KLAUS-DIETER FEIGE · DUMMERSTORF

Biometrie für Ornithologen

Immer mehr Freizeitornithologen haben in den letzten Jahren den Wunsch verspürt, ihre Beobachtungen nicht nur zu sammeln, zu ordnen oder anderen Ornithologen zum Zwecke der Analyse zur Verfügung zu stellen, sondern diese Beobachtungsdaten auch selbst auszuwerten. Sie möchten die neuen Erkenntnisse sozusagen aus „erster Hand" erhalten.

Bei der Auswertung der eigenen Daten macht man bald die Erfahrung, daß das Entdecken von bisher unbekannten Wechselverhältnissen in der Natur außerordentlich viel Freude bereitet, und auch die eigene, weitere Untersuchungstätigkeit am Forschungsobjekt „Vogel" zielgerichteter voranführt. Jedoch bereits nach wenigen Schritten in Richtung Auswertung der manchmal mühsam erhobenen Beobachtungsdaten stößt der Ornithologe auf das für den Amateur oft problematische Feld der „mathematischen Statistik". Die anfänglichen Schwierigkeiten mit dem mathematischen Formelapparat und die mitunter außergewöhnliche Abstraktheit der mathematischen Sprache führen manchen Wagemutigen daraufhin wieder zur gewohnten heuristischen, empirischen Arbeitsmethode zurück.

Es hat sich aber gezeigt, daß immer dann, wenn ein biomathematisches Verfahren in der Sprache des Biologen – d. h. frei vom mathematisch-theoretischen Hintergrund – dargestellt ist, dieses schon nach wenigen Versuchen aktiv angewendet werden kann.

Mit Kenntnis wichtiger Grundregeln und Verfahren lassen sich so zumindest wertvolle Teilergebnisse erzielen. Es kommt nicht immer darauf an zu wissen, warum ein Algorithmus gerade so oder anders aufgebaut ist, sondern in vielen Fällen genügt die Beherrschung des formalen Berechnungsablaufes, um über die biologischen Fachkenntnisse zu wissenschaftlich fundierten Ergebnissen zu gelangen. Mit dieser Folge von Verfahrensbeschreibungen soll der interessierte Leser nun in die Lage versetzt werden, ausgehend von einer ihn fesselnden Fragestellung über die notwendigen Eingangsinformationen in den Formelapparat eine statistisch untermauerte Aussage zum konkreten Problem bilden zu können. Bei der Darstellung der ausgewählten Auswertungsmethoden ist bewußt auf die Ableitung der Verfahren verzichtet worden, um möglichst auch mathematisch wenig vorbelasteten Ornithologen den Weg zur biomathematischen Analyse zu ebnen.

Der „Appetit" kommt dann vielleicht beim „Essen"!

1. Grundlegende Begriffe und Definitionen

Eine wichtige Voraussetzung für die Anwendung mathematisch-statistischer Verfahren durch Spezialisten nichtmathematischer Fachgebiete liegt im Finden einer gemeinsamen Sprache für beide Wissenschaftszweige. Schwierigkeiten treten insbesondere dann auf, wenn ein Begriff in verschiedenen Disziplinen für unterschiedliche Erscheinungen verwendet wird. Die folgenden Erläuterungen sind also ein Versuch, eine Brücke zwischen der Biomathematik und der Ornithologie auf begrifflicher Ebene zu schlagen, die dann einen schnelleren Zugang zu den beschriebenen Verfahren ermöglicht.

1.1. Grundgesamtheit

Unter einer Grundgesamtheit verstehen wir eine Menge von Objekten (einschließlich ihrer Existenzbedingungen), auf die wir eine bestimmte wissenschaftliche Aussage beziehen wollen.

Über diese Grundgesamtheit muß man sich bereits vor der Datenerhebung im Klaren sein, da sie wesentlich auf die konkrete Form der Beobachtungstätigkeit Einfluß nehmen kann, und andererseits durch die Art und Weise der Datenerhebung auch die Grundgesamtheit festgelegt ist. Beispiele für Grundgesamtheiten:

a) die auf einem bestimmten Gewässer in einer bestimmten Jahreszeit von 1961 bis 1975 rastenden Stockenten,

b) alle mindestens vorjährigen Kohlmeisen-♂♂ einer ausgewählten Gartenanlage,

c) die Nester des Pirols aus den drei Nordbezirken, die in Laubbäumen angelegt wurden.

Man sieht also, daß bei der Beschreibung von Grundgesamtheiten neben Merkmalen wie Artzugehörigkeit oder dem Objekt der Untersuchung weitere Faktoren oder Parameter auftauchen, die die Grundgesamtheit auf eine überschaubare Dimension reduzieren. Aussagen, die sich z. B. auf alle Vögel einer häufigen und ver-

