

Jetzt mit
eLearning
**# besser
lernen**



Biostatistik

Eine Einführung für Bio- und Umweltwissenschaftler

2., aktualisierte Auflage

**Matthias Rudolf
Wiltrud Kuhlisch**



Pearson



Zugangscode

Nutzungsdauer 24 Monate

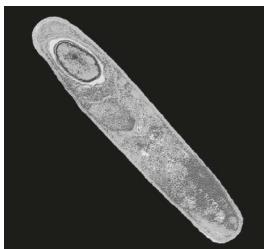


In diesem Kapitel werden ausgewählte statistische Tests vorgestellt, die einerseits in der biostatistischen Praxis besonders häufig angewendet werden und die sich andererseits jeweils durch unterschiedliche Vorgehensweisen auszeichnen. Neben der detaillierten und anwendungsorientierten Beschreibung der konkreten Durchführung der Tests steht die Diskussion der notwendigen Voraussetzungen im Mittelpunkt. Dabei wird zwischen parametrischen und nichtparametrischen Tests sowie zwischen Tests für unabhängige bzw. für verbundene Stichproben unterschieden. Mit der gewählten Form der Darstellung sollen die grundlegenden Prinzipien der behandelten Tests veranschaulicht werden. Mit ausgewählten Resampling-Methoden und Monte-Carlo-Simulationen werden moderne rechenintensive Methoden einführend vorgestellt.

Folgende Tests werden ausführlich beschrieben:

- Parametrische Tests für normalverteilte Populationen:
 - Eine Stichprobe: t -Test gegen eine Konstante.
 - Zwei unabhängige Stichproben: t -Test für unabhängige Stichproben.
 - Zwei verbundene Stichproben: t -Test für verbundene Stichproben.
 - Äquivalenztest für verbundene Stichproben.
- Tests zum Prüfen von Voraussetzungen:
 - Varianzhomogenität: Levene-Test.
 - Normalverteilung: Kolmogorov-Smirnov-Test (mit bzw. ohne Lilliefors-Korrektur).
 - Normalverteilung: Grafische Überprüfung durch Q-Q-Plot.
- Tests für ordinalskalierte Merkmale:
 - Zwei unabhängige Stichproben: Exakter und asymptotischer U -Test.
 - Zwei verbundene Stichproben: Exakter und asymptotischer Wilcoxon-Test.
- Tests für nominalskalierte Merkmale:
 - Zwei unabhängige Stichproben: Exakter und asymptotischer Test.
 - Zwei verbundene Stichproben: Exakter und asymptotischer Test.

Anwendungsbeispiel



Bacillus thuringiensis mit insektizidem Protein

Der Maiszünsler ist einer der wirtschaftlich bedeutendsten Maisschädlinge in Deutschland. Die Larven dieses Kleinschmetterlings fressen zuerst an den Blättern und bohren sich später in die Kolben der Maispflanze. Die Bekämpfung dieses Schädlings erweist sich auch mit chemischen Mitteln als schwierig. Erfolgreich ist zum Beispiel die biologische Bekämpfung mit der Schlupfwespe *Trichogramma*, deren Larven die Eier des Maiszünslers parasitieren. Ein klassisches Konzept (allerdings mit geringerem Wirkungsgrad) ist die Verwendung von Präparaten mit Kulturen des

Bakteriums *Bacillus thuringiensis*, welches ein giftiges Protein bildet, das die Darmwand bestimmter Fraßinsekten zerstört. Andere Insektenarten (und Schädlinge), so zum Beispiel auch Blattläuse, sind von dieser Wirkung nicht betroffen.

