

Hans-Peter Piepho

Auswertung von Bonituren mit der SAS Prozedur NLMIXED

In vielen forst- und agrarwissenschaftlichen Anwendungen werden sog. Boniturnoten erhoben. Solche Daten sind nicht metrisch, sondern ordinalskaliert und erfüllen daher in der Regel nicht die Voraussetzungen für eine varianzanalytische Auswertung. Eine Möglichkeit zur Auswertung bietet das sog. Schwellenwertmodell. Bei komplexeren Datenstrukturen sind mehrere zufällige Effekte in das Modell aufzunehmen, was zu einem deutlich erhöhten Rechenaufwand führt, falls mit der Maximum Likelihood Methode gearbeitet werden soll. Bisher wurden aus diesem Grunde hauptsächlich Näherungsverfahren verwendet, die auf analytischen Approximationen der Likelihood beruhen, welche bei kleinen Stichprobenumfängen problematisch sind. Mit der neuen SAS Prozedur NLMIXED ist es jetzt möglich, für einfachere Modelle (nicht zu viele zufällige Effekte) mit vertretbarem Rechenaufwand eine volle Maximum Likelihood Analyse zu erhalten. Dies wird in der vorliegenden Arbeit anhand von Beispielen erläutert. Es wird hierbei auch gezeigt, wie bei bekannten Schwellenwerten vorzugehen ist, ein Fall, der beispielsweise für Auswertungen des Bundessortenamtes relevant ist.

1 Einführung

Im agrar- und forstwirtschaftlichen Bereich werden viele Merkmale auf einem ordinalen Skalenniveau in Form von Boniturnoten erhoben. Hier einige praktische Beispiele, die im folgenden näher betrachtet werden.

Beispiel 1 (Erdbeerdaten): In einer Blockanlage mit vier Wiederholungen wurden 12 Erdbeerlinien auf Resistenz gegen den Pilz *Phytophthora fragariae* geprüft (Jansen, 1990). Je Parzelle wurde der Befall auf neun bis zehn Pflanzen mittels einer Boniturskala mit Noten 1 = schwacher Befall bis 3 = starker Befall erhoben. Die Linien stammten aus Kreuzungen von vier verschiedenen Müttern und drei verschiedenen Vätern. Ziel der Auswertung war ein Test auf Wechselwirkung der Faktoren Vater und Mutter sowie ein Vergleich der 12 Linien.

Beispiel 2 (Kartoffeldaten): In einem Feldversuch, der als Zeilen-Spalten-Plan angelegt wurde, wurden zehn Kartoffelsorten geprüft (Eberhard Kölsch, persönliche Mitteilung, 2001). Von jeder Parzelle wurden die Kartoffeln geerntet und in neun Größenfraktionen nach dem Durchmesser aufgeteilt. Für jede Fraktion wurde die Zahl der Kartoffeln ermittelt. Die Größenfraktionen entsprechen hier den Boniturnoten. Ziel der Auswertung war es unter anderem, den durchschnittlichen Durchmesser der Sorten zu schätzen und die Sorten zu vergleichen. Von Interesse war außerdem eine Untersuchung der Homogenität der Sortierung.

Beispiel 3 (Quarkdaten): In einem Beliebtheitest haben 152 Testpersonen den Geschmack von sieben Quarkproben auf einer Boniturskala von 1 = extreme Ablehnung bis 9 = extremes Gefallen eingestuft (Wirthgen et al., 2000). Es sollte geprüft werden, ob es signifikante Unterschiede zwischen

den Quarksorten hinsichtlich der Beliebtheit gibt. Außerdem ist es von Interesse, ein Maß für die Übereinstimmung der Urteile der Testpersonen zu berechnen.

Beispiel 4 (Walddaten): Auf drei verschiedenen Waldflächen wurde die Kronenvitalität der Bäume auf einer 10-Punkte-Skala (1 = vital bis 10 = tot) erfaßt (Brunner und Langer, 1999). Die Flächen unterschieden sich in der Überdachung (D0 = Ohne Überdachung, D2 = Kontrolldach, D1 = Entsauerungsdach). Die Bäume wurden in vier aufeinanderfolgenden Jahren bonitiert. Ziel war unter anderem eine Beantwortung der Frage, ob die Vitalität der Bäume in Laufe der Zeit zu- oder abgenommen hat und ob sich die Flächen im Zeittrend der Kronenvitalität unterschieden.

Beispiel 5 (Wertprüfungsdaten): Das Bundessortenamt erfaßt viele Merkmale, z.B. auch den Befall mit Krankheiten und Schädlingen, auf einer Boniturskala von 1 bis 9, wobei je Parzelle eine Bonitur erhoben wird. In vielen Fällen ist der Boniturnote eine Prozentskala unterlegt. In der routinemäßigen Auswertung geht es um die Berechnung von Sortenmittelwerten in einer gemeinsame Auswertung von Serien über mehrere Orte und Jahre.

Varianzanalytische Verfahren sind für solche ordinalskalierten Daten nicht ohne weiteres anwendbar, weil die Voraussetzungen der Normalverteilung und Varianzhomogenität nicht erfüllt sind. Als eine mögliche Alternative kommt das in die Klasse der verallgemeinerten linearen Modelle fallende Schwellenwertmodell (McCullagh, 1980; Thöni, 1985 und 1992; Schumacher und Thöni, 1990) in Frage. Bei diesem wird angenommen, daß der beobachteten Boniturnote (ordinale Zufallsvariable B) eine latente (nicht beobachtete bzw. nicht beobachtbare) normalverteilte Zufallsvariable Y mit Mittelwert 0 und Varianz s_2 zugrunde liegt (Es können auch

andere Verteilungen betrachtet werden, z.B. die logistische, was hier aber nicht vertieft werden soll). Der Wertebereich der latenten Zufallsvariable Y wird durch Schwellenwerte q_k ($k = 1, \dots, K-1$) in K Abschnitte unterteilt. Die beobachtete Boniturnote hängt davon ab, in welchen Abschnitt die Realisation der latenten Zufallsvariable Y für eine Beobachtungseinheit fällt:

$$\begin{aligned} Y < q_1 & \Rightarrow B = 1 \\ q_1 \leq Y < q_2 & \Rightarrow B = 2 \\ q_2 \leq Y < q_3 & \Rightarrow B = 3 \\ \cdot & \\ \cdot & \\ \cdot & \\ Y \geq q_{K-1} & \Rightarrow B = K \end{aligned}$$

Die beobachtete Boniturnote folgt dann einer Multinomialverteilung mit Multinomialwahrscheinlichkeiten

$$\left. \begin{aligned} P(B = 1) &= p_1 = F[q_1 - h/s] \\ P(B = 2) &= p_2 = F[(q_2 - h)/s] - F[(q_1 - h)/s] \\ P(B = 3) &= p_3 = F[(q_3 - h)/s] - F[(q_2 - h)/s] \\ \cdot & \\ \cdot & \\ \cdot & \\ P(B = K) &= p_K = 1 - F[(q_K - h)/s] \end{aligned} \right\} (1)$$

wobei h der Erwartungswert und s die Standardabweichung der latenten Variable Y ist und $F[\cdot]$ die kumulative Dichtefunktion der Standardnormalverteilung. Um nun den vielfältigen Strukturen bei landwirtschaftlichen Versuchen und Erhebungen Rechnung zu tragen, ist es oft sinnvoll, für den Erwartungswert h der Zufallsvariable Y ein lineares Modell anzunehmen:

$$y = h + e \quad \text{mit}$$

$$h = x'b \quad \text{wobei}$$

e = standardnormalverteilte Zufallsvariable

b = Vektor mit festen Parametern/Effekten

x = Designvektor der festen Effekte

Ein solches Modell nimmt an, daß alle zufallsbedingte Variation durch eine Multinomialverteilung der Häufigkeiten der Boniturnoten zu erklären ist. In fast allen Fällen sind jedoch zusätzliche Zufallskomponenten zu berücksichtigen, beispielsweise in einem Feldversuch, bei dem je Parzelle (primäre Beobachtungseinheit) mehrere Pflanzen (sekundäre Beobachtungseinheit) bonitiert werden. Hier kann zwar innerhalb der Parzelle von einer Multinomialverteilung ausgegangen werden. Wegen des Parzellenfehlers ist aber mit einer zufälligen Schwankung der Multinomialwahrscheinlichkeiten von Parzelle zu Parzelle zu rechnen. Für diese Fälle bietet sich eine Erweiterung des linearen Modells für h zu einem gemischten linearen Modell an. Zur Erläuterung betrachten wir hier nur einen zufälligen Effekt. Das Modell lautet dann

$h = x'b + u$

$$h = x'b + u$$

mit $\text{var}(u) = S_u^2$. Im Falle eines Feldversuchs mit mehreren Einzelpflanzenbonituren je Parzelle entspricht u beispielsweise dem Parzellenfehler. Es sei betont, daß das Modell auch auf mehr als einen zufälligen Effekt erweitert werden kann (z.B. Spaltanlagen oder Versuchsserien). Angenommen nun, für die primäre Beobachtungseinheit (z.B. Parzellen) liegen gruppierte Daten für sekundäre Beobachtungseinheiten (z.B. Pflanzen) der Form $n = (n_1, n_2, \dots, n_K)$ mit $N = n_1 + n_2 + \dots + n_K$ vor, wobei n_k die Zahl der Beobachtungen mit Boniturnotwert $B = k$ ist. Man beachte hier, daß im Falle ungruppiert Daten (Beispiele 3 bis 5) der Sonderfall $N = 1$ vorliegt, da es keine Unterscheidung zwischen primärer und sekundärer Beobachtungseinheit gibt. Die gemeinsame Dichtefunktion der Zufallsvariablen n und u kann geschrieben werden als

$$f_{nu}(n, u) = f_n(n|u)f_u(u) \quad (2)$$

wobei $f_{nu}(n|u)$ die bedingte Dichte von n für gegebenes u ist (Multinomialverteilung) und $f_u(u)$ die Dichte von u . Um nun die Parameter der Verteilung, also die festen Effekte b sowie die Varianzparameter S_u^2 und S^2 nach der Maximum Likelihood Methode zu schätzen, müssen die zufälligen Effekte u aus der gemeinsamen Dichte "herausintegriert" werden:

$$f_n(n) = \int f_{nu}(n, u)f_u(u) du$$

Für das vorliegende Modell kann diese Integration nicht analytisch berechnet werden. Stattdessen müssen numerische Verfahren verwendet werden. Bisher sind vor allem approximative, weniger rechenintensive Verfahren eingesetzt worden, beispielsweise die Laplace-Approximation (Wolfinger und O'Connell, 1993; Keen und Engel, 1997; Piepho, 1997). Diese benötigen ausreichende Fallzahlen je primärer und sekundärer Stichprobeneinheit, damit die Approximationen gut sind (Breslow und Clayton, 1993). Bei kleineren Stichprobenumfängen ist es besser, die Likelihood bis auf numerische Rundungsfehler exakt zu integrieren, beispielsweise mittels der adaptiven Gauss-Hermite'schen Quadratur wie sie von Pinheiro und Bates (1995) vorgeschlagen wurde und in der neuen SAS Prozedur NLMIXED implementiert sind (Release 8). Dieses Verfahren ist rechenaufwendiger, vor allem, wenn das Modell mehrere zufällige Effekte umfaßt. Die Maximierung der Log-Likelihood kann ebenfalls mit numerischen Optimierungsroutinen erfolgen, wie z.B. dem Gauss-Newton-Verfahren, welches in NLMIXED benutzt wird. Die vorliegende Arbeit erläutert die Nutzung der Prozedur NLMIXED zur Anpassung des Schwellenwertmodells anhand der oben genannten Beispiele. Es ist aus Platzgründen nicht möglich, für jedes Beispiel die vollen SAS-Anweisungen abzdrukken. Anweisungen werden auszugsweise nur einige Fälle angegeben. Die vollen Anweisungen für diese und die übrigen Beispiele können vom Autor per e-mail bezogen werden.

2. Gruppierte Daten

Wenn je primärer Untersuchungseinheit mehrere sekundäre Einheiten bonitiert werden, liegen gruppierte Daten vor. Es kann dann je primärer Einheit eine empirische Verteilung der Bonituren in Form des Beobachtungsvektors \mathbf{n} angegeben werden.

Beispiel 1 (Erdbeerdaten): In der ersten Pazelle wurde kein mal die Boniturnote $B = 1$, drei mal $B = 2$ und sechs mal $B = 3$ beobachtet. Also ist $n_1 = 0, n_2 = 3, n_3 = 6$ und $\mathbf{n} = (0, 3, 6)$.

Bei ungruppierten Daten sind dagegen alle Elemente gleich null, mit Ausnahme von $n_k = 1$, falls die Bonitur $B = k$ beobachtet wurde.

Beispiel 3 (Kartoffeldaten): Für den ersten Baum wurde im ersten Jahr die Boniturnote $B = 2$ auf einer Skala von 1 bis 8 beobachtet. Es ist $n_1 = n_3 = n_4 = n_5 = n_6 = n_7 = n_8 = 0, n_2 = 1$ und $\mathbf{n} = (0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0)$.

Im folgenden wird von gruppierten Daten ausgegangen. Der Fall ungruppierten Daten wird in Abschnitt 3 behandelt.

2.1 Unbekannte Schwellenwerte

Wenn die Schwellenwerte unbekannt sind, müssen diese geschätzt werden. Wegen der Überparametrisierung des Modells muß einer der Schwellenwerte auf einen vorgegebenen Wert festgelegt werden, z.B. $q_1 = 0$, ebenso wie die Restvarianz, z.B. $s^2 = 1$. Da gelten muß, daß $q_1 < q_2 < \dots < q_{K-1}$, müssen entsprechende Randbedingungen bei der Parameterschätzung beachtet werden. Am einfachsten erreicht man dies durch folgende Reparametrisierung:

$$\begin{aligned} q_1 &= 0 \\ q_2 &= d_1 \\ q_3 &= d_1 + d_2 \\ &\vdots \\ q_{K-1} &= d_1 + d_2 + \dots + d_{K-2}, \end{aligned}$$

wobei $d_1 > 0, d_2 > 0, \dots, d_{K-2} > 0$ gefordert wird. Diese Reparametrisierung wird im folgenden für den Fall unbekannter Schwellenwerte benutzt.

Beispiel 1 (Erdbeerdaten): Die Erdbeerdaten von Jansen (1990) sind in Tabelle 1 wiedergegeben. Es liegen gruppierte Daten vor. Der Versuch wurde in einer Blockanlage durchgeführt. Es wurden 12 Linien geprüft, die sich aus der Kreuzung von vier Mutterlinien mit drei Vaterlinien ergaben. Somit liegt ein zweifaktorieller Versuch vor, und es ist zunächst von Interesse, auf das Vorhandensein von Wechselwirkungen zu prüfen. Wir können folgendes Modell annehmen:

$$h_{ijh} = m_j + b_h + u_{ijh} \quad \text{wobei}$$

m_j = Fester Behandlungseffekt der Kreuzung des i -ten Vaters ($i = 1, 2, I = 3$) und der j -ten Mutter ($j = 1, 2, 3, J = 4$)

b_h = Fester Effekt des h -ten Blocks ($h = 1, 2, 3, H = 4$)
 u_{ijh} = Zufälliger Effekt der ijh -ten Parzelle; $u_{ijh} \sim N(0, \mathbf{S}_u^2)$

Tab. 1: Häufigkeiten der Bonituren 1, 2 und 3 für Jansens (1990) Erdbeerdaten.

		Block											
		1			2			3			4		
		Boniturnote											
Vater	Mutter	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
1	1	0	3	6	2	2	6	2	3	5	2	5	3
1	2	2	3	5	0	3	7	4	6	0	2	3	5
1	3	3	4	3	7	2	1	1	1	7	2	3	5
1	4	0	5	5	5	4	1	2	8	0	1	4	5
2	1	1	4	4	2	2	6	1	2	7	1	5	4
2	2	1	4	5	3	4	2	1	6	3	4	2	4
2	3	4	3	3	5	1	4	3	3	4	4	2	4
2	4	1	4	5	1	2	6	8	2	0	2	5	3
3	1	0	0	9	3	5	2	2	5	3	0	0	10
3	2	5	3	2	3	2	5	3	6	1	2	1	7
3	3	0	3	6	2	5	3	1	3	6	0	3	7
3	4	3	0	7	5	2	3	7	3	0	3	4	3

Es ist üblich, den Behandlungseffekt m_j faktoriell zu modellieren nach

$$m_j = \mathbf{a}_i + \mathbf{g}_j + (\mathbf{ag})_{ij} \quad (3)$$

wobei

\mathbf{a}_i = Haupteffekt des i -ten Vaters
 \mathbf{g}_j = Haupteffekt der j -ten Mutter
 $(\mathbf{ag})_{ij}$ = Wechselwirkung

Falls keine Wechselwirkung vorliegt, kann das reduzierte Modell

$$m_j = \mathbf{a}_i + \mathbf{g}_j \quad (4)$$

verwendet werden. Um auf Wechselwirkungen zu testen, berechnen wir das zweifache der Differenz der maximierten Log-Likelihood des vollen Modells (3) und des reduzierten Modells (4), die sog. Devianz (McCullagh und Nelder, 1989). Unter der Nullhypothese der Abwesenheit von Wechselwirkungen folgt die Devianz einer Chi-Quadrat-Verteilung mit $(I - 1)(J - 1)$ Freiheitsgraden. Dieser Test ist ein sog. Likelihood-Ratio-Test.

Zur Anpassung der Modelle (3) und (4) mit NLMIXED müssen wir eine sog. Dummy-Kodierung für die festen Effekte verwenden, da diese Prozedur über keine CLASS Anweisung verfügt wie beispielsweise die Prozeduren GLM, GENMOD und MIXED. Zu berücksichtigen ist, daß ein überparametrisiertes Modell vorliegt. Daher setzen wir $b_4 = 0$ und $\mathbf{g}_4 = 0$ entsprechend der Vorgehensweise bei SAS Prozeduren für lineare Modelle. Für die Dummy-Kodierung schreiben wir beispielsweise das Modell (4) als

$$h_{ijh} = \mathbf{a}_1 x_{1ijh} + \mathbf{a}_2 x_{2ijh} + \mathbf{a}_3 x_{3ijh} + \mathbf{g}_1 x_{4ijh} + \mathbf{g}_2 x_{5ijh} + \mathbf{g}_3 x_{6ijh} + b_1 x_{7ijh} + b_2 x_{8ijh} + b_3 x_{9ijh} + u_{ijh}$$

Die Kovariablen x_{cijh} ($c = 1, \dots, 9$) sind "dummykodierte" Kovariablen, also Kovariablen, die nur Werte 1 und 0 an-

nehmen können. Diese wählen die "richtigen" Effekte des Parametervektors für eine Beobachtung aus. Man beachte, daß für b_4 und g_4 keine Dummy-Variablen erforderlich sind, da diese Effekte gleich Null gesetzt sind. Beispielsweise ist für h_{123} folgende Dummy-Kodierung notwendig:

$$x_{1123} = x_{5123} = x_{9123} = 1, \\ x_{2232} = x_{3232} = x_{4232} = x_{6232} = x_{7232} = x_{8232} = 0$$

Hierdurch wird

$$h_{123} = a_1 + g_3 + b_3 + u_{123}$$

Die Dummy-Variablen können in SAS mit der Prozedur GLMMOD erzeugt werden. Diese Prozedur erzeugt auch Dummies für b_4 und g_4 , die ignoriert werden können. Um die benötigten Dummy-Variablen aus dem Output-Datensatz der Prozedur GLMMOD auszuwählen, ist ein gesonderter Datensatz (datastep) notwendig. Die Anweisungen zum Einlesen der Daten, zur Erzeugung der Dummies sowie zur Auswertung mit NLMIXED für das Modell (4) findet sich im Anhang. Die gruppierten Daten werden unter den Variablen **n1** bis **n3** im Datensatz eingelesen. Die bedingte Dichte der Häufigkeiten der Bonituren ist die einer Multinomialverteilung mit Konstante N und bedingten Multinomialwahrscheinlichkeiten p_k , die nach (1) vom zufälligen Effekt u abhängen (man beachte, daß u in den lineare Prädiktor h einfließt, der wiederum die bedingten Multinomialwahrscheinlichkeiten bestimmt):

$$f_n(n|u) = \frac{N!}{n_1!n_2!n_3!} p_1^{n_1} p_2^{n_2} p_3^{n_3}$$

In der MODEL Anweisung muß der Logarithmus dieser Dichte als Verteilung der beobachteten Daten angegeben werden:

model dummy ~ general(II);

Die logarithmierte Dichte selbst (II) wird zuvor in Programmierschritten spezifiziert. Da die Zielvariablen hier multivariat ist, aber nur eine Variable als abhängige Variable spezifiziert werden kann, geben wir die Variable "dummy" an, welche zuvor in einem Datensatz erzeugt wurde. Der Wert, den diese Variable für die verschiedenen Beobachtungen annimmt, ist unerheblich, da die tatsächliche multivariate Beobachtung n direkt über die Log-Likelihood spezifiziert wird. Die Multinomialwahrscheinlichkeiten p_k werden als Funktion des zufälligen Effektes u in Programmieranweisungen angegeben, wie sie auch in einem Datensatz verwendet würden. Der zufällige Parzelleneffekt u wird in der RANDOM Anweisung spezifiziert, wobei die SUB= Option eine Variable angeben muß, welche die Parzellen kodiert. Der in der RANDOM-Anweisung aufgeführte Effekt wird aus der Likelihood mittels adaptiver Gauss-Hermite'scher Quadratur (Pinheiro und Bates, 1995) "herausintegriert".

