der Befallsdaten:

Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Wdhlg	Block
9	7430	Verband 11	Theta	1	1
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	1	1
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	1
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	1	2
13	7512	Pflanzenzucht	My	1	2

Grundlage für die Erfassung der Befallsdaten in einer Textdatei

• • •

1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	4	5
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	4	5
8	7428	Verband 11	Eta	4	5

Obiger Grundstock zur Erfassung der Befallsschätzungen ist in der MS-EXCEL-Datei G:\Ergebnisse_u01_jjmmtt.xls gespeichert.

mit Datumsangabe jjmmtt

Unbedingt beachten:

Die Spalten der Befallsdaten werden als Variablenbezeichnungen bei der statistischen Auswertung verwendet. Deshalb müssen (!) sie Befall11, Befall12, Befall13 ... (ohne Leerzeichen) heißen. Sie sind nur einzurichten, wenn Befallsdaten in der betreffenden Spalte eingetragen werden. Es dürfen keine Datumswerte verwendet werden. Datumswerte, z.B. die Boniturtermine, dürfen auch nicht an anderen Stellen im Tabellenblatt stehen. Sie sind separat zu vermerken.

Die Bezeichnungen für die Standards (res.Standard, loc.Standard oder anf.Standard) sollten (bei der Serienanalyse: müssen) vor der statistischen Analyse durch die tatsächlichen Sortenbezeichnungen ersetzt werden.

Zusätzlich werden die Lagepläne in MS-Excel-Dateien gespeichert. Dazu wird der Dateiname der Text-Datei (s.o.) erweitert um

- `_vii` für die einfaktorielle randomisierte Blockanlage bzw. `_uii` für die Alpha-Anlage, wobei `ii` die laufende Nummer des Versuchsplans beginnend mit 01 angibt, und
- `_jjmmtt` für das Tagesdatum.

Ein z.B. am 12. März 2009 erstellter Versuchsplan für eine einfaktorielle randomisierte Blockanlage hätte demnach zusätzlich zur Bezeichnung der Text-Datei die Kennzeichnung `_v01_120309`. Dieser Zusatz unterscheidet sich für eine Alpha-Anlage nur in der Ersetzung des Buchstaben `v` durch `u`.

	A	B	C	D	E	F	G
1	Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Block		
2	9	7430	Verband 11	Theta	1		
3	2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	1		
4	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1		
5	8	7428	Verband 11	Eta	1		
6	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1		
7	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	1		
8	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1		
9	16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	1		
10	4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	1		
11	17	7480	Pflanzenzucht	Pi	1		
12	12	7435	Verband 11	Lambda	1		
13	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta			
14	15	7574	Pflanzenzucht	Xi			
15	11	7434	Verband 11	Kappa			
16	RR	-RRR	=RRR	res.S			
17	1	7462	Saatzucht ABC	Alpha			
18	13	7512	Pflanzenzucht	My			
19	10	7432	Verband 11	Jota			
20	3	7559	Saatzucht ABC	Beta			
21	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta			
22	14	7518	Pflanzenzucht	Ny			
23	RR	-RRR	=RRR	res.S			
24	16	7582	Pflanzenzucht	Omik			
25	9	7430	Verband 11	Theta			
26	11	7434	Verband 11	Kappa			
27	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein			
28	2	7464	Saatzucht ABC	Alpha			
29	15	7574	Pflanzenzucht	Xi			
30	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta			
31	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta			

Den Inhalt der MS-Excel-Dateien für die Block- und Alpha-Anlage zeigt die Abb. 8. Der wesentliche Unterschied zwischen beiden besteht in der zusätzlichen Spalte Wdhlg bei der Alpha-Anlage.

	A	B	C	D	E	F	G
1	Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Wdhlg	Block	
2	9	7430	Verband 11	Theta	1	1	
3	4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	1	1	
4	14	7518	Pflanzenzucht	Ny	1	1	
5	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	1	
6	3	7559	Saatzucht ABC	Beta	1	2	
7	13	7512	Pflanzenzucht	My	1	2	
8	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	2	
9	8	7428	Verband 11	Eta	1	2	
10	16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	1	3	
11	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	1	3	
12	11	7434	Verband 11	Kappa	1	3	
13	1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	3	
14	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	1	4	
15	12	7435	Verband 11	Lambda	1	4	
16	17	7480	Pflanzenzucht	Pi	1	4	
17	2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	1	4	
18	15	7574	Pflanzenzucht	Xi	1	5	
19	10	7432	Verband 11	Jota	1	5	
20	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	1	5	
21	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	5	
22	13	7512	Pflanzenzucht	My	2	1	
23	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	2	1	
24	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	1	
25	1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	2	1	
26	12	7435	Verband 11	Lambda	2	2	
27	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	2	
28	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	2	2	
29	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	2	2	
30	15	7574	Pflanzenzucht	Xi	2	3	
31	7	7426	Saatzucht ABC	Beta	2	3	

Abb. 8: den Versuchsplänen entsprechende MS-Excel-Dateien für die Block- und Alpha-Anlage

6 Erfassen der Befallsdaten

6.1 Befallsschätzwerte mehrerer Boniturtermine je Parzelle

Die MS-Excel-Dateien der Versuchspläne erleichtern die Eingabe der Befallsdaten. Wenn erforderlich, können in MS-Excel die Informationen nach einer oder mehreren Spalten sortiert werden. Zu jedem Boniturdatum wird eine neue Spalte mit den geschätzten Befallsdaten für jede Parzelle hinzu gefügt. Das Boniturdatum muss separat vermerkt und darf nicht in das Befallsdaten-Tabellenblatt der MS-Excel-Datei geschrieben werden. In die erste Zeile der Spalten für die Befallsdaten werden ohne Leerzeichen die Bezeichnungen Befall1, Befall2, Befall3, ... eingetragen.

Mit dem Abschluss der Bonitur liegt dann die Datendatei vor, wie sie für die Auswertung benötigt wird.

Als Beispiele werden folgenden Dateiinhalte verwendet:

- für die einfaktorielle randomisierte Blockanlage

Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Block	Befall1	Befall2	Befall3	Befall4
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	2	5	10	15
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	2	3	8	10	10
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	3	2	8	10	12
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	4	0	5	10	10
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	1	10	20	30	40
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	8	15	25	35
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	3	5	15	25	35
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	4	5	5	15	25
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	1	0	2	2	3
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	2	1	4	4	4
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	3	0	3	3	5
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	4	0	5	5	7
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	1	40	50	60	80
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	2	35	60	70	75
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	3	30	40	50	55
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	30	45	50	55
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	1	1	2	2	15
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	2	7	10	20	25
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	3	1	4	5	10
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	4	3	8	8	20
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	1	1	2	2	5
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	2	0	1	3	10
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	3	1	3	5	7
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	4	0	2	8	10
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	1	5	10	20	25
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	2	2	4	8	15
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	3	5	20	40	40
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	4	5	15	25	25
8	7428	Verband 11	Eta	1	0	1	1	3
8	7428	Verband 11	Eta	2	1	2	2	5
8	7428	Verband 11	Eta	3	1	3	3	8
8	7428	Verband 11	Eta	4	2	3	3	5
9	7430	Verband 11	Theta	1	1	3	3	5
9	7430	Verband 11	Theta	2	0	1	3	5
9	7430	Verband 11	Theta	3	1	1	2	1
9	7430	Verband 11	Theta	4	2	3	5	8
10	7432	Verband 11	Jota	1	2	4	8	15
10	7432	Verband 11	Jota	2	5	15	25	30
10	7432	Verband 11	Jota	3	8	20	35	35
10	7432	Verband 11	Jota	4	3	5	8	15
11	7434	Verband 11	Kappa	1	3	4	8	25
11	7434	Verband 11	Kappa	2	5	10	20	30
11	7434	Verband 11	Kappa	3	10	20	25	35
11	7434	Verband 11	Kappa	4	15	25	35	40

12	7435	Verband 11	Lambda	1	0	0	0	5
12	7435	Verband 11	Lambda	2	1	2	2	3
12	7435	Verband 11	Lambda	3	1	2	2	1
12	7435	Verband 11	Lambda	4	5	15	15	15
13	7512	Pflanzenzucht	My	1	5	8	10	20
13	7512	Pflanzenzucht	My	2	5	10	25	40
13	7512	Pflanzenzucht	My	3	10	15	35	35
13	7512	Pflanzenzucht	My	4	5	5	10	15
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	1	5	5	10	20
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	2	5	8	15	20
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	3	10	10	15	25
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	4	10	15	20	25
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	1	5	15	20	25
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	2	5	5	15	20
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	3	5	3	5	15
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	4	15	25	3	35
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	1	5	8	10	15
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	2	3	4	5	10
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	3	5	4	5	8
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	4	5	5	8	15
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	1	0	0	0	1
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	2	1	1	2	3
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	3	1	0	0	2
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	4	1	1	2	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	0	0	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	0	0	2	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	1	3	3	3
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	0	0	1	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	0	0	1	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	0	0	0	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	0	0	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	0	0	0	2
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	0	0	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	0	2	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	1	0	2	3
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	0	0	0	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	0	1	3	4
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	1	0	2	3
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	0	0	1	2

- für die Alpha-Anlage:

Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Wdhlg	Block	Befall1	Befall2	Befall3	Befall4
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	3	2	5	10	15
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	2	1	3	8	10	10
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	3	2	2	8	10	12
1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	4	5	0	5	10	10
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	1	4	10	20	30	40
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	5	8	15	25	35
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	3	3	5	15	25	35
2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	4	1	5	5	15	25
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	1	2	0	2	2	3
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	2	3	1	4	4	4
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	3	4	0	3	3	5
3	7559	Saatzucht ABC	Beta	4	3	0	5	5	7
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	1	1	40	50	60	80
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	2	4	35	60	70	75
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	3	5	30	40	50	55
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	2	30	45	50	55
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	1	5	1	2	2	15
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	2	2	7	10	20	25
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	3	1	1	4	5	10
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	4	4	3	8	8	20

6 Erfassen der Befallsdaten

6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	1	3	1	2	2	5
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	2	2	0	1	3	10
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	3	3	1	3	5	7
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	4	2	0	2	8	10
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	1	4	5	10	20	25
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	2	1	2	4	8	15
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	3	4	5	20	40	40
7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	4	4	5	15	25	25
8	7428	Verband 11	Eta	1	2	0	1	1	3
8	7428	Verband 11	Eta	2	5	1	2	2	5
8	7428	Verband 11	Eta	3	5	1	3	3	8
8	7428	Verband 11	Eta	4	5	2	3	3	5
9	7430	Verband 11	Theta	1	1	1	3	3	5
9	7430	Verband 11	Theta	2	3	0	1	3	5
9	7430	Verband 11	Theta	3	1	1	1	2	1
9	7430	Verband 11	Theta	4	1	2	3	5	8
10	7432	Verband 11	Jota	1	5	2	4	8	15
10	7432	Verband 11	Jota	2	4	5	15	25	30
10	7432	Verband 11	Jota	3	2	8	20	35	35
10	7432	Verband 11	Jota	4	3	3	5	8	15
11	7434	Verband 11	Kappa	1	3	3	4	8	25
11	7434	Verband 11	Kappa	2	4	5	10	20	30
11	7434	Verband 11	Kappa	3	4	10	20	25	35
11	7434	Verband 11	Kappa	4	1	15	25	35	40
12	7435	Verband 11	Lambda	1	4	0	0	0	5
12	7435	Verband 11	Lambda	2	2	1	2	2	3
12	7435	Verband 11	Lambda	3	5	1	2	2	1
12	7435	Verband 11	Lambda	4	3	5	15	15	15
13	7512	Pflanzenzucht	My	1	2	5	8	10	20
13	7512	Pflanzenzucht	My	2	1	5	10	25	40
13	7512	Pflanzenzucht	My	3	1	10	15	35	35
13	7512	Pflanzenzucht	My	4	2	5	5	10	15
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	1	1	5	5	10	20
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	2	5	5	8	15	20
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	3	2	10	10	15	25
14	7518	Pflanzenzucht	Ny	4	4	10	15	20	25
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	1	5	5	15	20	25
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	2	3	5	5	15	20
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	3	3	5	3	5	15
15	7574	Pflanzenzucht	Xi	4	5	15	25	3	35
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	1	3	5	8	10	15
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	2	3	3	4	5	10
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	3	5	5	4	5	8
16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	4	4	5	5	8	15
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	1	4	0	0	0	1
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	2	4	1	1	2	3
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	3	1	1	0	0	2
17	7480	Pflanzenzucht	Pi	4	5	1	1	2	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	1	0	0	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	2	0	0	2	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	1	5	1	3	3	3
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	1	0	0	1	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	2	0	0	1	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	2	5	0	0	0	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	2	0	0	0	2
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	3	0	0	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	3	4	0	2	1	1
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	1	0	0	0	0
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	2	0	1	3	4
RR	-RRR	=RRR	res.Standard	4	3	1	0	2	3

Dass sich die Daten bis auf die unterschiedlichen Wiederholungen des Standards gleichen, ist Absicht. Dadurch wird es einfacher, die Ergebnisse der Auswertungen beider Anlagen zu vergleichen.

6.2 Kennzeichnung fehlender bzw. nicht in die Analyse einzubeziehender Werte

Nicht erfasste bzw. nicht zu erfassende Befallswerte für eine Parzelle zu einem bestimmten Boniturtermin können mit einem Punkt oder einer Kennzahl -1 markiert werden. Ein Wert, gekennzeichnet mit

- : wird durch den ganzzahlig gerundeten, unter Verwendung des linearen Trends berechneten Befallswert ersetzt,
- 1 : wird durch den Befallswert des früheren Boniturtermins ersetzt, wenn ein solcher vorhanden ist,
- 2 : bewirkt, dass das Prüfglied nicht in die weitere Analyse einbezogen wird.

Die Grundlage des Ersetzens eines mit Punkt gekennzeichneten Befallswerts ist der lineare Trend. Das ist in der Regel der Quotient aus den mittleren Befallswerten der Prüfglieder (wegen der unterschiedlichen Wiederholung nicht der Einzelwerte) benachbarter Boniturtermine. Fehlt ein Befallswert und es sind sowohl zum früheren als auch zum späteren Boniturtermin die Befallswerte vorhanden, dann wird die Differenz dieser beiden Werte unter Beachtung der Abstände zwischen den Bonituren verwendet. Berechnete Werte, die kleiner als Null sind, werden auf Null und Werte, die größer als 100 sind, auf 100 gesetzt.

Sind sowohl die zu einem mit Punkt markierten Fehlwert vorangehende als auch die nachfolgende Bonitur ebensolche Fehlwerte, dann kann dafür kein Ersatzwert berechnet werden. Liegen für ein Prüfglied auch nach dem Ersetzen fehlender Werte keine Befallswerte vor, dann fällt dieses Prüfglied aus der Analyse heraus.

7 Auswertung eines Einzelversuchs

7.1 Notwendige Eingaben

Zunächst ist die MS-Excel-Datei mit den Befallsdaten zu benennen. Das Dateiformat kann MS-Excel 97-2003 oder Excel 2007 sein. Die Datei wird untersucht. Die Entscheidung, um welche Versuchsanlage es sich handelt, wird in Abhängigkeit von der Existenz der Variablen *WDHLG* getroffen: Wenn es sie gibt, handelt es sich um eine Alpha-Anlage, gibt es sie nicht, um eine Anlage in vollständigen Blocks.

Des Weiteren wird die Anzahl der Spalten mit Befallswerten erkundet. Diese Anzahl ist maßgebend für die Anzahl der einzugebenden Boniturtermine.

Nunmehr sind nach dem Dateinamen einzugeben:

- der Schadorganismus bzw. die Krankheit, zu der die Resistenzuntersuchungen durchgeführt wurden,
- die Wahl, ob eine logarithmische oder eine lineare Boniturskala (s. Kap 2.5) zugrunde gelegt werden soll,
- die Boniturtermine.

Die Boniturtermine sind im Format Tag.Monat.Jahr (vierstellig) einzutragen. Nach dem OK für die Boniturtermine erfolgen Eingaben zur Auswertung. Dabei ist zwischen

Berechnung des mittleren Befalls und mittl. Befall und statistische Analyse zu wählen.

Gibt es nur einen Boniturtermin - das bedeutet, dass ein Flächenwert nicht berechnet werden kann, - entfällt diese Wahlmöglichkeit und es wird nur der mittlere Befall berechnet.

Eine weitere Wahl besteht in der Entscheidung für oder gegen die Zeichnung von Boxplots.

Als letzte Eingabe ist noch die Text-Datei zu benennen, in die Ergebnisse geschrieben werden sollen.

7.2 Berechnen des mittleren Befalls

Wir gehen zur Demonstration von den Daten für die einfaktorielle randomisierte Blockanlage (Kap. 6.1) aus. Eingetragen wird der Schadorganismus und gewählt wird die logarithmische Skalierung. Anhand der Struktur der Daten-Datei wurden programmseitig 4 Bonituren erkannt, zu denen die Termine 2.6.2008, 6.6.2008, 13.6.2008 und 18.6.2008 eingegeben werden.

Als Auswertung wird die ‚Berechnung des mittleren Befalls‘ gewählt. Boxplots sollen gezeichnet werden. Die Ausgabedatei wird benannt.

In diese Ausgabedatei wird folgendes Ergebnis geschrieben:

```
*****
RESI 2                               jj.mm.jjjj
=====   mittlerer Befall           =====
- - - - -
      < Schadorganismus >
= = = = =
Datei: <Dateiname>
*****
```

BONITURTERMINE

```
02/06/2008
06/06/2008
13/06/2008
18/06/2008
```

Berechnete Flächenwerte, die Ausgangsdaten einer varianzanalytischen Auswertung sein können:

Kennz	Anmelder	Sorte	Nummer	Block	Befall1	Befall2	Befall3	Befall4	Fläche	Hinweis
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	1	2	5	10	15	8.06	
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	2	3	8	10	10	8.44	
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	3	2	8	10	12	8.63	
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	4	0	5	10	10	7.03	
7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	1	10	20	30	40	25.63	
7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	2	8	15	25	35	21.00	
7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	3	5	15	25	35	20.63	
7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	4	5	5	15	25	11.88	

7 Auswertung eines Einzelversuchs

7559	Saatzucht	ABC	Beta	3	1	0	2	2	3	1.91
7559	Saatzucht	ABC	Beta	3	2	1	4	4	4	3.63
7559	Saatzucht	ABC	Beta	3	3	0	3	3	5	2.94
7559	Saatzucht	ABC	Beta	3	4	0	5	5	7	4.69
7467	Saatzucht	ABC	Gamma	4	1	40	50	60	80	57.19
7467	Saatzucht	ABC	Gamma	4	2	35	60	70	75	62.97
7467	Saatzucht	ABC	Gamma	4	3	30	40	50	55	44.84
7467	Saatzucht	ABC	Gamma	4	4	30	45	50	55	46.56
7469	Saatzucht	XYZ	Delta	5	1	1	2	2	15	3.91
7469	Saatzucht	XYZ	Delta	5	2	7	10	20	25	15.72
7469	Saatzucht	XYZ	Delta	5	3	1	4	5	10	4.94
7469	Saatzucht	XYZ	Delta	5	4	3	8	8	20	9.25
7571	Saatzucht	XYZ	Klein Epsilon	6	1	1	2	2	5	2.34
7571	Saatzucht	XYZ	Klein Epsilon	6	2	0	1	3	10	3.03
7571	Saatzucht	XYZ	Klein Epsilon	6	3	1	3	5	7	4.13
7571	Saatzucht	XYZ	Klein Epsilon	6	4	0	2	8	10	5.25
7426	Saatzucht	XYZ	Zeta	7	1	5	10	20	25	15.47
7426	Saatzucht	XYZ	Zeta	7	2	2	4	8	15	6.97
7426	Saatzucht	XYZ	Zeta	7	3	5	20	40	40	28.75
7426	Saatzucht	XYZ	Zeta	7	4	5	15	25	25	19.06
7428	Verband	11	Eta	8	1	0	1	1	3	1.19
7428	Verband	11	Eta	8	2	1	2	2	5	2.34
7428	Verband	11	Eta	8	3	1	3	3	8	3.53
7428	Verband	11	Eta	8	4	2	3	3	5	3.19
7430	Verband	11	Theta	9	1	1	3	3	5	3.06
7430	Verband	11	Theta	9	2	0	1	3	5	2.25
7430	Verband	11	Theta	9	3	1	1	2	1	1.38
7430	Verband	11	Theta	9	4	2	3	5	8	4.41
7432	Verband	11	Jota	10	1	2	4	8	15	6.97
7432	Verband	11	Jota	10	2	5	15	25	30	19.84
7432	Verband	11	Jota	10	3	8	20	35	35	26.47
7432	Verband	11	Jota	10	4	3	5	8	15	7.44
7434	Verband	11	Kappa	11	1	3	4	8	25	8.66
7434	Verband	11	Kappa	11	2	5	10	20	30	16.25
7434	Verband	11	Kappa	11	3	10	20	25	35	22.97
7434	Verband	11	Kappa	11	4	15	25	35	40	29.84
7435	Verband	11	Lambda	12	1	0	0	0	5	0.78
7435	Verband	11	Lambda	12	2	1	2	2	3	2.03
7435	Verband	11	Lambda	12	3	1	2	2	1	1.72
7435	Verband	11	Lambda	12	4	5	15	15	15	13.75
7512	Pflanzenzucht	My		13	1	5	8	10	20	10.25
7512	Pflanzenzucht	My		13	2	5	10	25	40	19.69
7512	Pflanzenzucht	My		13	3	10	15	35	35	25.00
7512	Pflanzenzucht	My		13	4	5	5	10	15	8.44
7518	Pflanzenzucht	Ny		14	1	5	5	10	20	9.22
7518	Pflanzenzucht	Ny		14	2	5	8	15	20	12.13
7518	Pflanzenzucht	Ny		14	3	10	10	15	25	14.22
7518	Pflanzenzucht	Ny		14	4	10	15	20	25	17.81
7574	Pflanzenzucht	Xi		15	1	5	15	20	25	17.19
7574	Pflanzenzucht	Xi		15	2	5	5	15	20	11.09
7574	Pflanzenzucht	Xi		15	3	5	3	5	15	5.88
7574	Pflanzenzucht	Xi		15	4	15	25	3	35	17.06
7582	Pflanzenzucht	Omikron		16	1	5	8	10	15	9.47
7582	Pflanzenzucht	Omikron		16	2	3	4	5	10	5.19
7582	Pflanzenzucht	Omikron		16	3	5	4	5	8	5.13
7582	Pflanzenzucht	Omikron		16	4	5	5	8	15	7.69
7480	Pflanzenzucht	Pi		17	1	0	0	0	1	0.16
7480	Pflanzenzucht	Pi		17	2	1	1	2	3	1.69
7480	Pflanzenzucht	Pi		17	3	1	0	0	2	0.44
7480	Pflanzenzucht	Pi		17	4	1	1	2	1	1.38
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	0	0	0	1	1	0.53
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	0	0	0	2	0	0.75
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	1	3	3	3	3	2.75
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	0	0	0	1	0	0.38
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	0	0	0	1	0	0.38
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	0	0	0	1	0	0.38
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	0	0	0	0	1	0.16
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	0	0	0	1	1	0.53
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	0	0	0	0	2	0.31
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	0	0	0	1	1	0.53
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	0	2	1	1	1	1.22
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	1	0	2	2	3	1.34
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	0	0	0	0	0	0.00
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	0	1	3	4	2	2.09
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	1	0	2	3	3	1.34
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	0	0	0	1	2	0.69

Bemerkung zur Spalte Hinweis:
 ersetzt: ein mit . gekennzeichneter Fehlwert wurde durch den ganzzahlig gerundeten Befallswert unter Verwendung des linearen Trends ersetzt,
 übernommen: an die Stelle des Kennzeichens -1 wird der Befallswert zum früheren Boniturtermin gesetzt,
 - WEG - : diese Kennzeichnung erfolgt, wenn ein Befallswert auf -2 gesetzt wird. Das hat zur Folge, dass diese Sorte aus der varianzanalytischen Analyse herausgenommen wird.

7 Auswertung eines Einzelversuchs

Mittlerer Befall (arithmetischer Mittelwert) und die daraus berechnete Boniturnote (logarithmische Skalierung):

Kennz	Anmelder	Sorte	Nummer	mittlerer Befall	Boniturnote
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	8.04	5
7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2	19.79	6
7559	Saatzucht ABC	Beta	3	3.29	3
7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	52.89	8
7469	Saatzucht XYZ	Delta	5	8.46	5
7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	6	3.69	3
7426	Saatzucht XYZ	Zeta	7	17.56	6
7428	Verband 11	Eta	8	2.56	3
7430	Verband 11	Theta	9	2.78	3
7432	Verband 11	Jota	10	15.18	6
7434	Verband 11	Kappa	11	19.43	6
7435	Verband 11	Lambda	12	4.57	4
7512	Pflanzenzucht	My	13	15.85	6
7518	Pflanzenzucht	Ny	14	13.35	6
7574	Pflanzenzucht	Xi	15	12.81	6
7582	Pflanzenzucht	Omikron	16	6.87	4
7480	Pflanzenzucht	Pi	17	0.92	2
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	0.84	2

Boxplots:

 Die Boxplots sind in den EMF-Dateien
 <Dateiname>1.emf
 bis
 <Dateiname>2.emf
 dargestellt.

Wie zu erkennen ist, werden für alle Teilstücke die beobachteten Befallsdaten und der mittlere Befallswert als Fläche unter der Befallsverlaufskurve berechnet. Aus den Wiederholungen werden dann die Mittelwerte je Sorte bzw. Linie ermittelt. Sie werden in Boniturnoten in Abhängigkeit von der gewählten Skalierung und damit der zugrunde gelegten Vorschrift (s. Kap. 2.5) umgerechnet.

Die Dateinamen der Grafiken werden aus dem Dateinamen der Ausgabedatei gebildet. Sie erhalten zusätzlich laufende Nummern und sind EMF-Dateien. Je nach Anzahl der Prüfglieder werden mehrere Grafiken mit Boxplots angelegt. Die Einteilung der Ordinatenachse ist für alle Grafiken gleich. Die beiden Grafiken mit den Boxplots sind in Abb. 9 zu sehen.

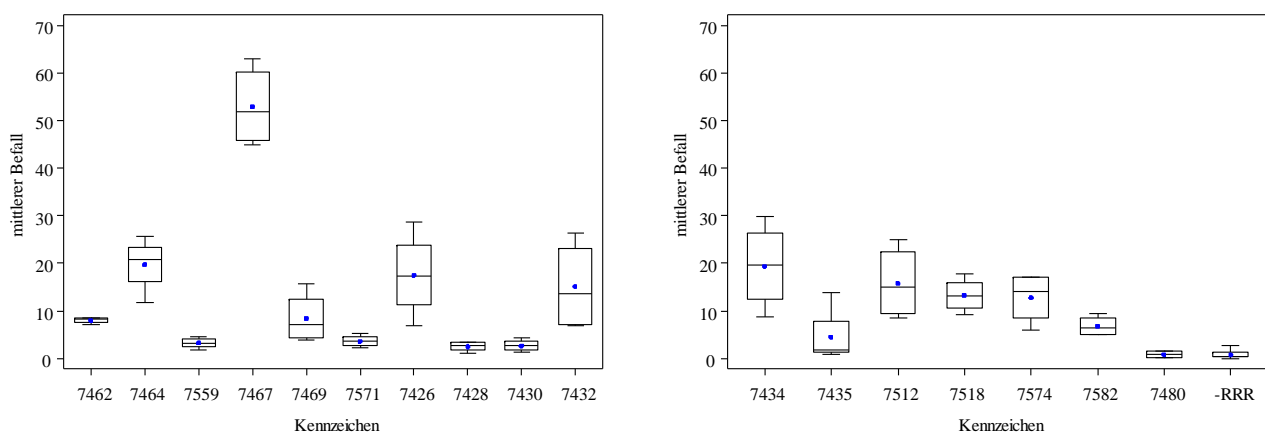


Abb. 9: Boxplots der Befallswerte (Flächen unter den Befallsverlaufskurven) für das geprüfte Sortiment

Boxplots sind sinnvoll. Trotzdem ist zu beachten, dass bei häufig nur maximal realisierten 4 Wiederholungen die Quartile Q1, Q2 und Q3 sowie der arithmetische Mittelwert berechnet und zusätzlich der kleinste und größte Wert gezeichnet werden. Es werden folglich aus 4 beobachteten Werten (Wiederholungen) 4 Maßzahlen geschätzt! Sind alle 4 beobachteten Werte verschieden, dann liegt das erste Quartil genau zwischen dem kleinsten und dem nächstgrößeren Wert, das zweite Quartil (Median) genau zwischen den beiden mittleren Werten und das dritte Quartil genau zwischen dem größten und dem nächstkleineren

Wert. Bei 3 oder gar nur 2 Wiederholungen sollte diese Darstellung nicht mehr genutzt werden, denn auch dann werden die 4 Maßzahlen aus noch weniger Werten berechnet.

Die Beispiels-Daten (Kap. 6.1) für die einfaktorielle randomisierte Blockanlage und die Alpha-Anlage unterscheiden sich abgesehen von der Spalte *Wdhlg* in der unterschiedlichen Anzahl Wiederholungen des Standards. Bei der Auswertung ‚Berechnung des mittleren Befalls‘ wird das Modell der Versuchsanlage (noch) nicht berücksichtigt. Deshalb unterscheiden sich die Ergebnisse ausschließlich wegen der unterschiedlichen Wiederholung nur in den Werten für den Standard. Sie werden als Ausschnitt für die Daten der Alpha-Anlage im Folgenden vorgestellt.

Berechnete Flächenwerte, die Ausgangsdaten einer varianzanalytischen Auswertung sein können:

Kennz	Anmelder	Sorte	Nummer	Wdhlg	Block	Befall1	Befall2	Befall3	Befall4	Fläche	Hinweis
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	1	3	2	5	10	15	8.06	
• • •											
7480	Pflanzenzucht	Pi	17	4	5	1	1	2	1	1.38	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	1	0	0	1	1	0.53	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	2	0	0	2	0	0.75	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	1	5	1	3	3	3	2.75	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	1	0	0	1	0	0.38	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	2	0	0	1	0	0.38	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	2	5	0	0	0	1	0.16	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	2	0	0	0	2	0.31	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	3	0	0	1	1	0.53	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	3	4	0	2	1	1	1.22	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	1	0	0	0	0	0.00	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	2	0	1	3	4	2.09	
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	4	3	1	0	2	3	1.34	

Mittlerer Befall (arithmetischer Mittelwert) und die daraus berechnete Boniturnote (logarithmische Skalierung):

Kennz	Anmelder	Sorte	Nummer	mittlerer Befall	Boniturnote
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1	8.04	5
• • •					
7480	Pflanzenzucht	Pi	17	0.92	2
-RRR	=RRR	res.Standard	RR	0.87	2

7.3 Auswirkungen der Kennzeichnung fehlender Werte auf die Analyse

Fehlende Werte können mit Punkt, -1 oder -2 gekennzeichnet werden. Jede dieser drei Formen hat natürlich unterschiedliche Auswirkungen. Um diese zu demonstrieren, ersetzen wir einige Daten der Beispielswerte (s. Kap. 6.1) durch fehlende Werte, wobei nachfolgend nur die Sorten mit Fehlwert aufgeführt werden:

Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	Block	Befall1	Befall2	Befall3	Befall4	
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	1	40	50	60	80	Originalwert: 75
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	2	35	60	70	.	Originalwert: 50
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	3	30	40	.	55	
4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	30	45	50	55	
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	1	1	2	2	15	Originalwert: 8
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	2	7	10	20	25	
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	3	1	4	5	10	Originalwert: 7
5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	4	3	8	-1	20	
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	1	1	2	2	5	Originalwert: 7
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	2	0	1	3	10	
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	3	1	3	5	-2	
6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	4	0	2	8	10	

Die Eingaben für die Berechnung des mittleren Befalls bleiben wie oben aufgeführt. Die Änderungen der Ausgabedatei sind:

7 Auswertung eines Einzelversuchs

Kennz	Anmelder	Sorte	Nummer	Block	Befall1	Befall2	Befall3	Befall4	Fläche	Hinweis
• • •										
7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	1	40	50	60	80	57.19	
7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	2	35	60	70	95	66.09	ersetzt
7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	3	30	40	49	55	44.47	ersetzt
7467	Saatzucht ABC	Gamma	4	4	30	45	50	55	46.56	
7469	Saatzucht XYZ	Delta	5	1	1	2	2	15	3.91	
7469	Saatzucht XYZ	Delta	5	2	7	10	20	25	15.72	
7469	Saatzucht XYZ	Delta	5	3	1	4	5	10	4.94	
7469	Saatzucht XYZ	Delta	5	4	3	8	8	20	9.25	übernommen
7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	6	1	1	2	2	5	.	- WEG -
7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	6	2	0	1	3	10	.	- WEG -
7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	6	3	1	3	5	-2	.	- WEG -
7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	6	4	0	2	8	10	.	- WEG -
Mittlerer Befall (arithmetischer Mittelwert) und die daraus berechnete Boniturnote (logarithmische Skalierung):										
Kennz	Anmelder	Sorte	Nummer		mittlerer Befall	Boniturnote				
7462	Saatzucht ABC	Alpha	1		8.04	5				
7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	2		19.79	6				
7559	Saatzucht ABC	Beta	3		3.29	3				
7467	Saatzucht ABC	Gamma	4		53.58	8				
7469	Saatzucht XYZ	Delta	5		8.46	5				
7426	Saatzucht XYZ	Zeta	7		17.56	6				
7428	Verband 11	Eta	8		2.56	3				
• • •										

Der fehlende Wert (Punkt-Kennzeichnung) für den Befall4 wird ersetzt unter Verwendung des linearen Trends. Der mittlere Befall aller Prüfgliedmittelwerte zum 3. Termin ist 13,2083 und zum 4. Termin 18,0115. Folglich ist ausgehend vom 3. Boniturtermin und dem Befallswert 70 der zu ersetzende Wert:

$70 * (18,0115/13,2083) = 95,4557$, ganzzahlig gerundet: 95. Der fehlende Wert für den Befall3 berechnet sich aus den benachbarten Werten unter Beachtung der Tage zwischen den Bonituren:

$40 + (55-40) * 7/(7+5) = 48,75$, ganzzahlig gerundet: 49. In beiden Fällen erfolgt der Hinweis: ersetzt.