Die Wirkung eines *Bacillus-thuringiensis*-Präparats soll überprüft werden. Dazu wurden zehn Felder mit dem Präparat behandelt, zehn Felder blieben unbehandelt. Auf allen in die Untersuchung einbezogenen Feldern wurden zwei Tage nach Behandlung der durchschnittliche Befall mit Maiszünsler-Raupen und das Krankheitsbild (Bonitur) der Pflanzen untersucht. Nach weiteren fünf Tagen wurden Befall und Bonitur für die behandelten Felder erneut erhoben. Nach 14 Tagen wurde der Befallsstatus (befallen/nicht befallen) auf allen Feldern kontrolliert, diese Erfassung wurde nach weiteren 14 Tagen bei den behandelten Feldern wiederholt. Weiterhin wurde die Auswirkung der *Bacillus-thuringiensis*-Präparate auf den Befall mit Blattläusen untersucht, indem auf den behandelten Feldern die Anzahl der Blattläuse vor der Behandlung und 14 Tage danach ermittelt wurde. Der durchschnittliche Maisertrag beträgt bei un behandelten Feldern etwa 50 dt/ha. Der Ertrag der behandelten Felder wurde drei Tage nach der Behandlung erfasst. In ►Tabelle 6.1, ►Tabelle 6.2 und ►Tabelle 6.3 sind die Variablen, die erhobenen Daten und die zu untersuchenden inhaltlichen Hypothesen zusammengestellt.

Merkmal	Skalenniveau	Erfassung	Erläuterungen
G: Behandlungsgruppe	nominal (alternativ)		2 Ausprägungen (1: behandelt; 2: unbehandelt)
M: Befall mit Maiszünsler nach 2 Tagen	metrisch	behandelte und unbehandelte Gruppe	Anzahl Raupen pro 100 Pflanzen
MW: Befall mit Maiszünsler nach 7 Tagen	metrisch	behandelte Gruppe	Anzahl Raupen pro 100 Pflanzen

Tabelle 6.1: Variablen im Anwendungsbeispiel.

Merkmal	Skalenniveau	Erfassung	Erläuterungen
BL: Befall mit Blattläusen vor der Behandlung	metrisch	behandelte Gruppe	Anzahl Blattläuse pro 100 Pflanzen
BLW: Befall mit Blattläusen nach 2 Wochen	metrisch	behandelte Gruppe	Anzahl Blattläuse pro 100 Pflanzen
BO: Bonitur nach 2 Tagen	ordinal	behandelte und unbehandelte Gruppe	skaliert zwischen 0 (keine Schadenssymptome) und 9 (starke Schadenssymptome)
BOW: Bonitur nach 7 Tagen	ordinal	behandelte Gruppe	skaliert zwischen 0 (keine Schadenssymptome) und 9 (starke Schadenssymptome)
B: Befallsstatus nach 2 Wochen	nominal (alternativ)	behandelte Gruppe	2 Ausprägungen (0: kein Befall; 1: Befall)
BW: Befallsstatus nach 4 Wochen	nominal (alternativ)	behandelte Gruppe	2 Ausprägungen (0: kein Befall; 1: Befall)
E: Ertrag nach 3 Tagen	metrisch	behandelte Gruppe	in dt/ha

Tabelle 6.1: Variablen im Anwendungsbeispiel (Fortsetzung).

Nummer des Feldes	Gruppe	M	MW	BL	BLW	BO	BOW	B	BW	E
1	behandelt	63	63	1000	900	0	0	0	0	52
2	behandelt	71	75	1100	1500	2	1	1	0	55
3	behandelt	62	60	1200	1100	1	4	0	1	48
4	behandelt	56	56	1400	1700	4	5	0	1	55
5	behandelt	64	62	1800	1600	2	6	0	0	51
6	behandelt	63	64	1400	1300	5	1	0	0	58
7	behandelt	56	61	3200	3400	3	1	0	1	56
8	behandelt	71	76	1400	1800	6	0	1	0	58
9	behandelt	58	63	800	600	4	4	0	1	62
10	behandelt	68	60	1000	900	4	3	0	0	55
11	unbehandelt	62				9		0		

Tabelle 6.2: Daten im Anwendungsbeispiel.

Nummer des Feldes	Gruppe	M	MW	BL	BLW	BO	BOW	B	BW	E
12	unbehandelt	72				8		1		
13	unbehandelt	70				6		1		
14	unbehandelt	66				4		1		
15	unbehandelt	74				7		1		
16	unbehandelt	75				6		1		
17	unbehandelt	70				5		0		
18	unbehandelt	65				9		0		
19	unbehandelt	66				3		0		
20	unbehandelt	80				2		1		

Tabelle 6.2: Daten im Anwendungsbeispiel (Fortsetzung).

