

Übersetzung des Artikels
Pri la testado de statistikaj hipotezaroj
erschieden in
Acta Sanmarinensia 2.5/1992
ISBN 83-85033-07-1

Veröffentlicht im WWW unter der URL:
<http://www.forst.uni-muenchen.de/publ/quednau/hipotez.html>

Das Testen statistischer Hypothesenfamilien

de H. D. Quednau, München (D)

(Vorlesung anlässlich der SUS 5 in San Marino, August 1988)

Zusammenfassung

An einem praktischen Beispiel wird dargestellt, warum multiple Testverfahren notwendig sind, und es werden die einfachsten und grundlegenden dieser Verfahren vorgestellt, nämlich das einfache Bonferroni- und das Bonferroni-Holm-Verfahren. Es wird gezeigt, wie sich die Bonferroni-Holm-Prozedur bei gegenseitiger Abhängigkeit der Testhypothesen durch ein von SHAFFER (1986) vorgeschlagenes Verfahren verbessern läßt, und wie die Verfahren zu modifizieren sind, wenn eine der Testhypothesen eine Globalhypothese ist.

In den Kursen der Angewandten Statistik, die in einer wachsenden Anzahl von Studiengängen verpflichtend werden, wird i.a. die Vorgehensweise der schließenden Statistik folgendermaßen dargestellt: Während einer wissenschaftlichen Untersuchung möchte man eine Vermutung, die man über irgend einen Tatbestand hat, auf seine Richtigkeit überprüfen. Diese Vermutung transformiert man in ein Paar statistischer Hypothesen: Die Testhypothese H_0 , die man widerlegen möchte, und die Alternativhypothese H_1 , die man annehmen wird, wenn man H_0 tatsächlich ablehnen kann. Man definiert die Grundgesamtheit, für die das Ergebnis gelten soll, und wählt den Test für H_0 . Aus der Grundgesamtheit nimmt man eine repräsentative Zufallsstichprobe, aus ihr gewinnt man durch Zählen oder Messen Zahlen, die man in eine Beobachtungsmatrix einträgt. Aus dieser Beobachtungsmatrix berechnet man eine Teststatistik und aus der Teststatistik die Überschreitungswahrscheinlichkeit für das betreffende H_0 - H_1 -Paar. Falls die Überschreitungswahrscheinlichkeit kleiner ist als der kritische Wert (der meistens gleich 0.05 ist), so bedeutet das, daß man H_0 ablehnen muß. Diese Vorgehensweise stellt sicher, daß die Irrtumswahrscheinlichkeit erster Art auf jeden Fall kleiner gleich α ist, mit anderen Worten : Falls H_0 richtig ist, dann ist die Gefahr, sie trotzdem irrtümlich abzulehnen, kleiner gleich α .

Zur Illustration ein kleines Beispiel: Ein Pflanzenzüchter hat eine neue Weizensorte gezüchtet, und er will nachweisen, daß sie besser ist als eine andere Sorte, die bisher in Gebrauch war. Er entschließt sich, die “Güte” durch das Ährengewicht zu messen. Da ein statistischer Test nicht einen unendlich kleinen Unterschied nachweisen kann, definiert er eine kritische Differenz d und formuliert das Hypothesenpaar:

$$H_0 : \mu_{neu} - \mu_{alt} \leq d \quad ; \quad H_1 : \mu_{neu} - \mu_{alt} > d \quad ;$$

wobei $\mu_{[neu,alt]}$ der Erwartungswert des Ährengewichts der neuen bzw. der alten Sorte ist. Die Grundgesamtheit ist hypothetisch, sie ist gleich der unendlichen Menge aller denkbaren Weizenpflanzen, die zu einer der beiden untersuchten Sorten gehören und unter den gegebenen Versuchsbedingungen aufgezogen werden. Die Testhypothese möchte man mit dem t-Test prüfen. Man macht ein Experiment, in dem man Weizenpflanzen in einem vollständig randomisierten Versuchsplan aufzieht, und nimmt diese Pflanzen als Stichprobe. Deren Ährengewicht trägt man in die Beobachtungsmatrix ein, aus der man die Teststatistik T berechnet. Falls H_0 wahr ist, dann gilt: $T \sim t(n_{neu} + n_{alt} - 2)$. Da es sich in unserem Fall um einen einseitigen Test handelt, dessen Ablehnungsbereich aus dem oberen Bereich der Zahlengerade besteht, gilt für die Überschreitungswahrscheinlichkeit

$$p = 1 - \int_{-\infty}^T DF [t(n_{neu} + n_{alt} - 2)] (\phi) d\phi ,$$

mit $DF [t(n)]$ (Dichtefunktion der t-Verteilung mit n Freiheitsgraden)