Anstelle der Kennzahl -1 wird der Befallswert der früheren Bonitur gesetzt (Hinweis: übernommen). Es ist der Wert 8. Da es zufällig auch 8 war, sind mittlerer Befall des Prüfglieds und Boniturnote gleich den Werten der obigen Rechnung. Die Kennzahl -2 bewirkt, dass dieses Prüfglied nicht weiter betrachtet wird (Hinweis: - WEG -). Alle Befallswerte werden als fehlende Werte (Punkt) gekennzeichnet. Dieses Prüfglied taucht in der Berechnung der Boniturnoten (und den Grafiken der Boxplots) nicht mehr auf und wird auch nicht in die weitere Analyse einbezogen.

7.4 Mittlerer Befall und statistische Analyse

7.4.1 Weitere Eingaben

Wird von den beiden Auswertungs-Möglichkeiten

mittl. Befall und statistische Analyse

gewählt, dann sind zusätzlich folgende Eingaben notwendig:

- Blocks zufällig oder fix (Empfehlung: Blocks zufällig) – diese Wahlmöglichkeit erscheint aber nur, wenn als Versuchsanlage die randomisierte einfaktorielle Blockanlage erkannt wird, d.h. die Spalte *Wdhlg* fehlt. Ist die Versuchsanlage eine Alpha-Anlage, erscheint der Hinweis, dass die Blocks (und die Wiederholungen) als zufällige Effekte angesehen werden.
- Das (1-Konfidenzniveau) bzw. Signifikanzniveau α ist mit 0.05 vorgegeben. Es kann entsprechend der Aufgabenstellung geändert werden. Bei der Eingabe ist der Dezimalpunkt zu nutzen.
- Bei den Tests kann zwischen
 - alle paarweisen Vergleiche untereinander
 - alle Vergleiche zum Versuchsmittel
 - nur die Vergleiche zu einem Standard
 gewählt werden.

Die Vergleiche zum Versuchsmittelwert sind z.B. dann sinnvoll, wenn zwei (oder drei) Standards - entweder mit mehreren Wiederholungen geplant oder ungeplant - wie Extreme von Prüfgliedern in Richtung niedrigen und hohen Befalls wirken und dabei das Versuchsmittel ein von diesen Extremen gering beeinflusster „stabiler“ Schätzwert ist.

Für die Vergleiche zu einem Standard ist die Auswahl des Standards notwendig. Dazu werden alle Prüfglieder aufgelistet, das sind die Bezeichnungen, die sich aus dem Kennzeichen und dem Sortennamen zusammensetzen. Sie sind in der Reihenfolge ihrer Anzahl aufgeführt, d.h. ein geplanter Standard steht als erster Eintrag, weil er häufiger wiederholt wird. Aus denen ist der Standard auszuwählen, gegen den getestet werden soll. Es kann nur ein Prüfglied Standard sein. Sind mehrere Standards im Versuch, dann sollte ‚alle paarweisen Vergleiche untereinander‘ oder ‚alle Vergleiche zum Versuchsmittel‘ gewählt werden.

7.4.2 Auszuwertendes Merkmal

Ausgewertet werden die berechneten Werte für die Fläche unter der Befallsverlaufskurve jedes Teilstücks unter Berücksichtigung dessen, was zu den Auswirkungen der Kennzeichnung fehlender Werte auf die Analyse (s. Kap. 7.3) ausgeführt wurde. Mit diesen Einzelwerten des Befalls wird in Abhängigkeit vom Modell - einfaktorielle randomisierte Blockanlage mit zufälligen oder fixen Blocks oder Alpha-Anlage - eine Varianzanalyse durchgeführt.

7.4.3 Varianzanalyse

Wir bleiben beispielhaft bei den Daten für die einfaktorielle randomisierte Blockanlage (Kap. 6.1). Die Eingabedaten entsprechen denen in Kap. 7.2 aufgeführten: logarithmische Skalierung sowie die Bonitur-Termine 2.6.2008, 6.6.2008, 13.6.2008 und 18.6.2008.

Zur Wahl ‚mittl. Befall und statistische Analyse‘ kommen hinzu:

Blocks zufällig, $\alpha = 0.05$ und eine Testentscheidung – z.B.: ‚alle paarweisen Vergleiche untereinander‘.

Die in Kap. 7.2 beschriebene Ausgabedatei wird erweitert um

<pre>The HPMIXED Procedure Estimated G matrix is not positive definite.</pre>	1
<pre>--- RESI 2 ----- Auswertung eines Einzelversuchs: Anlage in vollständigen Blocks, Blocks zufällig (Proc HPMIXED: Konvergenz) Konvergenzinformation aus Proc MIXED mit NOBOUND-Option (d.h. ohne Modellreduktion) Konvergenz Matrix G Hesse Matrix Information Convergence criteria met. nicht positiv definit positiv definit Konvergenz</pre>	2
<pre>----- Konvergenzinformation aus Proc MIXED ohne NOBOUND-Option (d.h. mit Modellreduktion) Konvergenz Matrix G Hesse Matrix Information Convergence criteria met. nicht positiv definit positiv definit Konvergenz</pre>	3
<pre>----- Die G-Matrix ist nicht positiv definit. Es k ö n n e n Schätzprobleme auftreten. Bitte achten Sie besonders in der (jeweils) letzten Zeile der Mittelwerte (LsMeans) auf auffällige Abweichungen der Freiheitsgrade und Standardfehler. Ist dergleichen erkennbar, dann sind nachfolgende Auswertungen u.U. fragwürdig und es sollte ein Statistiker/Biometer konsultiert werden. -----</pre>	4

Anhand des Daten-Beispiels werden einzelne Schritte der Analyse gezeigt, die abgearbeitet werden *können*:

Die HPMIXED-Prozedur genutzt, um Startwerte für die Mixed-Prozedur zu berechnen (SPILKE 2009).

[Diese Prozedur ist in SAS 9.2 noch experimentell.]

```
PROC HPMIXED DATA=daten ;
  CLASS Block Pgl ;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=residual ;
  RANDOM Block ;
RUN;
```

- 1 Sie liefert (automatisch) den Hinweis, dass die G-Matrix nicht positiv definit ist.

Die geschätzten Varianzkomponenten werden als Macrovariable gespeichert:

```
PROC SQL noprint ;
  SELECT estimate into: cp1-:cp2 from CovParms ;
RUN;
```

Mit ihrer Hilfe werden die Varianzanalyse und die Mittelwertvergleiche durchgeführt. Dabei wird zuerst das Modell mit der Option NOBOUND gerechnet, d.h. SAS-seitig wird keine Modellreduktion vorgenommen, Varianzkomponenten können Null bzw. negativ sein:

```
PROC MIXED DATA=daten NOBOUND ;
  CLASS Block Pgl ;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger ;
  RANDOM Block ;
  PARS ( &CP1 ) ( &CP2 ) ;
  LSMEANS Pgl / . . . ;
RUN ;
```

- 2 Für dieses Modell werden die Konvergenz- und Matrizen-Eigenschaften der G- und Hesse-Matrix mitgeteilt. Zusätzlich wird der Hinweis auf Konvergenz im HPMIXED-Modell gegeben.
- 3 Sollte – wie in unserem Fall – (bei vorliegender Konvergenz) die G-Matrix nicht positiv definit sein, werden negative Startwerte $CP1 \dots CPi$ auf Null gesetzt und das Modell ohne die Option NOBOUND gerechnet. Die Konvergenz- und Matrizen-Eigenschaften der G- und Hesse-Matrix werden ausgegeben.
- 4 Ist auch die G-Matrix des Modells ohne die Option NOBOUND nicht positiv definit, kann es sein, dass die Auswertung verworfen werden muss. Das ist der Fall, wenn in der jeweils letzten Zeile der Mittelwerte (LsMeans) auffällige Abweichungen zu erkennen sind. Ein Hinweis dazu wird gegeben.

Die Ergebnisse der Varianzanalyse und der Mittelwertvergleiche des zuletzt gerechneten Modells werden ausgegeben. Für unser Daten-Beispiel ist es das Modell ohne die Option NOBOUND.

```
=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)
```

Kennz_Sorte	Mittelwert LsMean	Standardfehler	Freiheitsgrade	Konfidenzintervall untere Grenze	Konfidenzintervall obere Grenze
-RRR_res.Standard	0.8363	1.2481	66	-1.6557	3.3282
7426_Zeta	17.5625	2.4962	66	12.5787	22.5463
7428_Eta	2.5625	2.4962	66	-2.4213	7.5463
7430_Theta	2.7750	2.4962	66	-2.2088	7.7588
7432_Jota	15.1800	2.4962	66	10.1962	20.1638
7434_Kappa	19.4300	2.4962	66	14.4462	24.4138
7435_Lambda	4.5700	2.4962	66	-0.4138	9.5538
7462_Alpha	8.0400	2.4962	66	3.0562	13.0238
7464_Alpha 8c	19.7850	2.4962	66	14.8012	24.7688
7467_Gamma	52.8900	2.4962	66	47.9062	57.8738
7469_Delta	8.4550	2.4962	66	3.4712	13.4388
7480_Pi	0.9175	2.4962	66	-4.0663	5.9013
7512_My	15.8450	2.4962	66	10.8612	20.8288
7518_Ny	13.3450	2.4962	66	8.3612	18.3288
7559_Beta	3.2925	2.4962	66	-1.6913	8.2763
7571_Klein Epsilon	3.6875	2.4962	66	-1.2963	8.6713
7574_Xi	12.8050	2.4962	66	7.8212	17.7888
7582_Omikron	6.8700	2.4962	66	1.8862	11.8538

Die letzte Zeile der Mittelwerte (7582_Omikron) zeigt gegenüber den anderen keine auffälligen Abweichungen beim berechneten Standardfehler und den Freiheitsgraden im Vergleich zu den anderen Prüfgliedern (damit sind nicht Auswirkungen von Unbalanziertheiten gemeint, wie sie z.B. beim Standard oder durch fehlende Werte auftreten können), so dass der Hinweis zur nicht positiv definiten G-Matrix nicht weiter beachtet wird.

```

=== RESI 2 =====
Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)

fixer      Freiheits-   Freiheits-
Effekt     grade         grade
           Zähler       Nenner       F-Wert      Prob
           > F

PGL        17          66          26.60      <.0001

=== RESI 2 =====
REML-Schätzung der Varianzkomponenten

zuf. Effekt   Varianz-
bzw. Fehler   Schätzwert

Block         0
Fehler       24.9241

```

Danach folgen die Mittelwertvergleiche.

7.4.4 Mittelwertvergleiche

7.4.4.1 Bemerkungen zur Wahl des Simulate-Verfahrens

Die paarweisen Vergleiche der Mittelwerte der Prüfglieder untereinander oder die Vergleiche zu einem Standard werden im Allgemeinen mit Hilfe der Tukey- (bzw. Tukey-Kramer-) bzw. der Dunnett-Test-Prozedur realisiert. Das sind die klassischen Verfahren. Die Absicht war, sie in der SAS/AF-Anwendung RESI 2 einzusetzen. Beide Testverfahren sind so konstruiert, dass sie auch für ungleiche Stichprobenumfänge gelten. Allerdings kann die Unbalanziertheit dazu führen, dass diese Testverfahren das multiple Signifikanzniveau α nur approximativ einhalten. HAYTER (1984, 1989) liefert die Bedingung, unter der das multiple Signifikanzniveau eingehalten wird. Sie ist mit der Hayterzahl im Macro von SCHUMACHER und WEIMER (2006a) für Modelle mit „Ein-Weg-Struktur“ umgesetzt.

Beim Programmieren und Testen von Auswertungsprogrammen für RESI 2 zeigten Versuchsauswertungen mit Praxisdaten, dass die mit Hilfe dieses Macros berechneten Hayter-Zahlen die Hayter-Bedingung nicht erfüllen. Das heißt, dass die Anwendung der Tukey-Kramer- oder Dunnett-Test-Prozedur als nicht mehr zulässig anzusehen war, weil sie das multiple Signifikanzniveau nur noch approximativ einhalten. Das trifft auch für die Daten zu, die hier beispielhaft ausgewertet werden (s. o.). Die einzige Unbalanziertheit dieses Beispiels besteht darin, dass ein Prüfglied, der Standard, häufiger wiederholt wird.

Für Versuche zur Bewertung der Resistenz liegt die Unbalanziertheit bereits in der Versuchsplanung, indem ein oder mehrere Standards häufiger als die anderen Prüfglieder wiederholt werden. Das Merkmal Befall als Fläche unter der Befallsverlaufskurve ist als quantitatives Merkmal besser als die Befallsschätzungen (Prozentwerte), aus denen es berechnet wird. Aber auch dieses Merkmal kann die Eigenschaften von Prozentwerten, im unteren und oberen Bereich weniger als im mittleren Bereich zu streuen, nicht leugnen. Es kann folglich Varianzhomogenität vorliegen.

Eine Alternative für die Tukey-Kramer- oder Dunnett-Test-Prozedur ist das Simulate-Verfahren. Es ist ein exaktes Verfahren, das auf der Basis häufig gezogener Zufallsstichproben die Verteilung der kritischen Quantile zur Einhaltung des versuchsbezogenen Signifikanzniveaus für das zugrunde gelegte Modell simuliert. Das Simulate-Verfahren ist in SAS umgesetzt. Es zählt zu den rechenintensiven Verfahren, was vor allem auffällt, wenn eine Genauigkeit für die zu berechnende Überschreitungswahrscheinlichkeit vorgegeben wird; in RESI 2 ist die Genauigkeitsvorgabe 0,001. Alternative zu anderen Tests zu sein, klingt zunächst als zweite Wahl. Das ist das Simulate-Verfahren keinesfalls. So favorisieren SCHUMACHER und WEIMER (2006b) dieses Verfahren, das sich sogar im Vergleich mit anderen Testverfahren – auch dem Tukey-Kramer-Test – als das trennschärfste zeigte.

Die Entscheidung für das Simulate-Verfahren hat also mehrere Gründe. Es wird sowohl für den Vergleich aller Prüfglieder untereinander als auch für den Vergleich der Prüfglieder mit einem Standard eingesetzt.

7.4.4.2 Vergleich der Prüfglieder untereinander

Bis zu den multiplen Vergleichen sind die Ergebnisse bereits in Kap. 7.4.3 vorgestellt. Ist ‚alle paarweisen Vergleiche untereinander‘ gewählt, folgen die Ergebnisse des Simulate-Verfahrens für alle paarweisen Vergleiche:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, versuchsbezogenes Risiko 1. Art alpha = 0.05)

```

Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
-RRR_res.Standard	7426_Zeta	-16.7263	2.7908	66	<.0001	-26.8287	-6.6238	signifikant
-RRR_res.Standard	7428_Eta	-1.7263	2.7908	66	1.0000	-11.8287	8.3762	n.s.
-RRR_res.Standard	7430_Theta	-1.9388	2.7908	66	1.0000	-12.0412	8.1637	n.s.
-RRR_res.Standard	7432_Jota	-14.3438	2.7908	66	0.0004	-24.4462	-4.2413	signifikant
-RRR_res.Standard	7434_Kappa	-18.5938	2.7908	66	<.0001	-28.6962	-8.4913	signifikant
-RRR_res.Standard	7435_Lambda	-3.7337	2.7908	66	0.9962	-13.8362	6.3687	n.s.
-RRR_res.Standard	7462_Alpha	-7.2038	2.7908	66	0.4743	-17.3062	2.8987	n.s.
-RRR_res.Standard	7464_Alpha 8c	-18.9487	2.7908	66	<.0001	-29.0512	-8.8463	signifikant
-RRR_res.Standard	7467_Gamma	-52.0538	2.7908	66	<.0001	-62.1562	-41.9513	signifikant
-RRR_res.Standard	7469_Delta	-7.6188	2.7908	66	0.3748	-17.7212	2.4837	n.s.
-RRR_res.Standard	7480_Pi	-0.08125	2.7908	66	1.0000	-10.1837	10.0212	n.s.
-RRR_res.Standard	7512_My	-15.0087	2.7908	66	0.0001	-25.1112	-4.9063	signifikant
-RRR_res.Standard	7518_Ny	-12.5087	2.7908	66	0.0035	-22.6112	-2.4063	signifikant
-RRR_res.Standard	7559_Beta	-2.4563	2.7908	66	1.0000	-12.5587	7.6462	n.s.
-RRR_res.Standard	7571_Klein Epsilon	-2.8513	2.7908	66	0.9998	-12.9537	7.2512	n.s.
-RRR_res.Standard	7574_Xi	-11.9688	2.7908	66	0.0066	-22.0712	-1.8663	signifikant
-RRR_res.Standard	7582_Omikron	-6.0338	2.7908	66	0.7634	-16.1362	4.0687	n.s.
7426_Zeta	7428_Eta	15.0000	3.5302	66	0.0075	2.2213	27.7787	signifikant
7426_Zeta	7430_Theta	14.7875	3.5302	66	0.0091	2.0088	27.5662	signifikant
7426_Zeta	7432_Jota	2.3825	3.5302	66	1.0000	-10.3962	15.1612	n.s.
7426_Zeta	7434_Kappa	-1.8675	3.5302	66	1.0000	-14.6462	10.9112	n.s.
7426_Zeta	7435_Lambda	12.9925	3.5302	66	0.0424	0.2138	25.7712	signifikant
7426_Zeta	7462_Alpha	9.5225	3.5302	66	0.3957	-3.2562	22.3012	n.s.
7426_Zeta	7464_Alpha 8c	-2.2225	3.5302	66	1.0000	-15.0012	10.5562	n.s.
7426_Zeta	7467_Gamma	-35.3275	3.5302	66	<.0001	-48.1062	-22.5488	signifikant
7426_Zeta	7469_Delta	9.1075	3.5302	66	0.4751	-3.6712	21.8862	n.s.
7426_Zeta	7480_Pi	16.6450	3.5302	66	0.0016	3.8663	29.4237	signifikant
7426_Zeta	7512_My	1.7175	3.5302	66	1.0000	-11.0612	14.4962	n.s.
7426_Zeta	7518_Ny	4.2175	3.5302	66	0.9990	-8.5612	16.9962	n.s.
7426_Zeta	7559_Beta	14.2700	3.5302	66	0.0145	1.4913	27.0487	signifikant
7426_Zeta	7571_Klein Epsilon	13.8750	3.5302	66	0.0205	1.0963	26.6537	signifikant
7426_Zeta	7574_Xi	4.7575	3.5302	66	0.9959	-8.0212	17.5362	n.s.
7426_Zeta	7582_Omikron	10.6925	3.5302	66	0.2124	-2.0862	23.4712	n.s.
7428_Eta	7430_Theta	-0.2125	3.5302	66	1.0000	-12.9912	12.5662	n.s.
7428_Eta	7432_Jota	-12.6175	3.5302	66	0.0567	-25.3962	0.1612	n.s.
7428_Eta	7434_Kappa	-16.8675	3.5302	66	0.0013	-29.6462	-4.0888	signifikant
7428_Eta	7435_Lambda	-2.0075	3.5302	66	1.0000	-14.7862	10.7712	n.s.
7428_Eta	7462_Alpha	-5.4775	3.5302	66	0.9817	-18.2562	7.3012	n.s.
7428_Eta	7464_Alpha 8c	-17.2225	3.5302	66	0.0009	-30.0012	-4.4438	signifikant
7428_Eta	7467_Gamma	-50.3275	3.5302	66	<.0001	-63.1062	-37.5488	signifikant
7428_Eta	7469_Delta	-5.8925	3.5302	66	0.9640	-18.6712	6.8862	n.s.
7428_Eta	7480_Pi	1.6450	3.5302	66	1.0000	-11.1337	14.4237	n.s.
7428_Eta	7512_My	-13.2825	3.5302	66	0.0336	-26.0612	-0.5038	signifikant
7428_Eta	7518_Ny	-10.7825	3.5302	66	0.2010	-23.5612	1.9962	n.s.
7428_Eta	7559_Beta	-0.7300	3.5302	66	1.0000	-13.5087	12.0487	n.s.
7428_Eta	7571_Klein Epsilon	-1.1250	3.5302	66	1.0000	-13.9037	11.6537	n.s.
7428_Eta	7574_Xi	-10.2425	3.5302	66	0.2744	-23.0212	2.5362	n.s.
7428_Eta	7582_Omikron	-4.3075	3.5302	66	0.9987	-17.0862	8.4712	n.s.
7430_Theta	7432_Jota	-12.4050	3.5302	66	0.0666	-25.1837	0.3737	n.s.
7430_Theta	7434_Kappa	-16.6550	3.5302	66	0.0015	-29.4337	-3.8763	signifikant
7430_Theta	7435_Lambda	-1.7950	3.5302	66	1.0000	-14.5737	10.9837	n.s.
7430_Theta	7462_Alpha	-5.2650	3.5302	66	0.9877	-18.0437	7.5137	n.s.
7430_Theta	7464_Alpha 8c	-17.0100	3.5302	66	0.0011	-29.7887	-4.2313	signifikant
7430_Theta	7467_Gamma	-50.1150	3.5302	66	<.0001	-62.8937	-37.3363	signifikant
7430_Theta	7469_Delta	-5.6800	3.5302	66	0.9742	-18.4587	7.0987	n.s.
7430_Theta	7480_Pi	1.8575	3.5302	66	1.0000	-10.9212	14.6362	n.s.
7430_Theta	7512_My	-13.0700	3.5302	66	0.0398	-25.8487	-0.2913	signifikant
7430_Theta	7518_Ny	-10.5700	3.5302	66	0.2282	-23.3487	2.2087	n.s.
7430_Theta	7559_Beta	-0.5175	3.5302	66	1.0000	-13.2962	12.2612	n.s.
7430_Theta	7571_Klein Epsilon	-0.9125	3.5302	66	1.0000	-13.6912	11.8662	n.s.
7430_Theta	7574_Xi	-10.0300	3.5302	66	0.3076	-22.8087	2.7487	n.s.
7430_Theta	7582_Omikron	-4.0950	3.5302	66	0.9993	-16.8737	8.6837	n.s.
7432_Jota	7434_Kappa	-4.2500	3.5302	66	0.9989	-17.0287	8.5287	n.s.
7432_Jota	7435_Lambda	10.6100	3.5302	66	0.2229	-2.1687	23.3887	n.s.
7432_Jota	7462_Alpha	7.1400	3.5302	66	0.8423	-5.6387	19.9187	n.s.
7432_Jota	7464_Alpha 8c	-4.6050	3.5302	66	0.9971	-17.3837	8.1737	n.s.
7432_Jota	7467_Gamma	-37.7100	3.5302	66	<.0001	-50.4887	-24.9313	signifikant
7432_Jota	7469_Delta	6.7250	3.5302	66	0.8957	-6.0537	19.5037	n.s.
7432_Jota	7480_Pi	14.2625	3.5302	66	0.0147	1.4838	27.0412	signifikant
7432_Jota	7512_My	-0.6650	3.5302	66	1.0000	-13.4437	12.1137	n.s.
7432_Jota	7518_Ny	1.8350	3.5302	66	1.0000	-10.9437	14.6137	n.s.
7432_Jota	7559_Beta	11.8875	3.5302	66	0.0973	-0.8912	24.6662	n.s.
7432_Jota	7571_Klein Epsilon	11.4925	3.5302	66	0.1278	-1.2862	24.2712	n.s.

7432_Jota	7574_Xi	2.3750	3.5302	66	1.0000	-10.4037	15.1537	n.s.
7432_Jota	7582_Omikron	8.3100	3.5302	66	0.6352	-4.4687	21.0887	n.s.
7434_Kappa	7435_Lambda	14.8600	3.5302	66	0.0086	2.0813	27.6387	signifikant
7434_Kappa	7462_Alpha	11.3900	3.5302	66	0.1369	-1.3887	24.1687	n.s.
7434_Kappa	7464_Alpha 8c	-0.3550	3.5302	66	1.0000	-13.1337	12.4237	n.s.
7434_Kappa	7467_Gamma	-33.4600	3.5302	66	<.0001	-46.2387	-20.6813	signifikant
7434_Kappa	7469_Delta	10.9750	3.5302	66	0.1786	-1.8037	23.7537	n.s.
7434_Kappa	7480_Pi	18.5125	3.5302	66	0.0002	5.7338	31.2912	signifikant
7434_Kappa	7512_My	3.5850	3.5302	66	0.9999	-9.1937	16.3637	n.s.
7434_Kappa	7518_Ny	6.0850	3.5302	66	0.9526	-6.6937	18.8637	n.s.
7434_Kappa	7559_Beta	16.1375	3.5302	66	0.0026	3.3588	28.9162	signifikant
7434_Kappa	7571_Klein Epsilon	15.7425	3.5302	66	0.0038	2.9638	28.5212	signifikant
7434_Kappa	7574_Xi	6.6250	3.5302	66	0.9066	-6.1537	19.4037	n.s.
7434_Kappa	7582_Omikron	12.5600	3.5302	66	0.0592	-0.2187	25.3387	n.s.
7435_Lambda	7462_Alpha	-3.4700	3.5302	66	0.9999	-16.2487	9.3087	n.s.
7435_Lambda	7464_Alpha 8c	-15.2150	3.5302	66	0.0062	-27.9937	-2.4363	signifikant
7435_Lambda	7467_Gamma	-48.3200	3.5302	66	<.0001	-61.0987	-35.5413	signifikant
7435_Lambda	7469_Delta	-3.8850	3.5302	66	0.9996	-16.6637	8.8937	n.s.
7435_Lambda	7480_Pi	3.6525	3.5302	66	0.9998	-9.1262	16.4312	n.s.
7435_Lambda	7512_My	-11.2750	3.5302	66	0.1476	-24.0537	1.5037	n.s.
7435_Lambda	7518_Ny	-8.7750	3.5302	66	0.5413	-21.5537	4.0037	n.s.
7435_Lambda	7559_Beta	1.2775	3.5302	66	1.0000	-11.5012	14.0562	n.s.
7435_Lambda	7571_Klein Epsilon	0.8825	3.5302	66	1.0000	-11.8962	13.6612	n.s.
7435_Lambda	7574_Xi	-8.2350	3.5302	66	0.6501	-21.0137	4.5437	n.s.
7435_Lambda	7582_Omikron	-2.3000	3.5302	66	1.0000	-15.0787	10.4787	n.s.
7462_Alpha	7464_Alpha 8c	-11.7450	3.5302	66	0.1075	-24.5237	1.0337	n.s.
7462_Alpha	7467_Gamma	-44.8500	3.5302	66	<.0001	-57.6287	-32.0713	signifikant
7462_Alpha	7469_Delta	-0.4150	3.5302	66	1.0000	-13.1937	12.3637	n.s.
7462_Alpha	7480_Pi	7.1225	3.5302	66	0.8447	-5.6562	19.9012	n.s.
7462_Alpha	7512_My	-7.8050	3.5302	66	0.7324	-20.5837	4.9737	n.s.
7462_Alpha	7518_Ny	-5.3050	3.5302	66	0.9867	-18.0837	7.4737	n.s.
7462_Alpha	7559_Beta	4.7475	3.5302	66	0.9960	-8.0312	17.5262	n.s.
7462_Alpha	7571_Klein Epsilon	4.3525	3.5302	66	0.9985	-8.4262	17.1312	n.s.
7462_Alpha	7574_Xi	-4.7650	3.5302	66	0.9958	-17.5437	8.0137	n.s.
7462_Alpha	7582_Omikron	1.1700	3.5302	66	1.0000	-11.6087	13.9487	n.s.
7464_Alpha 8c	7467_Gamma	-33.1050	3.5302	66	<.0001	-45.8837	-20.3263	signifikant
7464_Alpha 8c	7469_Delta	11.3300	3.5302	66	0.1425	-1.4487	24.1087	n.s.
7464_Alpha 8c	7480_Pi	18.8675	3.5302	66	0.0002	6.0888	31.6462	signifikant
7464_Alpha 8c	7512_My	3.9400	3.5302	66	0.9996	-8.8387	16.7187	n.s.
7464_Alpha 8c	7518_Ny	6.4400	3.5302	66	0.9246	-6.3387	19.2187	n.s.
7464_Alpha 8c	7559_Beta	16.4925	3.5302	66	0.0018	3.7138	29.2712	signifikant
7464_Alpha 8c	7571_Klein Epsilon	16.0975	3.5302	66	0.0027	3.3188	28.8762	signifikant
7464_Alpha 8c	7574_Xi	6.9800	3.5302	66	0.8643	-5.7987	19.7587	n.s.
7464_Alpha 8c	7582_Omikron	12.9150	3.5302	66	0.0449	0.1363	25.6937	signifikant
7467_Gamma	7469_Delta	44.4350	3.5302	66	<.0001	31.6563	57.2137	signifikant
7467_Gamma	7480_Pi	51.9725	3.5302	66	<.0001	39.1938	64.7512	signifikant
7467_Gamma	7512_My	37.0450	3.5302	66	<.0001	24.2663	49.8237	signifikant
7467_Gamma	7518_Ny	39.5450	3.5302	66	<.0001	26.7663	52.3237	signifikant
7467_Gamma	7559_Beta	49.5975	3.5302	66	<.0001	36.8188	62.3762	signifikant
7467_Gamma	7571_Klein Epsilon	49.2025	3.5302	66	<.0001	36.4238	61.9812	signifikant
7467_Gamma	7574_Xi	40.0850	3.5302	66	<.0001	27.3063	56.8637	signifikant
7467_Gamma	7582_Omikron	46.0200	3.5302	66	<.0001	33.2413	58.7987	signifikant
7469_Delta	7480_Pi	7.5375	3.5302	66	0.7796	-5.2412	20.3162	n.s.
7469_Delta	7512_My	-7.3900	3.5302	66	0.8040	-20.1687	5.3887	n.s.
7469_Delta	7518_Ny	-4.8900	3.5302	66	0.9944	-17.6687	7.8887	n.s.
7469_Delta	7559_Beta	5.1625	3.5302	66	0.9899	-7.6162	17.9412	n.s.
7469_Delta	7571_Klein Epsilon	4.7675	3.5302	66	0.9958	-8.0112	17.5462	n.s.
7469_Delta	7574_Xi	-4.3500	3.5302	66	0.9985	-17.1287	8.4287	n.s.
7469_Delta	7582_Omikron	1.5850	3.5302	66	1.0000	-11.1937	14.3637	n.s.
7480_Pi	7512_My	-14.9275	3.5302	66	0.0081	-27.7062	-2.1488	signifikant
7480_Pi	7518_Ny	-12.4275	3.5302	66	0.0654	-25.2062	0.3512	n.s.
7480_Pi	7559_Beta	-2.3750	3.5302	66	1.0000	-15.1537	10.4037	n.s.
7480_Pi	7571_Klein Epsilon	-2.7700	3.5302	66	1.0000	-15.5487	10.0087	n.s.
7480_Pi	7574_Xi	-11.8875	3.5302	66	0.0973	-24.6662	0.8912	n.s.
7480_Pi	7582_Omikron	-5.9525	3.5302	66	0.9606	-18.7312	6.8262	n.s.
7512_My	7518_Ny	2.5000	3.5302	66	1.0000	-10.2787	15.2787	n.s.
7512_My	7559_Beta	12.5525	3.5302	66	0.0596	-0.2262	25.3312	n.s.
7512_My	7571_Klein Epsilon	12.1575	3.5302	66	0.0799	-0.6212	24.9362	n.s.
7512_My	7574_Xi	3.0400	3.5302	66	1.0000	-9.7387	15.8187	n.s.
7512_My	7582_Omikron	8.9750	3.5302	66	0.5013	-3.8037	21.7537	n.s.
7518_Ny	7559_Beta	10.0525	3.5302	66	0.3040	-2.7262	22.8312	n.s.
7518_Ny	7571_Klein Epsilon	9.6575	3.5302	66	0.3711	-3.1212	22.4362	n.s.
7518_Ny	7574_Xi	0.5400	3.5302	66	1.0000	-12.2387	13.3187	n.s.
7518_Ny	7582_Omikron	6.4750	3.5302	66	0.9214	-6.3037	19.2537	n.s.
7559_Beta	7571_Klein Epsilon	-0.3950	3.5302	66	1.0000	-13.1737	12.3837	n.s.
7559_Beta	7574_Xi	-9.5125	3.5302	66	0.3975	-22.2912	3.2662	n.s.
7559_Beta	7582_Omikron	-3.5775	3.5302	66	0.9999	-16.3562	9.2012	n.s.
7571_Klein Epsilon	7574_Xi	-9.1175	3.5302	66	0.4732	-21.8962	3.6612	n.s.
7571_Klein Epsilon	7582_Omikron	-3.1825	3.5302	66	1.0000	-15.9612	9.5962	n.s.
7574_Xi	7582_Omikron	5.9350	3.5302	66	0.9616	-6.8437	18.7137	n.s.

Diese vielen Zeilen werden übersichtlich nach der Methode gleicher Buchstaben mit Hilfe des SAS-Macro %mult (PIEPHO 2003) zusammengefasst:

7 Auswertung eines Einzelversuchs

```
Methode gleicher Buchstaben (MACRO mult (Piepho 2003)):
Varianten mit gleichen Buchstaben sind untereinander nicht signifikant.
```

Variante	lsmean	L
-RRR_res.Standard	0.83625	f
7426_Zeta	17.5625	. e . . . a .
7428_Eta	2.5625	f . . d . . .
7430_Theta	2.775	f . . d . . .
7432_Jota	15.18	. . . d b a .
7434_Kappa	19.43	. e . . . a .
7435_Lambda	4.57	f . . . b . .
7462_Alpha	8.04	f a .
7464_Alpha 8c	19.785 a .
7467_Gamma	52.89 c
7469_Delta	8.455	f a .
7480_Pi	0.9175	f . g
7512_My	15.845 b a .
7518_Ny	13.345	. . g d b a .
7559_Beta	3.2925	f . . . b . .
7571_Klein Epsilon	3.6875	f . . . b . .
7574_Xi	12.805	. . g d b a .
7582_Omikron	6.87	f e . . b . .

Werden auf die Daten aus Kap. 6.1 für die Alpha-Anlage die gleichen Eingabeinformationen zur statistischen Analyse wie für die einfaktorielle Blockanlage verwendet, dann ergibt sich ein ähnliches Ergebnis. Das soll hier nicht in vollem Umfang aufgelistet werden. Zur Information wird deshalb nachfolgend nur die Kurzform der Signifikanzentscheidungen der Mittelwertvergleiche für die Alpha-Anlage angegeben.