Inhaltliche Hypothese	Klassifizierung der Hypothese
A) Der mittlere Ernteertrag (Merkmal E) der behandelten Flächen ist nach drei Tagen höher als der bekannte mittlere Ernteertrag bei unbehandelten Flächen ($\mu_0 = 50 \text{ dt/ha}$). Für die Population kann eine Verminderung des mittleren Ernteertrags ausgeschlossen werden, da das eingesetzte Mittel keine bekannten schädlichen Nebenwirkungen hat.	Unterschiedshypothese gerichtet 1 Stichprobe metrische Daten → Abschnitt 6.1.1
B) Der mittlere Befall mit Maiszünsler-Raupen (Merkmal M) ist nach zwei Tagen in der behandelten Gruppe niedriger als in der unbehandelten Gruppe. Für die Population kann eine Erhöhung des Befalls in Folge der Behandlung ausgeschlossen werden, da das eingesetzte Mittel keine bekannten schädlichen Nebenwirkungen hat.	Unterschiedshypothese gerichtet 2 unabhängige Stichproben metrische Daten → Abschnitt 6.1.2

Tabelle 6.3: Klassifizierung der Hypothesen im Anwendungsbeispiel.

Inhaltliche Hypothese	Klassifizierung der Hypothese
C) In der behandelten Gruppe unterscheidet sich der mittlere Befall mit Maiszünsler-Raupen nach zwei Tagen (<i>M</i>) von dem mittleren Befall nach sieben Tagen (<i>MW</i>). Es ist sowohl eine Abnahme des mittleren Befalls (durch die fortlaufende Wirkung der Behandlung) als auch eine Zunahme des mittleren Befalls (durch die nachlassende Behandlungswirkung) denkbar.	Unterschiedshypothese ungerichtet 2 verbundene Stichproben metrische Daten → Abschnitt 6.1.3
D) Der Befall mit Blattläusen (<i>BL</i>) wird durch die Behandlung mit dem <i>Bacillus-thuringiensis</i> -Präparat nicht beeinflusst. Der mittlere Befall mit Blattläusen nach zwei Wochen (<i>BLW</i>) unterscheidet sich in der behandelten Gruppe vom mittleren Wert vor Beginn der Behandlung um weniger als 200.	Äquivalenzhypothese zweiseitig mit Maximaleffekt 2 verbundene Stichproben metrische Daten → Abschnitt 6.1.4
E) Das Merkmal Bonitur (<i>BO</i>) hat zwei Tage nach der Behandlung mit dem <i>Bacillus-thuringiensis</i> -Präparat durchschnittlich eine geringere Ausprägung als bei den unbehandelten Flächen, d.h. die behandelte Gruppe weist geringere Schadensymptome auf.	Unterschiedshypothese gerichtet 2 unabhängige Stichproben ordinalskalierte Daten → Abschnitt 6.2.1
F) Das Merkmal Bonitur (<i>BO</i>) hat bei den behandelten Flächen zwei Tage nach der Behandlung durchschnittlich eine andere Ausprägung als bei der Wiederholungsmessung nach sieben Tagen (<i>BOW</i>). Es ist sowohl eine Abnahme der Schadensymptome (durch die fortlaufende Wirkung der Behandlung) als auch eine Zunahme der Symptome (durch die nachlassende Behandlungswirkung) denkbar.	Unterschiedshypothese ungerichtet 2 verbundene Stichproben ordinalskalierte Daten → Abschnitt 6.2.2
G) Die Wahrscheinlichkeit von Flächen ohne Befall nach zwei Wochen (Merkmal <i>B</i>) ist in der behandelten Gruppe größer als in der unbehandelten Gruppe. Aus inhaltlichen Überlegungen gibt es keine Anhaltspunkte dafür, dass die behandelten Flächen in der Population stärker befallen sein könnten als die unbehandelten.	Unterschiedshypothese gerichtet 2 unabhängige (alternative) Stichproben nominalskalierte Daten → Abschnitt 6.3.1
H) Bei den behandelten Flächen verändert sich die Wahrscheinlichkeit des Befalls zwischen der zweiten und vierten Woche nach der Behandlung (<i>B</i> bzw. <i>BW</i>). Abnehmender Befall (durch die fortlaufende Wirkung der Behandlung) und zunehmender Befall (in Folge der nachlassenden Behandlungswirkung) sind gleichermaßen möglich und von Interesse.	Unterschiedshypothese ungerichtet 2 verbundene Stichproben nominalskalierte (alternative) Daten → Abschnitt 6.3.2