Für das volle Modell erhalten wir -2 Log Likelihood = 347,9 und für das reduzierte Modell -2 Log Likelihood = 341,5. Die Differenz beträgt 6,4 und ist nicht signifikant beim Vergleich mit einer Chi-Quadrat-Verteilung mit $(I - 1)(J - 1) = 6$ Freiheitsgraden. Daher können wir auf Abwesenheit von

Wechselwirkungen schließen und verwenden das reduzierte Modell (4). Für dieses erhalten wir die Schätzungen in Kasten 1. Mit der ESTIMATE Anweisung erhalten wir die in Kasten 2 gezeigten Vergleiche (eine LSMEANS Anweisung wie bei GLM oder MIXED gibt es nicht). Die t-Tests sind nur approximativ gültig. Zwischen den Vätern bestehen keine Unterschiede. Bei den Müttern gibt es lediglich einen signifikanten Unterschied zwischen den Müttern 1 und 2 sowie zwischen den Müttern 1 und 4.

Kasten 1: Parameterschätzungen für die Erdbeerdaten beim reduzierten Modell (4).

Parameter Estimates			
Parameter	Estimate	Standard Error	
b_1	0.2694	0.1391	(b_1)
b_2	-0.1913	0.1371	(b_2)
b_3	-0.2760	0.1370	(b_3)
m_1	0.7787	0.1428	(a_1)
m_2	0.6961	0.1422	(a_2)
m_3	0.8881	0.1473	(a_3)
f_1	0.4038	0.1407	(b_1)
f_2	-0.08947	0.1364	(b_2)
f_3	-0.01682	0.1373	(b_3)
d_1	0.9864	0.07034	(d_1)
v_u	0.1636	0.06762	(s_u^2)

Kasten 2: Paarweise Vergleiche für die Erdbeerdaten beim reduzierten Modell (4).

Additional Estimates			
Label	Estimate	Standard Error	Pr > t
vater1-vater2	0.08263	0.1931	0.6706 ($a_1 - a_2$)
vater1-vater3	-0.1094	0.1956	0.5785 ($a_1 - a_3$)
vater2-vater3	-0.1920	0.1959	0.3319 ($a_2 - a_3$)
mutter1-mutter2	0.4933	0.2268	0.0347 ($g_1 - g_2$)
mutter1-mutter3	0.4206	0.2278	0.0711 ($g_1 - g_3$)
mutter1-mutter4	0.7013	0.2279	0.0035 ($g_1 - g_4$)
mutter2-mutter3	-0.07265	0.2228	0.7458 ($g_2 - g_3$)
mutter2-mutter4	0.2081	0.2222	0.3539 ($g_2 - g_4$)
mutter3-mutter4	0.2807	0.2235	0.2154 ($g_3 - g_4$)

2.2 Bekannte Schwellenwerte

Bei bekannten Schwellenwerten muß die Restvarianz s_2 geschätzt werden, während die Schwellenwerte nicht geschätzt werden müssen. Die entsprechenden Änderungen in den Programmanweisungen für die Prozedur NLMIXED gegenüber dem Fall unbekannter Schwellenwerte sind leicht vorzunehmen.

Beispiel 2 (Kartoffeldaten): Ein Versuch mit 10 Kartoffelsorten wurde in einem Zeilen-Spalten-Plan angelegt. Ziel der Analyse ist hier die Berechnung des durchschnittlichen Durchmessers der Kartoffeln für jede Sorte sowie der sortenspezifischen Varianz. Es wurde allerdings nicht der exakte

Durchmesser jeder Knolle gemessen. Stattdessen wurden die Knollen einer Parzelle durch ein Siebgerät in neun Größenfraktionen aufgeteilt. In jeder Fraktion wurde die Zahl der Knollen gezählt. Hierdurch war ein relativ großer Stichprobenumfang je Parzelle möglich. Die Daten finden sich in den SAS-Anweisungen im Anhang. Die Alternative, je Parzelle eine Stichprobe von Knollen exakt zu vermessen, wäre sehr viel aufwendiger gewesen und hätte nicht den großen Stichprobenumfang ermöglicht, der bei der Verwendung von Sieben möglich war. Die Klassenbildung bedingt jedoch einen Informationsverlust, da von einer metrischen Skala auf eine Ordinalskala übergegangen wird. Allerdings wird der Verlust dadurch abgemildert, daß die Klassengrenzen als bekannt gelten können. Der Verlust wird wahrscheinlich durch den deutlich höheren Stichprobenumfang mehr als ausgeglichen. Hinzu kommt, daß es trotz ordinalskalierten Daten unter Annahme eines Schwellenwertmodells hier möglich ist, den Erwartungswert für den durchschnittlichen Durchmesser zu schätzen, also auf die metrische Skala zurückzutransformieren, da die Schwellenwerte bekannt sind. Die kleinste Fraktion umfaßte beispielsweise Kartoffeln mit einem Durchmesser kleiner als 30 cm. Daher ist der kleinste Schwellenwert $q_1 = 30$ cm. In der zweiten Fraktion wurden Kartoffeln mit einem Durchmesser zwischen 30 und 35 cm erfaßt. Daher ist $q_2 = 35$ cm. Die übrigen Schwellenwerte sind: $q_3 = 40$ cm, $q_4 = 45$ cm, $q_5 = 50$ cm, $q_6 = 58$ cm, $q_7 = 61$ cm, $q_8 = 63$ cm. Für den Durchmesser einer Knolle (y_{ijh}) kann folgendes Modell angesetzt werden:

$$y_{ijh} = \mathbf{m}_i + z_j + s_h + u_{ijh}$$

mit

\mathbf{m}_i = Fester Behandlungseffekt der i -ten Sorte ($i = 1, \dots, I = 10$)

z_j = Fester Effekt der j -ten Zeile ($j = 1, \dots, J = 4$)

s_h = Fester Effekt der h -ten Spalte ($h = 1, \dots, H = 10$)

u_{ijh} = Zufälliger Effekt der ijh -ten Parzelle; $u_{ijh} \sim N(0, \mathbf{S}_u^2)$

Für die Dummykodierung setzen wir $z_4 = 0$ und $s_{10} = 0$. Man beachte das hier y_{ijh} keine latente (nicht beobachtbare) Größe ist, sondern der Knollendurchmesser. Die Besonderheit besteht darin, daß nicht der genaue Knollendurchmesser beobachtet wird, sondern nur die jeweilige Größenklasse. Sortenmittelwerte des Knollendurchmessers können berechnet werden nach

$$\mathbf{I}_i = \mathbf{m}_i + \bar{z}_\cdot + \bar{s}_\cdot$$

wobei \bar{z}_\cdot und \bar{s}_\cdot die Mittelwerte der Effekte z_j und s_h sind.

Außerdem soll geprüft werden, ob sich die Sorten in der Varianz der Knollendurchmesser unterscheiden. Je kleiner die Varianz, um so homogener ist die Sortierung. Wir passen daher ein Modell mit Restvarianz \mathbf{S}_i^2 für die i -te Sorte an und vergleichen dies mit dem Modell mit homogener Varianz \mathbf{S}^2 über einen Likelihood-Ratio-Test. Hierzu berechnen wir das zweifache der Differenz der Log-Likelihoods für die beiden Modelle. Diese folgt unter der Nullhypothese der

Varianzhomogenität einer Chi-Quadrat-Verteilung mit $(I - 1)$ Freiheitsgraden. Im Anhang finden sich die Anweisungen für das Modell mit heterogener Varianz. Es liegen gruppierte Daten vor, die unter den Variablen $\mathbf{n1}$ bis $\mathbf{n9}$ eingelesen werden. Die Modifikation der Anweisungen für das Modell mit homogener Varianz ist einfach und wird nicht näher besprochen. Wir finden für das Modell mit heterogenen Varianzen $-2 \text{ Log Likelihood} = 3329,3$ und für das Modell mit homogenen Varianzen den Wert $-2 \text{ Log Likelihood} = 2791,5$. Die Differenz beträgt 537,8 und ist deutlich signifikant beim Test gegen eine Chi-Quadrat-Verteilung mit $(I - 1) = 9$. Es liegt also eine signifikante Varianzheterogenität vor. Im folgenden wird daher das Modell mit heterogenen Varianzen verwendet. Die Schätzungen der Modellparameter sind in Kasten 3 wiedergegeben. Die Buchstabendarstellung wurde anhand der Ergebnisse der paarweisen Vergleiche (ESTIMATE Anweisung) von Hand abgeleitet.

Kasten 3: Parameterschätzungen für die Kartoffeldaten.