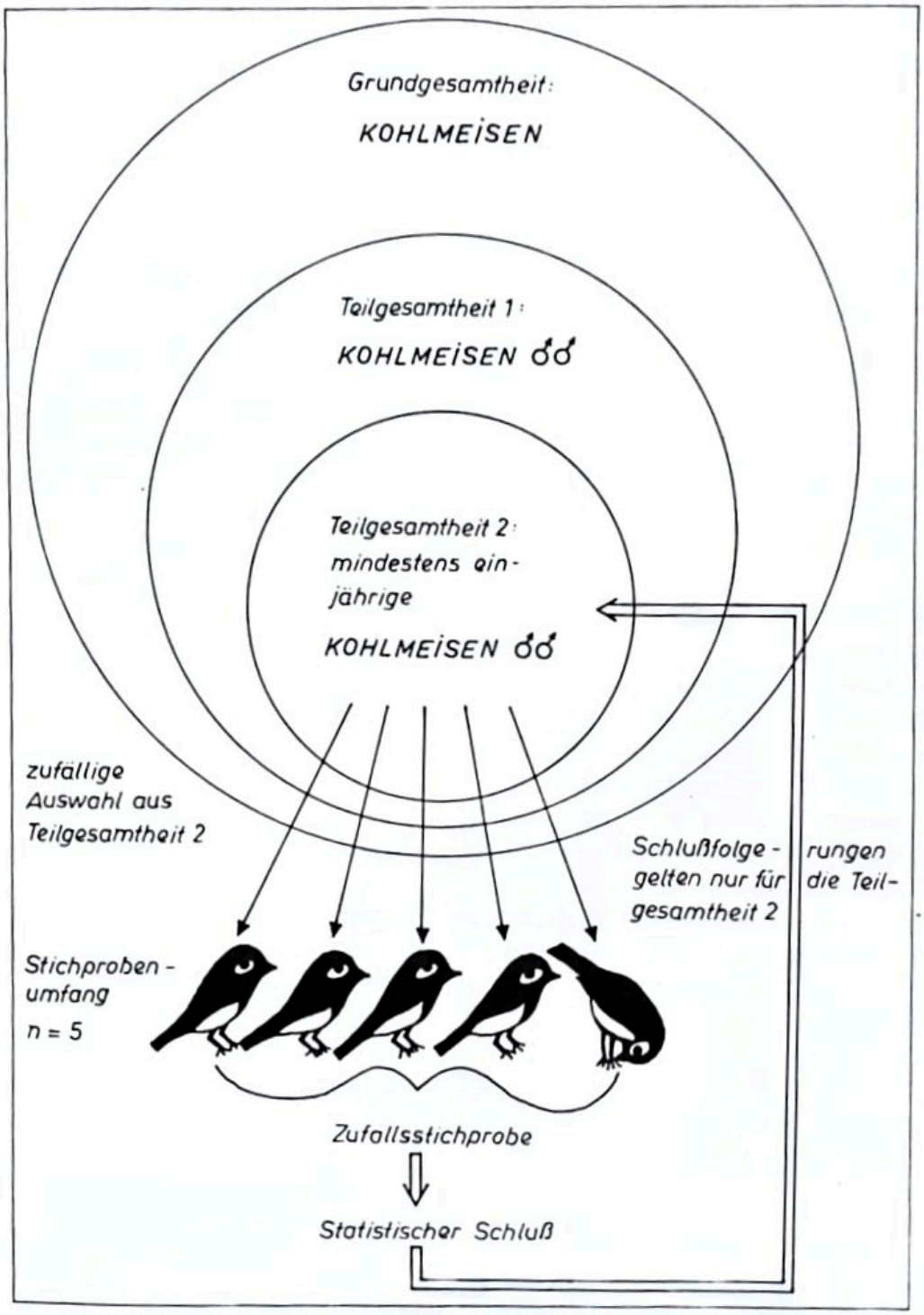

Abb. 1
Veranschaulichung der Begriffe: Grundgesamtheit, Teilgesamtheit, Zufallsstichprobe, Stichprobenumfang

breiteten Art beziehen sollen, werden den Ornithologen bei der Datenerhebung vor nahezu unlösbare Aufgaben stellen, eine gewissenhafte Arbeitsweise vorausgesetzt.

1.2. Zufallsstichprobe

Man kann sich vielleicht noch vorstellen, daß alle Kohlmeisen-♂♂ eines eng begrenzten Gebietes erfaßbar sind, doch meist ist es unmöglich, alle Individuen einer Grundgesamtheit auf einen bestimmten Sachverhalt hin zu untersuchen. Wir müssen uns also gezwungenermaßen auf die Entnahme einer Zufallsstichprobe aus der Grundgesamtheit beschränken.

Eine Stichprobe heißt dann zufällig (oder Zufallsstichprobe), wenn jedes Element der Grundgesamtheit mit gleicher Chance oder besser gleicher Wahrscheinlichkeit in die Stichprobe gelangen kann.

Die Anzahl der Elemente oder Objekte einer Stichprobe wird Stichprobenumfang genannt. Haben nun aber z. B. die auf einem bestimmten See rastenden Stockenten unterschiedliche Beobachtungswahrscheinlichkeiten – möglicherweise hervorgerufen durch differenzierte Beobachtungsbedingungen in verschiedenen Zonen des Rastgewässers – zerfällt die Menge der Stockenten in verschiedene Teilgesamtheiten.

Andererseits kann man ausgehend von einer realen Beobachtungsmethode auch die tatsächliche Grundgesamtheit ableiten, aus der man

eine Zufallsstichprobe entnommen hat. Diese bleibt dann aber häufig hinter den Erwartungen zurück, die an den Aussagebereich der Forschungsergebnisse gestellt wurden.
So könnten sich also unsere Beispielsgrundgesamtheiten durch die Art und Weise der Datenerhebung wie folgt verändern:
a) die auf einem bestimmten Gewässer in einer bestimmten Jahreszeit von 1961 bis 1975 rastenden Stockenten, die sich bei einer minimalen Sichtweite von 250 m auf der freien Wasserfläche befinden,
b) alle mindestens vorjährigen Kohlmeisen-♂♂ einer ausgewählten Gartenanlage, die über eine realisierte Fangmethode zugänglich waren,
c) die Nester des Pirols aus den drei Nordbezirken der DDR, die in Laubbäumen angelegt wurden und die sich in einer Randzone der Wälder von etwa 25 Meter Breite befanden.
Jeder Versuch, eine wissenschaftliche Aussage auf eine umfassendere Population (der Begriff „Population" wird oft synonym für „Grundgesamtheit" verwendet) als die tatsächliche zu übertragen, bedeutet eine Verringerung der Sicherheit der Ergebnisse. So muß z. B. die mittlere Gelegegröße des Hausrotschwanzes im Balkangebiet keineswegs der spanischer Vögel entsprechen, auch wenn die Vögel von einer Art sind und die Untersuchungsgebiete auf annähernd der gleichen geographischen Breite liegen. Wie groß der Sicherheitsverlust einer derartigen Verallgemeinerung ist, bleibt meist unbekannt. Ebenso schwierig ist die Ermittlung des Einflußgrades einer Existenzbedingung auf eine Aussage.

1.3. Statistische Schlüsse

Wir haben also nur die Wahl zwischen einer exakten Versuchsdurchführung mittels Zufallsstichprobe, die sich auf eine vorgegebene Grundgesamtheit bezieht, und einem mehr oder weniger großen Verlust an Genauigkeit unserer Aussagen bei Verallgemeinerung auf eine umfassendere Population. Dabei ist bereits grob umrissen, was man unter einem statistischen Schluß verstehen darf. Das Wesen des statistischen Schließens besteht also in der „Übertragung" der anhand einer Zufallsstichprobe (im folgenden nur noch „Stichprobe" genannt) gewonnenen Erkenntnisse auf die zugehörige Grundgesamtheit.
Es ist offensichtlich, daß die Übertragung der Ergebnisse, die aus einer Stichprobe gewonnen wurden, auf die ganze Population nicht ohne entsprechende Risiken oder auch Fehlerwahrscheinlichkeiten erfolgt. Diese Wahrscheinlichkeiten werden jedoch durch die zufällige Auswahl der Stichprobenelemente kalkulierbar.