```
Methode gleicher Buchstaben (MACRO mult (Piepho 2003)):
Varianten mit gleichen Buchstaben sind untereinander nicht signifikant.
```

Variante	lsmean	L
-RRR_res.Standard	0.87	f
7426_Zeta	17.5625 a b .
7428_Eta	2.5625	f . e
7430_Theta	2.775	f . . c . . .
7432_Jota	15.18	. . e c a b .
7434_Kappa	19.43 a . .
7435_Lambda	4.57	f b .
7462_Alpha	8.04	f a . .
7464_Alpha 8c	19.785 a .
7467_Gamma	52.89 d
7469_Delta	8.455	f a . .
7480_Pi	0.9175	f g
7512_My	15.845	. . . c a b .
7518_Ny	13.345	. g e c a b .
7559_Beta	3.2925	f . . c . . .
7571_Klein Epsilon	3.6875	f . . c . . .
7574_Xi	12.805	. g e c a b .
7582_Omikron	6.87	f . . . a . .

Die sich in Abhängigkeit vom Modell unterscheidenden Signifikanzentscheidungen sind zu erkennen. Die Zuordnung der Buchstaben erfolgt ohne inhaltliche Bedeutung.

7.4.4.3 Alle Vergleiche zum Versuchsmittel

Der Maximum-Modulus-Test ist in SAS 9.2 weder in PROC GLM noch in PROC MIXED implementiert, obwohl die entsprechende Verteilung verfügbar ist. FRÖMKE und BRETZ (2004) berechnen für beliebige lineare Kontraste ausgehend von der multivariaten t-Verteilung die adjustierten Überschreitungswahrscheinlichkeiten und die simultanen Konfidenzintervalle unter Einhaltung des multiplen Signifikanzniveaus. SCHUMACHER (2010) ist nicht nur für den Hinweis darauf zu danken, sondern auch, dass er die bei FRÖMKE und BRETZ (2004) genannten, aber leider unter der dort angegebenen Webadresse nicht mehr verfügbaren SAS-Macros bereit stellte.

Um die Vergleiche der Prüfgliedmittelwerte mit dem Versuchsmittel umzusetzen, sind einige Schritte notwendig, die nachfolgend für die Beispieldaten der einfaktoriellen Blockanlage (Kap. 6.1) vorgestellt werden.

Aufruf des Macros *MakeGLMStats* (FRÖMKE u. BRETZ 2004):

```
%MakeGLMStats(dataset= daten, classvar= &classvar, yvar=&yvar,
               model= &modelvar, contrasts=USER) ;
```

Die verwendeten Macrovariable haben der Versuchsanlage entsprechend die Inhalte

```
&classvar      Block PGL
&yvar          Befall
&modelvar     PGL
```

Mit dem Parameter `contrasts=USER` korrespondiert ein Macro *Contrasts*, in dem vom Nutzer die linearen Kontraste unter Einhaltung einiger Vorschriften definiert werden:

```
%MACRO contrasts;
  C = {
    -1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 ,
    -1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 };

  C=C`;
  Clab =
  {'#--RRR_res.Standard',
   '#-7426_Zeta',
   '#-7428_Eta',
   '#-7430_Theta',
   '#-7432_Jota',
   '#-7434_Kappa',
   '#-7435_Lambda',
   '#-7462_Alpha',
   '#-7464_Alpha 8c',
   '#-7467_Gamma',
   '#-7469_Delta',
   '#-7480_Pi',
   '#-7512_My',
   '#-7518_Ny',
   '#-7559_Beta',
   '#-7571_Klein Epsilon',
   '#-7574_Xi',
   '#-7582_Omikron'};
%MEND;
```

Im ersten Teil des Macros werden die Kontraste formuliert, wobei die erste Spalte für das Versuchsmittel steht. Der letzte Teil dient der verbalen Beschreibung dieser Kontraste. Der Inhalt dieses Macros wird programmseitig in Abhängigkeit von den im jeweiligen Versuch auftretenden Prüfgliedern variabel aufgebaut.

Danach wird das Macro *SimultanIntervals* (FRÖMKE u. BRETZ 2004) aufgerufen:

7 Auswertung eines Einzelversuchs

```
%SimultanIntervals(seed=0, conf=&alpha_c, side=B);
```

Die Macrovariable *alpha_c* steht für das Konfidenzniveau $1-\alpha$ und *side=B* für zweiseitiges Testen.

Das von FRÖMKE und BRETZ (2004) verwendete Ausgabe-Template wird unterdrückt. Die Testergebnisse für die Beispieldaten sind:

```
=== RESI 2 =====
Vergleich der Prüfgliedmittelwerte mit dem Versuchsmittel (#)
unter Einhaltung des simultanen Signifikanzniveaus alpha = 0.05
(Macros MakeGLMStats und SimultanIntervals (Frömke und Bretz 2004))
geschätztes      0.95-Quantil: 3.091414
```

PGL vs. Versuchsmittel	Differenz	Standardfehler des Mittelwerts	t-Wert	Adj P	untere KI-Grenze	obere KI-Grenze	Testentscheidung
#--RRR_res.Standard	-21.1478	1.55589	-13.5921	0.00000	-25.9577	-16.3379	signifikant
#-7426_Zeta	-4.4216	2.47188	-1.7887	0.73973	-12.0632	3.2200	n.s.
#-7428_Eta	-19.4216	2.47188	-7.8570	0.00000	-27.0632	-11.7800	signifikant
#-7430_Theta	-19.2091	2.47188	-7.7710	0.00000	-26.8507	-11.5675	signifikant
#-7432_Jota	-6.8041	2.47188	-2.7526	0.12470	-14.4457	0.8375	n.s.
#-7434_Kappa	-2.5541	2.47188	-1.0333	0.99750	-10.1957	5.0875	n.s.
#-7435_Lambda	-17.4141	2.47188	-7.0449	0.00000	-25.0557	-9.7725	signifikant
#-7462_Alpha	-13.9441	2.47188	-5.6411	0.00001	-21.5857	-6.3025	signifikant
#-7464_Alpha 8c	-2.1991	2.47188	-0.8896	0.99960	-9.8407	5.4425	n.s.
#-7467_Gamma	30.9059	2.47188	12.5030	0.00000	23.2643	38.5475	signifikant
#-7469_Delta	-13.5291	2.47188	-5.4732	0.00001	-21.1707	-5.8875	signifikant
#-7480_Pi	-21.0666	2.47188	-8.5225	0.00000	-28.7082	-13.4250	signifikant
#-7512_My	-6.1391	2.47188	-2.4836	0.23511	-13.7807	1.5025	n.s.
#-7518_Ny	-8.6391	2.47188	-3.4949	0.01501	-16.2807	-0.9975	signifikant
#-7559_Beta	-18.6916	2.47188	-7.5617	0.00000	-26.3332	-11.0500	signifikant
#-7571_Klein Epsilon	-18.2966	2.47188	-7.4019	0.00000	-25.9382	-10.6550	signifikant
#-7574_Xi	-9.1791	2.47188	-3.7134	0.00743	-16.8207	-1.5375	signifikant
#-7582_Omikron	-15.1141	2.47188	-6.1144	0.00000	-22.7557	-7.4725	signifikant

7.4.4.4 Vergleich der Prüfglieder zu einem Standard

Wir betrachten die Wahlmöglichkeit ‚nur die Vergleiche zu einem Standard‘. Als Standard gewählt sei *-RRR_res.Standard*. Dann ergeben für die einfaktorische Blockanlage folgende Ergebnisse für die paarweisen Vergleiche der Mittelwerte der Prüfglieder zum Standard:

```
=== RESI 2 =====
Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, versuchsbezogenes Risiko 1. Art alpha = 0.05)
```

Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	Standardfehler	Freiheitsgrade	Überschreitungswahrscheinlichkeit	Konfidenzintervall untere Grenze	Konfidenzintervall obere Grenze	Testentscheidung Simulate-Verfahren
7426_Zeta	-RRR_res.Standard	16.7263	2.7908	66	<.0001	8.2019	25.2506	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	1.7263	2.7908	66	1.0000	-6.7981	10.2506	n.s.
7430_Theta	-RRR_res.Standard	1.9388	2.7908	66	1.0000	-6.5856	10.4631	n.s.
7432_Jota	-RRR_res.Standard	14.3438	2.7908	66	<.0001	5.8194	22.8681	signifikant
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	18.5938	2.7908	66	<.0001	10.0694	27.1181	signifikant
7435_Lambda	-RRR_res.Standard	3.7337	2.7908	66	0.9432	-4.7906	12.2581	n.s.
7462_Alpha	-RRR_res.Standard	7.2038	2.7908	66	0.1667	-1.3206	15.7281	n.s.
7464_Alpha 8c	-RRR_res.Standard	18.9487	2.7908	66	<.0001	10.4244	27.4731	signifikant
7467_Gamma	-RRR_res.Standard	52.0538	2.7908	66	<.0001	43.5294	60.5781	signifikant
7469_Delta	-RRR_res.Standard	7.6188	2.7908	66	0.1169	-0.9056	16.1431	n.s.
7480_Pi	-RRR_res.Standard	0.08125	2.7908	66	1.0000	-8.4431	8.6056	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	15.0087	2.7908	66	<.0001	6.4844	23.5331	signifikant
7518_Ny	-RRR_res.Standard	12.5087	2.7908	66	0.0005	3.9844	21.0331	signifikant
7559_Beta	-RRR_res.Standard	2.4563	2.7908	66	0.9991	-6.0681	10.9806	n.s.
7571_Klein Epsilon	-RRR_res.Standard	2.8513	2.7908	66	0.9951	-5.6731	11.3756	n.s.
7574_Xi	-RRR_res.Standard	11.9688	2.7908	66	0.0010	3.4444	20.4931	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	6.0338	2.7908	66	0.3940	-2.4906	14.5581	n.s.

7.4.4.5 Unterschiedliche Breite der Konfidenzintervalle bei den paarweisen Vergleichen aller Prüfglieder untereinander und der Vergleiche der Prüfglieder zu einem Standard

Die $(1-\alpha)$ -Konfidenzintervalle und Überschreitungswahrscheinlichkeiten für alle paarweisen Vergleiche untereinander und die der Vergleiche nur zu einem Standard unterscheiden sich im Allgemeinen. Das kann auch zu unterschiedlichen Signifikanzentscheidungen führen. Um das zu veranschaulichen wählen wir für nachfolgende Betrachtungen beispielhaft aus obigen Ergebnissen die Tests zwischen Standard und 7426_Zeta sowie Standard und 7462_Alpha aus den Ergebnissen aller paarweisen Vergleiche mit denen der Vergleiche zu einem Standard aus:

alle paarweisen Vergleiche untereinander ...

Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	STDERR	FG	p	uG KI	oG KI	Test
-RRR_res.Standard	7426_Zeta	-16.7263	2.7908	66	<.0001	-26.8287	-6.6238	signifikant
-RRR_res.Standard	7462_Alpha	-7.2038	2.7908	66	0.4743	-17.3062	2.8987	n.s.

Vergleiche zu einem Standard ...

Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	STDERR	FG	p	uG KI	oG KI	Test
7426_Zeta	-RRR_res.Standard	16.7263	2.7908	66	<.0001	8.2019	25.2506	signifikant
7462_Alpha	-RRR_res.Standard	7.2038	2.7908	66	0.1667	-1.3206	15.7281	n.s.

Die Bildung der Differenzen unterscheidet sich, weil Minuend und Subtrahend vertauscht sind. Trotzdem sehen ohne Berücksichtigung der Richtung, d.h. der Vorzeichen, die Ergebnisse ähnlich aus. Die Breiten der berechneten Konfidenzintervalle sind:

alle paarweisen Vergleiche	(Standard und 7426_Zeta)	$-6,6238 - (-26,8287) = 20,2049$
	(Standard und 7462_Alpha)	$2,8987 - (-17,3062) = 20,2049$
Vergleiche zu einem Standard	(Standard und 7426_Zeta)	$25,2506 - 8,2019 = 17,0487$
	(Standard und 7462_Alpha)	$15,7281 - (-1,3206) = 17,0487$

Für die Vergleiche zu einem Standard sind die Konfidenzintervalle schmäler als beim Vergleich aller Prüfglieder untereinander. Auch die Überschreitungswahrscheinlichkeiten p sind für die Vergleiche zu einem Standard kleiner. Der Hintergrund dafür ist, dass das multiple Signifikanzniveau α für alle paarweisen Vergleiche, das sind $17 \cdot (17+1) / 2 = 153$ Vergleiche, und für die Vergleiche zu einem Standard „nur“ für 17 Paar-Vergleiche eingehalten werden muss. Weniger Vergleiche zahlen sich folglich aus.

Vermerkt soll an dieser Stelle nur werden, dass, wenn die Daten für die Alpha-Anlage ausgewertet werden, die Ergebnisse ähnlich sind.

7.4.5 Die Ausgabedateien

Der Nutzer der SAS/AF-Anwendung RESI 2 muss im Formular (Frame) für die Auswertung eines Einzelversuchs eine **Text-Datei** zum Abspeichern der Ergebnisse angeben. Das sind die Ergebnisse wie sie im Kap. 7 vorgestellt sind. Bei den Boxplots (s. Kap. 7.2) wurde bereits darauf hingewiesen, dass der Dateiname um eine laufende Nummer erweitert auch zum Abspeichern der **EMF-Grafiken** verwendet wird.

Abschließend und auf die Ausgabe der Mittelwertvergleiche folgend wird dieser Hinweis ausgegeben:

Die MS-EXCEL-Datei <Dateiname>.xls enthält zwei für die Serienanalyse wichtige Tabellenblätter: Serie_EIW mit den Einzelwerten und Serie_LSW mit den adjustierten Mittelwerten (LsMeans). Sind die Standards für alle Einzelversuche der Versuchsserie dieselben, können die Bezeichnungen für die Standards: res.Standard, loc.Standard oder anf.Standard unverändert bleiben, wenn nicht, müssen sie vor der statistischen Analyse durch die tatsächlichen Sortenbezeichnungen in der Form <Kennz>_<Sortenname> ersetzt werden.

Die aus dem mittleren Befall berechneten Boniturnoten finden Sie im dritten Tabellenblatt Boniturnoten (die Kennzeichnung M_* steht für mittl. Befall und LsM_* für LsMeans).

Es wird folglich eine **MS-Excel-Datei** mit gleichem Namen der Text- und Grafik-Dateien ausgegeben, die drei Tabellenblätter enthält:

- Serie_EIW: für eine mögliche Serienanalyse wichtiges Tabellenblatt mit den Einzeldaten
- Serie_LSW: für eine mögliche Serienanalyse wichtiges Tabellenblatt mit den adjustierten Mittelwerten
- Boniturnoten: die aus dem mittleren Befall (arithmetischer Mittelwerte und LsMeans) berechneten Boniturnoten.

Für eine Serienanalyse werden immer beide Tabellenblätter Serie_EIW und Serie_LSW gebraucht.

Der Inhalt dieser drei Tabellenblätter wird nachfolgend sowohl für die einfaktorielle Blockanlage A-BI als auch für die Alpha-Anlage vorgestellt. Er stimmt (natürlich) mit den in Kap. 7.2 und Kap. 7.4 vorgestellten Text-Ergebnissen überein. Zu den berechneten Boniturnoten ist noch folgende Bemerkung notwendig: Sie werden in Abhängigkeit von der gewählten Skalierung der Buniturskala (logarithmisch oder linear) einmal aus den arithmetischen Mittelwerten M_Befall als M_Boniturnote und zusätzlich aus den adjustierten (LsMeans-) Mittelwerten LsM_Befall als LsM_Boniturnote berechnet. Unterschiede zwischen beiden Mittelwerten und folglich auch den daraus berechneten Boniturnoten resultieren aus dem Modell der Versuchsanlage und der Balanziertheit der Prüfglieder.

Ergebnisse der einfaktorielle randomisierten Blockanlage:

	A	B	C	D
1	PGL	Block	Befall	
2	7462_Alpha	1	8,06	
3	7462_Alpha	2	8,44	
4	7462_Alpha	3	8,63	
5	7462_Alpha	4	7,03	
6	7464_Alpha 8c	1	25,63	
7	7464_Alpha 8c	2	21	
8	7464_Alpha 8c	3	20,63	
9	7464_Alpha 8c	4	11,88	
10	7559_Beta	1	1,91	
11	7559_Beta	2	3,63	
12	7559_Beta	3	2,94	
13	7559_Beta	4	4,69	
14	7467_Gamma	1	57,19	
15	7467_Gamma	2	62,97	
16	7467_Gamma	3	44,84	
17	7467_Gamma	4	46,56	
18	7469_Delta	1	3,91	
19	7469_Delta	2	15,72	
20	7469_Delta	3	4,94	
21	7469_Delta	4	9,25	
22	7571_Klein Epsilon	1	2,34	
23	7571_Klein Epsilon	2	3,03	
24	7571_Klein Epsilon	3	4,13	
25	7571_Klein Epsilon	4	5,25	
26	7426_Zeta	1	15,47	
27	7426_Zeta	2	6,97	
28	7426_Zeta	3	28,75	
29	7426_Zeta	4	19,06	
30	7428_Eta	1	1,19	
31	7428_Eta	2	0,34	
32	7428_Eta	3	0,34	
33	7428_Eta	4	0,34	

	A	B	C	D
1	PGL	LsMean	StdErr	
2	-RRR_res.Standard	0,83625	1,248102	
3	7426_Zeta	17,5625	2,496204	
4	7428_Eta	2,5625	2,496204	
5	7430_Theta	2,775	2,496204	
6	7432_Jota	15,18	2,496204	
7	7434_Kappa	19,43	2,496204	
8	7435_Lambda	4,57	2,496204	
9	7462_Alpha	8,04	2,496204	
10	7464_Alpha 8c	19,785	2,496204	
11	7467_Gamma	52,89	2,496204	
12	7469_Delta	8,455	2,496204	
13	7480_Pi	0,9175	2,496204	
14	7512_My	15,845	2,496204	
15	7518_Ny	13,345	2,496204	
16	7559_Beta	3,2925	2,496204	
17	7571_Klein Epsilon	3,6875	2,496204	
18	7574_Xi	12,805	2,496204	
19	7582_Omikron	6,87	2,496204	
20				

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	M_Befall	M_Boniturnote	LsM_Befall	LsM_Boniturnote
2	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	0,84	2	0,84	2
3	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	17,56	6	17,56	6
4	8	7428	Verband 11	Eta	2,56	3	2,56	3
5	9	7430	Verband 11	Theta	2,78	3	2,78	3
6	10	7432	Verband 11	Jota	15,18	6	15,18	6
7	11	7434	Verband 11	Kappa	19,43	6	19,43	6
8	12	7435	Verband 11	Lambda	4,57	4	4,57	4
9	1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	8,04	5	8,04	5
10	2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	19,79	6	19,79	6
11	4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	52,89	8	52,89	8
12	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	8,46	5	8,46	5
13	17	7480	Pflanzenzucht	Pi	0,92	2	0,92	2
14	13	7512	Pflanzenzucht	My	15,85	6	15,85	6
15	14	7518	Pflanzenzucht	Ny	13,35	6	13,35	6
16	3	7559	Saatzucht ABC	Beta	3,29	3	3,29	3
17	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	3,69	3	3,69	3
18	15	7574	Pflanzenzucht	Xi	12,81	6	12,81	6
19	16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	6,87	4	6,87	4
20								

7 Auswertung eines Einzelversuchs

Ergebnisse der Alpha-Anlage:

	A	B	C	D	E
1	PGL	Wdhlg	Block	Befall	
2	7462_Alpha	1	3	8,06	
3	7462_Alpha	2	1	8,44	
4	7462_Alpha	3	2	8,63	
5	7462_Alpha	4	5	7,03	
6	7464_Alpha 8c	1	4	25,63	
7	7464_Alpha 8c	2	5	21	
8	7464_Alpha 8c	3	3	20,63	
9	7464_Alpha 8c	4	1	11,88	
10	7559_Beta	1	2	1,91	
11	7559_Beta	2	3	3,63	
12	7559_Beta	3	4	2,94	
13	7559_Beta	4	3	4,69	
14	7467_Gamma	1	1	57,19	
15	7467_Gamma	2	4	62,97	
16	7467_Gamma	3	5	44,84	
17	7467_Gamma	4	2	46,56	
18	7469_Delta	1	5	3,91	
19	7469_Delta	2	2	15,72	
20	7469_Delta	3	1	4,94	
21	7469_Delta	4	4	9,25	
22	7571_Klein Epsilon	1	3	2,34	
23	7571_Klein Epsilon	2	2	3,03	
24	7571_Klein Epsilon	3	3	4,13	
25	7571_Klein Epsilon	4	2	5,25	
26	7426_Zeta	1	4	15,47	
27	7426_Zeta	2	1	6,97	
28	7426_Zeta	3	4	28,75	
29	7426_Zeta	4	4	19,06	
30	7428_Eta	1	2	1,19	
31	7430_Theta	1	5	2,24	

	A	B	C	D
1	PGL	LsMean	StdErr	
2	-RRR_res.Standard	0,87	1,48668	
3	7426_Zeta	17,5625	2,575005	
4	7428_Eta	2,5625	2,575005	
5	7430_Theta	2,775	2,575005	
6	7432_Jota	15,18	2,575005	
7	7434_Kappa	19,43	2,575005	
8	7435_Lambda	4,57	2,575005	
9	7462_Alpha	8,04	2,575005	
10	7464_Alpha 8c	19,785	2,575005	
11	7467_Gamma	52,89	2,575005	
12	7469_Delta	8,455	2,575005	
13	7480_Pi	0,9175	2,575005	
14	7512_My	15,845	2,575005	
15	7518_Ny	13,345	2,575005	
16	7559_Beta	3,2925	2,575005	
17	7571_Klein Epsilon	3,6875	2,575005	
18	7574_Xi	12,805	2,575005	
19	7582_Omikron	6,87	2,575005	
20				

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	Nummer	Kennz	Anmelder	Sorte	M_Befall	M_Boniturnote	LsM_Befall	LsM_Boniturnote
2	RR	-RRR	=RRR	res.Standard	0,87	2	0,87	2
3	7	7426	Saatzucht XYZ	Zeta	17,56	6	17,56	6
4	8	7428	Verband 11	Eta	2,56	3	2,56	3
5	9	7430	Verband 11	Theta	2,78	3	2,78	3
6	10	7432	Verband 11	Jota	15,18	6	15,18	6
7	11	7434	Verband 11	Kappa	19,43	6	19,43	6
8	12	7435	Verband 11	Lambda	4,57	4	4,57	4
9	1	7462	Saatzucht ABC	Alpha	8,04	5	8,04	5
10	2	7464	Saatzucht ABC	Alpha 8c	19,79	6	19,79	6
11	4	7467	Saatzucht ABC	Gamma	52,89	8	52,89	8
12	5	7469	Saatzucht XYZ	Delta	8,46	5	8,46	5
13	17	7480	Pflanzenzucht	Pi	0,92	2	0,92	2
14	13	7512	Pflanzenzucht	My	15,85	6	15,85	6
15	14	7518	Pflanzenzucht	Ny	13,35	6	13,35	6
16	3	7559	Saatzucht ABC	Beta	3,29	3	3,29	3
17	6	7571	Saatzucht XYZ	Klein Epsilon	3,69	3	3,69	3
18	15	7574	Pflanzenzucht	Xi	12,81	6	12,81	6
19	16	7582	Pflanzenzucht	Omikron	6,87	4	6,87	4
20								

8 Auswertung einer Versuchsserie

8.1 Zusammenführung von Einzelversuchen zur Versuchsserie

8.1.1 Die Versuche einer Serie

Die Zusammenstellung mehrerer Versuche zu einer Serie erfolgt schrittweise. Dabei sind für jeden Versuch die MS-Excel-Datei mit den beiden Tabellenblättern Serie_EIW und Serie_LSW, der Versuchsort und das Versuchsjahr einzugeben. Die Inhalte der beiden Tabellenblätter werden eingelesen und als SAS-Dateien abgelegt. Sie können auch sichtbar gemacht werden. Das ist allerdings nur informativ zu sehen, da es sein kann, dass bei der Anzeige einige Informationen abgeschnitten werden.

Der Versuchsort ist auf maximal 20 Zeichen zu begrenzen, wobei aufzupassen ist, dass bei weiteren Versuchen am gleichen Ort die gleiche Schreibweise des Orts gewählt wird, was für kürzere Ortsbezeichnungen spricht. Das Versuchsjahr ist **vierstellig**.

Parallel dazu wird mit Hilfe der Existenz oder Nichtexistenz der Variablen *WDHLG* festgehalten, ob die Versuchsanlage eine in unvollständigen Blocks (Alpha-Anlage) oder in vollständigen Blocks (Blockanlage) ist.

Mit dem Schalter in die Versuchsserie aufnehmen wird dieser Versuch in die sich schrittweise aufbauende Liste der Versuche der Serie¹ eingetragen. Gleichzeitig wird die Anzahl der Versuche sichtbar gezählt. Soll ein weiterer Versuch in die Serie aufgenommen werden, so ist Schalter weiteren Versuch hinzufügen zu betätigen. Es beginnt dann wieder mit dem Eintragen des Dateinamens.

8.1.2 Korrekturmöglichkeit für die zusammenzustellende Serie

Bereits mit dem ersten eingetragenen Versuch für die Versuchsserie erscheint ein zusätzlicher Schalter einen Versuch aus Serie entfernen. Das ist die Möglichkeit, alle Informationen zu einem Versuch wieder aus der Liste zu entfernen und danach ggf. neu einzutragen. In dieser Liste richtet sich die Länge der Anzeige des Dateinamens (s. a. Abb. 10) nach dem ersten Eintrag. Die Liste selbst ist nicht editierbar. Für den Versuch, dessen Informationen aus der Serie entfernt werden sollen, muss die Zeilennummer der ersten Spalte der Versuchsliste angegeben werden:

⇓

	Ort	Jahr	Datei
1	Ort1	2008	M:\Serie\01J1v.xls
2	Ort1	2009	M:\Serie\01J2v.xls
3	Ort1	2009	M:\Serie\01J2v.xls
4	Ort2	2008	M:\Serie\02J1v.xls
5	Ort2	2009	M:\Serie\02J2v.xls

Zeilennummer des Versuchs:

 Anzahl der Einzelversuche: 5

Abb. 10: Auszug aus dem Formular (Frame) zur Korrektur der Zusammenstellung von Versuchen zu einer Serie

Ohne Angabe dieser Zeilennummer passiert – von einem Hinweis abgesehen – nichts.

Nach der Bestätigung, dass der Versuch entfernt werden soll, werden **alle** seine Informationen entfernt, die Liste entsprechend reduziert und auch die Anzahl der Einzelversuche der Serie um 1 verringert. Die Abb. 10 zeigt beispielhaft, dass die zweite und dritte Eingabe eines Versuch den gleichen Versuch betrifft. Er soll nur einmal in die Serie aufgenommen werden. Folglich ist als Zeilennummer des (aus der Serie zu entfernenden) Versuchs rechts die Ziffer 3 (oder 2) einzugeben und zu bestätigen.

¹ Dank gesagt wird an dieser Stelle Frau SCHOO (SAS Deutschland, Professional Services/Consult, Hamburg), die dem Autor geholfen hat, den dynamischen Aufbau der Liste der Versuche im Formular (Frame) sichtbar zu machen.

8.1.3 Eigenschaften und Eingaben zur Analyse einer Versuchsserie

Ist die Serie komplett, erscheint eine auf die Anlagen der Einzelversuche bezogene Information, dass

- alle Anlagen randomisierte einfaktorielle Blockanlagen sind,
- alle Anlagen Alpha-Anlagen sind oder
- sowohl randomisierte einfaktorielle Blockanlagen als auch Alpha-Anlagen zur Versuchsserie zusammen gefasst wurden.

Zu wählen ist noch die Skalierung (logarithmisch oder linear) für die Umrechnung des mittleren Befalls in eine Boniturnote.

Die Anzahl der Versuchsorte und –jahre wird angegeben. Ist diese Anzahl größer als 1, kann bezüglich der Versuchsorte bzw. –jahre zwischen ‚fix‘ und ‚zufällig‘ gewählt werden. Eine inhaltliche Auswirkung auf den Aussagebereich der Versuchsserie wird je nach Wahl dieser Eigenschaften angegeben (s. Abb. 11).

Abb. 11: Auszug aus dem Formular (Frame) zur den Eigenschaften und der Auswertung der Versuchsserie

Die Eigenschaften der Faktoren Orte und Jahre zufällig oder fix bestimmen ihren Aussagebereich. Eine Zufallsauswahl bedeutet, dass die Versuchsorte oder –jahre zufällig aus einer Menge von Orten eines Anbaugebiets oder Jahren zur Charakterisierung der klimatischen Bedingungen ausgewählt wurden. So kann es beispielsweise bei nur zwei Jahren, die aufeinander folgen (s. Abb. 11), mit der Zufallsauswahl problematisch sein. Die Beschreibung der Aussagebereiche der verschiedenen Modelle der Versuchsserien orientiert sich an BÄTZ u. STEGEMANN (1981):

Modell	Aussagebereich
1 Jahr, Orte fix	Ackerflächen der Versuchsorte und Witterungsbedingungen des Versuchsjahres
1 Jahr, Orte zufällig	Anbaugebiet, das durch die Versuchsorte und Witterungsbedingungen des Versuchsjahres repräsentiert wird
1 Ort, Jahre fix	Witterungsbedingungen der Versuchsjahre und die Ackerflächen des Versuchsortes
1 Ort, Jahre zufällig	Ackerflächen und klimatische Bedingungen des Versuchsortes
Orte fix, Jahre fix	Ackerflächen der Versuchsorte und die Witterungsbedingungen der Versuchsjahre
Orte fix, Jahre zufällig	Ackerflächen der Versuchsorte und deren Klima
Orte zufällig, Jahre fix	Anbaugebiet, das durch die Versuchsorte und die Witterungsbedingungen der Versuchsjahre repräsentiert wird
Orte zufällig, Jahre zufällig	Anbaugebiet, das durch die Versuchsorte und das Klima des Anbaugebietes repräsentiert wird

In Abb. 11 ist zudem die Wahl der Boniturskala (logarithmische oder lineare Skalierung) zur Berechnung der Boniturnoten, die Eingabemöglichkeit für das Signifikanzniveau α und die Wahl der multiplen Vergleiche zu erkennen. Bei Vergleichen zu einem Standard muss dieser ausgewählt werden. Die letzte Eingabe ist die Mitteilung des Namens für eine Ausgabedatei zur Speicherung der Ergebnisse. Da sie eine Textdatei ist, sollte sie die Dateierweiterung .txt, .lst oder .out erhalten.

Nach dem Betätigen des Schalters Auswertung erscheint ein kleineres Fenster. Wenn alle Anlagen der Serie Anlagen in vollständigen Blocks sind und eine Entscheidung zwischen Blocks ‚zufällig‘ oder ‚fix‘ sinnvoll ist, dann ist sie in diesem Fenster zu fällen. Voreingestellt ist für die Blocks ‚zufällig‘. Diese Wahlmöglichkeit entfällt für die anderen Fälle. Falls einer der Faktoren Orte und/oder Jahre zufällig ist und die Modelle der Einzelversuche gleich sind, dann gibt es **zwei Schalter**, um eine Auswertung durchzuführen. Eine Analyse mit Hilfe der Einzelwerte wird mit dem Schalter START Auswertung vorgenommen. Näheres zum Schalter START Analyse mit aggregierten Daten ist im Kap. 8.5 zu finden.

8.2 Beispiel für eine Versuchsserie aus einfaktoriellen Blockanlagen an einem Ort und in mehreren Jahren

8.2.1 Die Befallsdaten

Ort: OrtM,
 Jahre: 2007, 2008, 2009
 Anlagen: alle Versuchsanlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

Serie_EIW:

2007			2008			2009		
PGL	Block	Befall	PGL	Block	Befall	PGL	Block	Befall
7428_Eta	1	1,53	7428_Eta	1	1,89	7428_Eta	1	3,59
7428_Eta	2	2,69	7428_Eta	2	2,06	7428_Eta	2	2,56
7428_Eta	3	4,47	7428_Eta	3	4,49	7428_Eta	3	7,41
7428_Eta	4	5,66	7428_Eta	4	3,24	7428_Eta	4	2,84
7512_My	1	25,67	7434_Kappa	1	14,53	7434_Kappa	1	32,34
7512_My	2	29,4	7434_Kappa	2	19,53	7434_Kappa	2	21,88
7512_My	3	27,6	7434_Kappa	3	18,75	7434_Kappa	3	24,53
7512_My	4	30,3	7434_Kappa	4	18,84	7434_Kappa	4	16,81
7480_Pi	1	1,61	7512_My	1	17,19	7582_Omikron	1	21
7480_Pi	2	3,84	7512_My	2	22,81	7582_Omikron	2	18,3
7480_Pi	3	2,12	7512_My	3	35,63	7582_Omikron	3	25,1
7480_Pi	4	0,3	7512_My	4	32,03	7582_Omikron	4	12,7
-RRR_res.Standard	1	0,53	-RRR_res.Standard	1	0	-RRR_res.Standard	1	0,16
-RRR_res.Standard	1	0,75	-RRR_res.Standard	1	0,66	-RRR_res.Standard	1	0,16
-RRR_res.Standard	1	0,38	-RRR_res.Standard	1	0,33	-RRR_res.Standard	1	1,03
-RRR_res.Standard	2	0,38	-RRR_res.Standard	2	0,22	-RRR_res.Standard	2	0
-RRR_res.Standard	2	0,38	-RRR_res.Standard	2	1,2	-RRR_res.Standard	2	0,16
-RRR_res.Standard	2	0,53	-RRR_res.Standard	2	0,75	-RRR_res.Standard	2	0
-RRR_res.Standard	3	0,31	-RRR_res.Standard	3	0,13	-RRR_res.Standard	3	1,03
-RRR_res.Standard	3	0,53	-RRR_res.Standard	3	1	-RRR_res.Standard	3	0
-RRR_res.Standard	3	1,22	-RRR_res.Standard	3	0,66	-RRR_res.Standard	3	2,31
-RRR_res.Standard	4	2,09	-RRR_res.Standard	4	1,96	-RRR_res.Standard	4	0
-RRR_res.Standard	4	1,34	-RRR_res.Standard	4	0,43	-RRR_res.Standard	4	1,81
-RRR_res.Standard	4	0,69	-RRR_res.Standard	4	0	-RRR_res.Standard	4	0,47

Serie_LSW:

PGL	LsMean	StdErr	PGL	LsMean	StdErr	PGL	LsMean	StdErr
-RRR_res.Standard	0,7608	0,4206	-RRR_res.Standard	0,6117	1,1626	-RRR_res.Standard	0,5942	1,1987
7428_Eta	3,5875	0,6399	7428_Eta	2,9200	1,7366	7428_Eta	4,1000	1,7123
7480_Pi	1,9675	0,6399	7434_Kappa	17,9125	1,7366	7434_Kappa	23,8900	1,7123
7512_My	28,2425	0,6399	7512_My	26,9150	1,7366	7582_Omikron	19,2750	1,7123

Die G-Matrix ist nicht positiv definit. Es k ö n n e n Schätzprobleme auftreten.
 Bitte achten Sie besonders in der (jeweils) letzten Zeile der Mittelwerte (LsMeans)
 auf auffällige Abweichungen der Freiheitsgrade und Standardfehler.
 Ist dergleichen erkennbar, dann sind nachfolgende Auswertungen u.U. fragwürdig und es sollte
 ein Statistiker/Biometer konsultiert werden.

3

- 1 Die Überschrift der HPMixed-Prozedur kann (noch) nicht unterdrückt werden, weil diese Prozedur noch experimentell ist. Sie liefert (automatisch) den Hinweis, dass die G-Matrix nicht positiv definit ist. Die HPMIXED-Prozedur (SPILKE 2009) wird genutzt, um die Startwerte für die Prozedur Mixed zu berechnen:

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Jahr Block(Jahr) Jahr*Pgl;
RUN;
```