Tabelle 6.3: Klassifizierung der Hypothesen im Anwendungsbeispiel (Fortsetzung).

6.1 Parametrische Tests für normalverteilte Merkmale

Parametrische statistische Tests setzen voraus, dass die Verteilung des untersuchten Merkmals in der Population bekannt ist. Dabei unterstellen die hier dargestellten Tests eine Normalverteilung. Die statistischen Hypothesen beziehen sich in den meisten Fällen auf die Mittelwerte μ der betrachteten Populationen. Die Verteilung der Teststatistik ist bei erfüllten Voraussetzungen bekannt, so dass eine Testentscheidung auf der Grundlage der Werte der Teststatistik möglich ist, die aus den Daten der Stichprobe berechnet werden.

6.1.1 Vergleich eines Mittelwerts mit einem bekannten Wert

Mit dem einfachen t -Test kann die Hypothese geprüft werden, dass sich der Mittelwert des Merkmals X in einer untersuchten Population von einem gegebenen (bekannten) Wert unterscheidet. Bei erfüllten Voraussetzungen (Normalverteilung von X) ist die Zufallsvariable

$$T = \frac{\bar{X} - \mu_0}{S} \cdot \sqrt{n} \quad (6.1)$$

bei Gültigkeit der Nullhypothese

$$H_0 : \mu = \mu_0$$

t -verteilt mit $n - 1$ Freiheitsgraden (siehe Abschnitt 3.3.2). Dabei bezeichnen \bar{X} die Punktschätzung des Mittelwerts, S die Punktschätzung der Standardabweichung, μ_0 den gegebenen Vergleichswert und n den Stichprobenumfang. Bei der Durchführung des Tests ist zwischen zweiseitigen (a) und einseitigen (b, c) Fragestellungen zu unterscheiden.

Testablauf

Bezeichnung des Tests:

t -Test gegen eine Konstante oder einfacher t -Test oder Student's t -Test

Statistische Hypothesen:

a. $H_1 : \mu \neq \mu_0 \quad H_0 : \mu = \mu_0$

b. $H_1 : \mu > \mu_0 \quad H_0 : \mu \leq \mu_0$

c. $H_1 : \mu < \mu_0 \quad H_0 : \mu \geq \mu_0$

■ μ : Unbekannter Mittelwert der Population

■ μ_0 : Gegebener bekannter Wert

Wahl des Signifikanzniveaus:

- $\alpha = 0.05$ oder $\alpha = 0.01$ oder andere Wahl von α

Gegebene Daten:

- x_i : Messwerte ($i = 1, \dots, n$)
- n : Anzahl der Messwerte

Voraussetzungen:

- Die Messwerte x_1, x_2, \dots, x_n sind metrische Realisierungen der Zufallsvariablen X .
- X unterliegt einer Normalverteilung mit unbekanntem Mittelwert μ und unbekannter Standardabweichung σ .

Berechnung des Werts der Teststatistik:

- $\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$: Arithmetischer Mittelwert der Messwerte
- $s = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$: Standardabweichung der Messwerte
- $t = \frac{\bar{x} - \mu_0}{s} \sqrt{n}$: Wert der Teststatistik

Testentscheidung unter Verwendung des p -Werts:

- a. Berechnung von $p = P(|T| \geq |t|)$
 - b. Berechnung von $p = P(T \geq t)$
 - c. Berechnung von $p = P(T \leq t)$
- $p < \alpha \rightarrow$ Ablehnung von H_0

Testentscheidung unter Verwendung des Quantils der t -Verteilung:

- a. $|t| > t_{n-1, 1-\alpha/2} \rightarrow$ Ablehnung von H_0
 - b. $t > t_{n-1, 1-\alpha} \rightarrow$ Ablehnung von H_0
 - c. $t < t_{n-1, \alpha} \rightarrow$ Ablehnung von H_0
- $t_{n-1, 1-\alpha/2}, t_{n-1, 1-\alpha}, t_{n-1, \alpha}$: Quantile der t -Verteilung mit $n-1$ Freiheitsgraden (Anhang B, Tabelle 3).