1.4. Wahrscheinlichkeit

Der Fachwissenschaftler benötigt nun eine praktikable Interpretation der Begriffe Wahrscheinlichkeit und Risiko oder Fehlerwahrscheinlichkeit. Hier hat sich besonders die Häufigkeitsinterpretation bewährt:
Die Wahrscheinlichkeit p, daß ein bestimmtes Ereignis, nennen wir es einmal A, eintritt, nimmt Werte zwischen 0 und 1 an. Beobachtet man nun einen Sachverhalt in der Natur n-mal hinsichtlich des Eintreffens von A, so wird dieses etwa $n \cdot p$-mal eintreffen (oder in $p \cdot 100\%$ der n Beobachtungen).
In einigen Fällen ist es aber auch angemessen, unter einer Wahrscheinlichkeit einen subjektiven Überzeugtheitsgrad zu verstehen, wobei für $p = 0$, von der Überzeugung ausgegangen werden kann, daß das Ereignis A nie eintreten wird. Für $p = 1$ muß man davon ausgehen, daß A immer eintritt.
Beispiele:
a) Die Wahrscheinlichkeit, daß ein Vogel einer Art ein ♂ ist, sei $p = 0{,}4$. Das Ereignis A ist folglich das Feststellen des Geschlechts ♂. Nehmen wir an, daß wir ♂♂ wie ♀♀ der Art mit gleicher Sicherheit fangen können, so ist bei $n = 1000$ gefangenen Vögeln mit etwa 400 ♂♂ der Art zu rechnen.
b) Wir haben durch Messungen festgestellt, daß mit einem Risiko (1. Art) von p = 0,05 die Aussage gilt:
„Die mittlere Flügellänge von *Oriolus o. oriolus* ist größer als die von *Oriolus oriolus kundoo*".
Man interpretiert diese Aussage hinsichtlich der Genauigkeit der Feststellung dann so, daß sich bei vielen gleichartigen Untersuchungen in höchstens 5% der Erhebungen dieser Unterschied mit demselben Auswertungsverfahren nicht nachweisen läßt.
Ebenso könnten wir sagen, daß wir mit 95% Sicherheit von diesem erkannten Unterschied der mittleren Flügellängen überzeugt sein dürfen.
c) Das Ereignis A sei das Ergreifen einer Beute durch den Mäusebussard. Durch eine Serie von Beobachtungen an Bussarden aus allen Teilen des Landes konnte registriert werden, daß von 6344 Versuchen nur 539 zum Eintreffen des Ereignisses A führten.

$$\text{Mit } p(A) = \frac{539}{6344} = \underline{0{,}085}$$

erhalten wir einen Schätzwert für die Wahr-

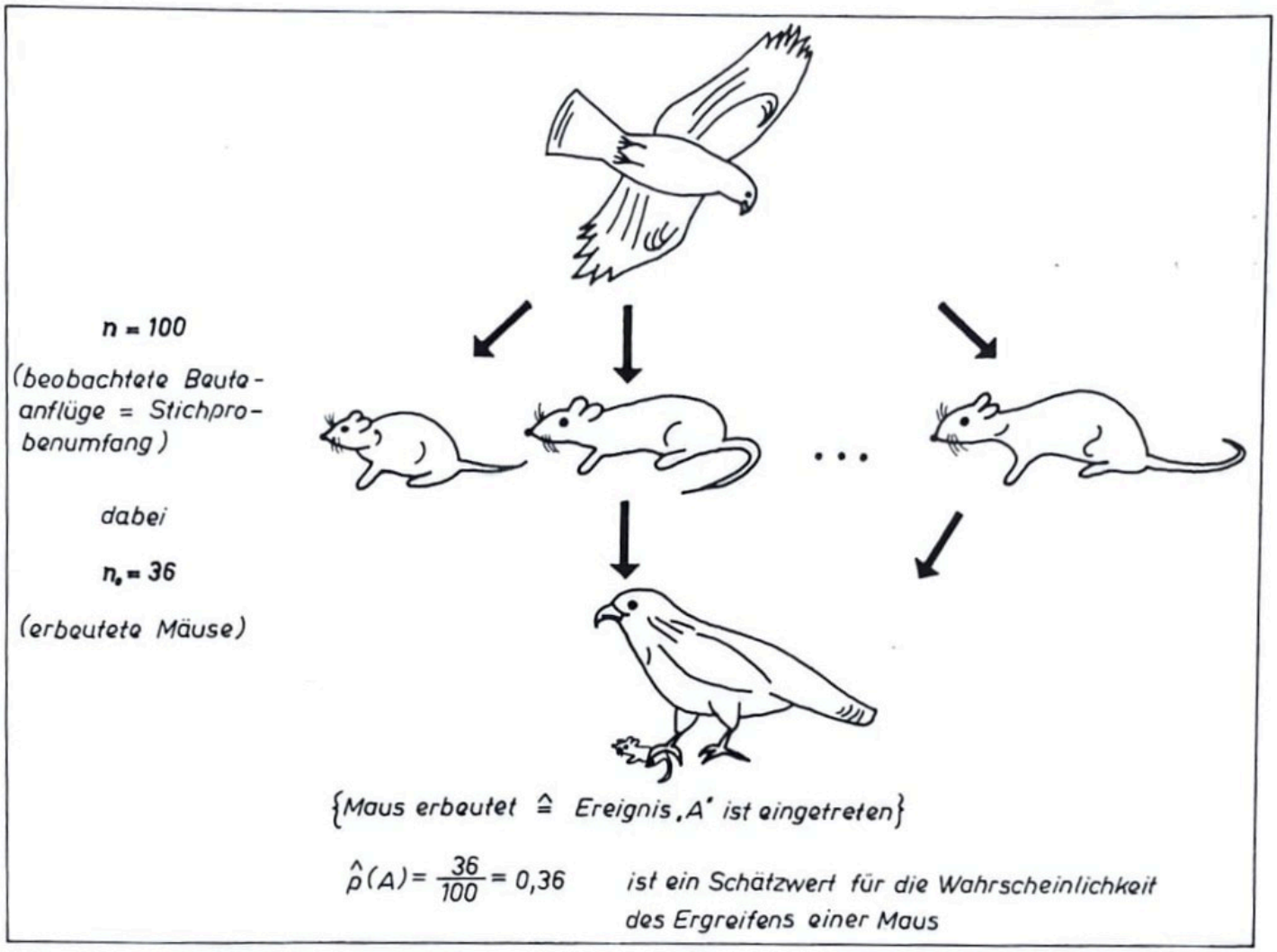

Abb. 2 Interpretation der Wahrscheinlichkeit

scheinlichkeit des Eintreffens von *A* im Sinne der Häufigkeitsinterpretation (man vergleiche mit Abb. 2).

1.5. Zufallsvariable, Merkmal, Verteilung

Eine Zufallsvariable ist eine Größe, die mit bestimmten Wahrscheinlichkeiten Werte in vorgegebenen Bereichen einer entsprechenden Werteskala annimmt. In der konkreten Realität unserer Feldarbeit ersetzt man den mathematischen Begriff Zufallsvariable geeigneterweise durch das Wort Merkmal. Bei der Erhebung einer Stichprobe werden nun nur selten die Objekte einer Population selbst erhoben.