- 2 Ausgegeben wird, dass alle Anlagen Versuchsanlagen in vollständigen Blocks sind, an einem Ort und in mehreren Jahren durchgeführt und die Jahre zufällig gewählt wurden. Mit den berechneten Startwerten liefert die Prozedur MIXED nachfolgende Ergebnisse. Dabei beinhaltet die Macrovariable *CPresidual* für dieses Beispiel mit drei Einzelversuchen die Startwerte (CP4) (CP4) (CP4) (s. Kap. 8.6.1). Die Macrovariable *LSMersetzt* steuert den Vergleich gegen einen Standard oder alle paarweisen Vergleiche untereinander.

Gemäß PIEPHO und SPILKE (1999) wird die Option NOBOUND bei der Serienanalyse nicht gesetzt.

```
PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM Jahr Block(Jahr) Jahr*Pgl ;
  PARMs (&CP1) (&CP2) (&CP3) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch;
  LSMEANS Pgl /
    &LSMersetzt adjust=Simulate(ACC=0.001 cvadjust) cov cl alpha=&alpha;
RUN;
```

- 3 Die Konvergenz- und Matrizen-Eigenschaften der G- und Hesse-Matrix werden ausgegeben. Ist die G-Matrix nicht positiv definit, kann es sein, dass die Auswertung verworfen werden muss. Deshalb ist die Ausschrift zu beachten und die jeweils letzten Zeilen der Mittelwerte (LsMeans) sind auf auffällige Abweichungen hin zu untersuchen. (Ist die Hesse-Matrix nicht positiv definit, kann es sein, dass die Auswertung beendet wird.)

Abweichungen in den Freiheitsgraden und Standardfehlern sind in der letzten Zeile der nachfolgenden Mittelwerte (7582_Omikron) eher nicht erkennbar. Die numerischen Unterschiede in den Standardfehlern sind darauf zurück zu führen, dass die Serie in den Prüfgliedern nicht balanziert ist.

```
=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)
```

Kennz_Sorte	Mittelwert LsMean	Standardfehler	Freiheitsgrade	Konfidenzintervall untere Grenze	Konfidenzintervall obere Grenze
-RRR_res.Standard	0.6859	0.4561	6.6	-0.4062	1.7780
7428_Eta	3.5304	0.6333	20.5	2.2115	4.8492
7434_Kappa	20.9794	1.2711	42.9	18.4157	23.5430
7480_Pi	1.9060	0.7098	14.9	0.3924	3.4197
7512_My	28.0656	0.6695	17.6	26.6564	29.4747
7582_Omikron	19.1459	1.6928	17.9	15.5883	22.7036

4

- 4 Die Schätzwerte Mittelwerte, Standardfehler, Freiheitsgrade und Grenzen der Konfidenzintervalle sind modellabhängig.

8 Auswertung einer Versuchsserie

=== RESI 2 =====				
Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)				
fixer Effekt	Freiheitsgrade Zähler	Freiheitsgrade Nenner	F-Wert	Prob > F
PGL	5	33.9	411.73	<.0001

5

=== RESI 2 =====				
REML-Schätzung der Varianzkomponenten				
zuf. Effekt bzw. Fehler	Subject	Group	Varianz-Schätzwert	
Intercept	Jahr		0	Jahr
Block	Jahr		0.5425	Block(Jahr)
PGL	Jahr		0	PGL x Jahr
Fehler	Jahr	Versuch 2007-OrtM	1.3385	
Fehler	Jahr	Versuch 2008-OrtM	11.1277	
Fehler	Jahr	Versuch 2009-OrtM	10.7612	

6

5 Die Varianzanalyse der fixen Effekte liefert als Ergebnis signifikante Unterschiede zum Niveau $\alpha=0,05$ zwischen dem mittleren Befall der Prüfglieder PGL.

6 Die Form der Ausgabe der Varianzkomponenten zeigt, dass eine Versuchsserie mit unterschiedlichen Fehlervarianzen der Einzelversuche ausgewertet wird. So hat der Versuch im Jahr 2007 die geringste Fehlervarianz.

8.2.2.2 Mittelwertvergleich: alle paarweisen Vergleiche untereinander

Die paarweisen Vergleiche der Prüfgliedmittelwerte zum vorgegebenen multiplen Niveau $\alpha=0,05$ werden mit Hilfe des Simulate-Verfahrens durchgeführt. Die Ergebnisse werden nach der Methode gleicher Buchstaben (PIEPHO 2003) zusammen gefasst.

=== RESI 2 =====									
Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, versuchsbezogenes Risiko 1. Art alpha = 0.05)									
Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	Standardfehler	Freiheitsgrade	Überschreitungswahrscheinlichkeit	Konfidenzintervall untere Grenze	Konfidenzintervall obere Grenze	Testentscheidung	Simulate-Verfahren
-RRR_res.Standard	7428_Eta	-2.8444	0.6214	27.4	0.0007	-4.6759	-1.0130	signifikant	
-RRR_res.Standard	7434_Kappa	-20.2934	1.3528	44.9	<.0001	-24.2805	-16.3064	signifikant	
-RRR_res.Standard	7480_Pi	-1.2201	0.6619	19.7	0.4189	-3.1709	0.7306	n.s.	
-RRR_res.Standard	7512_My	-27.3797	0.6402	23.6	<.0001	-29.2666	-25.4927	signifikant	
-RRR_res.Standard	7582_Omikron	-18.4600	1.7542	18.7	<.0001	-23.6301	-13.2900	signifikant	
7428_Eta	7434_Kappa	-17.4490	1.4223	51.3	<.0001	-21.6411	-13.2569	signifikant	
7428_Eta	7480_Pi	1.6243	0.7944	21.7	0.3070	-0.7172	3.9658	n.s.	
7428_Eta	7512_My	-24.5352	0.7765	24.8	<.0001	-26.8238	-22.2466	signifikant	
7428_Eta	7582_Omikron	-15.6156	1.8083	20.7	<.0001	-20.9454	-10.2858	signifikant	
7434_Kappa	7480_Pi	19.0733	1.4684	61.1	<.0001	14.7453	23.4013	signifikant	
7434_Kappa	7512_My	-7.0862	1.4436	56.1	0.0002	-11.3409	-2.8315	signifikant	
7434_Kappa	7582_Omikron	1.8334	2.0799	22.5	0.9404	-4.2966	7.9635	n.s.	
7480_Pi	7512_My	-26.1595	0.8053	20.3	<.0001	-28.5331	-23.7860	signifikant	
7480_Pi	7582_Omikron	-17.2399	1.8454	23	<.0001	-22.6788	-11.8010	signifikant	
7512_My	7582_Omikron	8.9196	1.8303	22.5	0.0003	3.5250	14.3142	signifikant	

Methode gleicher Buchstaben (MACRO mult (Piepho 2003)):
Varianten mit gleichen Buchstaben sind untereinander nicht signifikant.

Variante	lsmean	L
-RRR_res.Standard	0.6859051	d . . .
7428_Eta	3.5303501	. c . .
7434_Kappa	20.979353	. . a .
7480_Pi	1.9060488	d c . .
7512_My	28.065571	. . . b
7582_Omikron	19.145949	. . a .

8.2.2.3 Mittelwertvergleich: Vergleiche zu einem Standard

Wird anstelle von ‚alle paarweisen Vergleiche untereinander‘ ‚nur die Vergleiche zu einem Standard‘ gewählt und als Standard `-RRR_res.Standard`, dann ändern sich ausschließlich nachfolgende Mittelwertvergleiche:

```

==== RESI 2 =====
Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, versuchsbezogenes Risiko 1. Art alpha = 0.05)

```

Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.8444	0.6214	27.4	0.0003	1.1631	4.5258	signifikant
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	20.2934	1.3528	44.9	<.0001	16.6331	23.9538	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.Standard	1.2201	0.6619	19.7	0.3024	-0.5708	3.0111	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	27.3797	0.6402	23.6	<.0001	25.6474	29.1120	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	18.4600	1.7542	18.7	<.0001	13.7136	23.2065	signifikant

Eine zusammenfassende Darstellung nach der Methode gleicher Buchstaben entfällt.

8.2.2.4 Ausgabe der Boniturnoten

Die für die Versuchsserie aus den arithmetischen und den adjustierten Mittelwerten der Prüfglieder berechneten Boniturnoten werden in die Textdatei geschrieben und zusätzlich in die angegebene MS-Excel-Datei, deren Name bis auf die Dateierweiterung dem der Textdatei entspricht:

```

==== RESI 2 =====
Aus den Mittelwerten berechnete Boniturnoten (logarithmische Skalierung)
Diese Informationen werden auch abgelegt in der MS-Excel-Datei
< Ordner > \M07_09.xls

Means: arithmetische Mittelwerte, LsMeans: adjustierte Mittelwerte
M_BNoten: aus den Means berechnete Boniturnoten, LsM_BNoten: dito aus den LsMeans

```

PGL	Means	Ls Means	M_BNoten	LsM BNoten
-RRR_res.Standard	0.66	0.69	1	1
7428_Eta	3.54	3.53	3	3
7434_Kappa	20.90	20.98	6	6
7480_Pi	1.97	1.91	3	2
7512_My	27.58	28.07	7	7
7582_Omikron	19.28	19.15	6	6

8.2.3 Analyse der Versuchsserie: 1 Ort, Jahre fix

8.2.3.1 Mittelwerte und Varianzanalyse

Zur Demonstration der Ergebnisse bei fixen Jahren gehen wir von den gleichen Daten wie in Kap. 8.2.2 aus. Die Informationen über die Versuchsserie und die Prüfglieder entsprechen den obigen. Die G-Matrix ist nun positiv definit, Konvergenz liegt vor:

```

*****
tt.mm.jjjj
--- RESI 2 -----
Serienanalyse: Anlagen in vollständigen Blocks, 1 Ort, Jahre fix, Blocks zufällig
(Proc HPMIXED: Konvergenz)
Proc MIXED-Konvergenzinformation:

```

Konvergenz	Matrix G	Hesse Matrix	Information
Convergence criteria met.	positiv definit	positiv definit	Konvergenz

8 Auswertung einer Versuchsserie

Der Faktor Jahre ist fix und auch die Wechselwirkung Jahr x PGL. Folglich werden sowohl die Mittelwerte der Prüfglieder als auch die der Faktorenkombinationen Jahr x PGL ausgegeben. Auf die Angabe der Jahresmittelwerte wird verzichtet; sie werden nicht miteinander verglichen. Die Varianztabelle der fixen Effekte weist für das Beispiel keine signifikante Wechselwirkung Jahr x PGL aus:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)

```

Effekt	Jahr	Kennz_Sorte	Mittelwert LsMean	Standard- fehler	Freiheits- grade	Konfidenz- intervall untere Grenze	Konfidenz- intervall obere Grenze
PGL		-RRR_res.Standard	0.6556	0.5137	22.1	-0.4095	1.7206
PGL		7428_Eta	3.5358	0.8186	47.1	1.8891	5.1825
PGL		7434_Kappa
PGL		7480_Pi
PGL		7512_My
PGL		7582_Omikron
Jahr*PGL	2007	-RRR_res.Standard	0.7608	0.5444	2.52	-1.1736	2.6953
Jahr*PGL	2007	7428_Eta	3.5875	0.7240	6.75	1.8624	5.3126
Jahr*PGL	2007	7480_Pi	1.9675	0.7240	6.75	0.2424	3.6926
Jahr*PGL	2007	7512_My	28.2425	0.7240	6.75	26.5174	29.9676
Jahr*PGL	2008	-RRR_res.Standard	0.6117	1.0342	19.4	-1.5501	2.7734
Jahr*PGL	2008	7428_Eta	2.9200	1.6862	20.4	-0.5927	6.4327
Jahr*PGL	2008	7434_Kappa	17.9125	1.6862	20.4	14.3998	21.4252
Jahr*PGL	2008	7512_My	26.9150	1.6862	20.4	23.4023	30.4277
Jahr*PGL	2009	-RRR_res.Standard	0.5942	1.0047	20.2	-1.5003	2.6886
Jahr*PGL	2009	7428_Eta	4.1000	1.6319	20	0.6955	7.5045
Jahr*PGL	2009	7434_Kappa	23.8900	1.6319	20	20.4855	27.2945
Jahr*PGL	2009	7582_Omikron	19.2750	1.6319	20	15.8705	22.6795

```

=== RESI 2 =====
Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)

```

fixer Effekt	Freiheits- grade Zähler	Freiheits- grade Nenner	F-Wert	Prob > F
Jahr	2	12.9	1.81	0.2028
PGL	5	30.8	227.70	<.0001
Jahr*PGL	4	26.6	1.30	0.2944

Die geschätzten Varianzkomponenten sind:

```

=== RESI 2 =====
REML-Schätzung der Varianzkomponenten

```

zuf. Effekt bzw. Fehler	Group	Varianz- Schätzwert
Block(Jahr)		0.7301
Fehler	Versuch 2007-OrtM	1.3665
Fehler	Versuch 2008-OrtM	10.6437
Fehler	Versuch 2009-OrtM	9.9221

In dem Beispiel treten nicht besetzte Stufen von Faktorenkombinationen auf. Wir haben es folglich mit stark unbalanzierten Daten zu tun (SCHUMACHER 2004). Für dieses Modell der Versuchsserie mit den fixen Effekten Jahre, Prüfglieder und Jahr x PGL sind bei stark unbalanzierten Daten einige Erwartungswerte nicht schätzbar; sie werden mit einem Punkt gekennzeichnet. Die Schätzungen der einzelnen Erwartungswerte, die Mittelwerte, hängen von der Lage der leeren Faktorenkombination(en) ab. Das führt zu nicht schätzbaren Funktionen. Und es hat natürlich auch Auswirkungen auf die Mittelwertvergleiche, die dann nicht durchgeführt werden können.

8.2.3.2 Mittelwertvergleich: alle paarweisen Vergleiche untereinander

Das Signifikanzniveau sei $\alpha = 0,05$. Da die Wechselwirkung Jahr x PGL zum vorgegebenen Niveau nicht signifikant ist, können die Prüfgliedmittelwerte (sie sind ja über die Jahreseffekte hinweg gemittelt) miteinander verglichen werden. Allerdings bleiben nur zwei Mittelwerte von Prüfgliedern, die in allen drei Jahren angebaut wurden:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwertvergleiche

==> Vergleich der Prüfglied-Effekte
[Das für jeden einzelnen Vergleich Sidak-korrigierte Niveau gewährleistet (konservativ)
die Einhaltung des vorgegebenen simultanen Signifikanzniveaus alpha = 0.05].

PGL                vs. PGL Differenz Standard- frei- über-
                    fehler grade t-Wert  schein-
                    fehler grade t-Wert  lich-
                    fehler grade t-Wert  keit
                    fehler grade t-Wert  korri-
                    fehler grade t-Wert  giertes
                    fehler grade t-Wert  Niveau
                    fehler grade t-Wert  Testent-
                    fehler grade t-Wert  scheidung
                    fehler grade t-Wert  Testent-
                    fehler grade t-Wert  scheidung
                    fehler grade t-Wert  (Sidak-Test)

-RRR_res.Standard 7428_Eta -2.8803  0.9013  32.3  -3.20  0.0031  0.05 signifikant signifikant

```

Diese Ausgabe bedarf einiger Erläuterungen. Für jeden der möglichen Vergleiche (es ist hier nur einer für zwei Mittelwerte) wird der t-Test durchgeführt. Es werden der t-Wert und die Überschreitungswahrscheinlichkeit des t-Tests berechnet. Bekanntlich ist der t-Test der beste vergleichsbezogene Test. Er hält das vorgegebene Signifikanzniveau für den einzelnen Vergleich ein. Bei versuchsbezogener Betrachtung ist er mit zunehmender Anzahl der Mittelwerte und damit auch der Vergleiche ungeeignet, weil das Signifikanzniveau nicht für alle Vergleiche simultan eingehalten wird. Deshalb wird das vorgegebene multiple Signifikanzniveau korrigiert. Damit werden dann die berechneten Überschreitungswahrscheinlichkeiten der einzelnen multiplen t-Tests verglichen und so das multiple Signifikanzniveau eingehalten.

Die verwendete Sidak-Korrektur (SCHUMACHER 2004) ist:

Beim paarweisen Vergleich von k Mittelwerten ist die Anzahl der Vergleiche: $m = k \cdot (k-1)/2$,
beim Vergleich gegen einen Standard, wenn k diesen Standard einschließt: $m = k - 1$.

Die Überschreitungswahrscheinlichkeit des t-Tests wird mit p bezeichnet. Die Testentscheidungen sind:

multipler t-Test: (vergleichsbezogenes Niveau) wenn $p < \alpha$, dann signifikanter Unterschied
Sidak-Test: (multiples Niveau) wenn $p < \alpha_{\text{Sidak}}$, dann signifikanter Unterschied

Die obigen Ergebnisse der Mittelwertvergleiche zeigen, dass bei einem vorgegebenen (multiplen) Signifikanzniveau $\alpha = 0,05$ auch das $\alpha_{\text{Sidak}} = 0,05$ ist. Das liegt daran, dass in unserem Beispiel nur ein Vergleich (zwei zu vergleichender Mittelwerte) möglich ist. Am besten veranschaulicht das die Tab. 1.

Tabelle 1: Wirkung der Sidak-Korrektur zur Einhaltung eines multiplen Signifikanzniveau $\alpha = 0,05$

Anzahl Mittelwerte k	paarweiser Vergleich von k Mittelwerten untereinander		Vergleich von $(k-1)$ Mittelwerten mit einem Standard	
	Anzahl Vergleiche m	α_{Sidak}	Anzahl Vergleiche m	α_{Sidak}
2	1	0,050000	1	0,050000
3	3	0,016952	2	0,025321
4	6	0,008512	3	0,016952
5	10	0,005116	4	0,012741
6	15	0,003414	5	0,010206
7	21	0,002440	6	0,008512
8	28	0,001830	7	0,007301
9	36	0,001424	8	0,006391
10	45	0,001139	9	0,005683

8 Auswertung einer Versuchsserie

Es muss darauf hingewiesen werden, dass der Sidak-Test konservativ ist. Er schöpft das multiple Signifikanzniveau für die multiplen Vergleiche in der Regel nicht voll aus. Oder anders gesagt: die Nullhypothese wird häufiger nicht abgelehnt. Er ist als Kompromiss für die in Frage kommenden Vergleiche anzusehen, ein multiples Signifikanzniveau einzuhalten.

Es können im stark unbalanzierten Fall nicht alle Erwartungswerte geschätzt werden, d.h. nicht alle Mittelwerte können berechnet werden. Deshalb werden auch bei nicht signifikanter Wechselwirkung Jahr x PGL zusätzlich die Prüfglied-Mittelwerte auf gleicher Jahres-Stufe und die Jahres-Mittelwerte auf gleicher Prüfgliedstufe miteinander verglichen. Um diese Vergleiche mit der Methode gleicher Buchstaben auf jeder Stufe darstellen zu können, wurde das SAS-Macro Mult von PIEPHO (2003) erweitert.

```

==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Jahres-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

```

PGL	PGL	Jahr	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheid- ung Simulate- Verfahren
-RRR_res.Standard	7428_Eta	2007	-2.8267	0.6749	17.7	0.0098	-5.1871	-0.4663	signifikant
-RRR_res.Standard	7480_Pi	2007	-1.2067	0.6749	17.7	0.7808	-3.5671	1.1537	n.s.
-RRR_res.Standard	7512_My	2007	-27.4817	0.6749	17.7	<.0001	-29.8421	-25.1213	signifikant
7428_Eta	7480_Pi	2007	1.6200	0.8266	17.7	0.6785	-1.2709	4.5109	n.s.
7428_Eta	7512_My	2007	-24.6550	0.8266	17.7	<.0001	-27.5459	-21.7641	signifikant
7480_Pi	7512_My	2007	-26.2750	0.8266	17.7	<.0001	-29.1659	-23.3841	signifikant
-RRR_res.Standard	7428_Eta	2008	-2.3083	1.8836	16.5	0.9766	-8.8959	4.2792	n.s.
-RRR_res.Standard	7434_Kappa	2008	-17.3008	1.8836	16.5	<.0001	-23.8884	-10.7133	signifikant
-RRR_res.Standard	7512_My	2008	-26.3033	1.8836	16.5	<.0001	-32.8909	-19.7158	signifikant
7428_Eta	7434_Kappa	2008	-14.9925	2.3069	16.5	<.0001	-23.0606	-6.9244	signifikant
7428_Eta	7512_My	2008	-23.9950	2.3069	16.5	<.0001	-32.0631	-15.9269	signifikant
7434_Kappa	7512_My	2008	-9.0025	2.3069	16.5	0.0196	-17.0706	-0.9344	signifikant
-RRR_res.Standard	7428_Eta	2009	-3.5058	1.8186	15.1	0.6986	-9.8662	2.8545	n.s.
-RRR_res.Standard	7434_Kappa	2009	-23.2958	1.8186	15.1	<.0001	-29.6562	-16.9355	signifikant
-RRR_res.Standard	7582_Omikron	2009	-18.6808	1.8186	15.1	<.0001	-25.0412	-12.3205	signifikant
7428_Eta	7434_Kappa	2009	-19.7900	2.2273	15.1	<.0001	-27.5798	-12.0002	signifikant
7428_Eta	7582_Omikron	2009	-15.1750	2.2273	15.1	<.0001	-22.9648	-7.3852	signifikant
7434_Kappa	7582_Omikron	2009	4.6150	2.2273	15.1	0.6069	-3.1748	12.4048	n.s.

Testergebnisse nach der Methode gleicher Buchstaben je Stufe
==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Jahres-Stufe

Variante	lsmean	l
2007	-RRR_res.Standard	0.7608333 . c .
2007	7428_Eta	3.5875 . . b
2007	7480_Pi	1.9675 . c b
2007	7512_My	28.2425 a . .
-----	-----	-----
2008	-RRR_res.Standard	0.6116667 . c .
2008	7428_Eta	2.92 . c .
2008	7434_Kappa	17.9125 . . b
2008	7512_My	26.915 a . .
-----	-----	-----
2009	-RRR_res.Standard	0.5941667 . b .
2009	7428_Eta	4.1 . b .
2009	7434_Kappa	23.89 a . .
2009	7582_Omikron	19.275 a . .


```
==> Jahres-Effekte auf gleicher Prüfglied-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)
```

Jahr	vs. Jahr	PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
2007	2008	-RRR_res.Standard	0.1492	1.1687	13.4	1.0000	-3.9382	4.2366	n.s.
2007	2009	-RRR_res.Standard	0.1667	1.1427	13.7	1.0000	-3.8297	4.1631	n.s.
2007	2008	7428_Eta	0.6675	1.8351	26	1.0000	-5.7505	7.0855	n.s.
2007	2009	7428_Eta	-0.5125	1.7853	26.9	1.0000	-6.7562	5.7312	n.s.
2007	2008	7512_My	1.3275	1.8351	26	0.9997	-5.0905	7.7455	n.s.
2008	2009	-RRR_res.Standard	0.01750	1.4418	31.9	1.0000	-5.0251	5.0601	n.s.
2008	2009	7428_Eta	-1.1800	2.3466	40.4	1.0000	-9.3869	7.0269	n.s.
2008	2009	7434_Kappa	-5.9775	2.3466	40.4	0.3196	-14.1844	2.2294	n.s.

```
Testergebnisse nach der Methode gleicher Buchstaben je Stufe
==> Jahres-Effekte auf gleicher Prüfglied-Stufe
```

Variante	lsmean	l
2007	-RRR_res.Standard	0.7608333 a
2008	-RRR_res.Standard	0.6116667 a
2009	-RRR_res.Standard	0.5941667 a
-----	-----	-----
2007	7428_Eta	3.5875 a
2008	7428_Eta	2.92 a
2009	7428_Eta	4.1 a
-----	-----	-----
2008	7434_Kappa	17.9125 a
2009	7434_Kappa	23.89 a
-----	-----	-----
2007	7480_Pi	1.9675 a
-----	-----	-----
2007	7512_My	28.2425 a
2008	7512_My	26.915 a
-----	-----	-----
2009	7582_Omikron	19.275 a

8.2.3.3 Mittelwertvergleich: Vergleiche zu einem Standard

Wir wählen als Standard `-RRR_res.Standard`. Es ändern sich ausschließlich die Mittelwertvergleiche bei gleichem Niveau $\alpha = 0,05$ im Vergleich zur Ausgabe im Kap. 8.2.3.2. Auch beim Vergleich der Prüfgliedmittelwerte zum Mittelwert eines Standards werden bei nicht signifikanter Wechselwirkung Jahr x PGL zusätzlich die Prüfglied-Mittelwerte auf gleicher Jahres-Stufe und die Jahres-Mittelwerte auf gleicher Prüfgliedstufe miteinander getestet.

```
=== RESI 2 =====
```

```
Mittelwertvergleiche
paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard
```

```
==> Vergleich der Prüfglied-Effekte
[Das für jeden einzelnen Vergleich Sidak-korrigierte Niveau gewährleistet (konservativ)
die Einhaltung des vorgegebenen simultanen Signifikanzniveaus alpha = 0.05].
paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard
```

PGL	vs. PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	t-Wert	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit (t-Test)	Sidak- korri- giertes Niveau	Testent- scheidung (t-Test)	Testent- scheidung (Sidak-Test)
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.8803	0.9013	32.3	3.20	0.0031	0.05	signifikant	signifikant

8 Auswertung einer Versuchsserie

==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Jahres-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

PGL	PGL	Jahr	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheid- ung Verfahren
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2007	2.8267	0.6749	17.7	0.0029	0.7625	4.8908	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2007	1.2067	0.6749	17.7	0.5630	-0.8575	3.2708	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2007	27.4817	0.6749	17.7	<.0001	25.4175	29.5458	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2008	2.3083	1.8836	16.5	0.8333	-3.2572	7.8738	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2008	17.3008	1.8836	16.5	<.0001	11.7353	22.8663	signifikant
7512_My	-RRR_res.Standard	2008	26.3033	1.8836	16.5	<.0001	20.7378	31.8688	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2009	3.5058	1.8186	15.1	0.3755	-1.8831	8.8948	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2009	23.2958	1.8186	15.1	<.0001	17.9069	28.6848	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2009	18.6808	1.8186	15.1	<.0001	13.2919	24.0698	signifikant

==> Jahres-Effekte auf gleicher Prüfglied-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

vs. Jahr	Jahr	PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheid- ung Simulate- Verfahren
2008	2007	-RRR_res.Standard	-0.1492	1.1687	13.4	1.0000	-3.7236	3.4252	n.s.
2009	2007	-RRR_res.Standard	-0.1667	1.1427	13.7	1.0000	-3.6615	3.3282	n.s.
2007	2008	-RRR_res.Standard	0.1492	1.1687	13.4	1.0000	-3.3041	3.6024	n.s.
2009	2008	-RRR_res.Standard	-0.01750	1.4418	31.9	1.0000	-4.2777	4.2427	n.s.
2007	2009	-RRR_res.Standard	0.1667	1.1427	13.7	1.0000	-3.2194	3.5527	n.s.
2008	2009	-RRR_res.Standard	0.01750	1.4418	31.9	1.0000	-4.2549	4.2899	n.s.