Bei diesem einfachen Beispiel entspricht die Vorgehensweise genau der elementaren, bekannten statistischen Methodik. Leider ist die Situation in der Praxis jedoch komplizierter. Meistens hat man nicht EINE Vermutung, die sich durch EINEN Test untersuchen läßt, der wiederum EINE Überschreitungswahrscheinlichkeit liefert und somit eine Aussage mit genau bekannter Irrtumswahrscheinlichkeit erster Art ermöglicht. Zum Beispiel interessiert sich der eben erwähnte Pflanzenzüchter nicht nur für das Ährengewicht, sondern gleichzeitig auch für den Geschmack, die Back- und Mahlfähigkeit, die Widerstandsfähigkeit gegen Viren, Pilze und Insekten usw. Er hat also eine ganze **Familie** von Vermutungen, die er in eine Hypothesenfamilie H_0^1 bis H_0^k transformiert. Die einzelnen H_0^j haben in diesem Fall eine ähnliche Form, nämlich:

$$H_0^j : \mu_{neu,j} - \mu_{alt,j} \leq d_j \quad ; \quad H_1^j : \mu_{neu,j} - \mu_{alt,j} > d_j \quad ; \quad j = 1, \dots, k$$

Wir wollen annehmen, daß $k = 5$, und daß die 5 Tests die in Abb. 1 aufgeführten Ergebnisse gebracht haben.

Abb. 1					
Test	p	sign. nach B.	Rang der p-Werte	krit. Grenze nach B.H.	sign. nach B.H.
1	0.011		(2)	0.0125	+
2	0.062		(5)	0.0500	
3	0.015		(3)	0.0167	+
4	0.040		(4)	0.0250	
5	0.002	+	(1)	0.0100	+

Wenn man diese Testergebnisse transformieren würde in die Aussage “Die neue Sorte ist der alten mindestens in den Eigenschaften 1,3,4 und 5 um die jeweiligen kritischen Differenzen überlegen, dann hätte diese Aussage nicht die geforderte Irrtumswahrscheinlichkeit von $\alpha = 0.05$, sondern eine größere. Die bekannte Regel “Lehne H_0 ab, wenn die Überschreitungswahrscheinlichkeit kleiner gleich α ist”, gilt nur, wenn sie auf einen einzigen Test angewandt wird. Wenn man sie unkritisch auf eine ganze Schar von vielleicht vielen Hypothesen anwendet, kann die Irrtumswahrscheinlichkeit leicht sogar 50 % überschreiten! Man braucht also unbedingt ein Verfahren, das die Irrtumswahrscheinlichkeit auch für solche Aussagen garantiert, die auf den Ergebnissen mehrerer Tests beruhen. Ein solches Verfahren nennt man einen **multiplen** Test. Ein solcher multipler Test wählt aus einer Menge getesteter H_0^j eine Untermenge von abzulehnenden Hypothesen aus, wobei er garantiert, daß mit Wahrscheinlichkeit größer gleich $1 - \alpha$ **keine** der abgelehnten H_0^j wahr ist. Mit anderen Worten: Die Wahrscheinlichkeit dafür, daß auch nur **eine** der abgelehnten Testhypothesen wahr ist, muß kleiner gleich α sein. In diesem Fall sagt man, daß der Test das multiple Niveau α hält und nennt α die multiple Irrtumswahrscheinlichkeit.

In größerem Stil beschäftigt man sich mit der Theorie des multiplen Testens seit der grundlegenden Veröffentlichung von GABRIEL (1969). Eine sehr klare Übersicht über die grundlegenden Konzepte gibt aus mathematischer Sicht SONNEMANN (1981,1982).