Normalerweise handelt es sich hierbei um eine Stichprobe der Merkmalswerte. Die Merkmale werden entsprechend des Charakters ihrer Werteskalen in diskrete und kontinuierliche Merkmale (bzw. Zufallsvariablen) unterteilt. Diskrete Merkmale können nur endlich viele (oder aber abzählbar unendlich viele) Merkmalswerte annehmen, Zwischenstufen sind nicht erklärt.

Beispiele für diskrete Merkmale:

a) die Anzahl der Eier in einem Gelege,

b) die zu einem bestimmten Zeitpunkt an oder in einem Futterhaus fressenden Vögel einer Art,

c) der Brutstatus einer Art in einem Meßtischblattquadranten,

d) eine Alternativaussage (wie „ja" oder „nein", „lebend oder tot") über das Eintreffen eines Ereignisses,

e) das Geschlecht eines Tieres.

Kontinuierliche Zufallsvariablen oder Merkmale können jeden Wert innerhalb eines definierten Intervalls annehmen. Die Annahme von beliebigen Zwischenwerten ist hier nur durch die Meßgenauigkeit bei der Datenerhebung praktisch beschränkt.

Beispiele für kontinuierliche Merkmale:

a) das Gewicht eines Vogels,

b) die Höhe eines Nestes im Nistbaum,

c) die Fläche des Brutreviers eines Brutpaares,

d) die Zeitdauer zwischen zwei Fütterungen der Jungvögel durch einen Altvogel,

e) die Flügellänge eines Vogels.

Manche, für kontinuierliche Variablen ausgelegte Verfahren sind auch auf diskrete Zufallsvariablen anwendbar, wenn diese viele Merkmalsstufen (-werte) annehmen und die Werte in eine eindeutige Rangfolge gebracht werden kön-

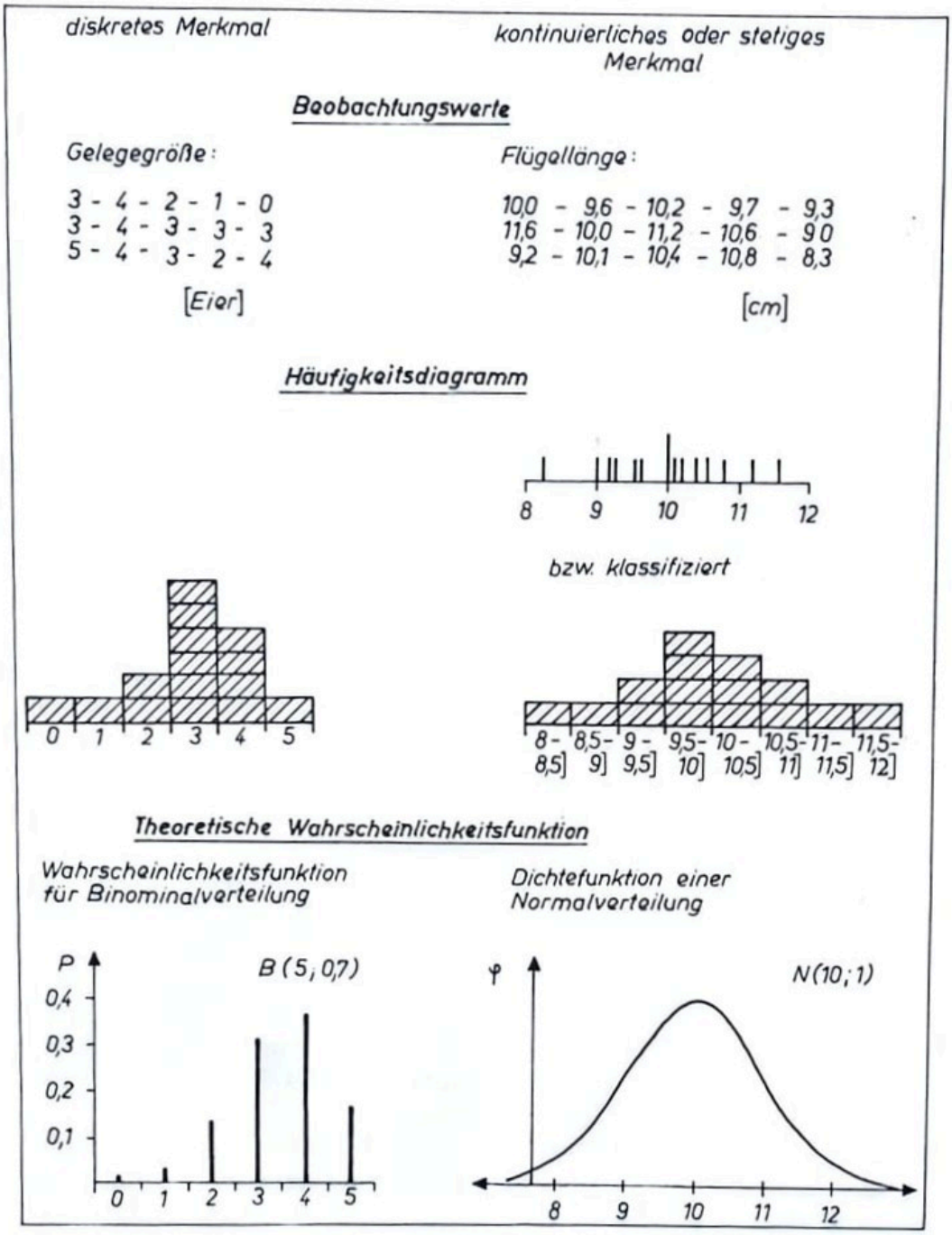

Abb. 3
Beziehungen zwischen Merkmalen, Häufigkeitsdiagrammen, Wahrscheinlichkeitsfunktionen, empirischen und theoretischen Verteilungen

nen (z.B. die Zahl der auf einem großen Gewässer rastenden Saat- und Bleßgänse).

Wir haben nun aber schon einmal definiert: Eine Zufallsvariable heißt deshalb „zufällig", weil sie Werte in vorgegebenen Intervallen mit bestimmten Wahrscheinlichkeiten annimmt – also ein erhobener Beobachtungswert kann in einen vorgegebenen Bereich der Merkmalsskala fallen, muß es aber nicht. Diese Aussage erscheint zunächst trivial, doch hinter ihr verbirgt sich eine durch den biologischen Sachverhalt vorgegebene Gesetzmäßigkeit.

Diese Gesetzmäßigkeit steuert nämlich die Verteilung der Merkmalsausprägungen der Objekte einer Grundgesamtheit. Das Verteilungsgesetz ist durch eine Verteilungsfunktion charakterisiert, die für jeden vorgegebenen Merkmalswert die Wahrscheinlichkeit dafür angibt, daß die Zufallsvariable (oder das Merkmal) Werte annimmt, die kleiner als der vorgegebene Merkmalswert sind.