Im **Anwendungsbeispiel A** ist die gerichtete Alternativhypothese

$$H_1: \mu_{behandelt} > \mu_{unbehandelt}$$

bzw.

$$H_1: \mu > \mu_0 \text{ mit } \mu_0 = 50 \text{ dt/ha}$$

zu untersuchen. Das statistische Hypothesenpaar entspricht der Form b aus dem Testablauf. Als Signifikanzniveau wird für dieses Beispiel $\alpha = 0.05$ gewählt. Es liegen die Ernterträge von zehn Feldern vor, die mit dem *Bacillus-thuringiensis*-Präparat behandelt wurden. Aus diesen Daten ergeben sich die Schätzwerte für den arithmetischen Mittelwert und die Standardabweichung (angegeben ohne Maßeinheiten):

$$\bar{m} = 55 \text{ bzw. } s = 3.97.$$

Daraus kann der Wert der Teststatistik berechnet werden:

$$t = \frac{55 - 50}{3.97} \sqrt{10} = 3.98.$$

Zur Testentscheidung kann der mit Hilfe eines Computerprogramms berechnete *p*-Wert

$$p = P(T \geq 3.98) = 0.0015$$

oder der Wert des Quantils der *t*-Verteilung

$$t_{9,0.95} = 1.833$$

(siehe Anhang B, Tabelle 3) herangezogen werden. Wegen

$$p = 0.0015 < 0.05 \text{ bzw. } t = 3.98 > 1.833$$

kann die Nullhypothese abgelehnt werden, das Ergebnis ist signifikant ($\alpha = 0.05$). In ► Abbildung 6.1 sind das Signifikanzniveau $\alpha = 0.05$, der aus den Daten berechnete *p*-Wert, das Quantil $t_{9,0.95}$ der *t*-Verteilung sowie der aus den Daten berechnete *t*-Wert veranschaulicht.

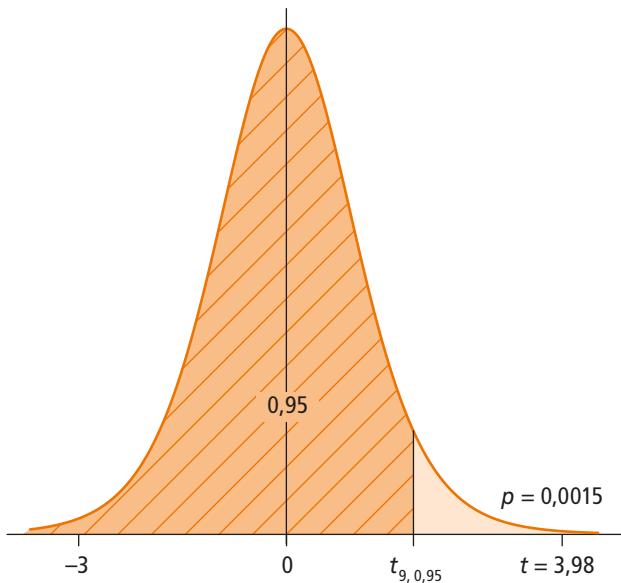


Abbildung 6.1: p -Wert, Quantil der t -Verteilung und Wert der Teststatistik im Anwendungsbeispiel A.

Wenn man im Beispiel anstelle von $\alpha = 0.05$ das Signifikanzniveau $\alpha = 0.01$ gewählt hätte, hätte sich wegen $p = 0.0015 < 0.01$ bzw. $t = 3.98 > 2.821 = t_{9, 0.99}$ ebenfalls eine Ablehnung der Nullhypothese ergeben.