Das bekannteste (oder vielleicht besser das am wenigsten unbekannte) und gleichzeitig einfachste multiple Testverfahren ist die Bonferroni-Prozedur. Sie basiert auf der folgenden, von BONFERRONI (1936) publizierten Ungleichung: Es seien $B_i (i = 1, \dots, k)$ Ereignisse, die mit den Wahrscheinlichkeiten $P(B_i)$ auftreten. Dann gilt für die Vereinigung der B_i , (d.h., daß B_1 **oder** .. **oder** B_k auftritt)

$$P\left(\bigcup_{j=1}^k B_j\right) \leq \sum_{j=1}^k P(B_j)$$

Diesen Satz können wir anwenden, um ein multiples Testverfahren zu konstruieren: Es sei B_j das Ereignis: “ H_0^j wird irrtümlich abgelehnt”. Wenn wir auf H_0^j einen Test mit der einfachen Irrtumswahrscheinlichkeit α/k anwenden, dann ist $P(B_j)$ entweder gleich α/k (nämlich dann, wenn H_0^j wahr ist) oder gleich 0 (falls H_0^j falsch ist; denn eine falsche Hypothese kann nicht **irrtümlich** abgelehnt werden). Also ist $P(B_j)$ in jedem Fall kleiner gleich α/k , folglich ist die Summe der $P(B_j)$ kleiner gleich α .

Aus dieser Überlegung läßt sich ableiten, wie man ein Testverfahren konstruieren kann, das die multiple Irrtumswahrscheinlichkeit α garantiert: Man lehnt diejenigen Testhypothesen ab, die eine Überschreitungswahrscheinlichkeit von weniger als α/k liefern.

Wir wollen dieses Verfahren nun auf die in Abb. 1 aufgeführten Testergebnisse anwenden, wobei wir wie gewöhnlich $\alpha = 0.05$ setzen. Wir lehnen diejenigen Testhypothesen ab, deren Überschreitungswahrscheinlichkeiten kleiner gleich $0.05/5=0.01$ sind. Bei unserem Beispiel können wir nur die 5. Hypothese ablehnen (siehe Spalte “signifikant nach B(onferroni)”).

Wenn wir das Bonferroni-Verfahren anwenden, wissen wir, daß die multiple Irrtumswahrscheinlichkeit kontrolliert bleibt. Trotzdem hat die Methode einen gravierenden Nachteil: Sie ist verhältnismäßig unscharf. Das bedeutet, daß sie auch **falsche** Testhypothesen nicht mit einer genügend hohen Wahrscheinlichkeit ablehnt. Deshalb hat man nach Verbesserungen des Verfahrens gesucht, um falsche Hypothesen mit größerer Wahrscheinlichkeit auch als falsch zu erkennen, ohne dabei die Kontrolle über die multiple Irrtumswahrscheinlichkeit erster Art zu verlieren.

In den Jahren 1977 und 1979 veröffentlichte der skandinavische Statistiker HOLM eine solche Verbesserung des Bonferroni-Verfahrens, die man heute i.a. **Bonferroni-Holm-Verfahren** nennt. Die Vorgehensweise ist die folgende: Man ordnet die Testhypothesen nach ihren Überschreitungswahrscheinlichkeiten p . In unserem Beispiel (Abb. 1) ist H_0^5 diejenige mit dem kleinsten p . Dieses kleinste p vergleicht man mit α/k , also mit 0.01. Wenn p_5 größer als 0.01 wäre, müßten wir das Verfahren beenden und dürften keine Testhypothese ablehnen. Da aber in diesem Fall $p_5 < 0.01$, lehnen wir die entsprechende Hypothese ab und fahren mit dem Verfahren fort. Wir vergleichen nun das zweitkleinste p (das ist p_1) mit $\alpha/(k-1)$, also mit 0.0125. Da $p_1 < 0.0125$, dürfen wir auch H_0^1 verwerfen und weitertesten. Das drittkleinste p , also p_3 , vergleichen wir mit $\alpha/(k-2) = 0.0167$ und können auch H_0^3 ablehnen. Dann vergleichen wir p_4 mit $\alpha/(k-3) = 0.025$, und diesmal stellen wir fest, daß dieses p zu groß ist. Folglich beenden wir das Verfahren hier. Das Endergebnis des Bonferroni-Holm-Verfahrens lautet: Die Testhypothesen H_0^1 , H_0^3 und H_0^5 sind falsch. Das bedeutet, daß die neue Weizensorte der alten mindestens in den Eigenschaften 1, 3 und 5 überlegen ist. Verglichen mit dem einfachen Bonferroni-Verfahren haben wir also zwei weitere Unterschiede statistisch abgesichert. Über die Eigenschaften 2 und 4 (!) können wir keine Aussage machen.