Parameter Estimates			
Parameter	Estimate	Standard Error	
v_e1	108.88	3.4899	(\mathbf{S}_1^2)
v_e2	115.90	3.3629	(\mathbf{S}_2^2)
v_e3	79.3015	2.3398	(\mathbf{S}_3^2)
v_e4	105.19	3.0970	(\mathbf{S}_4^2)
v_e5	81.3343	2.0900	(\mathbf{S}_5^2)
v_e6	118.83	3.4008	(\mathbf{S}_6^2)
v_e7	153.86	4.3935	(\mathbf{S}_7^2)
v_e8	117.20	3.9713	(\mathbf{S}_8^2)
v_e9	103.37	3.3083	(\mathbf{S}_9^2)
v_e10	76.5233	2.1432	(\mathbf{S}_{10}^2)
v_u	0.3339	0.1098	(\mathbf{S}_u^2)
lambda1	50.0080	0.4012	(\mathbf{I}_1) ^{a §}
lambda2	48.7209	0.3978	(\mathbf{I}_2) ^b
lambda3	42.7390	0.4413	(\mathbf{I}_3) ^d
lambda4	47.7127	0.3882	(\mathbf{I}_4) ^{bc}
lambda5	41.4751	0.3652	(\mathbf{I}_5) ^f
lambda6	38.2442	0.3791	(\mathbf{I}_6) ^g
lambda7	45.8032	0.4001	(\mathbf{I}_7) ^d
lambda8	48.4301	0.4083	(\mathbf{I}_8) ^b
lambda9	47.0715	0.3976	(\mathbf{I}_9) ^c
lambda10	42.6649	0.3714	(\mathbf{I}_{10}) ^d

§ Mittelwerte, die mit demselben Buchstaben versehen sind, sind nicht signifikant verschieden ($\alpha = 5\%$, vergleichsbezogen).

Es gibt signifikante Unterschiede der Sortenmittelwerte. Beispielsweise hat Sorte 1 mit 50 mm den größten durchschnittlichen Knollendurchmesser und unterscheidet sich signifikant von allen anderen Sorten. Außerdem sind deutli-

che Unterschiede in den Restvarianzen zu verzeichnen. Die Sorten 3, 5 und 10 haben relativ kleine Varianzen, was eine homogenere Sortierung impliziert als bei den anderen Sorten mit höherer Varianz. Die Sorte 7 hat eine fast doppelt so hohe Varianz wie die Sorten 3, 5 und 10.

Da hier gruppierte Daten mit einer zugrundeliegenden metrischen Skala vorliegen, könnte man an eine Auswertung denken, bei der anstelle der nicht beobachteten Meßwerte die Klassenmittelwerte eingesetzt werden und die Varianz mittels Sheppard'scher Korrektur berechnet werden. Dieses Verfahren ist jedoch nicht anwendbar, weil die unterste und die oberste Klasse nach einer Seite offen sind, so daß die Klassenmitte nicht bestimmt werden kann. Selbst wenn die Varianz mittels Sheppard'scher Korrektur geschätzt werden könnte, könnten die Schätzungen nicht für eine Varianzanalyse verwendet werden könnten (Snedecor und Cochran, 1967, S. 83).

3. Ungruppierte Daten

3.1 Unbekannte Schwellenwerte

Beispiel 3 (Quarkdaten): Die Originaldaten zur Beurteilung der Beliebtheit von sieben Quarkproben durch 152 Personen wurden im Rahmen eines EU-Projektes erhoben und freundlicherweise von Frau Edith Kalka (Fachgebiet Agrarmarktlehre/Marketing, Universität-Gesamthochschule Kassel) zur Verfügung gestellt (siehe SAS-Anweisungen im Anhang). Es kann folgendes Modell für die latente Variable angesetzt werden:

$$m_j = a_i + u_j + e_{ij}$$

wobei

a_i = Erwartungswert der i -ten Quarksorte

u_j = Zufälliger Effekt der j -ten Testperson; $u_j \sim N(0, s_u^2)$

e_{ij} = Zufallsabweichung der j -ten Testperson bei der i -ten Quarksorte; $e_{ij} \sim N(0, 1)$

Die Korrelation der Beurteilungen einer Testperson kann wie folgt berechnet werden:

$$r = \frac{s_u^2}{1 + s_u^2}$$

Diese Korrelation kann mit Hilfe der ESTIMATE Anweisung geschätzt werden (siehe Anhang), wobei ein Standardfehler mit Hilfe der Delta-Methode berechnet wird. Die Ergebnisse der Parameterschätzungen sowie der Vergleiche der Quarksorten finden sich in Kasten 4. Die Buchstabendarstellung wurde anhand der Ergebnisse der paarweisen Vergleiche (ESTIMATE Anweisung) von Hand abgeleitet.

Kasten 4: Ergebnisse für die Quarkdaten (Auszug).

Parameter Estimates			
Parameter	Estimate	Standard Error	
q_1	1.8664	0.1106	(a ₁) ^b §
q_2	1.9556	0.1106	(a ₂) ^b
q_3	1.3941	0.1045	(a ₃) ^d
q_4	1.7402	0.1092	(a ₄) ^{bc}
q_5	1.5122	0.1061	(a ₅) ^{cd}
q_6	1.8684	0.1096	(a ₆) ^b
q_7	2.5642	0.1166	(a ₇) ^a
v_u	0.1140	0.03274	(s _u ²)
Additional Estimates			
Label	Estimate	Standard Error	
icc	0.1023	0.02638	(r)

§ Mittelwerte, die mit demselben Buchstaben versehen sind, sind nicht signifikant verschieden (α = 5%, vergleichsbezogen).

Quarkprobe Nr. 7 hat die besten Boniturnoten erhalten (größter Effekt a_i) und unterscheidet sich signifikant von allen anderen Proben. Die Korrelation ($\hat{r} = 0,1023$) ist relativ niedrig, Personeneffekte sind somit relativ gering. Ursache hierfür könnte sein, daß das Merkmal "Beliebtheit" wahrscheinlich sehr komplex ist, wobei jede Person andere Eigenschaften (z.B. Aussehen, Flavour, Textur, Farbe, Geruch, Geschmack, Kremigkeit, etc.) bevorzugt in die Beurteilung der Beliebtheit hat einfließen lassen. Trotzdem konnten hier signifikante Unterschiede zwischen den Quarkproben nachgewiesen werden, weil der Stichprobenumfang groß ist (152 Personen). Eine genauere Beurteilung der Quarkproben erfolgte im Rahmen des EU-Projektes in einer weiteren Untersuchung, bei der zum einen geschultes Personal und zum anderen ein auf bestimmte Eigenschaften abzielender Fragebogen verwendet wurde. Dieselben Quarkproben wurden von intensiv geschulten Prüfpersonen im Rahmen des EU-Projektes mittels Profilanalyse bewertet. Mit diesem Prüfverfahren werden alle sensorische Eigenschaften eines Lebensmittels sowohl qualitativ (= die Eigenschaft) als auch quantitativ (= die Intensität) bestimmt. Auf diese Untersuchung wird hier nicht näher eingegangen.

Beispiel 4 (Walddaten): Für die Flächen D0 ($i=1$), D2 ($i=2$) und D1 ($i=3$) wurden die Kronenvitalität von $m_1 = 22$, $m_2 = 23$ und $m_3 = 27$ Bäumen in vier aufeinanderfolgenden Jahren (1993 bis 1996) untersucht. Die Originaldaten sind bei Brunner und Langer (1999) abgedruckt (siehe auch SAS-Anweisungen im Anhang). Es wurde nicht die ganze Boniturskala ausgeschöpft, da nur Werte von 1 bis 8 beobachtet wurden. Im Fall der Kronenvitalitätsdaten kann für die latente Variable Y beispielsweise das folgende Modell angenommen werden:

$$y_{ijk} = m_j + u_k + e_{ijk}$$

wobei

m_j = Erwartungswert der i -ten Fläche zum j -ten Zeitpunkt
 u_k = zufälliger Effekt des k -ten Baums
 e_{jik} = Zufallsabweichung des k -ten Baums bei der i -ten Fläche zum j -ten Zeitpunkt

Der Erwartungswert m_j kann wiederum zweifaktoriell strukturiert werden. Es liegen ungruppierte Daten vor. Zu beachten ist, daß die Bäume den Flächen nicht randomisiert zugeordnet werden konnten, was die Aussagefähigkeit der Untersuchung einschränkt. Brunner und Langer (1999) wiesen mittels des Kruskal-Wallis-Tests schwach-signifikante Unterschiede in den Anfangsbedingungen der Flächen nach und schlugen daher vor, das Schwergewicht der Auswertung auf eine Interpretation der Wechselwirkungen zu legen.

Um im wesentlichen dieselben Anweisungen für die Berechnung der bedingten Log-Likelihood verwenden zu können wie bei gruppierten Daten, definiert man SAS-Variablen **n1-n8** und setzt diese alle gleich 0, mit Ausnahme der zur beobachteten Boniturnote korrespondierenden Variable, die gleich 1 gesetzt wird. Für die Boniturnote $B = 5$ setzen wir $n_1 = n_2 = n_3 = n_4 = n_6 = n_7 = n_8 = 0$ und $n_5 = 1$. Hiermit kann dann dieselbe Syntax verwendet werden wie bei gruppierten Daten.

Wir passen die Modelle mit und ohne Wechselwirkungen zwischen den Faktoren Zeit und Fläche an und finden -2 Log Likelihood = 774,4 für das Modell mit Wechselwirkungen und -2 Log Likelihood = 790,5 für das Modell ohne Wechselwirkungen. Die Likelihood-Ratio-Statistik hat den Wert $790,5 - 774,4 = 16,1$ und ist signifikant gegen eine Chi-Quadrat-Verteilung mit 6 Freiheitsgraden. Daher arbeiten wir im folgenden mit dem vollen Modell. Wir interessieren uns vor allem für die Frage, ob es einen Zeittrend auf den drei Flächen gibt und ob die Flächen sich im Trend unterscheiden. Hierzu schätzen wir den linearen Trend-Kontrast

$$I_i = -3m_1 - m_2 + m_3 + 3m_4$$

für die i -te Fläche. Zur weiteren Prüfung von Wechselwirkungen führen wir paarweise Vergleiche der Kontraste durch (Kasten 5).

Kasten 5: Trendtests für Kronenvitalitätsdaten.