6.1.2 Vergleich zweier Mittelwerte bei unabhängigen Stichproben

Mit dem t -Test für unabhängige Stichproben kann die Hypothese geprüft werden, dass sich die Mittelwerte von Merkmalen X_1 und X_2 in zwei Populationen unterscheiden. Dabei müssen die beiden untersuchten Stichproben unabhängig voneinander sein. Neben der Unabhängigkeit werden dabei die Normalverteilung der Zufallsvariablen X_1 und X_2 sowie die Homogenität der Varianzen von X_1 und X_2 vorausgesetzt. Bei erfüllten Voraussetzungen ist die Zufallsvariable

$$T = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{S} \sqrt{\frac{n_1 \cdot n_2}{n_1 + n_2}} \quad (6.2)$$

bei Gültigkeit der Nullhypothese

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$

t -verteilt mit $n_1 + n_2 - 2$ Freiheitsgraden (siehe Abschnitt 3.3.2). Dabei bezeichnen \bar{X}_1 und \bar{X}_2 die Punktschätzungen des Mittelwerts der Zufallsvariablen X_1 und X_2 in den beiden Stichproben, S die Punktschätzung der als gleich vorausgesetzten Standardabweichung von X_1 und X_2 , μ_1 und μ_2 die unbekannten Populationsmittelwerte sowie n_1

und n_2 die Umfänge der beiden Teilstichproben. Bei der Durchführung des Tests ist zwischen zweiseitigen (a) und einseitigen (b, c) Fragestellungen zu unterscheiden.

Testablauf

Bezeichnung des Tests:

t -Test für unabhängige Stichproben oder doppelter t -Test

Statistische Hypothesen:

- a. $H_1 : \mu_1 \neq \mu_2 \quad H_0 : \mu_1 = \mu_2$
 - b. $H_1 : \mu_1 > \mu_2 \quad H_0 : \mu_1 \leq \mu_2$
 - c. $H_1 : \mu_1 < \mu_2 \quad H_0 : \mu_1 \geq \mu_2$
- μ_1, μ_2 : Unbekannte Populationsmittelwerte

Wahl des Signifikanzniveaus:

- $\alpha = 0.05$ oder $\alpha = 0.01$ oder andere Wahl von α

Gegebene Daten:

- x_{1i} ($i = 1, \dots, n_1$) und x_{2i} ($i = 1, \dots, n_2$): Messwerte der Stichproben 1 und 2
- n_1, n_2 : Anzahl der Messwerte in den Stichproben 1 und 2

Voraussetzungen:

- Die Messwerte $x_{11}, x_{12}, \dots, x_{1n_1}$ bzw. $x_{21}, x_{22}, \dots, x_{2n_2}$ sind metrische Realisierungen der unabhängigen Zufallsvariablen X_1 bzw. X_2 .
- X_1 bzw. X_2 unterliegen in den Populationen jeweils einer Normalverteilung mit den unbekannten Mittelwerten μ_1 bzw. μ_2 .
- Die Varianzen bzw. Standardabweichungen in beiden Populationen sind homogen, d.h. X_1 bzw. X_2 haben die gleiche unbekannte Standardabweichung σ .

Berechnung des Werts der Teststatistik:

- $\bar{x}_1 = \frac{1}{n_1} \sum_{i=1}^{n_1} x_{1i}, s_1 = \sqrt{\frac{1}{n_1 - 1} \sum_{i=1}^{n_1} (x_{1i} - \bar{x}_1)^2}$: Arithmetischer Mittelwert und Standardabweichung in Stichprobe 1

- $\bar{x}_2 = \frac{1}{n_2} \sum_{i=1}^{n_2} x_{2i}, s_2 = \sqrt{\frac{1}{n_2 - 1} \sum_{i=1}^{n_2} (x_{2i} - \bar{x}_2)^2}$: Arithmetischer Mittelwert und Standardabweichung in Stichprobe 2