Wenn man, wie bei dem gerade besprochenen Beispiel, mehrere unterschiedliche Eigenschaften bei zwei Pflanzensorten vergleicht, dann sind die entsprechenden Testhypothesen logisch unabhängig. Das bedeutet, daß es von jeder möglichen Kombination dieser Hypothesen denkbar ist, daß genau sie richtig und die anderen falsch sind. Bei andersartigen Testfamilien ist es jedoch oft so, daß daraus, daß eine bestimmte Hypothese falsch ist, zwingend folgt, daß die anderen nicht gleichzeitig wahr sein können. Betrachten wir z.B. folgendes Beispiel: Man möchte 4 Weizensorten bezüglich einer einzigen Eigenschaft miteinander vergleichen. Zu diesem Zweck konstruiert man eine Hypothesenfamilie, die aus H_0^1 bis H_0^6 besteht (siehe Abb. 2, die dort definierte H_0^g soll vorläufig nicht beachtet werden).

Abb.2

Beispiel für das verbesserte Bonferroni-Holm-Verfahren
 Vergleich der Parameter aus 4 Stichproben

$$H_0^g = \bigcap_{j=1}^k H_0^j : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$$

		p				
H_0^g		0.014		G	$p < 0.05$	+
H_0^1	$\mu_1 = \mu_2$	0.022		(4)	$p > 0.05/3=0.0167$	-
H_0^2	$\mu_1 = \mu_3$	0.042		(5)		
H_0^3	$\mu_1 = \mu_4$	0.013		(3)	$p < 0.05/3=0.0167$	+
H_0^4	$\mu_2 = \mu_3$	0.151		(6)		
H_0^5	$\mu_2 = \mu_4$	0.001	+	(1)	$p < 0.05/3=0.0167$	+
H_0^6	$\mu_3 = \mu_4$	0.009	+	(2)	$p < 0.05/3=0.0167$	+

Wenn wie in diesem Fall H_0^5 falsch ist, dann ist es unmöglich, daß H_0^1 und gleichzeitig H_0^3 (oder H_0^4 und gleichzeitig H_0^6) wahr sind. Bei solchen logisch nicht unabhängigen Hypothesen kann man das Bonferroni-Holm-Verfahren mit einer Methode verbessern, die von SHAFFER (1986) veröffentlicht wurde: Zunächst vergleicht man wieder die kleinste Überschreitungswahrscheinlichkeit mit α/k . Falls dieses $p < \alpha/k$, lehnen wir die entsprechende Testhypothese ab und vergleichen dann das zweitkleinste p mit α dividiert durch die Anzahl derjenigen Hypothesen, die höchstens noch wahr sein können, wenn die abgelehnte Hypothese tatsächlich falsch ist. In unserem Fall können höchstens noch 3 andere Hypothesen gleichzeitig wahr sein, falls H_0^5 falsch ist. Deshalb vergleicht man das zweitkleinste p mit $\alpha/3 = 0.0167$ und lehnt die entsprechende Hypothese ab. Das folgende p vergleicht man ebenfalls mit $\alpha/3$; denn auch wenn H_0^5 und H_0^6 falsch sind, können immer noch 3 der anderen Hypothesen richtig sein. Bei dieser Vorgehensweise können wir auch H_0^3 ablehnen. Die folgende Hypothese kann allerdings nicht mehr abgelehnt werden. Wir erhalten somit die zusammengesetzte Aussage: “ μ_4 ist von allen anderen μ 's verschieden”. Es ist leicht zu sehen, daß wir bei Anwendung des Bonferroni-Holm-Verfahrens ohne die Shaffer-Verbesserung nur H_0^5 und H_0^6 hätten ablehnen können, bei Anwendung des einfachen Bonferroni-Verfahrens sogar nur H_0^5 .