8.2.3.4 Ausgabe der Boniturnoten

Die für die Versuchsserie aus den (adjustierten) Mittelwerten der Prüfglieder berechneten Boniturnoten werden in die Textdatei geschrieben und zusätzlich in die angegebene MS-Excel-Datei, deren Name bis auf die Dateierweiterung dem der Textdatei entspricht. Allerdings können wegen der stark unbalanzierten Anlage die Mittelwerte nicht über die Jahre hinweg gebildet und damit auch nicht Boniturnoten über die Jahre hinweg berechnet werden, d.h. die Ausgabe erfolgt für Mittelwerte und Boniturnoten für jedes Jahr:

=== RESI 2 =====
Nachfolgende aus den LsMeans berechnete Boniturnoten (logarithmische Skalierung) werden auch abgelegt im Tabellenblatt 'Boniturnoten' der MS-Excel-Datei < Ordner > \M07_09.xls

Hinweis: Die Versuchsanlage ist stark unbalanziert.
Deshalb wird von einer Mittelwertbildung über die Jahre hinweg Abstand genommen.

PGL	LsM2007	LsM2008	LsM2009	BLs M2007	BLs M2008	BLs M2009
-RRR_res.Standard	0.7608	0.6117	0.5942	2	1	1
7428_Eta	3.5875	2.9200	4.1000	3	3	4
7434_Kappa	.	17.9125	23.8900	.	6	7
7480_Pi	1.9675	.	.	3	.	.
7512_My	28.2425	26.9150	.	7	7	.
7582_Omikron	.	.	19.2750	.	.	6

Mittelwerte der Prüfglieder
für die Jahre 2007, 2008
und 2009

aus den Mittelwerten
berechnete Boniturnoten
(in Abhängigkeit von der
Skalierung)

8.3 Versuchsserie aus einfaktoriellen Blockanlagen an mehreren Orten und in mehreren Jahren

8.3.1 Bemerkungen zur Abfolge der Mittelwertvergleiche der fixen Effekte

In RESI 2 sind alle die Mittelwertvergleiche realisiert, die die Prüfgliedeffekte betreffen. Die im orthogonalen Fall (Abb. 12) hell gekennzeichneten Vergleiche sind zwar möglich, werden aber nicht durchgeführt. Die unter dem Begriff „Kombinationswirkungen“ zusammen gefassten Vergleiche werden rechts oben aufgeführt. Ist einer der Faktoren Orte oder Jahre zufällig, entfallen diese und auch alle mit diesen Faktoren gebildeten zufälligen Effekte. Klar ist: Mittelwerte werden nur für fixe Effekte berechnet.

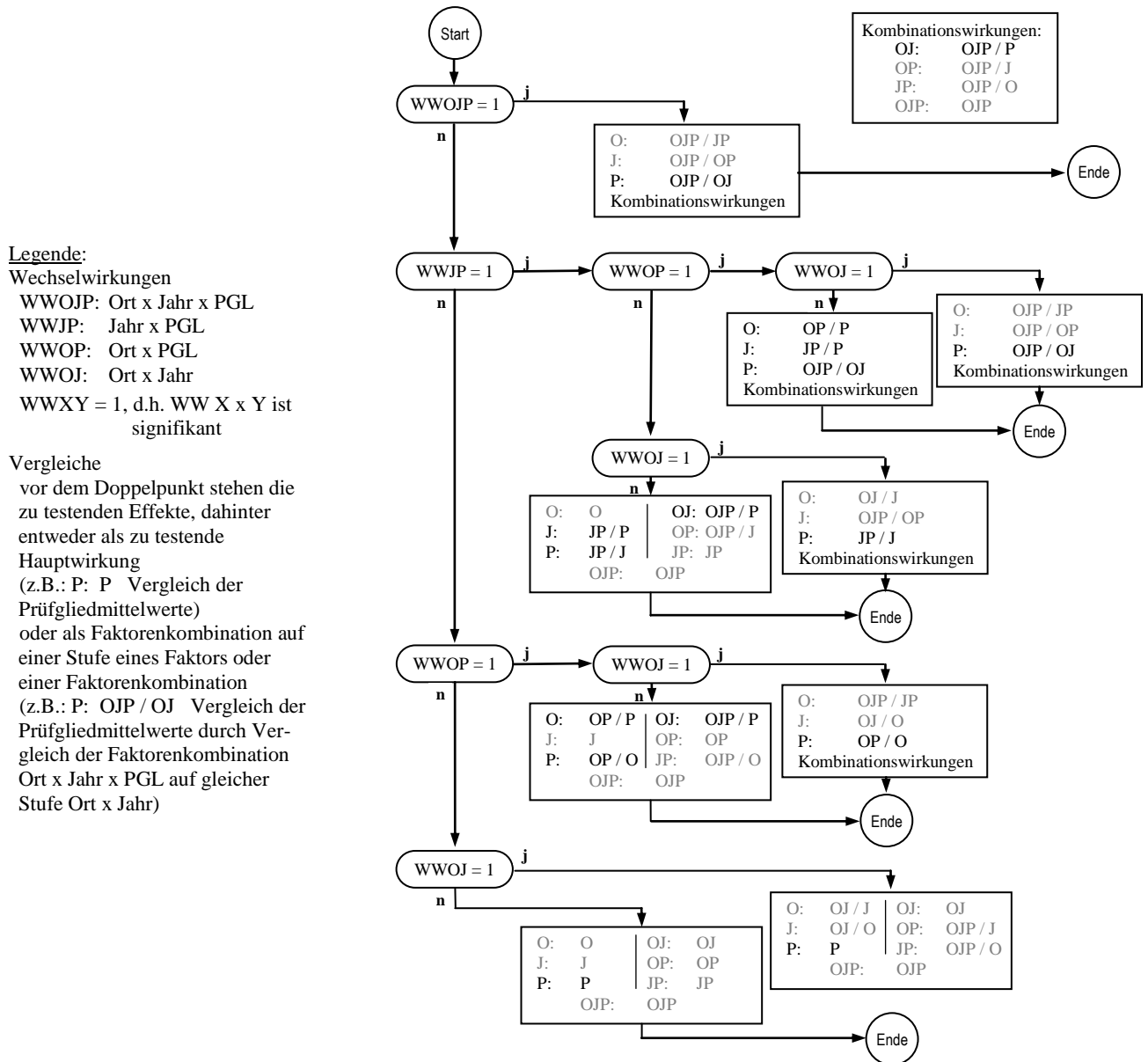


Abb. 12: Mittelwertvergleiche in Abhängigkeit von den Wechselwirkungen im orthogonalen Fall

Liegen nicht für alle Prüfglieder (zu prüfende Sorten bzw. Linien) an allen Orten und in allen Jahren der Versuchsserie die Befallsdaten vor, d.h. die Serie ist bezüglich der Prüfglieder nicht balanziert, dann werden wie in Abb. 13 dargelegt die Vergleiche P: OJP/OJ (Vergleiche der Prüfgliedeffekte auf gleicher Ort-Jahres-Stufe) und OJ: OJP/P (Vergleiche der Ort-Jahres-Effekte auf gleicher Prüfgliedstufe) immer durchgeführt. Danach folgen in Abhängigkeit von den Eigenschaften der Wechselwirkungen die aufgeführten Vergleiche.

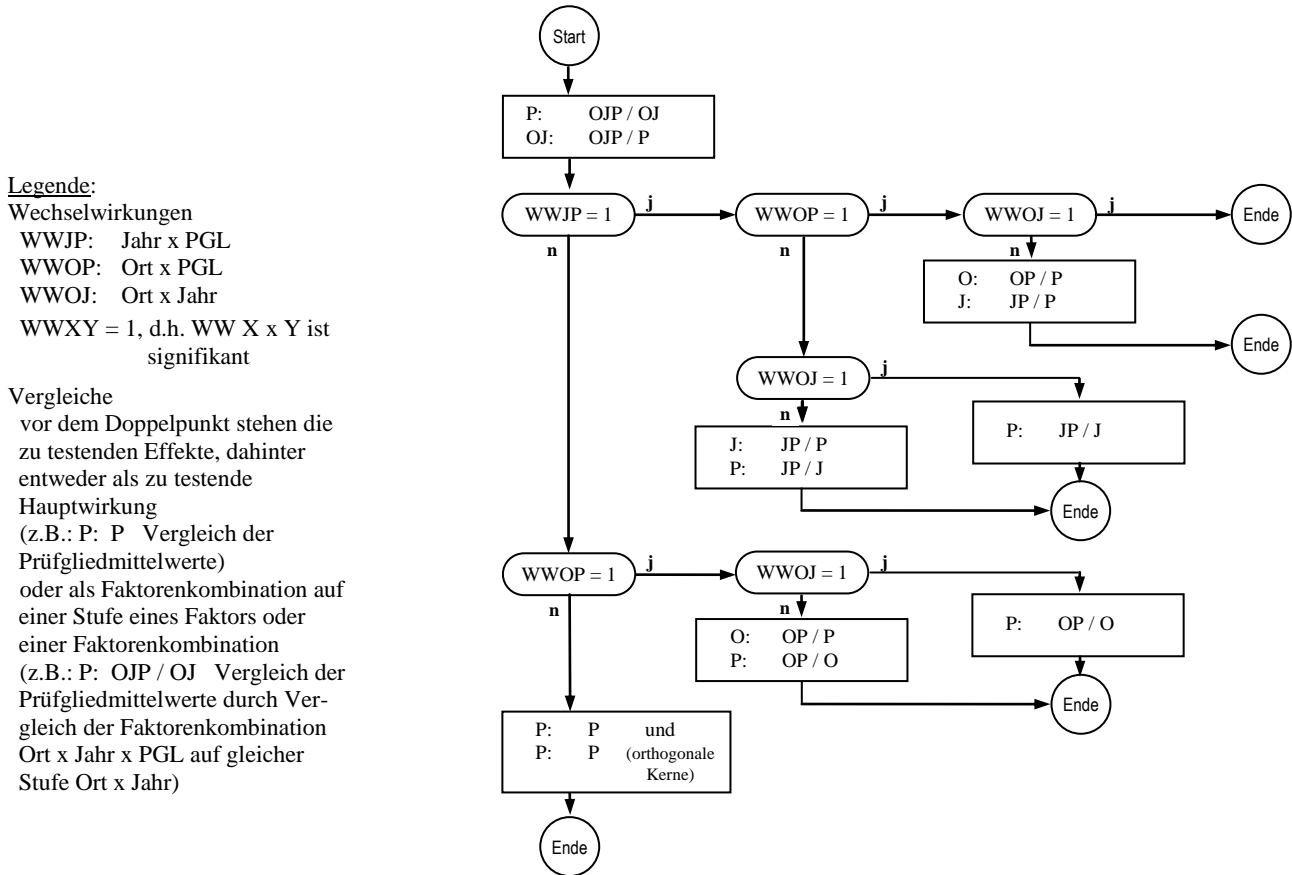


Abb. 13: Mittelwertvergleiche im nicht orthogonalen Fall

Ein Beispiel für eine in Orten und Jahren nicht orthogonale Versuchsserie ist in Abb. 14 dargestellt, die in den Blocks randomisierten Prüfglieder sind farblich markiert und der Einfachheit halber balanciert. In einem solchen Fall werden, wenn keine Wechselwirkung mit dem Prüfgliedfaktor signifikant ist, die Vergleiche der Prüfgliedmittelwerte zusätzlich auch für die orthogonalen Kerne durchgeführt. Die beiden orthogonalen Kerne für das Beispiel in Abb. 14 sind die Versuche

- a) aller Orte in den Jahren 2007 und 2008 und
- b) aller Jahre an den Orten Ort 1, Ort 3 und Ort 4.

	2007	2008	2009
Ort 1			
Ort 2			
Ort 3			
Ort 4			

Abb. 14: Nicht orthogonale Versuchsserie

8.3.2 Die Befallsdaten eines Demonstrationsbeispiels

Die Abb. 12 bis 14 zeigen, dass es viele zu betrachtende Fälle gibt. Das kann nicht alles an einem Beispieldatensatz demonstriert werden. Es können und werden deshalb nur einige Analysen vorgestellt. Dazu werden einfache Beispieldaten genutzt. Wir gehen von einem Beispiel für eine Versuchsserie an 3 Orten und 3 Jahren aus. Der Einfachheit halber nutzen wir die Daten aus Kap. 8.2.1 für den Ort OrtM und die Jahre 2007, 2008, 2009. Es sind folglich nur noch die Daten für die Orte OrtX und OrtY in den Jahren 2007, 2008 und 2009 anzugeben. Auch wenn für jeden Einzelversuch MS-Excel-Dateien mit den beiden Tabellenblättern Serie_EIW und Serie_LSW vorhanden sein müssen, werden nachfolgend nur die Einzelwerte, d.h. die Inhalte der Tabellenblätter Serie_EIW vorgestellt. Alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI.

2007			Ort: 2008			OrtX 2009		
PGL	Block	Befall	PGL	Block	Befall	PGL	Block	Befall
7428_Eta	1	1,19	7428_Eta	1	3,56	7428_Eta	1	5,36
7428_Eta	2	2,34	7428_Eta	2	4,06	7428_Eta	2	7,42
7428_Eta	3	3,53	7428_Eta	3	7,97	7428_Eta	3	6,74
7428_Eta	4	3,19	7428_Eta	4	2,41	7428_Eta	4	3,52
7512_My	1	34,22	7434_Kappa	1	10,66	7434_Kappa	1	18,44
7512_My	2	25,63	7434_Kappa	2	16,3	7434_Kappa	2	12,31
7512_My	3	32,97	7434_Kappa	3	14,23	7434_Kappa	3	16,44
7512_My	4	21,22	7434_Kappa	4	21,8	7434_Kappa	4	11,53
7480_Pi	1	0,16	7512_My	1	30,66	7512_My	1	29,5
7480_Pi	2	1,69	7512_My	2	27,19	7512_My	2	19,06
7480_Pi	3	0,44	7512_My	3	27,19	7512_My	3	21,56
7480_Pi	4	2,38	7512_My	4	17,19	7512_My	4	28,63
7582_Omikron	1	24,84	7582_Omikron	1	27,84	-RRR_res.Standard	1	3,06
7582_Omikron	2	23	7582_Omikron	2	21,28	-RRR_res.Standard	1	0,83
7582_Omikron	3	31,47	7582_Omikron	3	19,53	-RRR_res.Standard	1	0,46
7582_Omikron	4	23,44	7582_Omikron	4	14,28	-RRR_res.Standard	2	0,78
-RRR_res.Standard	1	0,6	-RRR_res.Standard	1	0,82	-RRR_res.Standard	2	1,76
-RRR_res.Standard	1	0,23	-RRR_res.Standard	1	1,48	-RRR_res.Standard	2	1,28
-RRR_res.Standard	1	0,64	-RRR_res.Standard	1	0	-RRR_res.Standard	3	0,94
-RRR_res.Standard	2	1,36	-RRR_res.Standard	2	0,27	-RRR_res.Standard	3	0,54
-RRR_res.Standard	2	1,72	-RRR_res.Standard	2	3,93	-RRR_res.Standard	3	1,37
-RRR_res.Standard	2	0	-RRR_res.Standard	2	1,87	-RRR_res.Standard	4	0
-RRR_res.Standard	3	1,24	-RRR_res.Standard	3	0,11	-RRR_res.Standard	4	0,43
-RRR_res.Standard	3	0,38	-RRR_res.Standard	3	1,06	-RRR_res.Standard	4	0,73
-RRR_res.Standard	3	1,2	-RRR_res.Standard	3	1,75			
-RRR_res.Standard	4	0,79	-RRR_res.Standard	4	0,16			
-RRR_res.Standard	4	0	-RRR_res.Standard	4	1,34			
-RRR_res.Standard	4	0,31	-RRR_res.Standard	4	0			

2007			Ort: 2008			OrtY 2009		
PGL	Block	Befall	PGL	Block	Befall	PGL	Block	Befall
7428_Eta	1	4,62	7428_Eta	1	3,56	7428_Eta	1	2,56
7428_Eta	2	3,58	7428_Eta	2	2,28	7428_Eta	2	3,34
7428_Eta	3	3,23	7428_Eta	3	3,06	7428_Eta	3	4,13
7428_Eta	4	2,77	7428_Eta	4	3,72	7428_Eta	4	3,59
7512_My	1	28,57	7434_Kappa	1	17,03	7434_Kappa	1	21,88
7512_My	2	22,34	7434_Kappa	2	18,67	7434_Kappa	2	9,41
7512_My	3	18,13	7434_Kappa	3	11,38	7434_Kappa	3	17,16
7512_My	4	23,59	7434_Kappa	4	16,14	7434_Kappa	4	15,19
7480_Pi	1	0,88	7512_My	1	20,33	7512_My	1	27,11
7480_Pi	2	0,53	7512_My	2	19,7	7512_My	2	28,72
7480_Pi	3	5,16	7512_My	3	25,27	7512_My	3	19,73
7480_Pi	4	0,16	7512_My	4	18,44	7512_My	4	23,18
-RRR_res.Standard	1	2,23	7480_Pi	1	2,44	7582_Omikron	1	11,44
-RRR_res.Standard	1	0,45	7480_Pi	2	2,12	7582_Omikron	2	19,53
-RRR_res.Standard	1	0,5	7480_Pi	3	3,91	7582_Omikron	3	24,19
-RRR_res.Standard	2	0	7480_Pi	4	1,19	7582_Omikron	4	21,28
-RRR_res.Standard	2	1,75	-RRR_res.Standard	1	1,29	-RRR_res.Standard	1	0
-RRR_res.Standard	2	0,21	-RRR_res.Standard	1	1,92	-RRR_res.Standard	1	0,93
-RRR_res.Standard	3	0,43	-RRR_res.Standard	1	0,39	-RRR_res.Standard	1	0,35
-RRR_res.Standard	3	0,56	-RRR_res.Standard	2	0,6	-RRR_res.Standard	2	0
-RRR_res.Standard	3	2,09	-RRR_res.Standard	2	0,78	-RRR_res.Standard	2	0,4
-RRR_res.Standard	4	1,21	-RRR_res.Standard	2	1,41	-RRR_res.Standard	2	0
-RRR_res.Standard	4	0,85	-RRR_res.Standard	3	2,04	-RRR_res.Standard	3	1,32
-RRR_res.Standard	4	2,87	-RRR_res.Standard	3	1,12	-RRR_res.Standard	3	0,73
			-RRR_res.Standard	3	0,35	-RRR_res.Standard	3	1,3
			-RRR_res.Standard	4	0	-RRR_res.Standard	4	2,37
			-RRR_res.Standard	4	0	-RRR_res.Standard	4	0
			-RRR_res.Standard	4	1,46	-RRR_res.Standard	4	1,27

8.3.3 Analyse der Versuchsserie: Orte zufällig, Jahre zufällig

8.3.3.1 Mittelwerte und Varianzanalyse

Für eine Versuchsserie mit den zufälligen Faktoren Orte und Jahre kann bei größerer Anzahl von Prüfgliedern zumal wenn diese nicht in allen Orten und Jahren vorkommen die Auswertung sehr lange dauern, u.U. viele Stunden. Der in SAS für PROC MIXED verwendete Algorithmus ist nicht der schnellste. Für unser Demonstrationsbeispiel bleibt die Abarbeitung noch im Minutenbereich. Bei sehr lange dauernder Auswertung kann auch die Analyse mit aggregierten Daten (vgl. Kap. 8.5) genutzt werden.

Nach der Aufstellung der Versuchsserie

```
*****
tt.mm.jjjj
=== RESI 2 =====
Zusammensetzung der Versuchsserie
=====
Dateibezeichnung      Ort      Jahr
< Ordner > \M2007.xls   OrtM     2007
< Ordner > \M2008.xls   OrtM     2008
< Ordner > \M2009.xls   OrtM     2009
< Ordner > \X2007.xls   OrtX     2007
< Ordner > \X2008.xls   OrtX     2008
< Ordner > \X2009.xls   OrtX     2009
< Ordner > \Y2007.xls   OrtY     2007
< Ordner > \Y2008.xls   OrtY     2008
< Ordner > \Y2009.xls   OrtY     2009
```

kommt deren Struktur anhand der arithmetischen Mittelwerte:

Übersicht über die Prüfglieder der Einzelversuche anhand der arithmetischen, ungewichteten (!) Mittelwerte:

	Ort								
	OrtM			OrtX			OrtY		
	Jahr	Jahr	Jahr	Jahr	Jahr	Jahr	Jahr	Jahr	Jahr
	2007	2008	2009	2007	2008	2009	2007	2008	2009
	Befall	Befall	Befall	Befall	Befall	Befall	Befall	Befall	Befall
	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean	Mean
PGL									
-RRR_res.Standard	0.8	0.6	0.6	0.7	1.1	1.0	1.1	0.9	0.7
7428_Eta	3.6	2.9	4.1	2.6	4.5	5.8	3.6	3.2	3.4
7434_Kappa	.	17.9	23.9	.	15.7	14.7	.	15.8	15.9
7480_Pi	2.0	.	.	1.2	.	.	1.7	2.4	.
7512_My	28.2	26.9	.	28.5	25.6	24.7	23.2	20.9	24.7
7582_Omikron	.	.	19.3	25.7	20.7	.	.	.	19.1

Es folgen Eigenschaften des Modells:

```
The HPMIXED Procedure
Estimated G matrix is not positive definite.
```

```

*****
tt.mm.jjjj
--- RESI 2 -----
Serienanalyse: Anlagen in vollständigen Blocks, Orte zufällig, Jahre zufällig
(Proc HP MIXED: Konvergenz)
Proc MIXED-Konvergenzinformation:

      Konvergenz              Matrix G              Hesse Matrix              Information
Convergence criteria met.    nicht positiv definit    positiv definit            Konvergenz

```

```

-----
Die G-Matrix ist nicht positiv definit. Es k ö n n e n Schätzprobleme auftreten.
Bitte achten Sie besonders in der (jeweils) letzten Zeile der Mittelwerte (LsMeans)
auf auffällige Abweichungen der Freiheitsgrade und Standardfehler.
Ist dergleichen erkennbar, dann sind nachfolgende Auswertungen u.U. fragwürdig und es sollte
ein Statistiker/Biometer konsultiert werden.
-----

```

Unter Beachtung dieses Hinweises schauen wir auf die Mittelwerte.

```

=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)

      Kennz_Sorte      Mittelwert      Standardfehler      Freiheitsgrade      Konfidenzintervall      Konfidenzintervall
                          LsMean                          untere Grenze      obere Grenze
-RRR_res.Standard      0.8671          1.0000              7.1                -1.4908              3.2250
7428_Eta                3.7507          1.0556              8.59              1.3455              6.1560
7434_Kappa              16.9993         1.1577              11.6              14.4680             19.5305
7480_Pi                 1.8114          1.1488              10.2              -0.7417             4.3645
7512_My                 25.4895         1.0580              8.65              23.0812             27.8978
7582_Omikron            20.9405         1.3280              19.3              18.1643             23.7166

```

Das letzte Prüfglied (7582_Omikron) hat den größten Standardfehler und etwa doppelt so viele Freiheitsgrade wie andere Prüfglieder. Ein Blick auf obige Struktur zeigt, dass dieses Prüfglied nur viermal in der Serie vorkommt. Da der Mittelwert (LsMean) mit 20,9105 dem arithmetischen Mittelwert von 21,2 aus den vier gerundeten Einzelwerten in der Struktur nahe kommt, sind eventuelle Auswirkungen der nicht positiv definiten G-Matrix zu vernachlässigen.

Ausgegeben werden dann die Ergebnisse der Varianzanalyse der fixen Effekte und die geschätzten Varianzkomponenten:

```

=== RESI 2 =====
Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)

fixer      Freiheits-      Freiheits-      Prob
Effekt     grade          grade          > F
          Zähler        Nenner        F-Wert
PGL       5              8.31          103.96      <.0001

```

Erkennbar ist, dass es Unterschiede zwischen den Prüfgliedern gibt.

8 Auswertung einer Versuchsserie

```

=== RESI 2 =====
REML-Schätzung der Varianzkomponenten

zuf. Effekt          Subject          Group          Varianz-
bzw. Fehler                Schätzwert

Ort                    0.2386
Jahr                    0.01646
Ort*Jahr                0
Block(Ort*Jahr)        0.01955
Ort                    PGL                2.5525
Jahr                    PGL                0
Ort*Jahr                PGL                0
Fehler                Versuch 2007-OrtM  1.5519
Fehler                Versuch 2007-OrtX  9.4142
Fehler                Versuch 2007-OrtY  3.7563
Fehler                Versuch 2008-OrtM  10.6555
Fehler                Versuch 2008-OrtX  11.5158
Fehler                Versuch 2008-OrtY  3.1407
Fehler                Versuch 2009-OrtM  13.8795
Fehler                Versuch 2009-OrtX  6.6123
Fehler                Versuch 2009-OrtY  9.1814

```

Die Versuchsserie ist in den Variablen der Einzelversuche nicht homogen. Bei größerem Versuchsumfang kann das die Dauer der Auswertung stark beeinflussen.

8.3.3.2 Mittelwertvergleich: alle paarweisen Vergleiche untereinander

Die paarweisen Vergleiche der Mittelwerte mit Hilfe des Simulate-Verfahrens zum vorgegebenen Signifikanzniveau $\alpha = 0,05$ sind:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, versuchsbezogenes Risiko 1. Art alpha = 0.05)

Kennz/Sorte          vs.Kennz/Sorte  Differenz  Standard-  Frei-  Über-  Konfi-  Konfi-  Testent-
fehler              grade        heits-    schrei-  denz-  denz-  Testent-
                    grade        grade     tung-    inter-  inter-  scheidung
                    grade        grade     wahr-    vall   vall   Simulate-
                    grade        grade     schein-  unt     obere  Verfahren
                    grade        grade     lich-    GRENZE  GRENZE
                    grade        grade     keit

-RRR_res.Standard  7428_Eta        -2.8836   1.3891   6.36   0.3782  -7.9019  2.1346  n.s.
-RRR_res.Standard  7434_Kappa      -16.1322  1.4806   7.63   <.0001  -21.4811 -10.7833  signifikant
-RRR_res.Standard  7480_Pi         -0.9443   1.4532   7.08   0.9830  -6.1940  4.3054  n.s.
-RRR_res.Standard  7512_My        -24.6224  1.3902   6.39   <.0001  -29.6447 -19.6001  signifikant
-RRR_res.Standard  7582_Omikron   -20.0734  1.6135   10.7   <.0001  -25.9023 -14.2445  signifikant
7428_Eta           7434_Kappa     -13.2485  1.5190   8.37   0.0002  -18.7360 -7.7610  signifikant
7428_Eta           7480_Pi        1.9394   1.4903   7.75   0.7766  -3.4446  7.3233  n.s.
7428_Eta           7512_My       -21.7388  1.4303   7.06   <.0001  -26.9057 -16.5718  signifikant
7428_Eta           7582_Omikron  -17.1897  1.6497   11.6   <.0001  -23.1493 -11.2302  signifikant
7434_Kappa         7480_Pi        15.1879  1.5971   9.14   <.0001  9.4182  20.9575  signifikant
7434_Kappa         7512_My       -8.4902  1.5216   8.4    0.0041  -13.9872 -2.9932  signifikant
7434_Kappa         7582_Omikron  -3.9412  1.7102   13.2   0.2875  -10.1196  2.2371  n.s.
7480_Pi            7512_My       -23.6781  1.4902   7.78   <.0001  -29.0615 -18.2947  signifikant
7480_Pi            7582_Omikron  -19.1291  1.7200   12.6   <.0001  -25.3429 -12.9154  signifikant
7512_My            7582_Omikron  4.5490   1.6520   11.7   0.1610  -1.4189  10.5169  n.s.

Methode gleicher Buchstaben (MACRO mult (Piepho 2003)):
Varianten mit gleichen Buchstaben sind untereinander nicht signifikant.

Variante              lsmean L
-RRR_res.Standard    0.8670835 . c .
7428_Eta              3.7507323 . c .
7434_Kappa            16.999252 . . b
7480_Pi               1.8113681 . c .
7512_My               25.489484 a . .
7582_Omikron          20.940482 a . b

```


8.3.3.3 Mittelwertvergleich: Vergleiche zu einem Standard

Bei Wahl eines Standards (-RRR_res.Standard) ändern sich ausschließlich die Mittelwertvergleiche:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, versuchsbezogenes Risiko 1. Art alpha = 0.05)
paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

```

Kennz/Sorte	vs.Kennz/Sorte	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.8836	1.3891	6.36	0.2352	-1.4805	7.2478	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	16.1322	1.4806	7.63	<.0001	11.4805	20.7838	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.Standard	0.9443	1.4532	7.08	0.9505	-3.6211	5.5096	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	24.6224	1.3902	6.39	<.0001	20.2548	28.9900	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	20.0734	1.6135	10.7	<.0001	15.0043	25.1425	signifikant

8.3.3.4 Ausgabe der Boniturnoten

Den Abschluss bilden wieder die aus den Mittelwerten in Abhängigkeit von der gewählten Skalierung berechneten Boniturnoten. Sie werden gleichzeitig in eine MS-Excel-Datei mit gleichem Namen der Textdatei und der Dateierweiterung .xls geschrieben.

```

=== RESI 2 =====
Nachfolgende aus den LsMeans berechnete Boniturnoten (logarithmische Skalierung)
werden auch abgelegt im Tabellenblatt 'Boniturnoten' der MS-Excel-Datei
< Ordner > \MXY07_09.xls

```

PGL	LsMeans	BNoten
-RRR_res.Standard	0.8671	2
7428_Eta	3.7507	3
7434_Kappa	16.9993	6
7480_Pi	1.8114	2
7512_My	25.4895	7
7582_Omikron	20.9405	6

8.3.4 Analyse der Versuchsserie: Orte zufällig, Jahre fix

Bei der Vorstellung der Ergebnisse wird im Folgenden davon ausgegangen, dass die Mittelwertvergleiche zu einem Standard (-RRR_res.Standard) vorgenommen werden sollen. Das Signifikanzniveau sei $\alpha = 0,05$.