- $s_p = \sqrt{\frac{1}{(n_1-1)+(n_2-1)} \left((n_1-1) \cdot s_1^2 + (n_2-1) \cdot s_2^2 \right)}$: Standardabweichung der gepoolten Stichproben (Schätzwert für die gemeinsame Standardabweichung σ)
- $t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{s_p} \sqrt{\frac{n_1 \cdot n_2}{n_1 + n_2}}$: Wert der Teststatistik

Testentscheidung unter Verwendung des p -Werts:

- Berechnung von $p = P(|T| \geq |t|)$
 - Berechnung von $p = P(T \geq t)$
 - Berechnung von $p = P(T \leq t)$
- $p < \alpha \rightarrow$ Ablehnung von H_0

Testentscheidung unter Verwendung des Quantils der t -Verteilung:

- $|t| > t_{n_1+n_2-2, 1-\alpha/2} \rightarrow$ Ablehnung von H_0
 - $t > t_{n_1+n_2-2, 1-\alpha} \rightarrow$ Ablehnung von H_0
 - $t < t_{n_1+n_2-2, \alpha} \rightarrow$ Ablehnung von H_0
- $t_{n_1+n_2-2, 1-\alpha/2}, t_{n_1+n_2-2, 1-\alpha}, t_{n_1+n_2-2, \alpha}$: Quantile der t -Verteilung mit $n_1 + n_2 - 2$ Freiheitsgraden (siehe Anhang B, Tabelle 3).

Im **Anwendungsbeispiel B** ist die gerichtete Alternativhypothese

$$H_1: \mu_{\text{behandelt}} < \mu_{\text{unbehandelt}} \text{ bzw. } H_1: \mu_1 < \mu_2$$

zu untersuchen. Das statistische Hypothesenpaar entspricht der Form c aus dem Testablauf. Als Signifikanzniveau wird für dieses **Beispiel** $\alpha = 0.05$ gewählt. Es liegen Ergebnisse von zehn Feldern vor, die mit dem *Bacillus-thuringiensis*-Präparat behandelt wurden. Der Vergleichsgruppe gehören die Messwerte von zehn unbehandelten Feldern an. Ausgewertet wird der Befall mit Maiszünsler. Aus den Daten ergeben sich die Schätzwerte für die arithmetischen Mittelwerte und die Standardabweichungen (angegeben ohne Maßeinheiten) in beiden Stichproben. Aus den Befallsdaten der behandelten Felder ergeben sich die Werte

$$\bar{m}_1 = 63.2 \text{ und } s_1 = 5.55.$$

Für die unbehandelten Felder ergeben sich entsprechend

$$\bar{m}_2 = 70.0 \text{ und } s_2 = 5.44.$$

Copyright

Daten, Texte, Design und Grafiken dieses eBooks, sowie die eventuell angebotenen eBook-Zusatzdaten sind urheberrechtlich geschützt. Dieses eBook stellen wir lediglich als **persönliche Einzelplatz-Lizenz** zur Verfügung!

Jede andere Verwendung dieses eBooks oder zugehöriger Materialien und Informationen, einschließlich

- der Reproduktion,
- der Weitergabe,
- des Weitervertriebs,
- der Platzierung im Internet, in Intranets, in Extranets,
- der Veränderung,
- des Weiterverkaufs und
- der Veröffentlichung

bedarf der **schriftlichen Genehmigung** des Verlags. Insbesondere ist die Entfernung oder Änderung des vom Verlag vergebenen Passwort- und DRM-Schutzes ausdrücklich untersagt!

Bei Fragen zu diesem Thema wenden Sie sich bitte an: **info@pearson.de**

Zusatzdaten

Möglicherweise liegt dem gedruckten Buch eine CD-ROM mit Zusatzdaten oder ein Zugangscode zu einer eLearning Plattform bei. Die Zurverfügungstellung dieser Daten auf unseren Websites ist eine freiwillige Leistung des Verlags. **Der Rechtsweg ist ausgeschlossen.** Zugangscodes können Sie darüberhinaus auf unserer Website käuflich erwerben.

Hinweis

Dieses und viele weitere eBooks können Sie rund um die Uhr und legal auf unserer Website herunterladen:

<https://www.pearson-studium.de>



Pearson