Die Mathematiker haben nun eine Reihe von theoretischen Verteilungen definiert. Die bekannteste ist dabei vielleicht noch die Normalverteilung oder im diskreten Fall die Binomialverteilung. Die anhand einer Beobachtungsserie, einer Stichprobe real ermittelten Daten bilden eine empirische Verteilung. Abb. 3 veranschaulicht noch einmal das Charakteristische von theoretischen und empirischen Verteilungen.

1.6. Schätzungen

Nehmen wir also an, daß wir die durch eine Stichprobe erhobene empirische Verteilung eines Merkmals kennen. Wir unterstellen nun, daß dieses Merkmal in der Grundgesamtheit einem bestimmten theoretischen Verteilungstyp

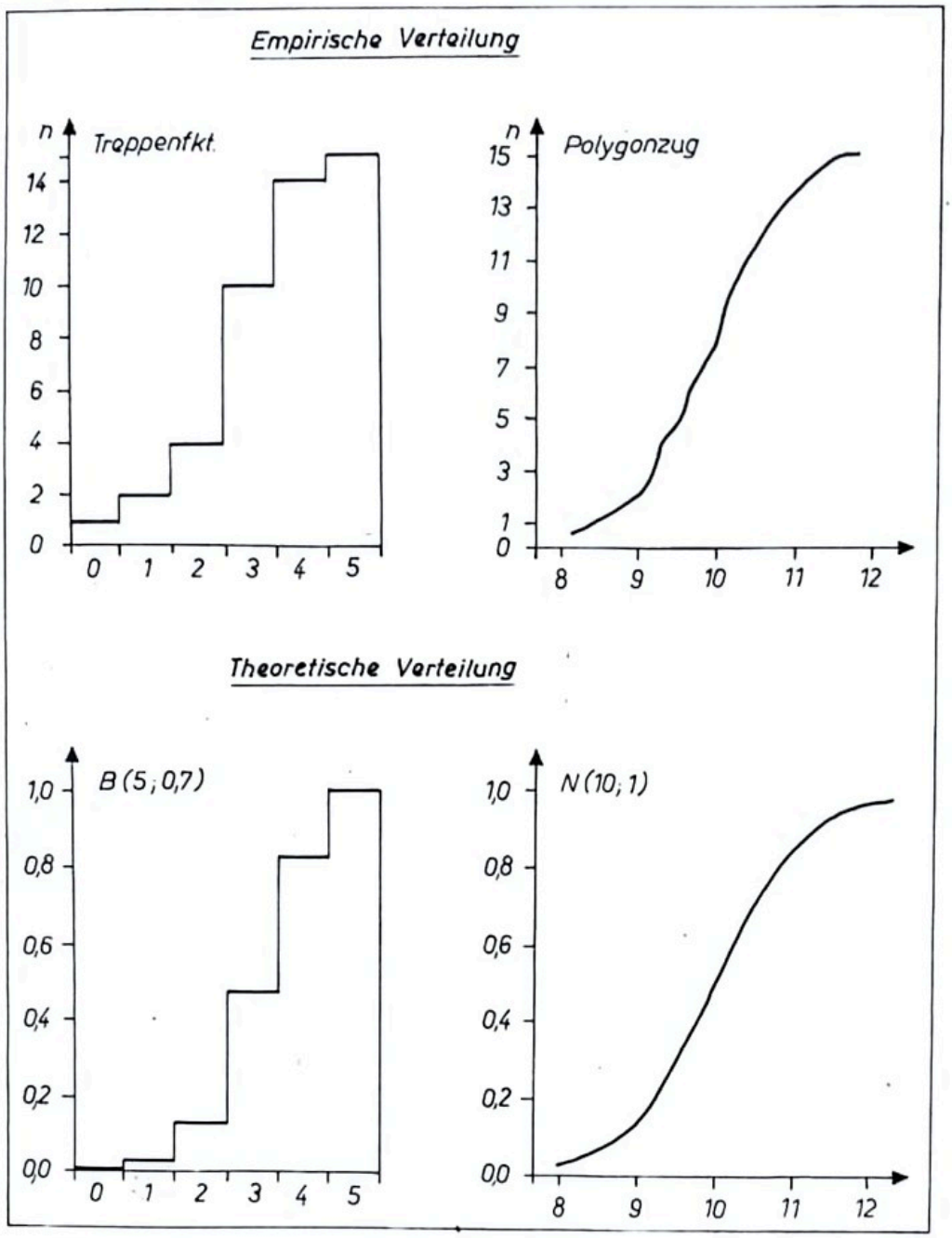

Abb. 4
Häufigkeitsdiagramm und empirische Verteilung der Flügellänge von Mehlschwalben

folgt. Die Berechnung eines Parameters der theoretischen Verteilung aus den Ergebnissen der Stichprobenverteilung erfolgt mit einer beschränkten Genauigkeit und wird Schätzmethode oder kurze Schätzung genannt. Errechnet man aus der Stichprobe lediglich einen einzigen Zahlenwert als Schätzwert für den tatsächlichen Parameter, nennt man die Schätzung auch Punktschätzung. Damit haben wir aber noch keine Aussage über die Qualität unseres Schätzwertes. Durch die Angabe eines Intervalls auf der Merkmalsskala, das den unbekannten Parameterwert mit vorgegebener Wahrscheinlichkeit $1-\alpha$ einschließt, erhält der Anwender eine qualitativ höherwertige Information – die Intervallschätzung.

Das Intervall wird auch Konfidenzintervall zum Niveau $1-\alpha$ genannt. Je kleiner die Intervallbreite bei gegebenem Konfidenzniveau ist, umso besser ist unsere Aussage über den zu schätzenden Parameter. Eine Erhöhung der vorgegebenen Überdeckungswahrscheinlichkeit $(1-\alpha)$ bewirkt jedoch eine Vergrößerung der Konfidenzintervallänge)

Beispiele:

a) Die Berechnung des Mittelwertes der Eianzahl für eine Stichprobe von Nestern ist eine Punktschätzung für die mittlere Eianzahl aller Gelege der Grundgesamtheit. Ihr Wert beträgt nach den Zahlen aus Abb. 3 genau $\bar{x} = 2{,}933$. Wir wissen von dieser Punktschätzung nun aber nicht, wie gut sie als repräsentierender Wert für die gesamte Grundgesamtheit ist.