Leider kann auch dieses Verfahren zu unbefriedigenden Ergebnissen führen. Man muß ja jedesmal die kleinste Überschreitungswahrscheinlichkeit mit α dividiert durch Gesamtzahl der Hypothesen vergleichen und das Verfahren sofort abbrechen, falls sie größer ist. Manchmal hat man es mit sehr vielen Testhypothesen zu tun. Vergleicht man z.B. Kennzahlen aus 10 Stichproben, so erhält man 45 Testhypothesen. Um eine multiple Irrtumswahrscheinlichkeit von 5 % zu garantieren, muß man das kleinste p mit 0.0011 vergleichen. Selbst wenn es in der Grundgesamtheit beträchtliche Unterschiede geben sollte, ist nicht damit zu rechnen, daß die kleinste Überschreitungswahrscheinlichkeit oft einen so geringen Betrag hat. Folglich bekäme man in diesem Fall von der multiplen Testprozedur noch nicht einmal dasjenige Ergebnis, das man bei Anwendung der einfachen Varianzanalyse vermutlich bekommen würde, nämlich daß es

Unterschiede zwischen den Kennzahlen gibt, wenn man auch nicht sagen kann, zwischen welchen von ihnen.

Glücklicherweise kann man die besprochenen Verfahren mit einem vorgesetzten Test der **globalen** Testhypothese kombinieren. Diese globale Testhypothese behauptet, daß es überhaupt keine Unterschiede gibt. In Abb. 2 ist sie unter dem Namen H_0^g definiert. Man könnte sie z.B. mit einer einfachen Varianzanalyse testen. Falls in einer Hypothesenfamilie eine solche globale Hypothese existiert, kann man zunächst deren Überschreitungswahrscheinlichkeit mit dem vollen α vergleichen. Falls dieser Test nicht signifikant wäre, müßten wir das Verfahren schon hier beenden. In unserem Fall liefert der globale Test jedoch ein signifikantes Ergebnis; wir verwerfen also die globale Hypothese und fahren fort. Jetzt vergleichen wir die kleinste Überschreitungswahrscheinlichkeit mit $\alpha/3$; denn nach der Ablehnung der globalen Hypothese können höchstens noch 3 der anderen Hypothesen gleichzeitig wahr sein. Bei diesem Beispiel erhalten wir schließlich das gleiche Ergebnis wie vorher, aber oft erweist sich dieser kombinierte Test als trennschärfer (d.h. er liefert häufiger ein signifikantes Ergebnis) als der einfache Test ohne diese Kombination.

Im Fall des Vergleichs von **drei** Stichproben erhalten wir das interessante Ergebnis, daß wir, nachdem die Globalhypothese abgelehnt ist, jeden der 3 einfachen Vergleiche mit der vollen Irrtumswahrscheinlichkeit α durchführen können; denn falls H_0^g falsch ist, dann kann höchstens noch eine einzige der einfachen Hypothesen wahr sein (und wir vergleichen ihre Überschreitungswahrscheinlichkeiten folglich mit $\alpha/1 = \alpha$).

Die Testprozeduren, die ich hier besprochen habe, habe ich am Beispiel von Hypothesen über die Gleichheit von Parametern erläutert und auch erwähnt, daß man die Globalhypothese mit einer Varianzanalyse und die einfachen Hypothesen mit t-Tests testen kann. Ich möchte aber sehr deutlich unterstreichen, daß die hier erwähnten Testverfahren absolut nicht auf diesen Fall beschränkt sind. Man kann sie bei beliebigen Hypothesenfamilien verwenden, die sich auf beliebige statistische Modelle beziehen und mit einem beliebigen Test getestet worden sind, sei es der Test von Wilcoxon, Kolgomoroff-Smirnoff oder irgend ein anderer. Daneben gibt es auch multiple Testverfahren, die auf ganz bestimmte Modelle zugeschnitten sind; auf sie möchte ich aber hier nicht eingehen.

Schließlich möchte ich noch darauf eingehen, in welcher Form die möglichen Ergebnisse multipler Testverfahren vorliegen können. Nehmen wir an, wir haben eine Hypothesenfamilie, wie sie in Abb. 3 gezeigt ist. Die jeweils abgelehnten Testhypothesen sind durch Kreuze gekennzeichnet.