Additional Estimates						
Label	Estimate	Standard Error	DF	t Value	Pr > t	
trend0	-1.5429	1.1184	71	-1.38	0.1721	(I ₁)
trend1	-5.1538	1.1002	71	-4.68	<.0001	(I ₂)
trend2	-6.8305	1.0508	71	-6.50	<.0001	(I ₃)
trend0	-1 3.6109	1.5393	71	2.35	0.0218	(I ₁ -I ₂)
trend0	-2 5.2876	1.5014	71	3.52	0.0008	(I ₁ -I ₃)
trend1	-2 1.6767	1.4332	71	1.17	0.2460	(I ₂ -I ₃)

Alle t-Tests sind nur approximativ gültig. Insbesondere ist die Bestimmung der Freiheitsgrade *ad hoc* [Zahl der primären Beobachtungen (subjects) = Bäume minus Eins]. Für Fläche D0 gibt es keinen signifikanten Trend hin zu kleineren Boniturnoten, wohl aber für die beiden anderen Flächen. Der Unterschied der Flächen D1 und D2 ist nicht signifikant, während diese beiden Flächen sich jeweils signifikant von D0

im Trend unterscheiden. Die Ergebnisse decken sich sehr gut mit denen von Brunner und Langer (1999), die dieselben Daten mit einem nichtparametrischen Verfahren analysierten, bei dem Trends mittels Kontrasten sog. relativer Marginaleffekte definiert werden. Die dort berechneten t-Statistiken und p-Werte sind den hier nach dem Schwellenwert berechneten Werten relativ nahe. Zum Vergleich berechnen wir relative Marginaleffekte gemäß der allgemeinen Definition von Brunner und Langer (1999, S. 32 ff.) nach dem Schwellenwertmodell. Für die Fläche $i = 1$ (D0) zum Zeitpunkt $j = 1$ (1993) ist der relative Marginaleffekt beispielsweise wie folgt definiert:

$$p_{11} = \frac{1}{4(m_1 + m_2 + m_3)} \sum_{i=1}^3 \sum_{j=1}^4 m_i \Phi \left(\frac{m_{11} - m_j}{\sqrt{2(S_u^2 + 1)}} \right)$$

wobei m_i die Zahl der Bäume auf der i -ten Fläche ist und $\Phi(\cdot)$ die kumulative Dichtefunktion der Standardnormalverteilung. Dies ist das mit dem Stichprobenumfang m_i gewichtete Mittel der Wahrscheinlichkeiten, daß die latente Variable eines Baumes der Fläche 1 zum Zeitpunkt 1 größer ist als diejenige eines zufällig gewählten Baumes zu einem zufällig gewählten Zeitpunkt auf einer zufällig gewählten Fläche (Man beachte, daß diese Definition eines Effekts vom Design abhängt, das heißt von den Stichprobenumfängen m_i). Der relative Effekt läßt sich in NL MIXED leicht mit der ESTIMATE Anweisung schätzen (siehe Anhang). Nähere Details zur Interpretation relativer Marginaleffekte finden sich bei Brunner und Langer (1999). Die nach beiden Methoden berechneten Effekte (Tabelle 2) stimmen sehr gut überein. Dies ist ein Hinweis darauf (obschon kein Beweis), daß die parametrischen Annahmen des Schwellenwertmodells hier vernünftig sind, da dieses Modell die stärkeren Annahmen macht.

Tab. 2: Relative Marginaleffekte berechnet nach dem Schwellenwertmodell mit Wechselwirkungen. Zum Vergleich relative Marginaleffekte nach dem nichtparametrischen Verfahren von Brunner und Langer (1999, S. 128).

Fläche	Nichtparametrisch				Schwellenwertmodell [§]			
	93	94	95	96	93	94	95	96
D0	0.47	0.36	0.38	0.42	0.48 (0.05)	0.36 (0.05)	0.38 (0.05)	0.42 (0.05)
D2	0.63	0.49	0.48	0.46	0.64 (0.05)	0.48 (0.05)	0.47 (0.05)	0.45 (0.04)
D1	0.69	0.58	0.52	0.46	0.69 (0.04)	0.58 (0.04)	0.53 (0.04)	0.46 (0.04)

§ Asymptotischer Standardfehler in Klammern.

Hier wurde ein relativ einfaches Modell für die zufälligen Effekte angenommen. Für den Zufallsvektor $y_{ik} = (y_{i1k}, y_{i2k}, y_{i3k}, y_{i4k})$ wurde angenommen, daß $\text{var}(y_{ik}) = J_4 S_u^2 + I_4 S^2$, wobei J_4 eine 4-dimensionale quadratische Matrix mit Einsen und I_4 die 4-dimensionale Einheitsmatrix ist. Da für jeden Baum eine Zeitreihe von vier Beobachtungen vorliegt, ist dies eine relativ einfache Annahme. Prinzipiell kommen hier

auch spezielle Zeitreihenmodelle für $\text{var}(y_{ik})$ in Frage, wie z.B. autoregressive Modelle. Diese sind aber mit NLMIXED nur mit einem sehr hohen Rechenaufwand anzupassen, da hier anstatt über einen zufälligen Effekt über vier zufällige Effekte integriert werden muß. Daher werden solche Modelle hier nicht näher untersucht.

3.2. Bekannte Schwellenwerte

Beispiel 5 (Wertprüfungsdaten): Bei den Wertprüfungen des Bundessortenamtes wird nur ein Boniturwert je Parzelle erhoben, so daß ungruppierte Daten vorliegen. Für viele Merkmale wird dabei eine metrische Skala unterlegt, so beispielsweise bei Krankheiten und Schädlingen (Bundessortenamt, 2000, S. 2.7-3), wie in Tabelle 3 gezeigt. Daher ist eine Verrechnung nach dem Schwellenwertmodell unter der Annahme bekannter Schwellenwerte prinzipiell möglich, was die Ausnutzung der Information gegenüber einer Auswertung mit unbekanntem Schwellenwerten nicht unerheblich verbessern dürfte. Falls die unterlegte metrische Skala auf Prozentwerten basiert wie im Beispiel in Tabelle 3, ist eine Transformation der Schwellenwerte notwendig, um auf der transformierten Skala dann eine Normalverteilung annehmen zu können. Hier kämen beispielsweise die Probit- oder die Logit-Transformation (Tabelle 3) in Frage.

Tab. 3: Boniturschema des Bundessortenamtes (2000, S. 2.7-3) für Krankheiten und Schädlinge.

Bonitur	Prozentskala	Schwellenwert	
		Prozent	Logit
1 = fehlend	0%		
2 = sehr gering bis gering	> 0 - 2%	2%	-3.89182
3 = gering	> 2 - 5%	5%	-2.94444
4 = gering bis mittel	> 5 - 8%	8%	-2.44235
5 = mittel	> 8 - 14%	14%	-1.81529
6 = mittel bis stark	> 14 - 22%	22%	-1.26567
7 = stark	> 22 - 37%	37%	-0.53222
8 = stark bis sehr stark	> 37 - 61%	61%	0.44731
9 = sehr stark	> 61 - 100%		

Problematisch ist bei der Verrechnung des Einzelversuches die geringe Zahl von Beobachtungen je Prüfglied (2-4). Die Situation wird etwas günstiger, wenn eine größere Zahl von Versuchen als Serie ausgewertet werden, wie es routinemäßig beim Bundessortenamt der Fall ist. Eine Auswertung etwa nach dem für Serien üblichen Modell, angewendet auf die latente Variable:

$$y_{ijk} = I_j + a_i + b_{jk} + u_{ij} + e_{ijk}$$

wobei

I_j = Haupteffekt der j -ten Umwelt

a_i = Haupteffekt der i -ten Sorte

b_{jk} = Effekt des k -ten Block in der j -ten Umwelt

u_{ij} = Wechselwirkung zwischen der j -ten Umwelt und der i -ten Sorte

e_{ijk} = Resteffekt der ijk -ten Parzelle

ist mit NLMIXED möglich. Die Restkomponente e_{ijk} subsumiert hierbei den Parzellenfehler und den Stichprobenfehler, sofern keine gruppierten Daten vorliegen. Falls Umwelten wie üblich als zufällig betrachtet werden, sind die Effekte I_j und u_{ij} als zufällig anzusetzen. Allerdings kann der Effekt I_j auch formal als fest behandelt werden. Dies entspricht der "method of fitting constants - FITCON" (Patterson, 1997), bei der die ohnehin oft zu vernachlässigende Inter-Umwelt-Information nicht genutzt wird. Der Vorteil der FITCON-Methode ist eine deutlich geringere Rechenzeit gegenüber der Auswertung mit zufälligem Umwelthaupteffekt I_j , weil nur ein zufälliger Effekt aus der Likelihood integriert werden muß. Eine eingehende Untersuchung zur Anwendung des Schwellenwertmodells für diese Art von Daten ist für die Zukunft geplant.

4. Abschließende Bemerkungen

Den in dieser Arbeit diskutierten Beispielen ist gemeinsam, daß der lineare Prädiktor h nur einen zufälligen Effekt hat. Grundsätzlich ist es mit NLMIXED auch möglich, mehr als einen zufälligen Effekt zu modellieren. Allerdings steigt der Rechenaufwand wegen der notwendigen numerischen Integration über die zufälligen Effekte deutlich mit der Anzahl der zufälligen Effekte. Zu beachten ist hierbei, daß lediglich eine RANDOM Anweisung verwendet werden kann ist, wobei für die verschiedenen zufälligen Effekte dann eine multivariate Normalverteilung angegeben werden muß. Näheres ist der Dokumentation für die Prozedur NLMIXED zu entnehmen.

Auch bei exakter Berechnung der Log-Likelihood sind Tests (Wald-Tests, Likelihood-Ratio-Tests, Score-Tests) basierend auf den resultierenden ML-Schätzern nur für "große" Stichprobenumfänge gültig. Was im Einzelfall "groß" genug ist, ist nicht generell zu sagen und muß am besten durch Simulationen geklärt werden. Vor allem im Beispiel 4, aber auch in Beispiel 1, sind die Fallzahlen relativ klein und die Ergebnisse insofern mit Vorsicht zu genießen. Simulationen sind derzeit noch sehr rechenaufwendig, da bereits die Verrechnung eines einzigen Datensatzes mehrere Minuten oder Stunden dauern kann. Für die Zukunft sind solche Simulationen basierend auf der Prozedur NLMIXED geplant.