Fortsetzung in 7/89

Dr. Klaus-Dieter Feige
Am Silo 9, PF 702, 2551 Dummerstorf

KLAUS-DIETER FEIGE
DUMMERSTORF

Biometrie für Ornithologen

Teil 2

Teil 1 in 6/89

Mit der Intervallschätzung zum Niveau $1-\alpha = 0{,}95$ erhalten wir approximativ mit

$\langle 2{,}22\,;\,3{,}64\rangle$

ein Intervall, das den tatsächlichen Mittelwert der Grundgesamtheit mit 95% Sicherheit überdeckt.

b) Für den Fall des kontinuierlichen Merkmals in Abb. 3 ergibt sich eine Punktschätzung $\bar{x} = 10{,}0$
und ein 0,95-Konfidenzintervall

$\langle 9{,}52\,;\,10{,}48\rangle$

für das Merkmal Flügellänge.
Die Breite des Konfidenzintervalls von

$x_o - x_u = 10{,}48 - 9{,}52 = 0{,}96$

zeigt uns, wie „dürftig" unsere Schätzgenauigkeit hier ist.
Verlangen wir gar eine Sicherheit von $1-\alpha = 0{,}99$, wird unser Konfidenzintervall erst durch die Werte

$\langle 9{,}34$ und $10{,}66\rangle$

begrenzt.

1.7. Test

Umgangssprachlich ist ein Test eine Untersuchung, bei der herauszubekommen ist, ob eine vorliegende Aussage richtig ist oder ob nicht. So gesehen ändert sich das auch im biomathematischen Sinne nicht.
Man geht hier von einer zu prüfenden Annahme – der Nullhypothese – aus und prüft mit dem Testverfahren, ob diese als richtig angenommen werden kann oder nicht. Die die Nullhypothese (H_o) verneinende Hypothese nennen wir Alternativhypothese (H_A). Sowohl Null- als auch Alternativhypothese beziehen sich dabei auf irgendwelche Parameter der unbekannten Verteilung der Zufallsvariablen, die wir für unsere Grundgesamtheit gelten lassen wollen.

Beispiel für Hypothesenpaare:

a) H_o: Die mittlere Gelegegröße beim Pirol beträgt 4.
H_A: Die mittlere Gelegegröße beim Pirol ist nicht 4.

b) H_o: Die Streuungen der Erstbeobachtungsdaten von Hausrotschwanz und Gartengrasmücke sind gleich.
H_A: Die Streuungen der Erstbeobachtungsdaten von Hausrotschwanz und Gartengrasmücke sind ungleich.

Es empfiehlt sich, die „Gleichheits-Hypothese" als Nullhypothese einzusetzen, da die beschriebenen Verfahren auf dieser Voraussetzung aufbauen.
Da wir nun aber bereits wissen, daß sich mittels unserer Stichproben nur Aussagen von bestimmter Genauigkeit auf die Grundgesamtheit übertragen lassen, müssen wir die bei Annahme einer der beiden Hypothesen eingegangenen Risiken benennen.
Die Größe α wird Irrtumswahrscheinlichkeit oder auch Risiko 1. Art genannt. Sie gibt die Wahrscheinlichkeit an, bei Annahme der Alternativhypothese einen Fehler gemacht zu haben.
Das Risiko 2. Art β ist die Wahrscheinlichkeit, bei Annahme der Nullhypothese eine Fehlentscheidung getroffen zu haben. Die Irrtumswahrscheinlichkeit α muß **vor** dem Test vom Nutzer des Verfahrens angegeben werden. In der Praxis hat sich $\alpha = 0{,}05$ bewährt. Nur wenn unsere Aussagen lediglich als erste Erkundung für weitere Analysen gedacht sind, wähle man $\alpha = 0{,}1$. Sollen aus den Ergebnissen eines Tests schwerwiegende Maßnahmen abgeleitet werden, die mit hohen Kosten oder einem großen Risiko für Mensch und/oder Natur verbunden sind, empfielt sich ein α von 0,01 oder gar 0,005.
Haben wir also nach Berechnung aller Kenngrößen eines Tests mit $\alpha = 0{,}05$ das Ergebnis erhalten, daß die Alternativhypothese anzunehmen ist, so ist diese dann mit einer Sicherheit von 95% als „richtig" anzusehen. Das Risiko 2. Art β ist vorzugeben, wenn wir beabsichtigen, die Stichprobenumfänge vorauszuplanen. Es läßt sich andererseits, oft bei Annahme der Nullhypothese, auch aus dem Datenmaterial berechnen.

1.8. Literaturhinweise

Die vorstehenden Begriffserklärungen vermögen sicher nur eine skizzenhafte Charakterisie-