Für die in Kap. 8.3.2 vorgestellten Beispieldaten der Serie erhalten wir auch für das Modell mit zufälligen Orten und fixen Jahren den Hinweis, dass die G-Matrix nicht positiv definit ist. Wir betrachten deshalb die jeweils letzten Zeilen der Mittelwerte PGL: 7582_Omikron und Jahr*PGL: 2009 7582_Omikron hinsichtlich Auffälligkeiten. Solche gibt es nicht. Es sind nicht alle Prüfglieder in allen Jahren vorhanden:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)

```

Effekt	Jahr	Kennz_Sorte	Mittel- wert LsMean	Standard- fehler	Freiheits- grade	Konfidenz- intervall untere Grenze	Konfidenz- intervall obere Grenze
PGL		-RRR_res.Standard	0.8565	0.8260	5.73	-1.1881	2.9011
PGL		7428_Eta	3.8443	0.8985	7.81	1.7635	5.9252
PGL		7434_Kappa
PGL		7480_Pi
PGL		7512_My	25.2019	0.9121	8.25	23.1097	27.2942
PGL		7582_Omikron	21.9056	1.3035	14.7	19.1227	24.6886

8 Auswertung einer Versuchsserie

Jahr*PGL 2007 -RRR_res.Standard	0.8817	0.8557	6.49	-1.1740	2.9375
Jahr*PGL 2007 7428_Eta	3.4399	0.9745	10	1.2700	5.6099
Jahr*PGL 2007 7480_Pi	1.6329	0.9875	10.1	-0.5643	3.8302
Jahr*PGL 2007 7512_My	26.4970	0.9797	10.1	24.3166	28.6774
Jahr*PGL 2007 7582_Omikron	25.7473	1.9913	16.2	21.5294	29.9651
Jahr*PGL 2008 -RRR_res.Standard	0.8775	0.9069	7.99	-1.2141	2.9691
Jahr*PGL 2008 7428_Eta	3.4888	1.1017	15.5	1.1475	5.8301
Jahr*PGL 2008 7434_Kappa	16.5231	1.1232	15.6	14.1368	18.9095
Jahr*PGL 2008 7480_Pi	2.5181	1.3899	21.4	-0.3690	5.4051
Jahr*PGL 2008 7512_My	23.8429	1.1017	15.5	21.5017	26.1841
Jahr*PGL 2008 7582_Omikron	20.7794	2.2541	22.7	16.1135	25.4454
Jahr*PGL 2009 -RRR_res.Standard	0.8104	0.9556	9.82	-1.3241	2.9449
Jahr*PGL 2009 7428_Eta	4.6042	1.2242	23.2	2.0730	7.1353
Jahr*PGL 2009 7434_Kappa	17.5170	1.2256	23.3	14.9837	20.0503
Jahr*PGL 2009 7512_My	25.2659	1.3446	26.2	22.5031	28.0288
Jahr*PGL 2009 7582_Omikron	19.1902	1.5935	27.9	15.9256	22.4548

=== RESI 2 =====
 Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)

fixer Effekt	Freiheits- grade Zähler	Freiheits- grade Nenner	F-Wert	Prob > F
Jahr	2	57	3.22	0.0472
PGL	5	8.36	140.87	<.0001
Jahr*PGL	8	112	2.00	0.0529

=== RESI 2 =====
 REML-Schätzung der Varianzkomponenten

zuf. Effekt bzw. Fehler	Subject	Group	Varianz- Schätzwert
Intercept	Ort		0.2919
Jahr	Ort		0
Jahr*Block	Ort		0.04108
PGL	Ort		1.5621
Jahr*PGL	Ort		0
Fehler	Ort	Versuch 2007-OrtM	1.4940
Fehler	Ort	Versuch 2007-OrtX	7.2971
Fehler	Ort	Versuch 2007-OrtY	4.1242
Fehler	Ort	Versuch 2008-OrtM	10.9416
Fehler	Ort	Versuch 2008-OrtX	11.7448
Fehler	Ort	Versuch 2008-OrtY	2.8666
Fehler	Ort	Versuch 2009-OrtM	13.6834
Fehler	Ort	Versuch 2009-OrtX	6.8541
Fehler	Ort	Versuch 2009-OrtY	9.6422

=== RESI 2 =====
 Mittelwertvergleiche
 paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

==> Vergleich der Prüfglied-Effekte
 [Das für jeden einzelnen Vergleich Sidak-korrigierte Niveau gewährleistet (konservativ)
 die Einhaltung des vorgegebenen simultanen Signifikanzniveaus alpha = 0.05].
 paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

PGL	vs. PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	t-Wert	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit (t-Test)	Sidak- korri- giertes Niveau	Testent- scheidung (t-Test)	Testent- scheidung (Sidak-Test)
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.9878	1.1363	5.92	2.63	0.0396	0.016952	signifikant	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	24.3454	1.1469	6.14	21.23	<.0001	0.016952	signifikant	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	21.0491	1.4802	10.1	14.22	<.0001	0.016952	signifikant	signifikant

Die Sidak-Korrektur zur Einhaltung des vorgegebenen multiplen Signifikanzniveaus entspricht genau dem in Tab. 1 (Kap. 8.2.3.2) angegebenen Wert beim Vergleich von drei Mittelwerten mit einem Standard.

Die Versuchsserie ist zwar orthogonal, aber nicht balanziert in den Prüfgliedern, so dass auch bei nicht signifikanter Wechselwirkung Jahr x PGL die Vergleiche P: JP/J (Jahr-PGL-Mittelwerte auf gleicher Jahresstufe) und J: JP/P (Jahr-PGL-Mittelwerte auf gleicher Prüfgliedstufe) durchgeführt werden:

==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Jahres-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

PGL	PGL	Jahr	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2007	2.5582	1.2157	7.36	0.3538	-1.0239	6.1403	n.s.
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2007	0.7512	1.2257	7.4	0.9999	-2.8603	4.3627	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2007	25.6153	1.2197	7.38	<.0001	22.0214	29.2092	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2007	24.8655	2.1274	13.5	<.0001	18.5971	31.1339	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2008	2.6113	1.3513	10.8	0.4590	-1.3532	6.5758	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2008	15.6456	1.3692	10.9	<.0001	11.6286	19.6626	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2008	1.6406	1.5889	14.7	0.9799	-3.0212	6.3023	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2008	22.9654	1.3513	10.9	<.0001	19.0009	26.9299	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2008	19.9019	2.3936	19.7	<.0001	12.8795	26.9244	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2009	3.7938	1.4866	15.6	0.1270	-0.5423	8.1299	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2009	16.7066	1.4877	15.7	<.0001	12.3673	21.0459	signifikant
7512_My	-RRR_res.Standard	2009	24.4555	1.5861	17.9	<.0001	19.8290	29.0821	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2009	18.3798	1.8058	20.2	<.0001	13.1127	23.6470	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2007	2.5582	1.2157	7.36	0.3536	-1.0162	6.1326	n.s.
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2007	0.7512	1.2257	7.4	0.9999	-2.8525	4.3549	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2007	25.6153	1.2197	7.38	<.0001	22.0291	29.2014	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2007	24.8655	2.1274	13.5	<.0001	18.6106	31.1204	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2008	2.6113	1.3513	10.8	0.4603	-1.3465	6.5692	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2008	15.6456	1.3692	10.9	<.0001	11.6353	19.6560	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2008	1.6406	1.5889	14.7	0.9798	-3.0134	6.2945	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2008	22.9654	1.3513	10.9	<.0001	19.0075	26.9233	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2008	19.9019	2.3936	19.7	<.0001	12.8912	26.9127	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2009	3.7938	1.4866	15.6	0.1279	-0.5343	8.1219	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2009	16.7066	1.4877	15.7	<.0001	12.3753	21.0379	signifikant
7512_My	-RRR_res.Standard	2009	24.4555	1.5861	17.9	<.0001	19.8376	29.0735	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2009	18.3798	1.8058	20.2	<.0001	13.1224	23.6372	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2007	2.5582	1.2157	7.36	0.3537	-1.0181	6.1345	n.s.
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2007	0.7512	1.2257	7.4	0.9999	-2.8545	4.3569	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2007	25.6153	1.2197	7.38	<.0001	22.0271	29.2034	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2007	24.8655	2.1274	13.5	<.0001	18.6071	31.1239	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2008	2.6113	1.3513	10.8	0.4597	-1.3421	6.5648	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2008	15.6456	1.3692	10.9	<.0001	11.6398	19.6515	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.Standard	2008	1.6406	1.5889	14.7	0.9800	-3.0082	6.2893	n.s.
7512_My	-RRR_res.Standard	2008	22.9654	1.3513	10.9	<.0001	19.0119	26.9189	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2008	19.9019	2.3936	19.7	<.0001	12.8990	26.9049	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.Standard	2009	3.7938	1.4866	15.6	0.1274	-0.5422	8.1298	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.Standard	2009	16.7066	1.4877	15.7	<.0001	12.3674	21.0459	signifikant
7512_My	-RRR_res.Standard	2009	24.4555	1.5861	17.9	<.0001	19.8291	29.0820	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.Standard	2009	18.3798	1.8058	20.2	<.0001	13.1128	23.6469	signifikant

==> Jahres-Effekte auf gleicher Prüfglied-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

vs. Jahr	Jahr	PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
2008	2007	-RRR_res.Standard	-0.00425	0.5709	75.8	1.0000	-1.6863	1.6778	n.s.
2009	2007	-RRR_res.Standard	-0.07137	0.6576	99.6	1.0000	-2.0089	1.8662	n.s.
2007	2008	-RRR_res.Standard	0.004251	0.5709	75.8	1.0000	-1.6707	1.6792	n.s.
2009	2008	-RRR_res.Standard	-0.06712	0.7108	103	1.0000	-2.1526	2.0184	n.s.
2007	2009	-RRR_res.Standard	0.07137	0.6576	99.6	1.0000	-1.8467	1.9894	n.s.
2008	2009	-RRR_res.Standard	0.06712	0.7108	103	1.0000	-2.0062	2.1405	n.s.
2008	2007	-RRR_res.Standard	-0.00425	0.5709	75.8	1.0000	-1.6827	1.6742	n.s.
2009	2007	-RRR_res.Standard	-0.07137	0.6576	99.6	1.0000	-2.0047	1.8620	n.s.
2007	2008	-RRR_res.Standard	0.004251	0.5709	75.8	1.0000	-1.6679	1.6764	n.s.
2009	2008	-RRR_res.Standard	-0.06712	0.7108	103	1.0000	-2.1491	2.0149	n.s.
2007	2009	-RRR_res.Standard	0.07137	0.6576	99.6	1.0000	-1.8431	1.9859	n.s.
2008	2009	-RRR_res.Standard	0.06712	0.7108	103	1.0000	-2.0024	2.1366	n.s.

8 Auswertung einer Versuchsserie

2008	2007	-RRR_res.Standard	-0.00425	0.5709	75.8	1.0000	-1.6836	1.6751	n.s.
2009	2007	-RRR_res.Standard	-0.07137	0.6576	99.6	1.0000	-2.0058	1.8631	n.s.
2007	2008	-RRR_res.Standard	0.004251	0.5709	75.8	1.0000	-1.6660	1.6745	n.s.
2009	2008	-RRR_res.Standard	-0.06712	0.7108	103	1.0000	-2.1468	2.0126	n.s.
2007	2009	-RRR_res.Standard	0.07137	0.6576	99.6	1.0000	-1.8466	1.9894	n.s.
2008	2009	-RRR_res.Standard	0.06712	0.7108	103	1.0000	-2.0062	2.1404	n.s.

Die Boniturnoten können aufgrund der in den Prüfgliedern unbalanzierten Versuchsserie nur für jedes Jahr einzeln berechnet werden:

```

=== RESI 2 =====
Nachfolgende aus den LsMeans berechnete Boniturnoten (logarithmische Skalierung)
werden auch abgelegt im Tabellenblatt 'Boniturnoten' der MS-Excel-Datei
< Ordner > \MXY07_09.xls
Hinweis: Die Versuchsanlage ist stark unbalanziert.
Deshalb ist sollte von einer Mittelwertbildung über die Jahre hinweg Abstand genommen werden.

```

PGL	LsM2007	LsM2008	LsM2009	BLs M2007	BLs M2008	BLs M2009
-RRR_res.Standard	0.8817	0.8775	0.8104	2	2	2
7428_Eta	3.4399	3.4888	4.6042	3	3	4
7434_Kappa	.	16.5231	17.5170	.	6	6
7480_Pi	1.6329	2.5181	.	2	3	.
7512_My	26.4970	23.8429	25.2659	7	7	7
7582_Omikron	25.7473	20.7794	19.1902	7	6	6

Mittelwerte (LsMeans) der Sorten
bzw. Linien für die Jahre 2007,
2008 und 2009

aus den Mittelwerten berechnete
Boniturnoten (in Abhängigkeit
von der Skalierung)

8.3.5 Analyse der Versuchsserie: Orte fix, Jahre zufällig

Auch im Fall fixer Orte und zufälliger Jahre ist die G-Matrix nicht positiv definit. Die jeweils letzten Zeilen der Mittelwerte PGL: 7582_Omikron und Ort*PGL: OrtY 7582_Omikron zeigen keine Auffälligkeiten. Ein Hinweis auf signifikante Wechselwirkung(en) wird bereits mit der nachstehenden Ausgabe der Mittelwerte gegeben. Da die Jahre zufällig sind und je Versuchsort alle Prüfglieder in den Versuchsjahren mindestens einmal geprüft wurden, haben wir keine fehlenden Werte bei den Mittelwerten (LsMeans). Nicht schätzbare Funktionen treten nicht auf.

```

=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)
(Achtung: signifikante Wechselwirkung Ort x Pgl)

```

Effekt	Ort	Kennz_Sorte	Mittelwert LsMean	Standardfehler	Freiheitsgrade	Konfidenzintervall untere Grenze	Konfidenzintervall obere Grenze
PGL		-RRR_res.Standard	0.8652	0.2682	4.39	0.1459	1.5844
PGL		7428_Eta	3.7661	0.4306	27.2	2.8830	4.6492
PGL		7434_Kappa	17.2947	0.6436	60.7	16.0075	18.5818
PGL		7480_Pi	1.7212	0.6339	25	0.4155	3.0268
PGL		7512_My	25.5111	0.4374	26.5	24.6129	26.4094
PGL		7582_Omikron	20.6494	0.8837	56.8	18.8798	22.4191
Ort*PGL	OrtM	-RRR_res.Standard	0.6960	0.4159	6.9	-0.2903	1.6823
Ort*PGL	OrtM	7428_Eta	3.5398	0.6251	20.6	2.2382	4.8413
Ort*PGL	OrtM	7434_Kappa	20.9404	1.3008	45.3	18.3209	23.5598
Ort*PGL	OrtM	7480_Pi	1.9207	0.7110	14.1	0.3969	3.4444
Ort*PGL	OrtM	7512_My	28.0606	0.6643	17.3	26.6607	29.4606
Ort*PGL	OrtM	7582_Omikron	19.2358	1.7503	19.4	15.5772	22.8945
Ort*PGL	OrtX	-RRR_res.Standard	0.9141	0.5318	37.7	-0.1628	1.9911
Ort*PGL	OrtX	7428_Eta	4.4030	0.9077	61.9	2.5884	6.2175
Ort*PGL	OrtX	7434_Kappa	15.0582	1.0963	36.8	12.8364	17.2800
Ort*PGL	OrtX	7480_Pi	1.1188	1.5214	21.2	-2.0435	4.2811
Ort*PGL	OrtX	7512_My	26.1376	0.9077	61.9	24.3230	27.9521
Ort*PGL	OrtX	7582_Omikron	23.6387	1.1994	46.7	21.2253	26.0520
Ort*PGL	OrtY	-RRR_res.Standard	0.9853	0.3857	14.6	0.1612	1.8094

Ort*PGL	OrtY	7428_Eta	3.3555	0.6412	46	2.0647	4.6463
Ort*PGL	OrtY	7434_Kappa	15.8854	0.8120	34.3	14.2357	17.5351
Ort*PGL	OrtY	7480_Pi	2.1240	0.7009	37.1	0.7040	3.5441
Ort*PGL	OrtY	7512_My	22.3352	0.6412	46	21.0444	23.6260
Ort*PGL	OrtY	7582_Omikron	19.0738	1.5748	25.9	15.8363	22.3113

=== RESI 2 =====
 Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)

fixer Effekt	Freiheits- grade Zähler	Freiheits- grade Nenner	F-Wert	Prob > F
Ort	2	74.4	5.29	0.0071
PGL	5	114	639.34	<.0001
Ort*PGL	10	111	5.68	<.0001

=== RESI 2 =====
 REML-Schätzung der Varianzkomponenten

zuf. Effekt bzw. Fehler	Subject	Group	Varianz- Schätzwert
Intercept	Jahr		0.02280
Ort	Jahr		0
Ort*Block	Jahr		0.02805
PGL	Jahr		0
Ort*PGL	Jahr		0
Fehler	Jahr	Versuch 2007-OrtM	1.5209
Fehler	Jahr	Versuch 2007-OrtX	8.7564
Fehler	Jahr	Versuch 2007-OrtY	3.8638
Fehler	Jahr	Versuch 2008-OrtM	11.9359
Fehler	Jahr	Versuch 2008-OrtX	12.3761
Fehler	Jahr	Versuch 2008-OrtY	2.9610
Fehler	Jahr	Versuch 2009-OrtM	11.8086
Fehler	Jahr	Versuch 2009-OrtX	6.5830
Fehler	Jahr	Versuch 2009-OrtY	9.4784

=== RESI 2 =====
 Mittelwertvergleiche
 paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Orts-Stufe
 (Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

Ort	PGL	vs. PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidung Simulate- Verfahren
OrtM	7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.8437	0.6598	21.4	0.0006	0.8562	4.8312	signifikant
OrtM	7434_Kappa	-RRR_res.Standard	20.2443	1.3876	49.3	<.0001	16.0648	24.4238	signifikant
OrtM	7480_Pi	-RRR_res.Standard	1.2246	0.7071	15.6	0.7265	-0.9051	3.3544	n.s.
OrtM	7512_My	-RRR_res.Standard	27.3646	0.6816	18.6	<.0001	25.3117	29.4175	signifikant
OrtM	7582_Omikron	-RRR_res.Standard	18.5398	1.8129	20.5	<.0001	13.0791	24.0005	signifikant
OrtM	7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.8437	0.6598	21.4	0.0006	0.8561	4.8313	signifikant
OrtM	7434_Kappa	-RRR_res.Standard	20.2443	1.3876	49.3	<.0001	16.0646	24.4240	signifikant
OrtM	7480_Pi	-RRR_res.Standard	1.2246	0.7071	15.6	0.7270	-0.9052	3.3544	n.s.
OrtM	7512_My	-RRR_res.Standard	27.3646	0.6816	18.6	<.0001	25.3116	29.4176	signifikant
OrtM	7582_Omikron	-RRR_res.Standard	18.5398	1.8129	20.5	<.0001	13.0789	24.0007	signifikant
OrtM	7428_Eta	-RRR_res.Standard	2.8437	0.6598	21.4	0.0006	0.8546	4.8328	signifikant
OrtM	7434_Kappa	-RRR_res.Standard	20.2443	1.3876	49.3	<.0001	16.0614	24.4272	signifikant
OrtM	7480_Pi	-RRR_res.Standard	1.2246	0.7071	15.6	0.7276	-0.9068	3.3561	n.s.
OrtM	7512_My	-RRR_res.Standard	27.3646	0.6816	18.6	<.0001	25.3101	29.4191	signifikant
OrtM	7582_Omikron	-RRR_res.Standard	18.5398	1.8129	20.5	<.0001	13.0747	24.0049	signifikant
OrtX	7428_Eta	-RRR_res.Standard	3.4889	1.0403	65.3	0.0167	0.3842	6.5935	signifikant
OrtX	7434_Kappa	-RRR_res.Standard	14.1441	1.2066	42.8	<.0001	10.5431	17.7451	signifikant
OrtX	7480_Pi	-RRR_res.Standard	0.2047	1.6055	24.2	1.0000	-4.5867	4.9961	n.s.
OrtX	7512_My	-RRR_res.Standard	25.2234	1.0403	65.3	<.0001	22.1188	28.3281	signifikant
OrtX	7582_Omikron	-RRR_res.Standard	22.7245	1.3102	53.7	<.0001	18.8145	26.6345	signifikant
OrtX	7428_Eta	-RRR_res.Standard	3.4889	1.0403	65.3	0.0167	0.3863	6.5914	signifikant
OrtX	7434_Kappa	-RRR_res.Standard	14.1441	1.2066	42.8	<.0001	10.5455	17.7427	signifikant
OrtX	7480_Pi	-RRR_res.Standard	0.2047	1.6055	24.2	1.0000	-4.5834	4.9928	n.s.
OrtX	7512_My	-RRR_res.Standard	25.2234	1.0403	65.3	<.0001	22.1209	28.3259	signifikant

8 Auswertung einer Versuchsserie

OrtX 7582 Omikron	-RRR_res.Standard	22.7245	1.3102	53.7	<.0001	18.8172	26.6319	signifikant
OrtX 7428 Eta	-RRR_res.Standard	3.4889	1.0403	65.3	0.0166	0.3851	6.5926	signifikant
OrtX 7434 Kappa	-RRR_res.Standard	14.1441	1.2066	42.8	<.0001	10.5441	17.7441	signifikant
OrtX 7480 Pi	-RRR_res.Standard	0.2047	1.6055	24.2	1.0000	-4.5853	4.9948	n.s.
OrtX 7512 My	-RRR_res.Standard	25.2234	1.0403	65.3	<.0001	22.1197	28.3272	signifikant
OrtX 7582 Omikron	-RRR_res.Standard	22.7245	1.3102	53.7	<.0001	18.8156	26.6335	signifikant
OrtY 7428 Eta	-RRR_res.Standard	2.3702	0.7245	61.2	0.0229	0.1875	4.5529	signifikant
OrtY 7434 Kappa	-RRR_res.Standard	14.9001	0.8760	42.7	<.0001	12.2610	17.5392	signifikant
OrtY 7480 Pi	-RRR_res.Standard	1.1387	0.7695	49.5	0.8891	-1.1795	3.4569	n.s.
OrtY 7512 My	-RRR_res.Standard	21.3499	0.7245	61.2	<.0001	19.1672	23.5326	signifikant
OrtY 7582 Omikron	-RRR_res.Standard	18.0885	1.6320	28	<.0001	13.1714	23.0055	signifikant
OrtY 7428 Eta	-RRR_res.Standard	2.3702	0.7245	61.2	0.0229	0.1891	4.5513	signifikant
OrtY 7434 Kappa	-RRR_res.Standard	14.9001	0.8760	42.7	<.0001	12.2629	17.5373	signifikant
OrtY 7480 Pi	-RRR_res.Standard	1.1387	0.7695	49.5	0.8886	-1.1779	3.4553	n.s.
OrtY 7512 My	-RRR_res.Standard	21.3499	0.7245	61.2	<.0001	19.1688	23.5310	signifikant
OrtY 7582 Omikron	-RRR_res.Standard	18.0885	1.6320	28	<.0001	13.1749	23.0020	signifikant
OrtY 7428 Eta	-RRR_res.Standard	2.3702	0.7245	61.2	0.0230	0.1893	4.5511	signifikant
OrtY 7434 Kappa	-RRR_res.Standard	14.9001	0.8760	42.7	<.0001	12.2632	17.5370	signifikant
OrtY 7480 Pi	-RRR_res.Standard	1.1387	0.7695	49.5	0.8883	-1.1776	3.4550	n.s.
OrtY 7512 My	-RRR_res.Standard	21.3499	0.7245	61.2	<.0001	19.1690	23.5308	signifikant
OrtY 7582 Omikron	-RRR_res.Standard	18.0885	1.6320	28	<.0001	13.1754	23.0015	signifikant

==> Ortseffekte auf gleicher Prüfglied-Stufe
(Simulate-Verfahren, alpha = 0.05)

Ort	vs. Ort	PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lich- keit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidungs- Simulate- Verfahren
OrtX	OrtM	-RRR_res.Standard	0.2181	0.6636	77	1.0000	-1.7807	2.2169	n.s.
OrtY	OrtM	-RRR_res.Standard	0.2893	0.5481	51.1	1.0000	-1.3616	1.9402	n.s.
OrtX	OrtM	-RRR_res.Standard	0.2181	0.6636	77	1.0000	-1.7808	2.2170	n.s.
OrtY	OrtM	-RRR_res.Standard	0.2893	0.5481	51.1	1.0000	-1.3616	1.9402	n.s.
OrtX	OrtM	-RRR_res.Standard	0.2181	0.6636	77	1.0000	-1.7823	2.2185	n.s.
OrtY	OrtM	-RRR_res.Standard	0.2893	0.5481	51.1	1.0000	-1.3629	1.9415	n.s.
OrtM	OrtX	-RRR_res.Standard	-0.2181	0.6636	77	1.0000	-2.1985	1.7623	n.s.
OrtY	OrtX	-RRR_res.Standard	0.07120	0.6526	89.7	1.0000	-1.8765	2.0189	n.s.
OrtM	OrtX	-RRR_res.Standard	-0.2181	0.6636	77	1.0000	-2.1972	1.7610	n.s.
OrtY	OrtX	-RRR_res.Standard	0.07120	0.6526	89.7	1.0000	-1.8752	2.0176	n.s.
OrtM	OrtX	-RRR_res.Standard	-0.2181	0.6636	77	1.0000	-2.1980	1.7618	n.s.
OrtY	OrtX	-RRR_res.Standard	0.07120	0.6526	89.7	1.0000	-1.8760	2.0184	n.s.
OrtM	OrtY	-RRR_res.Standard	-0.2893	0.5481	51.1	1.0000	-1.9405	1.3620	n.s.
OrtX	OrtY	-RRR_res.Standard	-0.07120	0.6526	89.7	1.0000	-2.0375	1.8951	n.s.
OrtM	OrtY	-RRR_res.Standard	-0.2893	0.5481	51.1	1.0000	-1.9394	1.3608	n.s.
OrtX	OrtY	-RRR_res.Standard	-0.07120	0.6526	89.7	1.0000	-2.0361	1.8937	n.s.
OrtM	OrtY	-RRR_res.Standard	-0.2893	0.5481	51.1	1.0000	-1.9392	1.3606	n.s.
OrtX	OrtY	-RRR_res.Standard	-0.07120	0.6526	89.7	1.0000	-2.0359	1.8935	n.s.

Den Abschluss bilden wieder die unter Beachtung der signifikanten Wechselwirkung berechneten Boniturnoten:

=== RESI 2 =====
Nachfolgende aus den LsMeans berechnete Boniturnoten (logarithmische Skalierung) werden auch abgelegt im Tabellenblatt 'Boniturnoten' der MS-Excel-Datei < Ordner > \MXY07_09.xls
Hinweis: Die Wechselwirkung Ort x PGL ist signifikant.
Deshalb ist eine Mittelwertbildung über die Orte hinweg unzulässig.

PGL	LsMOrtM	LsMOrtX	LsMOrtY	BLs MOrtM	BLs MOrtX	BLs MOrtY
-RRR_res.Standard	0.6960	0.9141	0.9853	1	2	2
7428 Eta	3.5398	4.4030	3.3555	3	4	3
7434 Kappa	20.9404	15.0582	15.8854	6	6	6
7480 Pi	1.9207	1.1188	2.1240	2	2	3
7512 My	28.0606	26.1376	22.3352	7	7	7
7582 Omikron	19.2358	23.6387	19.0738	6	7	6

Mittelwerte (LsMeans) der Sorten bzw. Linien für die Orte OrtM, OrtX und OrtY

aus den Mittelwerten berechnete Boniturnoten (in Abhängigkeit von der Skalierung)

8.3.6 Analyse der Versuchsserie: Orte fix, Jahre fix

Der Nutzer von RESI 2 hat bei Serien aus einfaktoriellen Blockanlagen für das Modell Orte fix, Jahre fix – wie auch in den Fällen 1 Ort, Jahre fix sowie Orte fix, 1 Jahr – die weitere Festlegung zur Eigenschaft der Blocks zufällig oder fix zu treffen. Der Autor empfiehlt, von zufälligen Blocks auszugehen, hat aber auch die andere Entscheidungsmöglichkeit realisiert. Für die Vorstellung der Ergebnisse werden wie bisher zufällige Blocks zugrunde gelegt. Konvergenz liegt vor, die G-Matrix ist positiv definit. Bereits bei den Mittelwerten ist der Hinweis auf eine signifikante Wechselwirkung aufgeführt:

```

=== RESI 2 =====
Mittelwerte und realisierte Konfidenzintervalle (alpha = 0.05)
(Achtung: signifikante Wechselwirkung Ort x Pgl)

```

Effekt	Ort	Jahr	Kennz_Sorte	Mittelwert LsMean	Standardfehler	Freiheitsgrade	Konfidenzintervall untere Grenze	Konfidenzintervall obere Grenze
PGL			-RRR_res.Standard	0.8354	0.2683	127	0.3044	1.3663
PGL			7428_Eta	3.7267	0.4592	153	2.8194	4.6339
PGL			7434_Kappa
PGL			7480_Pi
PGL			7512_My
PGL			7582_Omikron
Ort*PGL	OrtM		-RRR_res.Standard	0.6556	0.4822	46.1	-0.3151	1.6262
Ort*PGL	OrtM		7428_Eta	3.5358	0.8260	44	1.8711	5.2006
Ort*PGL	OrtM		7434_Kappa
Ort*PGL	OrtM		7480_Pi
Ort*PGL	OrtM		7512_My
Ort*PGL	OrtM		7582_Omikron
Ort*PGL	OrtX		-RRR_res.Standard	0.9289	0.5009	59.4	-0.07333	1.9311
Ort*PGL	OrtX		7428_Eta	4.2742	0.8588	61.5	2.5572	5.9911
Ort*PGL	OrtX		7434_Kappa
Ort*PGL	OrtX		7480_Pi
Ort*PGL	OrtX		7512_My	26.2517	0.8588	61.5	24.5347	27.9686
Ort*PGL	OrtX		7582_Omikron
Ort*PGL	OrtY		-RRR_res.Standard	0.9217	0.4056	41.3	0.1027	1.7406
Ort*PGL	OrtY		7428_Eta	3.3700	0.6915	50.9	1.9817	4.7583
Ort*PGL	OrtY		7434_Kappa
Ort*PGL	OrtY		7480_Pi
Ort*PGL	OrtY		7512_My	22.9258	0.6915	50.9	21.5376	24.3141
Ort*PGL	OrtY		7582_Omikron
Jahr*PGL		2007	-RRR_res.Standard	0.8542	0.3563	43.1	0.1357	1.5727
Jahr*PGL		2007	7428_Eta	3.2333	0.6046	51.5	2.0198	4.4469
Jahr*PGL		2007	7480_Pi	1.6058	0.6046	51.5	0.3923	2.8194
Jahr*PGL		2007	7512_My	26.6367	0.6046	51.5	25.4231	27.8502
Jahr*PGL		2007	7582_Omikron
Jahr*PGL		2008	-RRR_res.Standard	0.8747	0.5095	51.4	-0.1480	1.8975
Jahr*PGL		2008	7428_Eta	3.5250	0.8738	52.6	1.7721	5.2779
Jahr*PGL		2008	7434_Kappa	16.4883	0.8738	52.6	14.7354	18.2413
Jahr*PGL		2008	7480_Pi
Jahr*PGL		2008	7512_My	24.4692	0.8738	52.6	22.7162	26.2221
Jahr*PGL		2008	7582_Omikron
Jahr*PGL		2009	-RRR_res.Standard	0.7772	0.5113	58.9	-0.2459	1.8003
Jahr*PGL		2009	7428_Eta	4.4217	0.8769	60.1	2.6677	6.1756
Jahr*PGL		2009	7434_Kappa	18.1600	0.8769	60.1	16.4061	19.9139
Jahr*PGL		2009	7512_My
Jahr*PGL		2009	7582_Omikron
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2007	-RRR_res.Standard	0.7608	0.3817	14.2	-0.05645	1.5781
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2007	7428_Eta	3.5875	0.6254	20.4	2.2847	4.8903
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2007	7480_Pi	1.9675	0.6254	20.4	0.6647	3.2703
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2007	7512_My	28.2425	0.6254	20.4	26.9397	29.5453
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2008	-RRR_res.Standard	0.6117	0.9963	20.4	-1.4640	2.6873
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2008	7428_Eta	2.9200	1.7124	19.7	-0.6551	6.4951
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2008	7434_Kappa	17.9125	1.7124	19.7	14.3374	21.4876
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2008	7512_My	26.9150	1.7124	19.7	23.3399	30.4901
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2009	-RRR_res.Standard	0.5942	0.9770	20.4	-1.4415	2.6298
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2009	7428_Eta	4.1000	1.6786	19.5	0.5927	7.6073
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2009	7434_Kappa	23.8900	1.6786	19.5	20.3827	27.3973
Ort*Jahr*PGL	OrtM	2009	7582_Omikron	19.2750	1.6786	19.5	15.7677	22.7823
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2007	-RRR_res.Standard	0.7058	0.7930	23.5	-0.9327	2.3444
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2007	7428_Eta	2.5625	1.3567	22.9	-0.2445	5.3695
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2007	7480_Pi	1.1675	1.3567	22.9	-1.6395	3.9745
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2007	7512_My	28.5100	1.3567	22.9	25.7030	31.3170
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2007	7582_Omikron	25.6875	1.3567	22.9	22.8805	28.4945
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2008	-RRR_res.Standard	1.0658	1.0380	23.3	-1.0800	3.2117
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2008	7428_Eta	4.5000	1.7851	23.1	0.8080	8.1920
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2008	7434_Kappa	15.7475	1.7851	23.1	12.0555	19.4395
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2008	7512_My	25.5575	1.7851	23.1	21.8655	29.2495
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2008	7582_Omikron	20.7325	1.7851	23.1	17.0405	24.4245

8 Auswertung einer Versuchsserie

Ort*Jahr*PGL	OrtX	2009	-RRR_res.Standard	1.0150	0.7430	20.2	-0.5337	2.5637
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2009	7428_Eta	5.7600	1.2689	20.1	3.1137	8.4063
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2009	7434_Kappa	14.6800	1.2689	20.1	12.0337	17.3263
Ort*Jahr*PGL	OrtX	2009	7512_My	24.6875	1.2689	20.1	22.0412	27.3338
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2007	-RRR_res.Standard	1.0958	0.6067	18.2	-0.1776	2.3693
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2007	7428_Eta	3.5500	1.0288	20	1.4043	5.6957
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2007	7480_Pi	1.6825	1.0288	20	-0.4632	3.8282
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2007	7512_My	23.1575	1.0288	20	21.0118	25.3032
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2008	-RRR_res.Standard	0.9467	0.5161	16.7	-0.1435	2.0368
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2008	7428_Eta	3.1550	0.8678	22.1	1.3558	4.9542
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2008	7434_Kappa	15.8050	0.8678	22.1	14.0058	17.6042
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2008	7480_Pi	2.4150	0.8678	22.1	0.6158	4.2142
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2008	7512_My	20.9350	0.8678	22.1	19.1358	22.7342
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2009	-RRR_res.Standard	0.7225	0.9198	22.7	-1.1816	2.6266
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2009	7428_Eta	3.4050	1.5786	23.1	0.1399	6.6701
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2009	7434_Kappa	15.9100	1.5786	23.1	12.6449	19.1751
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2009	7512_My	24.6850	1.5786	23.1	21.4199	27.9501
Ort*Jahr*PGL	OrtY	2009	7582_Omikron	19.1100	1.5786	23.1	15.8449	22.3751

=== RESI 2 =====
 Varianzanalyse der fixen Effekte (alpha = 0.05)

fixer Effekt	Freiheits- grade Zähler	Freiheits- grade Nenner	F-Wert	Prob > F
Ort	2	78.1	5.46	0.0060
Jahr	2	87.8	3.03	0.0534
Ort*Jahr	4	67.2	0.64	0.6372
PGL	5	123	567.54	<.0001
Ort*PGL	9	103	3.66	0.0005
Jahr*PGL	7	111	1.52	0.1661
Ort*Jahr*PGL	9	99.4	1.24	0.2784

=== RESI 2 =====
 REML-Schätzung der Varianzkomponenten

zuf. Effekt bzw. Fehler	Group	Varianz- Schätzwert
Block(Ort*Jahr)		0.09186
Fehler	Versuch 2007-OrtM	1.4726
Fehler	Versuch 2007-OrtX	7.2702
Fehler	Versuch 2007-OrtY	4.1419
Fehler	Versuch 2008-OrtM	11.6369
Fehler	Versuch 2008-OrtX	12.6548
Fehler	Versuch 2008-OrtY	2.9206
Fehler	Versuch 2009-OrtM	11.1794
Fehler	Versuch 2009-OrtX	6.3490
Fehler	Versuch 2009-OrtY	9.8757

Um in der folgenden Ausgabe der Mittelwertvergleiche zeilenweise alles darstellen zu können, reicht die Verringerung der Schriftgröße und der Abstände nicht mehr aus. Deshalb wird das Standard-Prüfglied verkürzt mit `-RRR_res.S` angegeben.

=== RESI 2 =====
 Mittelwertvergleiche (Simulate-Verfahren, simultanes alpha = 0.05)
 ==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Ort-Jahres-Stufe
 paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

PGL	vs. PGL	Ort	Jahr	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lichkeit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidungs- Simulate- Verfahren
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtM	2007	2.8267	0.7006	15.4	0.0041	0.5198	5.1335	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.S	OrtM	2007	1.2067	0.7006	15.4	0.9485	-1.1002	3.5135	n.s.
7512_My	-RRR_res.S	OrtM	2007	27.4817	0.7006	15.4	<.0001	25.1748	29.7885	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtM	2008	2.3083	1.9695	19.2	0.9967	-3.9529	8.5696	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.S	OrtM	2008	17.3008	1.9695	19.2	<.0001	11.0396	23.5621	signifikant
7512_My	-RRR_res.S	OrtM	2008	26.3033	1.9695	19.2	<.0001	20.0421	32.5646	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtM	2009	3.5058	1.9304	18.9	0.7636	-2.6432	9.6548	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.S	OrtM	2009	23.2958	1.9304	18.9	<.0001	17.1468	29.4448	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.S	OrtM	2009	18.6808	1.9304	18.9	<.0001	12.5318	24.8298	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtX	2007	1.8567	1.5567	22	0.9985	-3.1653	6.8786	n.s.

7480_Pi	-RRR_res.S	OrtX	2007	0.4617	1.5567	22	1.0000	-4.5603	5.4836	n.s.
7512_My	-RRR_res.S	OrtX	2007	27.8042	1.5567	22	<.0001	22.7822	32.8261	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.S	OrtX	2007	24.9817	1.5567	22	<.0001	19.9597	30.0036	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtX	2008	3.4342	2.0538	22.8	0.8445	-3.0744	9.9428	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.S	OrtX	2008	14.6817	2.0538	22.8	<.0001	8.1731	21.1903	signifikant
7512_My	-RRR_res.S	OrtX	2008	24.4917	2.0538	22.8	<.0001	17.9831	31.0003	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.S	OrtX	2008	19.6667	2.0538	22.8	<.0001	13.1581	26.1753	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtX	2009	4.7450	1.4548	19.3	0.0465	0.03635	9.4537	signifikant
7434_Kappa	-RRR_res.S	OrtX	2009	13.6650	1.4548	19.3	<.0001	8.9563	18.3737	signifikant
7512_My	-RRR_res.S	OrtX	2009	23.6725	1.4548	19.3	<.0001	18.9638	28.3812	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtY	2007	2.4542	1.1750	19.6	0.6722	-1.3803	6.2886	n.s.
7480_Pi	-RRR_res.S	OrtY	2007	0.5867	1.1750	19.6	1.0000	-3.2478	4.4211	n.s.
7512_My	-RRR_res.S	OrtY	2007	22.0617	1.1750	19.6	<.0001	18.2272	25.8961	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtY	2008	2.2083	0.9867	22.5	0.5727	-1.0256	5.4423	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.S	OrtY	2008	14.8583	0.9867	22.5	<.0001	11.6244	18.0923	signifikant
7480_Pi	-RRR_res.S	OrtY	2008	1.4683	0.9867	22.5	0.9877	-1.7656	4.7023	n.s.
7512_My	-RRR_res.S	OrtY	2008	19.9883	0.9867	22.5	<.0001	16.7544	23.2223	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtY	2009	2.6825	1.8144	22.9	0.9575	-3.1190	8.4840	n.s.
7434_Kappa	-RRR_res.S	OrtY	2009	15.1875	1.8144	22.9	<.0001	9.3860	20.9890	signifikant
7512_My	-RRR_res.S	OrtY	2009	23.9625	1.8144	22.9	<.0001	18.1610	29.7640	signifikant
7582_Omikron	-RRR_res.S	OrtY	2009	18.3875	1.8144	22.9	<.0001	12.5860	24.1890	signifikant

==> Ort-Jahres-Effekte auf gleicher Prüfglied-Stufe
paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

Ort	Jahr	vs. Ort	Jahr	PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lichkeit	Konfi- denz- inter- vall untere Grenze	Konfi- denz- inter- vall obere Grenze	Testent- scheidungs- Verfahren
OrtM	2007	OrtM	2008	-RRR_res.S	0.1492	1.0670	25.8	1.0000	-3.2428	3.5411	n.s.
OrtM	2007	OrtM	2009	-RRR_res.S	0.1667	1.0489	26.1	1.0000	-3.1746	3.5079	n.s.
OrtM	2008	OrtM	2009	-RRR_res.S	0.01750	1.3955	40.8	1.0000	-4.4275	4.4625	n.s.
OrtX	2007	OrtX	2008	-RRR_res.S	-0.3600	1.3063	42.8	1.0000	-4.4996	3.7796	n.s.
OrtX	2007	OrtX	2009	-RRR_res.S	-0.3092	1.0867	42.3	1.0000	-3.8264	3.2081	n.s.
OrtX	2008	OrtX	2009	-RRR_res.S	0.05083	1.2765	39.9	1.0000	-4.0810	4.1827	n.s.
OrtY	2007	OrtY	2008	-RRR_res.S	0.1492	0.7965	27.5	1.0000	-2.4616	2.7599	n.s.
OrtY	2007	OrtY	2009	-RRR_res.S	0.3733	1.1018	34.8	1.0000	-3.1499	3.8965	n.s.
OrtY	2008	OrtY	2009	-RRR_res.S	0.2242	1.0547	31.4	1.0000	-3.1481	3.5965	n.s.

==> Orts-Effekte auf gleicher Prüfgliedstufe
[Das für jeden einzelnen Vergleich Sidak-korrigierte Niveau gewährleistet (konservativ)
die Einhaltung des vorgegebenen simultanen Signifikanzniveaus alpha = 0.05].

Ort	Ort	vs. Ort	PGL	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	t-Wert	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lichkeit (t-Test)	Sidak- korri- giertes Niveau	Testent- scheidungs- (t-Test)	Testent- scheidungs- (Sidak-Test)
OrtM	OrtX	-RRR_res.S	-0.2733	0.6953	101	-0.39	0.6951	.008512445	n.s.	n.s.	
OrtM	OrtY	-RRR_res.S	-0.2661	0.6301	81.2	-0.42	0.6739	.008512445	n.s.	n.s.	
OrtX	OrtY	-RRR_res.S	0.007222	0.6445	88.3	0.01	0.9911	.008512445	n.s.	n.s.	

==> Prüfglied-Effekte auf gleicher Orts-Stufe
[Das für jeden einzelnen Vergleich Sidak-korrigierte Niveau gewährleistet (konservativ)
die Einhaltung des vorgegebenen simultanen Signifikanzniveaus alpha = 0.05].
paarweise Vergleiche zum Standard -RRR_res.Standard

PGL	vs. PGL	Ort	Differenz	Standard- fehler	Frei- heits- grade	t-Wert	Über- schrei- tungs- wahr- schein- lichkeit (t-Test)	Sidak- korri- giertes Niveau	Testent- scheidungs- (t-Test)	Testent- scheidungs- (Sidak-Test)
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtM	2.8803	0.9485	41.2	3.04	0.0041	0.050000	signifikant	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtX	3.3453	0.9865	59.4	3.39	0.0012	0.025321	signifikant	signifikant
7512_My	-RRR_res.S	OrtX	25.3228	0.9865	59.4	25.67	<.0001	0.025321	signifikant	signifikant
7428_Eta	-RRR_res.S	OrtY	2.4483	0.7921	52	3.09	0.0032	0.025321	signifikant	signifikant
7512_My	-RRR_res.S	OrtY	22.0042	0.7921	52	27.78	<.0001	0.025321	signifikant	signifikant

Das korrigierte Sidak-Niveau berücksichtigt die Anzahl der Vergleiche.

Eine weitere Verringerung der Schriftgröße ist für die Ausgabe nicht mehr sinnvoll. Deshalb werden hier die Mittelwerte (LsMeans) und die daraus berechneten Boniturnoten untereinander ausgegeben:

```

=== RESI 2 =====
Nachfolgende aus den LsMeans berechnete Boniturnoten (logarithmische Skalierung)
werden auch abgelegt im Tabellenblatt 'Boniturnoten' der MS-Excel-Datei
< Ordner > \MXY07_09.xls

```

PGL	LsM2007_OrtM	LsM2007_OrtX	LsM2007_OrtY	LsM2008_OrtM	LsM2008_OrtX	LsM2008_OrtY	LsM2009_OrtM	LsM2009_OrtX	LsM2009_OrtY
-RRR_res.S	0.7608	0.7058	1.0958	0.6117	1.0658	0.9467	0.5942	1.0150	0.7225
7428_Eta	3.5875	2.5625	3.5500	2.9200	4.5000	3.1550	4.1000	5.7600	3.4050
7434_Kappa	.	.	.	17.9125	15.7475	15.8050	23.8900	14.6800	15.9100
7480_Pi	1.9675	1.1675	1.6825	.	.	2.4150	.	.	.
7512_My	28.2425	28.5100	23.1575	26.9150	25.5575	20.9350	.	24.6875	24.6850
7582_Omikron	.	25.6875	.	.	20.7325	.	19.2750	.	19.1100

PGL	BN2007_OrtM	BN2007_OrtX	BN2007_OrtY	BN2008_OrtM	BN2008_OrtX	BN2008_OrtY	BN2009_OrtM	BN2009_OrtX	BN2009_OrtY
-RRR_res.S	2	1	2	1	2	2	1	2	1
7428_Eta	3	3	3	3	4	3	4	4	3
7434_Kappa	.	.	.	6	6	6	7	6	6
7480_Pi	3	2	2	.	.	3	.	.	.
7512_My	7	7	7	7	7	6	.	7	7
7582_Omikron	.	7	.	.	6	.	6	.	6

Zum Modell einer Versuchsserie mit fixen Orten und fixen Jahren soll noch abschließend vermerkt werden, dass bei fehlender Orthogonalität einer Serie in den Orten und Jahren und signifikanter Wechselwirkung Ort x Jahr x Prüfglied und/oder signifikanter Wechselwirkungen Ort x Prüfglied und Jahr x Prüfglied der Vergleich der Prüfgliedmittelwerte einmal für diese nicht orthogonale Serie und zusätzlich für die orthogonalen Kerne durchgeführt wird (s. Abb. 13).

8.4 Bemerkungen zur Analyse einer Serie aus einfaktoriellen Alpha-Anlagen oder Einzelversuchen, die in vollständigen Blocks und Alpha-Anlagen angelegt sind

In Kap. 8.3 wurde die Auswertung einer Versuchsserie behandelt, deren Einzelversuche alle einfaktorielle Blockanlagen A-BI sind. Eine Versuchsserie, deren Einzelversuche ausschließlich Alpha-Anlagen sind, fasst Anlagen mit unvollständigen Blocks zusammen. Unvollständige Blocks, d.h. zufällig ausgewählte Teilmengen der zu prüfenden Sorten bzw. Linien, werden in Blocks randomisiert zu einer Wiederholung zusammen gefasst. In jeder Wiederholung tritt jedes Prüfglied einmal auf. Eine Ausnahme bildet nur ein Standard, der häufiger wiederholt wird. Der prinzipielle Unterschied zwischen der Serie aus einfaktoriellen Blockanlagen und der aus Alpha-Anlagen besteht also in der Wiederholung, die die unvollständigen Blocks vereint. Gemäß der Konstruktion von Alpha-Anlagen wie sie auch in RESI 2 eingesetzt wird (s. Kap. 5.2.3), werden Blocks und Wiederholung als zufällig angesehen.

Mit der Berücksichtigung der Kombination aus unvollständigen Blocks und Wiederholungen entspricht die Form der Auswertung der in Kap. 8.3 für Serien aus einfaktoriellen Blockanlagen A-BI beschriebenen. Deshalb wird auf eine detaillierte und sich in vielen Teilen wiederholende Behandlung einer Serie aus einfaktoriellen Alpha-Anlagen verzichtet. Hinzu kommt, dass die Beispieldateien viel umfangreicher sein müssen, da der Einzelversuch dann mindestens 20 Prüfglieder hat.

Werden Versuche zu einer Serie zusammen gefasst, die in unterschiedlichen Modellen angelegt wurden – in RESI 2 werden nur einfaktorielle Anlagen in vollständigen Blocks (Blockanlage A-BI) oder unvollständigen Blocks (Alpha-Anlage) betrachtet – , dann ist es besser, von den aggregierten Daten, den Mittelwerten (LsMeans) und Standardfehlern der Prüfglieder auszugehen. In den Standardfehlern finden die unterschiedlichen Anlagenmodelle ihre Berücksichtigung. Auch die für jedes Prüfglied gewichtete Analyse entspricht im Grundsatz dem bisher Vorgestellten – natürlich ohne die Faktoren Blocks bzw. Wiederholung und Blocks.

Wenn man die Wahl hat, eine Serie auf der Grundlage der Einzelwerte auszuwerten, dann sollte das Vorrang haben. Das bedeutet dann für die Nutzung von RESI 2, dass alle Anlagen der Einzelversuche vom gleichen Modell sein müssen, d.h. entweder Blockanlagen A-BI oder Alpha-Anlagen sind.

8.5 Kompromiss der Analyse einer Serie aus Einzelversuchen des gleichen Modells mit einem zufälligen Faktor Orte und/oder Jahre in puncto Rechenzeit

Nach dem Betätigen des Schalters `Auswertung` erscheinen in einem separaten kleinen Fenster – ggf. nach Wahl der Blockeigenschaften – zwei Schalter, wenn alle Einzelversuche entweder einfaktorielle Blockanlagen oder Alpha-Anlagen sind und einer der Faktoren Orte und/oder Jahre zufällig ist:

`START Auswertung` und `START Analyse mit aggregierten Daten`.

Dem Schalter `START Auswertung` ist im Allgemeinen der Vorzug zu geben, denn er bewirkt die Auswertung auf der Grundlage der Einzelwerte. Das kann aber bei Serien, die in den Prüfgliedern unbalanciert sind (und zufälligem Faktor Orte und/oder Jahre) in eine Mehrstunden- oder sogar Mehrtagesaktion ausarten. Sollte ein Nutzer in einem solchen Fall die Auswertung abgebrochen haben und eine Alternative suchen, so kann er nach erneuter Zusammenstellung der Serie den Schalter `START Analyse mit aggregierten Daten` wählen. Die Analyse erfolgt dann mit Hilfe der aggregierten Daten, den Mittelwerten (LsMeans) und Standardfehlern der Prüfglieder, als gewichtete Analyse (s. Kap. 8.6.1). Das ist ein Kompromiss, der vor allem der u.U. sehr langen Dauer der Analyse der Einzelwerte geschuldet ist. MÖHRING und PIEPHO (2009) sprechen von einer zweistufigen Auswertung – zuerst Analyse des Einzelversuchs und danach Serienanalyse mit den aggregierten Daten. Diese Analyse ist auch die, die programmseitig gewählt wird, wenn sich die Versuchsserie aus einfaktoriellen Block- und Alpha-Anlagen zusammen setzt (vgl. Kap. 8.4).

8.6 SAS-Umsetzung der Modelle mit PROC MIXED

8.6.1 Zur varianzanalytischen Auswertung einer Versuchsserie

Die ursprüngliche Herangehensweise der statistischen Analyse einer Versuchsserie war, aus den Fehler-

varianzen der k Einzelversuche eine gemeinsame Fehlervarianz zu bilden:

$$MQ_{\text{Fehler}_{\text{gepoolt}}} = \frac{\sum_{i=1}^k SQ_{\text{Fehler}_i}}{\sum_{i=1}^k FG_{\text{Fehler}_i}}.$$

Das setzt aber Varianzhomogenität (und fixe Blocks) voraus. Der traditionelle Weg geht davon aus, dass gleiche Fehlervarianzen in der Praxis nicht oder kaum auftreten und berücksichtigt unterschiedliche Fehlervarianzen. Aus den Fehlervarianzen der k Einzelversuche wird eine mittlere Fehlervarianz der Versuchsserie

bei gleicher Wiederholung berechnet:

$$MQ_{\text{Fehler}_{\text{gemittelt}}} = \frac{1}{k} \cdot \sum_{i=1}^k MQ_{\text{Fehler}_i}$$

(z.B. BÄTZ u.a. 1982)

oder unter Einbeziehung unterschiedlicher Wiederholungen:

$$MQ_{\text{Fehler}_{\text{gemittelt}}} = \frac{1}{k} \cdot \sum_{i=1}^k \frac{MQ_{\text{Fehler}_i}}{r_i}$$

(vgl. THOMAS 2006).

Über diesen Mittelwert werden die unterschiedlichen Varianzen zwar berücksichtigt, aber nicht in Bezug zu ihrem Versuch. Das ist eine ungewichtete Analyse einer Versuchsserie mit unterschiedlichen Fehlervarianzen. Mit Hilfe der SAS-Prozedur MIXED kann eine gewichtete Analyse einer Versuchsserie mit unterschiedlichen Fehlervarianzen der Einzelversuche ausgewertet werden. Dazu wird neben den notwendigen Anweisungen CLASS, MODEL, RANDOM und LsMeans die Anweisung

```
REPEATED / GROUP=Versuch;
```

genutzt. Zur Kennzeichnung des Einzelversuchs durch die Variable *Versuch* wird diese in RES1 2 als Zeichenkette aus dem vierstelligen Versuchsjahr und der Bezeichnung des Versuchsorts getrennt durch ein '-' gebildet. Die Option NOBOUND wird in der Prozedur MIXED nicht gesetzt, weil im Allgemeinen nicht von balancierten Modellen ausgegangen werden kann (PIEPHO und SPILKE 1999).

Anders sieht es aus, wenn wir anstelle der Einzeldaten die aggregierten Daten verwenden müssen, weil unterschiedliche Anlagemodelle zur Versuchsserie zusammen geführt werden. Dazu wird der Standardfehler

der adjustierten Mittelwerte (LsMeans) $s_{A_{ij}}$ für eine prüfglied- und versuchsbezogene Serienanalyse herangezogen. Der Mittelwert jedes Prüfglieds j ($j = 1, \dots, a$) wird innerhalb jedes Versuchs i ($i = 1, \dots, k$)

gewichtet (PIEPHO 1999):
$$\text{Gewicht}_{ij} = \frac{1}{s_{A_{ij}}^2}$$

und mit

```
WEIGHT Gewicht;
REPEATED ;      (anstelle obiger REPEATED-Anweisung)
```

in PROC MIXED genutzt.

In RESI 2 werden alle von den SAS-Prozeduren erzeugten Ausgaben mit Hilfe des ODS (Output Delivery System) in SAS-Dateien gespeichert. Diese werden dann in geeigneter Form ausgegeben. Auf die Angabe der ODS-Anweisungen wird im Folgenden verzichtet.

Zum Schätzen von Startwerten und damit zur Beschleunigung der Analyse wird die SAS-Prozedur HPMIXED genutzt (SPILKE 2009). Die Varianzkomponenten werden in Macrovariablen CP_i ($i = 1, \dots, \text{sysmaxlong}$) abgelegt. Die Fehlervarianz aus der HPMIXED-Prozedur (gespeichert in der Datei CovParms) wird in Klammern gesetzt so oft wiederholt, wie die Serie Einzelversuche umfasst. Diese Information wird in der Macrovariablen $CP_{residual}$ abgelegt. Bei nur einem zufälligen Effekt im Modell würde die Variable CP_2 die Fehlervarianz beinhalten und $CP_{residual}$ den Inhalt (&CP2) (&CP2) ... (&CP2), genau so oft wie die Anzahl der Einzelversuche ist.

In der LSMEANS-Anweisung zur Berechnung und zum Vergleich der Mittelwerte steuert die Macrovariable $LSMersetzt$, ob die paarweisen Vergleiche untereinander oder die gegen einen Standard durchgeführt werden. Sind neben den Vergleichen der Prüfgliedmittelwerte weitere Mittelwertvergleiche vorzusehen, werden die LSMEANS-Anweisung(en) in Text-Dateien geschrieben. Dort wird auch eingestellt, ob die Vergleiche zu einem Standard oder alle paarweisen Vergleiche untereinander durchgeführt werden sollen. Diese Programmzeilen werden dann aus den Text-Dateien beim Ausführen der Prozedur mit Hilfe von %INCLUDE-Anweisungen eingefügt. Das wird im Folgenden durch %INCLUDE-- angedeutet. Die Textzeilen werden nur temporär angelegt.

Bei der Analyse der aggregierten Daten, der gewichteten Prüfgliedmittelwerte, ist wegen der Wichtung die Fehlervarianz der Versuchsserie auf 1 zu fixieren. Das erfolgt in der PARMs-Anweisung durch die Option EQCONS= mit der Angabe der Position der Fehlervarianz, im Allgemeinen die letzte in der Reihenfolge der Parametervorgaben. Im fixen Modell sind die Nennerfreiheitsgrade vorzugeben. Dazu nutzen wir die Freiheitsgrade des Fehlers der HPMIXED-Prozedur. Weil die Versuchsserie dort wie ein Versuch behandelt wird, werden die Freiheitsgrade des Fehlers mit der Anzahl der Versuche multipliziert und in der Macrovariablen $DF1$ abgelegt. Im stark unbalanzierten Fall führt das zu einer Überschätzung. Diese Auswirkungen sind aber zu vernachlässigen.

Der senkrechte Strich zwischen zwei Faktoren in den Programmzeilen ist eine verkürzte Schreibweise und steht für die Faktoren selbst und ihre Kombinationen; so steht Ort|Jahr|PGL für Ort Jahr PGL Ort*Jahr Ort*PGL Jahr*PGL Ort*Jahr*PGL. Die Option SUBJECT= in der RANDOM-Anweisung bewirkt die Bildung von Kombinationen zwischen den rechtsstehenden Faktoren und dem in der Option stehenden. So steht z.B.

```
RANDOM int Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
```

für

```
RANDOM Jahr Ort*Jahr PGL*Jahr Ort*PGL*Jahr ;
```

Das ist nicht nur eine etwas andere Schreibweise, sondern sie erhöht gemeinsam mit der Option SUBJECT= in der REPEATED-Anweisung wesentlich die Rechengeschwindigkeit (PIEPHO 1999).

8.6.2 Modell: 1 Jahr, Orte fix

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

Blocks zufällig	Blocks fix
<pre>PROC HPMIXED data=EIWserie; CLASS Ort Block Pgl; MODEL Befall=Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ; RANDOM Block(Ort) ; RUN;</pre>	<pre>PROC HPMIXED data=EIWserie; CLASS Ort Block Pgl; MODEL Befall=Ort Block(Ort) Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ; RUN;</pre>
<pre>PROC SQL NOPRINT; select estimate INTO: CP1-:CP&sysmaxlong from CovParms ; QUIT;</pre>	<pre>PROC SQL NOPRINT; select estimate INTO: CP1 from CovParms ; QUIT;</pre>
<pre>PROC MIXED data=EIWserie ; CLASS Versuch Ort Block Pgl; MODEL Befall=Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=kenwardroger; RANDOM Block(Ort) ; PARMS (&CP1) &CPresidual; REPEATED /Group=Versuch; %Include-- ; RUN; QUIT;</pre>	<pre>PROC MIXED data=EIWserie ; CLASS Versuch Ort Block Pgl; MODEL Befall = Ort Block(Ort) Pgl Ort*Pgl / DDFM=kenwardroger; PARMS &CPresidual; REPEATED /Group=Versuch; %INCLUDE-- ; RUN; QUIT;</pre>

Die Macrovariable *sysmaxlong* ist eine Systemvariable, die den größtmöglichen ganzzahligen Wert enthält; aber es wird nur die tatsächlich auftretende Anzahl von Macrovariablen erzeugt. Diese Anzahl wird in der (temporären) Macrovariablen *sglobs* abgelegt. In der PARMS-Anweisung wird die Macrovariable *CPresidual* verwendet, die die in Klammern gesetzte Restvarianz so oft wie die Anzahl der Einzelversuche enthält. Ihr Inhalt muss vor dem Aufruf von PROC MIXED und nach PROC SQL zugewiesen werden. Das wird im Folgenden unter Verwendung der Macrovariablen *sglobs* und *AnzahlVersuche* (für die Anzahl der Einzelversuche) einmal vorgestellt und dann in den weiteren Programmzeilen für die verschiedenen Modelle nicht mehr. Die vor diesen Programmzeilen zwischen PROC HPMIXED und PROC MIXED wiederkehrenden PROC SQL-Anweisungen werden nicht wiederholt. Auf die Angabe der verwendeten Option (ACC = 0.001 CVADJUST) für die Genauigkeit des Simulate-Verfahrens wird im Folgenden verzichtet.