Abb. 3						
Mögliche Ergebnisse eines multiplen Testverfahrens beim Vergleich der Parameter aus 3 Stichproben						
		1	2	3	4	5
H_0^g :	$\mu_1 = \mu_2 = \mu_3$	-	+	+	+	+
H_0^1 :	$\mu_1 = \mu_2$	+	+	+	+	-
H_0^2 :	$\mu_1 = \mu_3$	-	+	+	-	-
H_0^3 :	$\mu_2 = \mu_3$	-	+	-	-	-
		nicht kohärent				

Betrachten wir zunächst die Ergebnisspalte 1. Falls wir ein solches Ergebnis bekämen, müßten wir sagen, daß $\mu_1 \neq \mu_2$, daß aber möglicherweise $\mu_1 = \mu_2 = \mu_3$. Ein solches unsinniges, in sich widersprüchliches Ergebnis eines multiplen Testverfahrens nennt man "nicht kohärent". Bei der Konstruktion multipler Testverfahren hat man unbedingt darauf zu achten, daß nur kohärente Ergebnisse auftreten können. Das läßt sich z.B. dadurch erreichen, daß man, wie oben beschrieben, den Einzeltests einen globalen Test vorausschickt. Trotzdem ist es unvermeidlich, daß auch kohärente Testverfahren Ergebnisse produzieren können, die den Versuchsansteller nicht voll befriedigen. Die Ergebnisse in den Spalten 2 und 3 sind sehr leicht zu interpretieren: Ergebnis 2 bedeutet, daß alle Parameter sich unterscheiden, und aus Ergebnis 3 ist zu schließen, daß $\mu_1 \neq \mu_2$ und $\mu_1 \neq \mu_3$. Weniger zufriedenstellend ist das Ergebnis in Spalte 4: Es bedeutet, daß $\mu_1 \neq \mu_2$. Daraus folgt, daß notwendigerweise entweder $\mu_1 \neq \mu_3$ oder $\mu_2 \neq \mu_3$. Wir können aber nicht entscheiden, **welche** dieser beiden Aussagen richtig ist, obwohl wir genau wissen, daß eine von ihnen richtig sein **muß**. Noch unbefriedigender ist das Ergebnis in Spalte 5: Wir müssen folgern, daß nicht alle μ 's gleich sind, wir wissen aber nicht, zwischen welchen von ihnen die Unterschiede bestehen. Leider können derartige Ergebnisse auftreten, und es gibt keine Möglichkeit, sie von vornherein auszuschließen.

In der Angewandten Statistik ist es nicht die Ausnahme, sondern die Regel, daß eine Aussage auf den Ergebnissen mehrerer, manchmal sogar sehr vieler Tests beruht. Man denke z.B. an medizinische Untersuchungen über Haupt- und Nebenwirkungen von Arzneimitteln, die man in mehreren Krankenhäusern und außerdem noch in Tierversuchsanstalten durchführt, und bei denen man viele physiologische Größen mißt. Das Gleiche gilt für epidemiologische Untersuchungen, sei es von menschlichen Krankheiten, sei es im Zusammenhang mit dem Waldsterben. In jedem dieser Fälle testet man niemals eine einzige Hypothese, sondern stets eine Hypothesenfamilie, um eine statistisch abgesicherte Aussage zu bekommen. Leider wendet man in der Praxis bisher nur selten die für diesen Fall adäquaten Verfahren an; und ich hoffe, durch diesen Vortrag ein wenig zu ihrer Verbreitung beigetragen zu haben.

Literaturverzeichnis

- Bonferroni,C.E.** , 1936 : Theoria statistica classi e calcolo delle probabilitá.
Pubbl.R.Int.Super.Sci.Econ.Comm. Firenze 8 : 1-62.
- Gabriel,K.R.** , 1969 : Simultaneous test procedures - some theory of multiple comparisons. Ann.Math.Statist. 40, 224-250.
- Holm,S.** , 1977 : Sequentially rejective multiple test procedures.
Statistical research report 1977-1, University of Umea, Sweden
- Holm,S.** , 1979 : A simple sequentially rejective multiple test procedure.
Scand.J.Statist. 6, 65-70.
- Shaffer,J.P.** , 1986 : Modified sequentially rejective multiple test procedures.
J.Am.Statist.Assoc. 81, 826-831.
- Sonnemann,E.** , 1981 : Tests zum multiplen Niveau α . Simultane Hypothesenprüfungen; Tagungsbericht der Region Österreich-Schweiz der Internationalen Biometrischen Gesellschaft Bad Ischl (A) 1981
- Sonnemann,E.** , 1982 : Allgemeine Lösungen multipler Testprobleme.
EDV Med. Biol. 13, 120-128.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. H.D. Quednau, Forstwiss. Fakultät der LMU,
Am Hochanger 13, D-85354 Freising
email : quednau@lrz.uni-muenchen.de
WWW: <http://www.forst.uni-muenchen.de/~quednau/>