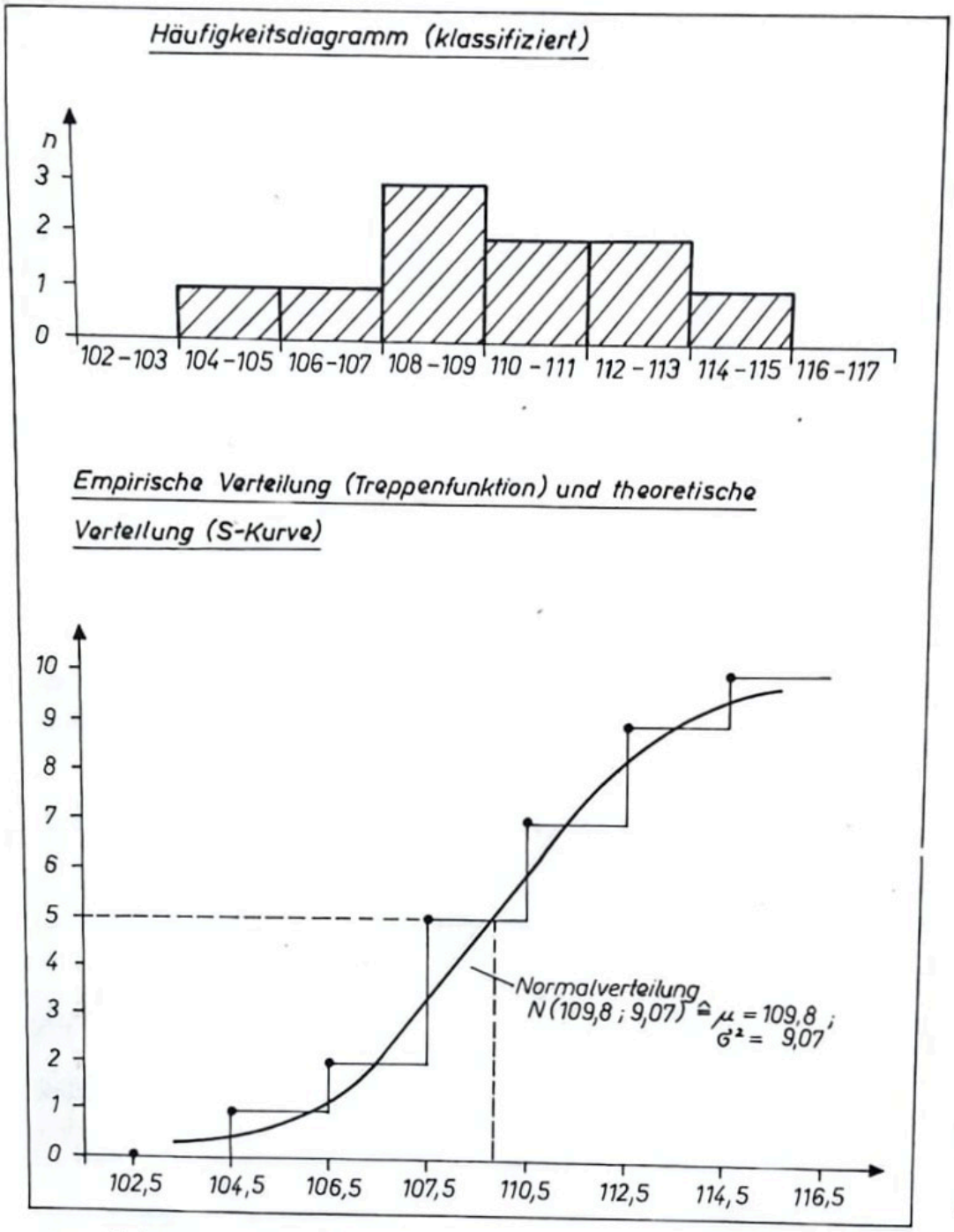

Abb. 4. Häufigkeitsdiagramm und empirische Verteilung der Flügellänge von Mehlschwalben

rung einiger wichtiger Begriffe zu geben. Besteht der Bedarf, sich zu speziellen Vorstellungen aus der Biometrie einen größeren Überblick zu verschaffen, sei auf die folgende Literatur verwiesen. Diese empfiehlt sich auch, wenn bei der Anwendung von einzelnen Verfahren weitere Erklärungen gewünscht werden:

Adam, J.: Einführung in die medizinische Statistik, Berlin 1971

Adam, J.: Mathematik und Informatik in der Medizin, Berlin 1980 (Kapitel 5)

Cavalli-Sforza, L.: Biometrie, Jena 1972

Clauss, G., & H. Ebner: Grundlagen der Statistik für Psychologen, Pädagogen und Soziologen, Berlin 1974

Fisz, M.: Wahrscheinlichkeitsrechnung und mathematische Statistik, Berlin 1970

Rasch, D.: Elementare Einführung in die mathematische Statistik, Berlin 1970

Rasch, D., G. Herrendörfer, G. Enderlein: Biometrie – Verfahren, Tabellen, angewandte Statistik, Berlin 1973

Rasch, D., u. a.: Biometrie – Einführung in die Biostatistik, Berlin 1983

Rasch, D., G. Herrendörfer, J. Bock, K. Busch (Hrsg.): Verfahrensbibliothek Versuchsplanung und -auswertung, Bd. 1–3, Berlin 1978–1981

Weber, E.: Grundriß der biologischen Statistik, Jena 1970

2. Auswahl geeigneter Verfahren

Alle bisher beschriebenen Auswertungsalgorithmen der mathematischen Statistik in einer Artikelserie wiedergeben zu wollen, ist prak-

tisch unmöglich. Ihre Zahl ist selbst für den eingeweihten Mathematiker überwältigend. Aber auch wenn man vorerst nur aus einer bescheidenen Menge von Verfahren auswählen möchte, ist ein Wegweiser durch die in dieser Serie vorgestellten Methoden sicher angebracht:

A – Wollen Sie irgendwelche Zusammenhänge oder Wechselwirkungen zwischen **zwei** Merkmalen analysieren? ja → K; nein ↓

B – Wollen Sie die Verteilung von Zählergebnissen verschiedener Grundgesamtheiten vergleichen? ja → I; nein ↓

C – Haben Sie ein diskretes Merkmal zu untersuchen? ja → K; nein ↓

D – Handelt es sich bei Ihrem Parameter um einen Mittelwert? ja → O; nein ↓

E – Handelt es sich bei Ihrem Parameter um eine Varianz (Streuung der Daten)? ja → S; nein ↓

F – Konsultieren Sie einen erfahrenen Biometriker oder sehen Sie die in 1.8. zitierte Literatur ein!

G – Ist mindestens eines der Merkmale diskret mit kleinem Wertespektrum? ja → I; nein ↓

H – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.7.

I – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.8

K – Wollen Sie nur eine Wahrscheinlichkeit schätzen? ja → N; nein ↓

L – Möchten Sie zwei Wahrscheinlichkeiten miteinander oder eine Wahrscheinlichkeit mit einer Konstanten vergleichen? nein → F; ja ↓

M – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.6.

N – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.5.

O – Wollen Sie nur den Mittelwert schätzen? nein → Q; ja ↓

P – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.1.

Q – Sie möchten einen Mittelwert mit einer Konstanten oder zwei Mittelwerte miteinander vergleichen? nein → F; ja ↓

R – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.2.

S – Wollen Sie nur die Varianz schätzen? nein → U; ja ↓

T – Verwenden Sie ein geeignetes Verfahren aus Abschnitt 3.3.

U – Sie möchten eine Varianz mit einer Konstanten oder zwei Varianzen miteinander vergleichen? nein → F; ja ↓

V – Verwenden Sie ein Verfahren aus Abschnitt 3.4. dieser Beitragsserie.

Die Arbeit mit dem Verfahren-„Bestimmer" sei an folgenden Beispielen erläutert:

a) Es sei die mittlere Flügellänge von Buntspecht – ♂♂ und – ♀♀ auf Unterschiede zu überprüfen.

Die Problemstellung fordert also offenbar einen Mittelwertvergleich hinsichtlich des Merkmals Flügellänge. Auf dem Weg

A – nein – *B* – nein – *C* – nein – *D* – ja – *O* – nein – *Q* – ja – *R*

haben wir somit nach einem möglichen Auswertungsverfahren aus Abschnitt 3.2. zu suchen.

b) Von zwei Subspecies einer Art sei bekannt, daß die Mittelwerte hinsichtlich des Gewichtes gleich sind. Für die eine Unterart wird aber vermutet, daß die Streuung (Varianz) der Gewichte um den Mittelwert größer ist als bei der zweiten. Für diese ist durch Voruntersuchungen die Varianz $\sigma^2 = 18{,}3$ bereits bekannt. Wir müssen daher nur noch eine Stichprobe aus der ersten Subspecies erheben, um die noch unbekannte erste Varianz mit dem Wert 18,3 vergleichen zu können. Über

A – nein – *B* – nein – *C* – nein – *D* – nein – *E* – ja – *S* – nein – *U* – ja – *V*

erreicht man Abschnitt 3.4.

c) Der Zusammenhang zwischen Sonnenaufgang und dem Sangesbeginn des Grünfinks soll dargestellt werden.