```
%LET AnzCP = %EVAL(&sglobs);
data _null_;
  CP = CATS('(', "&CP&AnzCP", ')');
  CPresidual = CP;
  DO m = 2 to &AnzahlVersuche;
    CPresidual = CATS(CPresidual, CP);
  END;
  call symput ('CPresidual', CPresidual);
run;
```

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall=Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Ort*Wdhlg Ort*Wdhlg*Block ;
RUN;
```

8 Auswertung einer Versuchsserie

```
PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall=Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM Ort*Wdhlg Ort*Wdhlg*Block ;
  PARS (&CP1) (&CP2) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch;
  %INCLUDE-- ;
RUN; QUIT;
```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=LSMserie;
  CLASS Ort Pgl;
  MODEL LsMean = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

%LET DF1 = %EVAL(&DF1 * &AnzahlVersuche);

PROC MIXED data=LSMserie ;
  CLASS Ort Pgl;
  MODEL LsMean = Ort Pgl Ort*Pgl / DDF=&DF1 &DF1 &DF1 ;
  PARS (1) / EQCONS = 1 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED ;
  %INCLUDE-- ;
RUN; QUIT;
```

8.6.3 Modell: 1 Jahr, Orte zufällig

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Block Pgl / subject=Ort ;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Block Pgl / subject=Ort ;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Ort;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Wdhlg Wdhlg*Block Pgl / subject= Ort;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Wdhlg Wdhlg*Block Pgl / subject= Ort;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) (&CP4) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject= Ort;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```

PROC HPMIXED data=LSMSerie;
  CLASS Ort Pgl;
  MODEL LsMean = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Pgl / subject=Ort;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

PROC MIXED data=LSMSerie ;
  CLASS Ort Pgl;
  MODEL LsMean = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Pgl / subject=Ort;
  PARS (&CP1) (&CP2) (1) / EQCONS = 3 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED / subject=Ort;
  LSMEANS Pgl / &LSMerersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;

```

8.6.4 Modell: 1 Ort, Jahre fixAnalyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

Blocks zufällig	Blocks fix
<pre> PROC HPMIXED data=EIWserie; CLASS Jahr Block Pgl; MODEL Befall=Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ; RANDOM Block(Jahr) ; RUN; </pre>	<pre> PROC HPMIXED data=EIWserie; CLASS Jahr Block Pgl; MODEL Befall=Jahr Block(Jahr) Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ; RUN; </pre>
<pre> PROC MIXED data=EIWserie ; CLASS Versuch Jahr Block Pgl; MODEL Befall=Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=kenwardroger; RANDOM Block(Jahr) ; PARS (&CP1) &CPresidual; REPEATED /Group=Versuch; %INCLUDE--; RUN; QUIT; </pre>	<pre> PROC MIXED data=EIWserie ; CLASS Versuch Jahr Block Pgl; MODEL Befall=Jahr Block(Jahr) Pgl Jahr*Pgl / DDFM=kenwardroger; PARS &CPresidual; REPEATED /Group=Versuch; %INCLUDE--; RUN; QUIT; </pre>

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```

PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Jahr*Wdhlg Jahr*Wdhlg*Block;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM Jahr*Wdhlg Jahr*Wdhlg*Block ;
  PARS (&CP1) (&CP2) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;

```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```

PROC HPMIXED data=LSMserie;
  CLASS Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

```

8 Auswertung einer Versuchsserie

```
%LET DF1 = %EVAL(&DF1 * &AnzahlVersuche);

PROC MIXED data=LSMserie ;
  CLASS Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDF=&DF1 &DF1 &DF1 ;
  PARS (1) / EQCONS = 1 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED ;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;
```

8.6.5 Modell: 1 Ort, Jahre zufällig

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Block Pgl / subject=Jahr;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Block Pgl / subject=Jahr;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Jahr;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Wdhlg Wdhlg*Block Pgl / subject=Jahr;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Wdhlg Wdhlg*Block Pgl / subject=Jahr;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) (&CP4) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Jahr;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=LSMSerie;
  CLASS Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Pgl / subject=Jahr;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

PROC MIXED data=LSMSerie ;
  CLASS Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Pgl / subject=Jahr;
  PARS (&CP1) (&CP2) (1) / EQCONS = 3 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED / subject=Jahr;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```


8.6.6 Modell: Orte fix, Jahre fix

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

Blocks zufällig	Blocks fix
<pre>PROC HP MIXED data=EIWserie; CLASS ort jahr block pgl; MODEL Befall = Ort Jahr PGL / DDFM=RESIDUAL ; RANDOM Block(Ort*Jahr); RUN;</pre>	<pre>PROC HP MIXED data=EIWserie; CLASS ort jahr block pgl; MODEL Befall = Ort Jahr PGL Block(Ort*Jahr) / DDFM=RESIDUAL ; RUN;</pre>
<pre>PROC MIXED data=EIWserie; CLASS versuch ort jahr block pgl; MODEL Befall = Ort Jahr PGL / DDFM=kenwardroger ; RANDOM Block(Ort*Jahr); PARMS (&CP1) &CPresidual; REPEATED / group=Versuch ; %INCLUDE--; RUN; QUIT;</pre>	<pre>PROC MIXED data=EIWserie; CLASS versuch ort jahr block pgl; MODEL Befall = Ort Jahr PGL Block(Ort*Jahr) / DDFM=kenwardroger ; PARMS &CPresidual; REPEATED / group=Versuch ; %INCLUDE--; RUN; QUIT;</pre>

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```
PROC HP MIXED data=EIWserie;
  CLASS ort jahr Wdhlg block pgl;
  MODEL Befall = Ort|Jahr|PGL / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Ort*Jahr*Wdhlg Ort*Jahr*Wdhlg*Block;
RUN;
```

```
PROC MIXED data=EIWserie;
  CLASS versuch ort jahr Wdhlg block pgl;
  MODEL Befall = Ort|Jahr|PGL / DDFM=kenwardroger ;
  RANDOM Ort*Jahr*Wdhlg Ort*Jahr*Wdhlg*Block;
  PARMS (&CP1) (&CP2) &CPresidual;
  REPEATED / group=Versuch ;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;
```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```
PROC HP MIXED data=LSMserie;
  CLASS ort jahr pgl;
  MODEL LsMean = Ort|Jahr|PGL / DDFM=RESIDUAL ;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;
```

```
%LET DF1 = %EVAL(&DF1 * &AnzahlVersuche);
```

```
PROC MIXED data=LSMserie;
  CLASS ort jahr pgl;
  MODEL LsMean = Ort|Jahr|PGL / DDF=&DF1 &DF1 &DF1 &DF1 &DF1 &DF1 &DF1;
  PARMS (1) / EQCONS = 1 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED ;
  %INCLUDE-- ;
RUN; QUIT;
```

8.6.7 Modell: Orte fix, Jahre zufällig

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Ort Block*Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Ort Block*Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
  PARS ( &CP1 ) ( &CP2 ) ( &CP3 ) ( &CP4 ) ( &CP5 ) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Jahr;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;
```

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Ort Wdhlg*Ort Wdhlg*Block*Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Ort Wdhlg*Ort Wdhlg*Block*Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
  PARS ( &CP1 ) ( &CP2 ) ( &CP3 ) ( &CP4 ) ( &CP5 ) ( &CP6 ) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Jahr;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;
```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=LSMserie;
  CLASS Ort Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

PROC MIXED data=LSMserie ;
  CLASS Ort Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Ort Pgl Ort*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Ort PGL Ort*PGL / subject = jahr;
  PARS ( &CP1 ) ( &CP2 ) ( &CP3 ) ( &CP4 ) ( 1 ) / EQCONS = 5 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED / subject=Jahr;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;
```

8.6.8 Modell: Orte zufällig, Jahre fix

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Jahr Block*Jahr PGL Jahr*PGL / subject = Ort;
RUN;
```

```

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Jahr Block*Jahr PGL Jahr*PGL / subject = Ort;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) (&CP4) (&CP5) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Ort;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;

```

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```

PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Jahr Wdhlg*Jahr Wdhlg*Block*Jahr PGL Jahr*PGL /subject = Ort;
RUN;

```

```

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Jahr Wdhlg*Jahr Wdhlg*Block*Jahr PGL Jahr*PGL /subject = Ort;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) (&CP4) (&CP5) (&CP6) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch subject=Ort;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;

```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```

PROC HPMIXED data=LSMserie;
  CLASS Ort Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM int Jahr PGL Jahr*PGL / subject = Ort;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

```

```

PROC MIXED data=LSMserie;
  CLASS Ort Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Jahr Pgl Jahr*Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM int Jahr PGL Jahr*PGL / subject = Ort;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) (&CP4) (1) / EQCONS = 5 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED / subject=Ort;
  %INCLUDE--;
RUN; QUIT;

```

8.6.9 Modell: Orte zufällig, Jahre zufällig

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind einfaktorielle Blockanlagen A-BI

```

PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Ort|Jahr Block(Ort*Jahr) ;
  RANDOM Ort Jahr Ort*Jahr /subject=PGL;
RUN;

```

```

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Jahr Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM Ort|Jahr Block(Ort*Jahr) ;
  RANDOM Ort Jahr Ort*Jahr /subject=PGL;
  PARS (&CP1) (&CP2) (&CP3) (&CP4) (&CP5) (&CP6) (&CP7) &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;

```

8 Auswertung einer Versuchsserie

Analyse der Einzelwerte – alle Anlagen sind Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=EIWserie;
  CLASS Ort Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Ort|Jahr Ort*Jahr*Wdhlg Ort*Jahr*Wdhlg*Block ;
  RANDOM Ort Jahr Ort*Jahr /subject=PGL;
RUN;

PROC MIXED data=EIWserie ;
  CLASS Versuch Ort Jahr Wdhlg Block Pgl;
  MODEL Befall = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM Ort|Jahr Ort*Jahr*Wdhlg Ort*Jahr*Wdhlg*Block ;
  RANDOM Ort Jahr Ort*Jahr /subject=PGL;
  PARS ( &CP1 ) ( &CP2 ) ( &CP3 ) ( &CP4 ) ( &CP5 ) ( &CP6 ) ( &CP7 ) ( &CP8 )
    &CPresidual;
  REPEATED /Group=Versuch;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```

Analyse der aggregierten Daten – die Anlagen sind sowohl Blockanlagen A-BI als auch Alpha-Anlagen

```
PROC HPMIXED data=LSMSerie;
  CLASS Ort Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Pgl / DDFM=RESIDUAL ;
  RANDOM Ort|Jahr ;
  RANDOM Ort Jahr Ort*Jahr /subject=PGL;
  WEIGHT Gewicht;
RUN;

PROC MIXED data=LSMSerie ;
  CLASS Ort Jahr Pgl;
  MODEL LsMean = Pgl / DDFM=kenwardroger;
  RANDOM Ort|Jahr ;
  RANDOM Ort Jahr Ort*Jahr /subject=PGL;
  PARS ( &CP1 ) ( &CP2 ) ( &CP3 ) ( &CP4 ) ( &CP5 ) ( &CP6 ) ( 1 ) / EQCONS = 7 ;
  WEIGHT Gewicht;
  REPEATED ;
  LSMEANS Pgl / &LSMersetzt adjust=Simulate cov cl alpha=&alpha;
RUN; QUIT;
```

9 SAS/AF-Anwendung RESI 2 – ein geschlossenes System

Die SAS/AF-Anwendung RESI 2 ist eine in sich geschlossene Anwendung zur Planung der Versuchsanlage und zur Versuchsauswertung. Eine Nutzung der SAS-Macros „von außen“, d.h. ohne die grafische Oberfläche ist in diesem Fall nicht empfehlenswert und in der Regel auch nicht sinnvoll. Etwas anders sieht es dagegen bei der Nutzung der SAS/AF-Anwendung FELD_VA II (MOLL 2006) aus. Dortige SAS-Macros können wie beschrieben auch unabhängig von der grafischen Oberfläche genutzt werden, wenn entsprechende Macro-Variablen vorher belegt wurden.

In der SAS/AF-Anwendung RESI 2 werden eine Reihe notwendiger Informationen, die über das entsprechende Formular (Frame) abgefragt werden, im SCL-Code des Formulars bereits zusammen gefasst und für die entsprechenden SAS-Macros aufbereitet.

10 Installation der SAS/AF-Anwendung RESI 2

10.1 Umfang der SAS/AF-Anwendung RESI 2

Die SAS/AF-Anwendung RESI 2 besteht aus folgenden Dateien:

SAS-Kataloge	resi2.sas7bcat sasmacr.sas7bcat
Icon	RESI2.ICO
Textdatei	Vorspann_SASV9.txt

Der Inhalt der Textdatei `Vorspann_SASV9.txt` ist folgender:

```
/* ===== */
-SET M " ... "
-INITCMD
"AF c=m.resi2.start.frame;
 wstatusln off;
 wwindowbar off;
 command close;
 toolclose"
-AWSTITLE 'RESI 2'
-NUMKEYS 0
-NOAWSMENU
-ALTLOG Reisi2_log
-sascontrol nominmax
/* ===== */
```

10.2 Voraussetzung: SAS

Um RESI 2 installieren und nutzen zu können, muss SAS 9.2 ab TS2M0 installiert sein.

SAS 9.2 kann sowohl lokal oder als Client-Server-Installation vorliegen. Letztere ist schon aufgrund der Größe von SAS zu bevorzugen. Dem entsprechend kann auch RESI 2 als lokale oder Client-Server-Installation eingerichtet werden.

10.3 Lokale Installation von RESI 2

- a** lokalen Ordner für RESI 2 anlegen: z.B. `C:\Programme\RESI2`
- b** alle vier o.g. Dateien für RESI 2 in diesen Ordner kopieren
- c** `SASV9.CFG` aus dem lokalen Ordner der SAS-Installation
[z.B. `C:\Programme\SAS92\SASFoundation\9.2\nls\en\SASV9.CFG`]
in diesen Ordner kopieren.
- d** kopierten Datei `SASV9.CFG` editieren:
 - Inhalt der Textdatei `Vorspann_SASV9.txt` am Dateianfang einfügen,
 - die erste Option (`-SET M " ... "`) mit dem Verweis auf den Programm-Ordner anpassen:
`-SET M "C:\Programme\RESI2"`
 - die Option `-SASUSER " ... "` mit dem Programm-Ordner verbinden:
`-SASUSER "C:\Programme\RESI2"`
- e** Verknüpfung mit Icon `RESI2.ICO` auf den Desktop legen.
- f** Eigenschaften der Verknüpfung mit dem Icon:
Im ersten Teil wird SAS 9 aufgerufen (entweder vom Share oder lokal)
und mit der `-CONFIG`-Option erfolgt die Verbindung zu RESI 2.
z.B.
`" C:\Programme\SAS92\SASFoundation\9.2\sas.exe"`
`-CONFIG "C:\Programme\RESI2\SASV9.CFG"`

10.4 Client-Server-Installation von RESI 2

10.4.1 Einrichtung des Servers

- a auf dem Server einen Share für RESI 2 anlegen, für den der Benutzer nur Leserechte hat: z.B.
`\\Server\SASRESI2`
- b alle vier o.g. Dateien für RESI 2 in diesen Ordner kopieren.

10.4.2 Client-Installation

- a auf dem Client einen Ordner für RESI 2 anlegen: z.B. `C:\Programme\RESI2`
- b `SASV9.CFG` aus dem lokalen Ordner der SAS-Installation
 [z.B. `C:\Programme\SAS92\SASFoundation\9.2\nls\en\SASV9.CFG`]
 in diesen Ordner kopieren.
- c kopierten Datei `SASV9.CFG` editieren:
 - Inhalt der Textdatei `Vorspann_SASV9.txt` am Dateianfang einfügen,
 - die erste Option (`-SET M " ... "`) mit dem Verweis auf den Programm-Ordner anpassen:
`-SET M "\\Server\SASRESI2"`
 - die Option `-SASUSER " ... "` mit dem Ordner auf dem Client verbinden:
`-SASUSER "C:\Programme\RESI2"`
- d Icon `RESI2.ICO` vom Share in den Ordner auf dem Client kopieren.
- e Verknüpfung mit Icon `RESI2.ICO` auf den Desktop legen.
- f Eigenschaften der Verknüpfung mit dem Icon:
 Im ersten Teil wird SAS 9 aufgerufen (entweder vom Share oder lokal)
 und mit der `-CONFIG`-Option erfolgt die Verbindung zu RESI 2.
 z.B.
`" C:\Programme\SAS92\SASFoundation\9.2\sas.exe"`
`-CONFIG "\\Server\SASRESI2\SASV9.CFG"`

Hinweise:

- Im Allgemeinen kann (wenn `-SASUSER` richtig gesetzt ist) die `-CONFIG`-Option sogar entfallen.
- Die Anführungsstriche in den Eigenschaften der Verknüpfung mit dem Icon können evtl. weggelassen werden.

11 RESI 2 - Kurzübersicht

11.1 Zu den methodischen Grundlagen

Versuche zur Bewertung der Resistenz von Getreidesortimenten werden in
- einfaktoriellen randomisierten vollständigen Blockanlagen A-BI oder
- einfaktoriellen Alpha-Anlagen, Anlagen mit unvollständigen Blocks,
angelegt. Für bis etwa 20 zu prüfende Sorten bzw. Linien wird eine Anlage mit vollständigen Blocks, ab
etwa 20 eine Alpha-Anlage und um 20 werden beide Anlagen geplant.
Das zu prüfende Sortiment steht mit weiteren notwendigen Informationen vorzugsweise in einer MS-Excel-
Datei; kann aber auch in einer Textdatei (ohne Spaltenüberschriften) aufgelistet sein.

Das auszuwertende Merkmal ist die Fläche unter der Befallsverlaufskurve, um nicht nur die Befallshöhe,
sondern auch den –verlauf zu berücksichtigen. Deshalb sind mindestens 3 Bonituren im zeitlichen Abstand
durchzuführen. Alle diese Befallsschätzungen werden in die MS-Excel-Datei eingetragen. Für jedes
Teilstück wird daraus die Fläche unter der Befallsverlaufskurve berechnet. Diese Teilstückswerte sind dann
die Ausgangsdaten einer statistischen Analyse.

11.2 Schadbilder

Das Schätzen der Höhe des pilzlichen Befalls erfordert ein geschultes Auge. Schätzfehler, systematische
Über- und Unterschätzungen verzerren das Ergebnis. Deshalb kann man sich für wichtige pilzliche
Getreidekrankheiten jeweils die Symptome anhand eines Schemas aus 11 Schadbildern mit konstruiertem
und einem Foto mit natürlichem Befall ansehen. Zudem ist es möglich, das Schätzen des Befalls für diese
Getreidekrankheiten zu erlernen und sich einen Befallsverlauf zu veranschaulichen.

11.3 Konstruktion eines randomisierten Lageplans

Der Aufbau der Datei für das Prüfsortiment ist in Kap. 5 beschrieben. Das sortenspezifische Kennzeichen hat
maximal vier Zeichen, es kann auch Buchstaben enthalten. Alle Informationen Nummer, Kennzeichen,
Anmelder und Sorten- bzw. Linienbezeichnung müssen ausgefüllt sein.

Einzugeben sind

- die Anzahl der zu konstruierenden Lagepläne,
- der Anzahl der Wiederholungen
 - o mindestens 4 Wiederholungen werden empfohlen,
 - o bei 3 Wiederholungen erfolgt ein Hinweis,
 - o bei nur 2 Wiederholungen wird keine Anlage konstruiert,
- evtl. zusätzlich im Lageplan zu berücksichtigender Standard bzw. Standards.

Wird einer oder mehrere Standards auf diesem Wege bei der Planung berücksichtigt, dann werden diese
häufiger als die anderen Prüfglieder wiederholt. Bei einem Standard ist im Allgemeinen das Ziel, die Effekte
der zu prüfenden Sorten bzw. Linien mit denen dieses Standards zu vergleichen. In dem Fall sollte nur dieser
bei der Planung Standard werden und es wäre besser, evtl. weitere Standards ins Prüfsortiment aufzunehmen.
Ihre Wiederholung entspricht dann der der anderen Prüfglieder.

Das Ergebnis ist eine Textdatei. Deshalb ist auch als Dateikennzeichnung .txt, .out oder .lst zu wählen. Diese
Datei beinhaltet alle Informationen zur Versuchsanlage, einer einfaktoriellen Anlage in vollständigen oder
unvollständigen Blocks. Angelegt wird zudem eine MS-Excel-Datei, deren Dateiname programmseitig aus
dem der Textdatei gebildet wird. In der MS-Excel-Datei sind alle Informationen so aufgeführt, dass sie
teilstücksbezogen nur noch um die Befallswerte der einzelnen Bonituren zu ergänzen sind.

11.4 Erfassen der Befallsdaten

Die als Ergebnis der Konstruktion eines randomisierten Lageplans angelegte MS-Excel-Datei wird im
Tabellenblatt *Befallsdaten* ausschließlich um die Befallswerte zu verschiedenen Boniturterminen ergänzt.
Mindestens 3 Bonituren sind durchzuführen, um den Befallsverlauf gut mit Hilfe der Fläche unter der Kurve
zu beschreiben.

Bei beispielsweise 4 Boniturterminen werden die Spalten Befall1, Befall2, Befall3 und Befall4 zusätzlich für jedes Teilstück mit den prozentualen Befallswerten angelegt und ausgefüllt. Für nicht erfasste bzw. nicht zu erfassende Befallswerte können Kennzeichen mit unterschiedlichen Auswirkungen eingetragen werden:

- : wird ersetzt durch den ganzzahlig gerundeten mittleren Befall der Sorte zu dem Boniturtermin
- 1: wird ersetzt durch den Befallswert des vorangegangenen Boniturtermins, wenn ein solcher vorhanden ist.
- 2: bewirkt, dass die Sorte bzw. Linie nicht in die weitere Analyse einbezogen wird.

11.5 Auswertung eines Einzelversuchs

11.5.1 Eingaben

Einzugeben bzw. auszuwählen sind:

- der Dateiname der MS-Excel-Datei mit den Befallsdaten,
- Schadorganismus,
- Entscheidung, ob eine logarithmische oder eine lineare Boniturskala zugrunde gelegt werden soll,
- Boniturtermine (das Jahr ist vierstellig einzugeben).
- Zeichnen von Boxplots der Befallswerte der Prüfglieder: ja oder nein,
- Textdatei für die Ergebnisse.

Für die Auswertung ist zu unterscheiden in

- Berechnung des mittleren Befalls und
- mittlerer Befall und statistische Analyse.

11.5.2 Auswertung: Berechnung des mittleren Befalls

Bei der Berechnung des mittleren Befalls werden zuerst die o.g. Eingaben in die Textdatei ausgegeben. Dann folgen alle einzelnen Befallswerte und der daraus unter Berücksichtigung der Boniturtermine berechnete Flächenwert je Teilstück. Dabei werden die Kennzeichen für nicht geschätzte bzw. nicht zu schätzende Befallswerte und nicht in die Analyse einzubeziehende Prüfglieder beachtet.

Sollten Boxplots der Flächenwerte jedes Prüfglieds dargestellt werden, so werden sie unter Verwendung des gleichen Dateinamens der Textdatei erweitert um laufende Nummern als .EMF-Dateien abgelegt. Die Einteilung der Ordinatenachse für den Befall ist für alle Teilgrafiken gleich.

Aus den Flächenwerten je Teilstück werden arithmetische Mittelwerte für jedes Prüfglied und daraus Boniturnoten berechnet.

11.5.3 Auswertung: mittlerer Befall und statistische Analyse

11.5.3.1 Weitere Eingaben

Für die statistische Analyse sind weitere Eingaben notwendig:

- Blocks: zufällig oder fix
(Diese Wahlmöglichkeit entfällt, wenn die Versuchsanlage eine Alpha-Anlage ist. Dann sind die Faktoren Wiederholung und Blocks zufällig.),
- Vorgabe des Signifikanzniveaus,
- Test:
 - alle paarweisen Vergleiche untereinander
 - Vergleiche zu einem Standard
(Dazu ist der Standard aus der Liste der nach Häufigkeit geordneten Prüfglieder auszuwählen.)

11.5.3.2 Auszuwertendes Merkmal, Varianzanalysemodell und Tests

In die Textdatei ausgegeben werden wie bei der Berechnung des mittleren Befalls neben den dort genannten Informationen (s.o.) die Flächenwerte je Teilstück, die daraus für jedes Prüfglied berechneten arithmetischen Mittelwerte und die Boniturnoten.

Die statistische Analyse des Einzelversuchs basiert auf den Flächenwerten je Teilstück. Das varianzanalytische Modell richtet sich nach der Spalte (= Variable) WDHLG. Ist sie nicht vorhanden, dann ist eine randomisierte Blockanlage A-BI geplant. Existiert sie, dann wurde eine Alpha-Anlage realisiert. Dem entsprechend wird das Modell gewählt. Für die Mittelwertvergleiche wird das Simulate-Verfahren genutzt.

Für alle paarweisen Vergleiche untereinander wird neben den einzelnen Überschreitungswahrscheinlichkeiten und simultanen Konfidenzintervallen zusätzlich die Kurzform mit Hilfe von Buchstaben zur Kennzeichnung signifikanter Unterschiede angegeben. Bei Vergleichen mit einem Standard entfällt das.

11.5.3.3 Boniturnoten

Die Zuordnung von Boniturnoten zu den Mittelwerten ist keine statistische Analyse! Boniturnoten werden mit Bezug auf die gewählte Skalierung sowohl den arithmetischen als auch den adjustierten Mittelwerten des Varianzanalysemodells zugewiesen.

11.5.3.4 Ausgaben

Zu den bereits genannten Ausgaben werden in die Textdatei noch die Ergebnisse der Varianzanalyse und der Mittelwertvergleiche eingetragen. Unter gleichem Namen der Textdatei aber mit der Dateierweiterung .XLS für eine MS-Excel-Datei werden Tabellenblätter mit folgenden Inhalten angelegt:

- Serie_EIW: Tabellenblatt mit den Einzeldaten für jedes Prüfglied (eine Kombination aus dem sortenspezifischen Kennzeichen und der Sorte bzw. Linie), Block und Befall, dem Flächenwert unter der Befallsverlaufskurve je Teilstück,
- Serie_LSW: Tabellenblatt mit den aggregierten Daten für jedes Prüfglied (eine Kombination aus dem sortenspezifischen Kennzeichen und der Sorte bzw. Linie), den adjustierten Mittelwerten und den Standardfehlern
- Boniturnoten und/oder BoniturnotenL: Tabellenblatt mit den Werten für den mittleren Befall (arithmetische und adjustierte Mittelwerte LsMeans) und die Boniturnoten.

11.6 Auswertung einer Versuchsserie

11.6.1 Eingaben

Jeder einzelne Versuch einer auszuwertenden Versuchsserie ist zu benennen bzw. auszuwählen. Es muss eine MS-Excel-Datei sein, die (neben weiteren) die Tabellenblätter Serie_EIW und Serie_LSW enthält. Deren Existenz wird geprüft. Zu jedem Einzelversuch sind der Versuchsort (bei gleichem Versuchsort muss auf die gleiche Schreibweise geachtet werden) und das vierstellige Versuchsjahr anzugeben. Dieser Eingabezyklus wird mit dem Schalter in die Versuchsserie aufnehmen beendet und wieder neu begonnen mit weiteren Versuch hinzufügen. Die sich aufbauende Versuchsserie wird aufgelistet und kann korrigiert werden.

Geprüft wird, ob die Serie aus Versuchen besteht, die ausschließlich Anlagen in vollständigen Blocks, nur Alpha-Anlagen oder sowohl als auch sind.

Für das Modell der Versuchsserie ist es notwendig, die Faktoren Orte und Jahre als zufällig oder fix zu charakterisieren. Weitere Eingaben sind:

- Entscheidung, ob eine logarithmische oder eine lineare Boniturskala zugrunde gelegt werden soll,
- Vorgabe des Signifikanzniveaus,
- Test:
 - alle paarweisen Vergleiche untereinander
 - Vergleiche zu einem Standard
(Dazu ist der Standard aus der Liste der nach Häufigkeit geordneten Prüfglieder auszuwählen.),
- Textdatei für die Ergebnisse.

Eine Wahlmöglichkeit für die Eigenschaften der Blocks

- Blocks: zufällig oder fix

besteht noch, wenn alle Anlagen einfaktorielle Blockanlagen A-BI sind und folgende Modelle vorliegen:

- 1 Jahr, Orte fix,
- 1 Ort, Jahre fix,
- Orte fix, Jahre fix.

11.6.2 Auszuwertendes Merkmal, Varianzanalysemodell und Tests

Sind alle Einzelversuche der auszuwertenden Serie ausschließlich Anlagen in vollständigen Blocks oder ausschließlich Alpha-Anlagen, dann werden die im Tabellenblatt Serie_EIW stehenden Einzeldaten ausgewertet. Die Varianzanalysemodelle berücksichtigen die Eigenschaften der Faktoren Orte, Jahre und Blocks zufällig oder fix zu sein. Bei der Analyse von Alpha-Anlagen kommt noch der zufällige Faktor Wiederholung hinzu. Im Falle sehr langer Rechenzeit kann auch bei Versuchen gleicher Modelle und einer der Faktoren Orte und/oder Jahre zufällig eine Analyse auf der Grundlage der aggregierten Daten vorgenommen werden.

Besteht die Serie aus Versuchen, die sowohl Anlagen in vollständigen Blocks als auch Alpha-Anlagen sind, dann werden die im Tabellenblatt Serie_LSW enthaltenen aggregierten Daten für die Auswertung herangezogen und eine für jedes Prüfglied gewichtete Analyse durchgeführt.

Für eine Versuchsserie mit fixen Orten und fixen Jahren und nicht signifikanten Wechselwirkungen umfasst die Analyse zusätzlich noch die der orthogonalen Kerne.

Die Mittelwertvergleiche werden mit dem Simulate-Verfahren unter Beachtung signifikanter Wechselwirkungen realisiert. Für alle paarweisen Vergleiche untereinander wird neben den einzelnen Überschreitungswahrscheinlichkeiten und simultanen Konfidenzintervallen zusätzlich die Kurzform mit Hilfe von Buchstaben zur Kennzeichnung signifikanter Unterschiede angegeben. Bei Vergleichen mit einem Standard entfällt das.

11.6.3 Boniturnoten

Die Berechnung der Boniturnoten aus den Mittelwerten erfolgt auf der Grundlage der gewählten Skalierung und in Übereinstimmung mit den Eigenschaften der Faktoren Orte und Jahre (zufällig oder fix), zu beachtenden signifikanten Wechselwirkungen sowie der Balanziertheit der Versuchsserie in Orte und Jahre.

11.6.4 Ausgaben

Alle Informationen zur Versuchsserie und Ergebnisse stehen in der Textdatei. Zusätzlich werden die Mittelwerte der Prüfglieder und die Boniturnoten (unter Beachtung der Eigenschaften der Faktoren Orte und Jahre, signifikanter Wechselwirkungen und Balanziertheit) in einer MS-Excel-Datei abgelegt.

Literatur

- BÄTZ, G., DÖRFEL, H., FUCHS, A. und THOMAS, E. (1982): Einführung in die Methodik des Feldversuchs
Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin
- BÄTZ, G. und K. STEGEMANN (1981): Einige Probleme der Interpretation der Ergebnisse von Serien von Feldversuchen
Archiv für Acker- u. Pflanzenbau u. Bodenkunde, **25**, 4, S. 235-243
- BOLLE, F. (1965): Über die Auswertung von pflanzenschutzlichen Versuchen, Teil IV: Die Wertzahlen
Angewandte Botanik, **39**, 3, S. 111-132
- FLATH, K., MOLL, E., and WALTER, U. (1997): Methodical Guidelines on the Assessment of Partial Resistance and the SAS Application RESI
Proceedings of the conference „Approaches to improving disease resistance to meet future needs: Airborne oathogenes of wheat and barley“, Praha, 11.-13.11.1997, pp. 111-112
- FLATH, K., and MOLL, E. (2000): Evaluation of partial resistance in cereal cultivars using the SAS application „RESI“
International Symposium „Durable Disease Resistance – Key to Sustainable Agriculture“, Ede-Wageningen, The Netherlands, Book of Abstracts, p. 78
- FRÖMKE, C., and BRETZ, F. (2004): Simultaneous Tests and Confidence Intervals for Evaluation of Agricultural Field Trials. *Agronomy Journal*, **96**, p. 1323-1330
- HAYTER, A.J. (1984): A proof of the conjecture, that the Tukey-Kramer multiple comparisons procedure is conservative
Annals of Statistics, **12**, p. 61-75
- HAYTER, A.J. (1989): Pairwise comparisons of generally correlated means, *Journal of the American Statistical Association*, **84**, p. 208-213
- MOLL, E. (1981): Weitere Bemerkungen zu Skalen mit nichtäquidistanter Einteilung und zur Auswertung von Wertzahlen. *Archiv für Phytopathologie und Pflanzenschutz*, **17**, 3, S. 217-224
- MOLL, E. (2006): Planung und Auswertung ein- bis dreifaktorieller Feldversuchsanlagen FELD_VA II, Version 1
Berichte aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Heft 130, 77 S.
- MOLL, E., and FLATH, K. (1998): RESI – A SAS-Application to Evaluate Partial Resistance of Cereal Cultivars, COST 817: Population studies of airborne pathogens on cereals, Tune, Dänemark, Programme Abstracts Participants, p. 23
- MOLL, E., FLATH, K. und PIEPHO, H.-P. (Hrsg.) (2000): Die Prüfung von Pflanzen auf ihre Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen in der Biologischen Bundesanstalt
Teil 3: Methodische Anleitung zur Bewertung der partiellen Resistenz von Getreidesortimenten und die SAS-Applikation RESI
Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Heft 374, 128 S.
- MOLL, E., FLATH, K. und SELLMANN, J. (2009): Schätzen der Befallsstärke – (k)ein Problem
Journal für Kulturpflanzen **61**,12, S. 440-442
- MOLL, E., WALTER, U., FLATH, K., PROCHNOW, J. und SACHS, E. (1996): Methodische Anleitung zur Bewertung der partiellen Resistenz und die SAS-Anwendung RESI
Berichte aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Heft 12, 60 S.
- MÖHRING, J. und PIEPHO, H.-P. (2009): Weighting methods in two-stage analyses of series of experiments
Crop Science **49**, p. 1977-1988
- PIEPHO, H.-P. (1999): Stability analysis using the SAS system, *Agronomy Journal*, **91**, pp. 154-160
- PIEPHO, H.-P. (2003): SAS-Macro %MULT – Letter display for all pairwise comparisons
<https://www.uni-hohenheim.de/bioinformatik/beratung/index.htm>
- PIEPHO, H.-P. und SPILKE, J. (1999): Anmerkungen zur Analyse balancierter gemischter Modelle mit der SAS-Prozedur MIXED, *Zeitschrift für Agrarinformatik*, **7**, Heft 2, S. 39-46
- RASCH, D., HERRENDÖRFER, G., BOCK, J., VICTOR, N. und GUIARD, V. (Hrsg.) (1996): *Verfahrensbibliothek Versuchsplanung und –auswertung*, Band I, R. Oldenbourg Verlag München Wien
- SCHUMACHER, E. (2004): Vergleich von mehr als zwei Parametern
In: MOLL, E., J. GRÖGER, M. LIESEBACH, P.E. RUDOLPH, T. STAUBER und M. ZILLER (Hrsg.): Einführung in die Biometrie, Heft 3, Berlin, 2. Aufl., ISBN 3-930037-17-3
- SCHUMACHER, E. (2010): Computerintensive Methoden mit SAS
Skript und Dateien zum Kurs des Senats der Bundesforschungsinstitute, Braunschweig, 13.-14. April 2010

- SCHUMACHER, E. und WEIMER, M. (2006a): macro_hayter.sas
<https://www.uni-hohenheim.de/inst110/mitarbeiter/Schumach/schumach.htm>
- SCHUMACHER, E. und WEIMER, M. (2006b): Multiple Vergleiche mit der SAS-Prozedur MIXED
In: KAISER, K. und BÖDEKER, R.-H. (Hrsg.): Statistik und Datenanalyse mit SAS, Proceedings der 10. Konferenz der SAS-Anwender in Forschung und Entwicklung (KSFE), Hamburg, S. 171-187
- SELLMANN, J. (2006): JAVA-Applikation zur Ermittlung der Schwarz- und Weißanteile einer definierten Fläche
- SPLKE, J. (2009): persönliche Mitteilung zur unter SAS 9.2 experimentell zu nutzenden Prozedur HPMIXED
- THOMAS, E. (2006): Feldversuchswesen
Verlag Eugen Ulmer Stuttgart
- WALTHER, U. (1988): Wie sicher ist die "Feldresistenz" - Erläutert an mehrjähriger Prüfung von Sommergersten gegen *Puccinia hordei* Otth
Tagungsberichte Nr. 271, Teil II „Schaderreger in der Getreideproduktion"
Akademie der Landwirtschaftswissenschaften der DDR, Berlin, 271/II, S. 243-246
- WALTHER, U., FLATH, K., MOLL, E., PROCHNOW, J. und SACHS, E. (2000): Methodische Anleitung zur Bewertung der partiellen Resistenz von Sorten bzw. Linien unter Berücksichtigung epidemiologischer Aspekte
In: MOLL, E., K. FLATH, H.-P. PIEPHO (Hrsg.) (2000), S. 8-25