Als Alternative zum Schwellenwertmodell kommen auf Rängen beruhende nichtparametrische Verfahren in Frage (Brunner und Langer, 1999). Diese haben den Vorteil, daß keine parametrischen Annahmen getroffen werden müssen, wie beim Schwellenwertmodell. Die Asymptotik greift hier oft schon bei relativ kleinen Stichprobenumfängen, und die Rechenzeit ist zu vernachlässigen, was ein entscheidender Vorteil gegenüber dem Schwellenwertmodell mit zufälligen Effekten ist. Die nichtparametrische Theorie unterliegt derzeit allerdings einer rasanten Entwicklung, und es gibt noch kein so umfassendes und einheitliches Theoriegebäude wie bei linearen und verallgemeinerten linearen Modellen (Brunner und Langer, 1999, S. 67). Auf Rängen beruhende nichtparametrische Verfahren können nicht die volle Information nutzen, wenn die Schwellenwerte bekannt sind. Die Schätzung von Mittelwerten und Varianzen wie in Beispiel 2 ist mit Rangverfahren nicht möglich und erfordert eine parametrische Modellspezifikation wie sie mittels des Schwellenwertmodells möglich ist. Ein weiterer Vorteil des

Schwellenwertmodells ist, daß der in der Anwendung linearer Modelle bewanderte Nutzer im bekannten Fahrwasser bleibt.

Danksagung

Mein Dank gilt Herrn Eberhard Kölsch (Fachgebiet Ökologische Land- und Pflanzenbausysteme, Universität-Gesamthochschule Kassel) für die Bereitstellung der Kartoffelfeldaten. Außerdem danke ich Frau Edith Kalka und Herrn Prof. Dr. Bernd Wirthgen (Fachgebiet Agrarmarktlehre/Marketing, Universität-Gesamthochschule Kassel) sowie Frau Prof. Dr. Angelika Meier-Ploeger (Fachhochschule Fulda) für die Überlassung der Quarkdaten, welche im Rahmen des EU Forschungsprojekt "Hofeigene Lebensmittelverarbeitung in Europa" (FAIR1 CT95-0360) erhoben wurden.

Literatur

- BRESLOW, N. R., Clayton, D. G. (1993): Approximate inference in generalized linear mixed models. *Journal of the American Statistical Association* 88: 8-25.
- BRUNNER, E., Langer, F. (1999): Nichtparametrische Analyse longitudinaler Daten. Oldenbourg, München.
- BUNDESSORTENAMT (2000): Richtlinien für die Durchführung von landwirtschaftlichen Wertprüfungen und Sortenversuchen. Landbuch Verlag, Hannover.
- JANSEN, J. (1990): On the statistical analysis of ordinal data when extravariation is present. *Applied Statistics* 39: 75-84.
- KEEN, A., Engel, B. (1997): Analysis of a mixed model for ordinal data by iterative re-weighted REML. *Statistica Neerlandica* 51: 129-144.
- MCCULLAGH, P. (1980): Regression models for ordinal data (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society B* 42: 109-142.
- MCCULLAGH, P., Nelder, J. (1989): Generalized linear models. Chapman and Hall, London.
- PATTERSON, H. D. (1997): Analysis of series of variety trials. In: Kempton RA and Fox PN (eds) *Statistical methods for plant variety evaluation*. Chapman and Hall, London, S. 139-161.
- PIEPHO, H. P. (1997): Schwellenwertmodelle mit festen und zufälligen Effekten für Boniturdaten aus landwirtschaftlichen Versuchen. *Informatik, Biometrie und Epidemiologie in Medizin und Biologie* 28: 185-197.
- PINHEIRO, J. C., Bates, D. M. (1995): Approximations to the log-likelihood function in the nonlinear mixed effects model. *Journal of Computational and Graphical Statistics* 4: 12-35.
- SCHUMACHER, E., Thöni, H. (1990): Auswertung von Boniturwerten. *Agrarinformatik* 18: 51-62.
- SNEDECOR, G. W., Cochran, W. G. (1967): *Statistical methods*. Sixth edition. Iowa State University Press, Ames.
- THÖNI, H. (1985): Auswertung von Bonituren: Ein empirischer Methodenvergleich. *EDV in Medizin und Biologie* 16: 108-114.
- THÖNI, H. (1992): Auswertung von Boniturdaten: Ein empirischer Methodenvergleich. II. Signifikanzprüfung von Prüfgliedeffekten. *Biometrie und Informatik in Medizin und Biologie* 23: 144-156.

WIRTHGEN, B., Meier-Ploeger, A., Kalka, E. (1999): Rapport Final, Contrat FAIR 1 CT95-0360. Agroalimentaire paysan européen. Universität Gh Kassel, Witzenhausen. Fachgebiet Agrarmarktlehre/Marketing.

WOLFINGER, R., O'Connell, M. (1993): Generalized linear models: a pseudo-likelihood approach. *Journal of Statistical Computation and Simulation* 48: 233-243.

Auswertung von Bonituren mit der SAS Prozedur NLMIXED (H.-P. Piepho)

Zusammenfassung

Diese Arbeit erläutert die Nutzung der neuen SAS Prozedur NLMIXED zur Anpassung des Schwellenwertmodells für Boniturdaten mittels der Maximum Likelihood Methode. Es werden Beispiele gegeben sowohl für gruppierte als auch für ungruppierte Daten. Desweiteren wird gezeigt, wie das Schwellenwertmodell im Fall bekannter Schwellenwerte angepaßt werden kann.

Stichworte: Schwellenwertmodell, Maximum Likelihood Methode

Evaluation of "Bonituren" with the SAS procedure NLMIXED (H.-P. Piepho)

Summary

This paper shows how to fit threshold models to ordered categorical data by the Maximum Likelihood method using the new SAS procedure NLMIXED. We give examples for grouped as well as for ungrouped data. It is also shown how to fit the threshold model in case of known threshold values.

Key words: Threshold model, Maximum Likelihood method, ordered categorical data

Der Autor, Prof. Dr. Hans-Peter Piepho, ist Professor für Bioinformatik an der Universität Hohenheim, Fruwirthstrasse 23, 70599 Hohenheim. Er ist telefonisch erreichbar unter (0711) 459-2386. Seine e-mail Adresse lautet: piepho@uni-hohenheim.de.

Anhang Einige SAS Anweisungen für die Beispiele

Beispiel 1

```

data temp;
  do i=1 to 3;
    do j=1 to 4;
      input male female @@;
      do block=1 to 4;
        input n1-n3 @@;
        output;
      end;
    end;
  end;
cards;
1 1 0 3 6 2 2 6 2 3 5 2 5 3
1 2 2 3 5 0 3 7 4 6 0 2 3 5
1 3 3 4 3 7 2 1 1 1 7 2 3 5
1 4 0 5 5 5 4 1 2 8 0 1 4 5
2 1 1 4 4 2 2 6 1 2 7 1 5 4
2 2 1 4 5 3 4 2 1 6 3 4 2 4
2 3 4 3 3 5 1 4 3 3 4 4 2 4
2 4 1 4 5 1 2 6 8 2 0 2 5 3
3 1 0 0 9 3 5 2 2 5 3 0 0 10
3 2 5 3 2 3 2 5 3 6 1 2 1 7
3 3 0 3 6 2 5 3 1 3 6 0 3 7
3 4 3 0 7 5 2 3 7 3 0 3 4 3
;

/*Modell ohne Wechselwirkungen*/

proc qlmmmod data=temp outdesign=temp2 noprint;
class male female block;
model n1=male female block/noint;
run;

data temp3;
set temp;
set temp2;
array b b1-b3; /*Blockeffekte*/
array m m1-m3; /*Genotypeneffekte Vater*/
array f f1-f3; /*Genotypeneffekte Mutter*/
array col coll-coll11;
do i=1 to 3;
  m[i]=col[i];
end;
do i=1 to 3;
  f[i]=col[3+i];
end;
do i=1 to 3;
  b[i]=col[7+i];
end;
parzelle = _n_;
dummy=1;
keep b1-b3 m1-m3 f1-f3 n1-n3 subject dummy;

proc nlmixed;
parms b 1-b 3=0 m 1-m 3=1 f 1-f 3=1 d 1=1 v u=0.1;
bounds d > 0, v u > 0;
eta = b 1*b1 + b 2*b2 + b 3*b3
      + m 1*m1 + m 2*m2 + m 3*m3
      + f 1*f1 + f 2*f2 + f 3*f3
      + u;
p1=probnorm(-eta);
p2=probnorm(d 1-eta)-p1;
p3=1-p1-p2;
if p1>1e-8 then log_p1=log(p1); else log_p1=-1e100;
if p2>1e-8 then log_p2=log(p2); else log_p2=-1e100;
if p3>1e-8 then log_p3=log(p3); else log_p3=-1e100;
ll=n1*log p1+n2*log p2+n3*log p3;
ll=ll-lgamma(n1+1)-lgamma(n2+1)-lgamma(n3+1)
+lgamma(n1+n2+n3+1);
model dummy ~ general(ll);
random u ~ normal(0, v u) sub=parzelle;
estimate 'vater1-vater2' m 1-m 2;
estimate 'vater1-vater3' m 1-m 3;
estimate 'vater2-vater3' m 2-m 3;
estimate 'mutter1-mutter2' f 1-f 2;
estimate 'mutter1-mutter3' f 1-f 3;
estimate 'mutter1-mutter4' f 1;
estimate 'mutter2-mutter3' f 2-f 3;
estimate 'mutter2-mutter4' f 2;
estimate 'mutter3-mutter4' f 3;
run;

```

Beispiel 2

```

data temp0;
input
zeile spalte sorte n1 n2 n3 n4 n5 n6 n7 n8 n9;
datalines;
1 1 1 50 17 32 71 131 201 95 41 68
1 2 2 41 28 57 86 118 172 62 30 74
1 3 3 95 91 104 165 205 158 17 7 7
1 4 4 43 33 56 81 122 173 46 27 34
1 5 5 140 111 158 208 173 103 11 4 3
1 6 6 210 126 148 168 124 77 13 4 5
1 7 7 88 77 103 124 118 141 41 27 37
1 8 8 20 33 60 79 86 129 44 18 40
1 9 9 44 62 103 120 134 112 26 5 21
1 10 10 55 68 83 134 109 64 23 4 11