Aus



Abb. 5 Die Schätzung der mittleren jährlichen Jungenanzahl des Graureihers wird demonstriert. Foto: G. Tiede

A – ja – G – nein – H
folgt ein Verfahren aus Abschnitt 3.7.
d) In drei Testwaldgebieten ist die Besetzungshäufigkeit von Nistkästen eines Typs ermittelt worden. Die Besetzungsraten, die als Schätzungen für Wahrscheinlichkeiten interpretiert werden können, sind zu vergleichen. Es führen drei Wege zu äquivalenten Zielen:
1. A – ja (Merkmal 1: Waldtyp – Merkmal *2:* Besetzungsstatus) – G – ja – I Abschnitt 3.8.
2. A – nein (Waldtypen als Grundgesamtheiten aufgefaßt) – B – ja – I Abschnitt 3.8.
3. A – nein – B – nein (Besetzungsrate als Parameter einer Verteilung aufgefaßt) – C – ja – K – nein – L – ja – M Abschnitt 3.6.
In Abschnitt 3.6. findet man jetzt aber einen Algorithmus für unsere Fragestellung, der als Spezialfall einer Auswertungsmethode aus 3.8. angesehen werden kann.

3. Auswertungsverfahren

3.1. Schätzungen von Mittelwerten

3.1.1. Punktschätzung

Die Berechnung eines Mittelwertes $\bar{x}$ aus einer Menge von Beobachtungswerten x_i ist derart einfach und wohl schon von fast allen Beobachtern anhand ihres Datenmaterials einmal ausgeführt worden, daß sich eine Erläuterung erübrigt. Man summiert also lediglich alle n Beobachtungswerte und dividiert durch die Anzahl der Einzeldaten:

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^{n} x_i}{n}$$

Die Kenngröße $\bar{x}$ charakterisiert nun einen Parameter der Verteilung unserer Stichprobe, und wir hoffen auch den zu „schätzenden" Parameter aus der Grundgesamtheit – doch ist die Aussagekraft dieser Punktschätzung meist ungenügend.

3.1.2. Intervallschätzung

Gibt man nun einen Bereich an, in dem der zu schätzende Mittelwert μ der Grundgesamtheit mit vorgegebener Mindestwahrscheinlichkeit $1-\alpha$ enthalten ist, erhöht sich der Informationsgehalt der Schätzung im Sinne eines statistischen Schlusses wesentlich.
Wir können davon ausgehen, daß die Streuung der Einzelwerte x_i unbekannt ist – müssen aber zumindest garantieren, daß unser Beobachtungsmerkmal annähernd normal verteilt ist.
Woher diese Garantie nun aber nehmen? Es empfielt sich zunächst, ein Häufigkeitsdiagramm der Beobachtungswerte anzufertigen und die Konturen des Diagramms mit der Dichtefunktion einer Normalverteilung zu vergleichen (siehe Abb. 3 in 6/89).
Sind die Abweichungen nicht „zu auffällig", lassen sich die Grenzen $\langle x_u, x_o \rangle$ des Konfidenzintervalls mit

$$x_u = \bar{x} - t\left(n-1,\, 1-\frac{\alpha}{2}\right) \cdot \frac{s}{\sqrt{n}}$$

$$x_o = \bar{x} + t\left(n-1,\, 1-\frac{\alpha}{2}\right) \cdot \frac{s}{\sqrt{n}}$$

berechnen.
Dabei ist
n die Anzahl der Einzelwerte

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n} x_i^2 - \frac{\left(\sum_{i=1}^{n} x_i\right)^2}{n}}{n-1}} \quad \text{und}$$

$t\left(n-1,\, 1-\frac{\alpha}{2}\right)$ ein Wert, der in Abhängigkeit von n und α aus Tabelle entnommen werden kann.
Bei der Wahl von α beachte man Abschnitt 1.6. und 1.7.
Beispiel:
a) An einer Zufallsstichprobe vom Umfang $n = 10$ von Mehlschwalben einer großen Population sind die Flügellängen gemessen worden. Es ist eine Punktschätzung und eine Intervallschätzung zum Niveau $1-\alpha = 0{,}95$ für den Mittelwert der Flügellänge in der Population anzugeben. Die Einzeldaten x_i sind:
104, 107, 109, 109, 109 mm,
110, 110, 113, 113, 114 mm.
Das zugehörige Häufigkeitsdiagramm (Abb. 4) zeigt keine extremen Abweichungen von einer möglichen Normalverteilung, so daß die Berechnung von $\bar{x}$, x_u und x_o erfolgen kann.

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^{10} x_i}{10} = \frac{104 + 107 + \ldots + 114}{10}$$

$$= \frac{1098}{10} = 109{,}8\,\text{mm}$$

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{10} x_i^2 - \frac{\sum_{i=1}^{10} x_i^{\,2}}{10}}{9}}$$

$$= \sqrt{\frac{120642 - \frac{(1098)^2}{10}}{9}}$$

$$= \sqrt{9{,}066667} = 3{,}011$$

Zur Berechnung des Konfidenzintervalls folgt aus Tabelle 1

mit $f = n-1$ und $p = 1-\frac{\alpha}{2}$

$$t\left(n-1;\, 1-\frac{\alpha}{2}\right) = t\,(9,\, 0{,}975) = 2{,}26$$

und somit

$$x_u = 109{,}8 - 2{,}26 \cdot \frac{3{,}011}{\sqrt{10}} = \underline{107{,}64}$$

$$x_o = 109{,}8 - 2{,}26 \cdot \frac{3{,}011}{\sqrt{10}} = \underline{111{,}95}$$

Das heißt aber nichts anderes; als daß das Intervall $\langle\, 107{,}64 \,\rangle\, 111{,}95 \,\langle$ den unbekannten Mittelwert mit Wahrscheinlichkeit 0,95 überdeckt.
Die Intervallbreite von 4,31 mm für die Mittelwertschätzung mag groß erscheinen, eine Verkleinerung ist aber nur über eine größere Beobachtungszahl zu erreichen – die Schätzgenauigkeit nimmt mit wachsender Informationsmenge zu.
b) *Gleicher* und *Zappe* (1980) veröffentlichten eine Serie von Daten über den Graureiher (*Ardea cinerea*). Ihre Listen enthielten auch Werte zur Zahl der juv./Horst von 1969–1978. Wir suchen jetzt eine Schätzung der mittleren jährlichen Jungenzahl je Horst für das betreffende Untersuchungsgebiet und die betreffenden Beobachtungsjahre (bei der Beschreibung der Grundgesamtheit vernachlässigen wir, daß es sich hierbei um eine relativ kleine endliche Population handelt!)
Das Konfidenzniveau sei $1-\alpha = 0{,}9$ und somit $p = 1-\frac{\alpha}{2} = 0{,}95$.

Fortsetzung auf S. 241