```

```

2 1 7 86 87 110 132 144 202 64 30 97
2 2 10 99 81 153 205 189 144 16 7 6
2 3 8 28 30 44 106 137 138 35 16 82
2 4 6 228 162 169 157 111 104 22 13 23
2 5 9 27 23 45 91 97 132 40 13 35
2 6 1 35 28 44 73 132 191 88 49 63
2 7 3 99 91 135 227 194 156 25 2 6
2 8 5 97 90 149 185 196 189 31 3 12
2 9 2 54 49 70 96 134 205 66 41 69
2 10 4 38 40 48 104 131 216 84 31 47
3 1 8 31 47 71 90 123 162 39 30 53
3 2 6 238 177 222 171 115 72 17 1 16
3 3 4 43 47 68 105 182 183 56 29 30
3 4 7 82 85 95 151 144 192 72 32 67
3 5 2 36 67 86 113 175 182 40 30 22
3 6 5 80 115 181 219 207 130 20 5 7
3 7 9 29 51 86 135 130 148 42 12 29
3 8 10 43 96 141 200 178 145 20 9 6
3 9 3 115 143 224 276 216 134 17 2 2
3 10 1 17 22 31 60 102 153 48 23 31
4 1 9 39 41 60 98 118 155 47 26 41
4 3 5 116 164 189 224 205 123 18 2 4
4 4 1 20 24 37 74 109 174 62 30 33
4 5 10 54 87 163 215 176 116 10 6 11
4 6 8 9 23 39 118 83 90 43 18 49
4 7 2 49 38 98 121 185 193 58 24 40
4 8 4 40 44 78 126 141 202 51 24 27
4 9 6 156 136 149 167 110 84 15 8 15
4 10 7 78 71 99 90 120 131 54 25 57
;
/*heterogene Varianzen*/

proc qlmmmod data=temp0 outdesign=temp2;
class zeile spalte sorte;
model n1=sorte zeile spalte/noint;
run;

data temp3;
set temp0;
set temp2;
array z z1-z3; /*Zeileneffekte*/
array s s1-s9; /*Spalteneffekte*/
array q q1-q10; /*Genotypeneffekte*/
array col coll-coll24;
do i=1 to 10;
  q[i]=col[i];
end;
do i=1 to 3;
  z[i]=col[10+i];
end;
do i=1 to 9;
  s[i]=col[14+i];
end;
parzelle = _n_;
dummy=1;
keep z1-z3 s1-s9 q1-q10 n1-n9 subject dummy;

proc nlmixed;
parms z 1-z 3=0 s 1-s 9=0 q 1-q 10=50 v_e1-v_e10=100 v_u=10;
bounds v u > 0, v_e1-v_e10 > 0;
eta = z 1*z1 + z 2*z2 + z 3*z3
      + s 1*s1 + s 2*s2 + s 3*s3 + s 4*s4 + s 5*s5
      + s 6*s6 + s 7*s7 + s 8*s8 + s 9*s9
      + q 1*q1 + q 2*q2 + q 3*q3 + q 4*q4 + q 5*q5
      + q 6*q6 + q 7*q7 + q 8*q8 + q 9*q9 + q 10*q10
      + u;
t1=30; t2=35; t3=40; t4=45; t5=50; t6=58; t7=61; t8=63;
v_e=v_e1*q1+v_e2*q2+v_e3*q3+v_e4*q4+v_e5*q5
+v_e6*q6+v_e7*q7+v_e8*q8+v_e9*q9+v_e10*q10;
s=sqrt(v_e);
p1=probnorm((t1-eta)/s);
p2=probnorm((t2-eta)/s) -p1;
p3=probnorm((t3-eta)/s) -p1-p2;
p4=probnorm((t4-eta)/s) -p1-p2-p3;
p5=probnorm((t5-eta)/s) -p1-p2-p3-p4;
p6=probnorm((t6-eta)/s) -p1-p2-p3-p4-p5;
p7=probnorm((t7-eta)/s) -p1-p2-p3-p4-p5-p6;
p8=probnorm((t8-eta)/s) -p1-p2-p3-p4-p5-p6-p7;
p9=1-p1-p2-p3-p4-p5-p6-p7-p8;
if p1>1e-8 then log_p1=log(p1); else log_p1=-1e100;
if p2>1e-8 then log_p2=log(p2); else log_p2=-1e100;
if p3>1e-8 then log_p3=log(p3); else log_p3=-1e100;
if p4>1e-8 then log_p4=log(p4); else log_p4=-1e100;
if p5>1e-8 then log_p5=log(p5); else log_p5=-1e100;
if p6>1e-8 then log_p6=log(p6); else log_p6=-1e100;
if p7>1e-8 then log_p7=log(p7); else log_p7=-1e100;
if p8>1e-8 then log_p8=log(p8); else log_p8=-1e100;
if p9>1e-8 then log_p9=log(p9); else log_p9=-1e100;
ll=n1*log p1+n2*log p2+n3*log p3+n4*log p4+n5*log p5
+n6*log p6+n7*log p7+n8*log p8+n9*log p9;
ll=ll-lgamma(n1+1)-lgamma(n2+1)-lgamma(n3+1)-lgamma(n4+1)
-lgamma(n5+1)-lgamma(n6+1)-lgamma(n7+1)-lgamma(n8+1)
-lgamma(n9+1)+lgamma(n1+n2+n3+n4+n5+n6+n7+n8+n9+1);
model dummy ~ general(ll);
random u ~ normal(0, v u) sub=parzelle;
estimate 'lambda1' g_1 + (z_1+z_2+z_3)/4
+ (s 1+s 2+s 3+s 4+s 5+s 6+s 7+s 8+s 9)/10;
/*andere Genotypen analog*/;
estimate '1-2' q 1-q 2;
/*andere Vergleiche analog*/;
run;

```

Beispiel 3

```
data kalka;
array n n1-n9;
input person @@;
do quark=1 to 7;
  input b @@;
  do i=1 to 9; n[i]=0; end;
  n[b]=1;
output;
end;
datalines;
```

1	6	4	8	6	7	2	7
2	4	3	4	3	3	4	8
3	4	7	1	6	3	3	7
4	9	8	9	7	4	7	9
5	1	6	7	3	5	3	9
6	4	1	3	1	7	1	8
7	3	6	6	2	6	6	3
8	8	8	7	7	7	8	9
9	7	7	9	9	4	6	8
10	7	4	7	7	3	2	9
11	6	4	7	5	6	3	8
12	8	7	4	4	6	8	9
13	4	3	6	5	3	5	9
14	4	7	2	5	2	7	6
15	6	9	7	7	1	7	9
16	7	6	8	4	3	3	9
17	5	7	3	6	4	2	8
18	2	1	6	2	4	2	7
19	6	6	4	7	3	3	9
20	3	7	4	4	8	2	8
21	4	6	4	5	3	3	7
22	3	1	8	1	3	3	9
23	8	8	3	6	7	5	8
24	8	8	7	7	3	6	8
25	4	2	6	6	1	7	2
26	5	3	2	6	3	3	4
27	4	6	3	2	2	7	6
28	7	5	7	5	4	3	6
29	7	6	3	4	8	4	7
30	6	3	3	1	9	9	9
31	3	4	7	4	7	5	8
32	6	6	6	4	5	5	5
33	4	8	2	5	4	7	1
34	4	5	5	5	6	4	5
35	5	5	6	2	3	2	8
36	6	5	6	5	5	4	5
37	1	2	2	3	2	2	8
38	3	2	1	1	2	6	7
39	7	7	2	5	9	8	8
40	3	3	8	2	6	6	9
41	7	6	2	7	2	5	9
42	7	5	8	6	8	5	6
43	7	9	9	1	5	5	7
44	8	6	8	7	7	7	7
45	7	5	4	7	3	7	5
46	5	6	2	1	1	3	5
47	8	8	8	3	4	7	6
48	2	3	8	3	7	2	7
49	8	7	3	4	8	1	8
50	5	8	2	2	9	7	7
101	6	7	4	7	3	6	9
102	5	6	1	8	1	3	4
103	8	8	6	6	4	7	6
104	3	8	1	4	3	7	8
105	3	4	3	4	3	5	2
106	8	6	4	5	3	7	4
107	2	6	4	7	3	6	5
108	3	2	5	3	7	2	6
109	3	6	6	4	6	2	8
110	6	6	2	5	3	7	3
111	7	7	2	6	9	3	5
112	3	6	3	5	4	4	3
113	6	5	5	7	8	6	8
114	5	1	7	2	6	8	5
115	7	2	1	8	1	9	2
116	4	7	7	6	7	6	7
117	4	9	2	7	5	5	8
118	6	8	4	6	7	7	7
119	7	7	3	8	2	7	8
120	5	6	7	5	8	7	7
121	5	3	6	6	3	1	7
122	7	7	5	5	3	6	9
123	7	5	5	5	4	3	9
124	4	8	3	8	6	9	7
125	6	8	5	5	2	4	5
126	2	5	3	7	1	6	6
127	6	4	6	4	4	7	8
128	4	6	7	5	8	4	5
129	5	5	2	4	2	7	8
130	5	6	7	3	4	6	8
131	6	4	6	7	9	3	8
132	7	3	8	2	7	2	8
133	3	2	3	7	8	7	8
134	6	7	3	4	5	7	4
135	7	4	8	4	2	5	8
136	4	5	4	4	5	4	8
137	8	5	5	5	6	4	7
138	6	3	5	6	3	4	5
139	6	4	4	5	7	4	7
140	5	5	5	5	3	5	6
141	7	7	4	6	5	6	4
142	7	7	2	7	5	7	7

143	7	6	7	6	8	5	8
144	5	4	8	3	3	3	8
145	2	3	6	5	5	7	5
146	6	6	4	5	8	3	9
147	6	5	8	5	8	8	7
148	7	6	1	3	3	1	6
149	9	7	4	8	7	7	6
150	4	5	5	7	4	5	9
151	6	5	4	3	1	1	8
152	4	3	5	6	3	7	7
153	8	9	8	9	5	9	9
154	5	7	5	5	8	5	8
155	5	2	1	7	9	7	2
156	5	6	1	3	3	1	3
157	6	7	6	8	3	9	8
158	5	8	4	7	3	6	4
159	9	7	1	7	5	4	8
160	5	1	8	7	5	3	2
161	3	4	4	7	9	8	6
162	7	6	5	4	4	6	7
163	2	6	3	2	4	7	8
164	5	8	8	6	7	5	7
165	6	7	5	7	6	9	8
166	7	8	3	6	2	7	8
167	4	6	3	7	2	8	4
168	8	9	2	9	4	9	6
169	7	6	7	5	6	7	5
170	3	4	2	8	3	8	9
171	8	2	1	6	1	9	6
172	5	3	2	8	4	7	9
173	2	1	8	3	8	1	8
174	3	6	1	4	2	8	9
175	6	9	5	5	6	6	9
176	1	8	1	2	6	5	4
177	4	8	5	5	3	5	5
178	7	2	8	7	5	7	2
179	7	9	2	9	6	7	9
180	8	7	5	7	6	5	7
181	8	8	2	4	7	7	5
182	7	7	3	8	8	7	7
183	8	9	1	4	2	7	2
184	5	8	7	5	3	4	9
185	7	7	4	5	8	7	7
186	2	6	8	4	2	3	9
187	7	9	6	8	4	9	9
188	5	4	2	8	1	7	7
189	8	6	2	5	2	5	7
190	5	6	3	8	3	8	4
191	6	2	1	8	1	9	5
192	3	3	1	6	6	7	4
193	2	4	1	3	8	6	6
194	8	7	1	6	4	4	8
195	8	9	1	3	2	4	7
196	5	6	4	4	5	7	4
197	5	6	4	5	3	5	6
198	5	4	4	6	6	6	8
199	7	6	3	8	4	8	8
200	4	6	3	3	2	5	2
201	6	7	4	5	5	6	5
202	8	6	6	2	3	9	9

```
;
proc glmmod data=kalka outdesign=temp2 noprint;
class quark;
model n1=quark/noint;
run;

data temp3;
set kalka;
set temp2;
array q q1-q7; /*Quarkeffekte*/
array col col1-col7;
do i=1 to 7;
  q[i]=col[i];
end;
dummy=1;
keep q1-q7 n1-n9 person dummy;

proc nlmixed data=temp3;
parms q_1-q_7=2 d_1-d_7=0.5 v_u=4;
bounds d_1-d_7>0, v_u > 0;
eta = q_1*q1 + q_2*q2 + q_3*q3 + q_4*q4
      + q_5*q5 + q_6*q6 + q_7*q7
      + u;
p1=probnorm(-eta);
p2=probnorm(d_1-eta) -p1;
p3=probnorm(d_1+d_2-eta) -p1-p2;
p4=probnorm(d_1+d_2+d_3-eta) -p1-p2-p3;
p5=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4-eta) -p1-p2-p3-p4;
p6=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4+d_5-eta) -p1-p2-p3-p4-p5;
p7=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4+d_5+d_6-eta) -p1-p2-p3-p4-p5-p6;
p8=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4+d_5+d_6+d_7-eta) -p1-p2-p3-p4-p5-p6-p7;
p9=1 -p1-p2-p3-p4-p5-p6-p7-p8;
if p1>1e-8 then log_p1=log(p1); else log_p1=-1e100;
if p2>1e-8 then log_p2=log(p2); else log_p2=-1e100;
if p3>1e-8 then log_p3=log(p3); else log_p3=-1e100;
if p4>1e-8 then log_p4=log(p4); else log_p4=-1e100;
if p5>1e-8 then log_p5=log(p5); else log_p5=-1e100;
if p6>1e-8 then log_p6=log(p6); else log_p6=-1e100;
if p7>1e-8 then log_p7=log(p7); else log_p7=-1e100;
if p8>1e-8 then log_p8=log(p8); else log_p8=-1e100;
if p9>1e-8 then log_p9=log(p9); else log_p9=-1e100;
ll=n1*log_p1+n2*log_p2+n3*log_p3+n4*log_p4
+n5*log_p5+n6*log_p6+n7*log_p7+n8*log_p8+n9*log_p9;
```

```

model dummy ~ general(11);
random u ~ normal(0, v_u) sub=person;
estimate 'q1-q2' q_1-q_2;
/*andere vergleiche analog*/
estimate 'icc' v_u/(1+v_u);
run;

```

Beispiel 4

```

data d;
array n n1-n8;
do flaeche=1 to 3;
  do jahr=93 to 96 by 1;
    do i=1 to 8; n[i]=0; end;
    input y @@;
    if y ne . then do;
      n[y]=1;
      output;
    end;
  end;
end;
datalines;
2 2 2 2 8 4 4 5 2 3 2 1
1 1 1 1 1 1 1 1 6 4 4 5
3 1 2 2 4 4 4 3 3 2 2 2
2 1 1 3 4 3 3 3 1 1 1 1
5 4 3 4 2 1 1 2 4 5 4 2
1 1 1 2 5 3 3 3 6 5 5 3
4 3 3 4 3 4 4 3 8 7 6 5
4 4 4 4 4 3 3 2 3 2 2 2
1 1 2 3 5 4 4 4 3 2 2 2
3 2 2 2 2 1 2 2 5 4 4 5
4 2 3 3 5 2 2 3 2 2 2 3
6 5 4 4 7 5 5 5 3 3 1 2
2 1 2 2 6 4 5 6 5 4 3 2
3 3 4 2 6 6 3 3 6 4 4 4
3 2 1 3 4 3 5 3 8 7 8 7
1 1 2 1 5 4 3 3 5 3 2 3
6 7 6 5 1 2 2 2 4 1 1 2
1 1 1 1 2 1 1 1 3 2 3 2
6 3 3 3 6 4 4 5 4 4 4 4
1 1 1 2 3 2 2 1 4 4 4 3
8 5 6 4 4 3 3 2 6 4 4 4
1 2 1 1 2 1 1 1 5 4 3 2
. . . . 3 4 3 3 3 3 1 1
. . . . . . . . 4 4 5 4
. . . . . . . . 4 4 4 2
. . . . . . . . 3 3 2 1
. . . . . . . . 6 5 5 4
;
data d;
set d;
baum=floor((_N+3)/4);

/*mit Wechselwirkungen*/

proc glmmod data=d outdesign=temp2 noprint;
class flaeche jahr;
model n1=flaeche*jahr/noint;
run;

data temp3;
set d;
set temp2;

```

```

array jf jf1-jf12; /*Jahres*Flaecheneffekte*/
array col coll-coll12;
do i=1 to 12;
  jf[i]=col[i];
end;
dummy=1;
keep jf1-jf12 n1-n8 baum dummy;

proc nlmixed data=temp3;
parms
jf_1-jf_12=2 d_1-d_6=1 v_u=4;
eta = jf_1*jf1 + jf_2*jf2 + jf_3*jf3
      + jf_4*jf4 + jf_5*jf5 + jf_6*jf6
      + jf_7*jf7 + jf_8*jf8 + jf_9*jf9
      + jf_10*jf10 + jf_11*jf11 + jf_12*jf12
      + u;
bounds d_1-d_6>0, v_u > 0;
p1=probnorm(-eta);
p2=probnorm(d_1-eta) -p1;
p3=probnorm(d_1+d_2-eta) -p1-p2;
p4=probnorm(d_1+d_2+d_3-eta) -p1-p2-p3;
p5=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4-eta) -p1-p2-p3-p4;
p6=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4+d_5-eta) -p1-p2-p3-p4-p5;
p7=probnorm(d_1+d_2+d_3+d_4+d_5+d_6-eta) -p1-p2-p3-p4-p5-p6;
p8=1 -p1-p2-p3-p4-p5-p6-p7;
if p1>1e-8 then loq p1=log(p1); else loq p1=-1e100;
if p2>1e-8 then loq p2=log(p2); else loq p2=-1e100;
if p3>1e-8 then loq p3=log(p3); else loq p3=-1e100;
if p4>1e-8 then loq p4=log(p4); else loq p4=-1e100;
if p5>1e-8 then loq p5=log(p5); else loq p5=-1e100;
if p6>1e-8 then loq p6=log(p6); else loq p6=-1e100;
if p7>1e-8 then loq p7=log(p7); else loq p7=-1e100;
if p8>1e-8 then loq p8=log(p8); else loq p8=-1e100;
ll=n1*log_p1+n2*log_p2+n3*log_p3+n4*log_p4
  +n5*log_p5+n6*log_p6+n7*log_p7+n8*log_p8;
model dummy ~ general(11);
random u ~ normal(0, v_u) sub=baum;
estimate 'trend1' -3*jf 1-1*jf 2+1*jf 3+3*jf 4;
estimate 'trend2' -3*jf 5-1*jf 6+1*jf 7+3*jf 8;
estimate 'trend3' -3*jf 9-1*jf 10+1*jf 11+3*jf 12;
estimate 'trend1-2' -3*jf 1-1*jf 2+1*jf 3+3*jf 4
  -(-3*jf 5-1*jf 6+1*jf 7+3*jf 8);
estimate 'trend1-3' -3*jf 1-1*jf 2+1*jf 3+3*jf 4
  -(-3*jf 9-1*jf 10+1*jf 11+3*jf 12);
estimate 'trend2-3' -3*jf 5-1*jf 6+1*jf 7+3*jf 8
  -(-3*jf 9-1*jf 10+1*jf 11+3*jf 12);
estimate 'rel. eff. 1 zeit 1'
  ( 22*probnorm((jf 1 -jf 1)/sqrt(1+v_u))
  +23*probnorm((jf 1 -jf 2)/sqrt(1+v_u))
  +27*probnorm((jf_1 -jf_3)/sqrt(1+v_u))
  +22*probnorm((jf 1 -jf 4)/sqrt(1+v_u))
  +23*probnorm((jf 1 -jf 5)/sqrt(1+v_u))
  +27*probnorm((jf 1 -jf 6)/sqrt(1+v_u))
  +22*probnorm((jf 1 -jf 7)/sqrt(1+v_u))
  +23*probnorm((jf 1 -jf 8)/sqrt(1+v_u))
  +27*probnorm((jf 1 -jf 9)/sqrt(1+v_u))
  +22*probnorm((jf 1 -jf 10)/sqrt(1+v_u))
  +23*probnorm((jf 1 -jf 11)/sqrt(1+v_u))
  +27*probnorm((jf 1 -jf 12)/sqrt(1+v_u)) )/72/4;
/*die anderen rel. Marginaleffekte analog*/

```