

Sammelprobe, eine Möglichkeit, die Laborarbeit bei Larvensurveys zu reduzieren

DIPLOM-MATHEMATIKER R. OEBERST UND DR. RER. NAT. N. BRIELMANN
INSTITUT FÜR HOCHSEEFISCHEREI UND FISCHVERARBEITUNG ROSTOCK
BEREICH FANG

Zur schnelleren Verfügbarkeit der jedes Jahr im Greifswalder Bodden mit einem Bongo-Netz durchgeführten Heringslarvenuntersuchungen, wurde die beschriebene Sammelprobentechnik eingesetzt. Die mengenproportional gewonnenen Feldproben werden zur Sammelprobe vereinigt. Deren Larvenmenge und Längenverteilung werden mit Hilfe von Teilproben, erzeugt mit einem Planktonteiler, sequentiell geschätzt. Die Anwendung 1982 bei zwei Aufnahmen führten zur Einsparungen von 60–90 % der Laborauswertung. Weiterhin wurden die Genauigkeit der Sammelprobentechnik mit dem parallel geführten Netz verglichen und aufgetretene Ungenauigkeiten diskutiert.

Для более быстрого исследования личинок сельди, проводимых каждый год в Грайфсвальдском боддене с помощью бонго-сети, применялся метод сводного образца. Пропорциональные по объему полевые пробы объединяются в сводный образец, численность личинок и их распределение в образце последовательно оцениваются с помощью частичных проб, полученных планктонным делителем. Применение метода в 1982 году при двух приемах привело к лабораторному использованию материала к сбережениям в 60–90 %. Далее сравнивалась точность метода сводного образца с данными параллельно используемой сети и обсуждались проявившиеся неточности.

1. Einleitung

Daten über die Abundanz, das Wachstum und das Überleben der Larven des Rügensch Fröhjahrsherings gehören zu den Grundlagen für die Einschätzung und für die Prognose zu diesem Bestand.

Die Untersuchung dieser wichtigen Parameter der „Larvenpopulation“ erfordert es, dem Aufwuchsgewässer eine große Anzahl von Ichthyoplanktonproben zu entnehmen und wissenschaftlich auszuwerten.

Die räumliche und zeitliche Repräsentativität des Probensystems, die dabei gewährleistet werden muß, ist in erster Linie von der räumlichen und zeitlichen Dichte der entnommenen Probensätze einzelner Aufnahmen abhängig.

Die Probendichte, also die Anzahl der räumlich und zeitlich günstig verteilten Proben, bestimmt wesentlich die Qualität der Untersuchungsergebnisse und ist ihrerseits in bedeutendem Maße von dem zur Probengewinnung betriebenen Aufwand, also letztlich von den ökonomischen Möglichkeiten bestimmt.

Während der Untersuchungen der Larven des Rügensch Fröhjahrsherings sind in den Jahren 1977–1979 jährlich zwischen 80 und 250 Feldproben angefallen und ausgewertet worden. Die Bearbeitung dieses Materials d. h. das Aussortieren, das Zählen und Messen der Heringslarven erfordert einen großen Laborkaufwand, der mehrere Mitarbeiter über Monate bindet.

Im Sinne einer möglichst schnellen Verfügbarkeit der Angaben über einen „Larvenjahrgang“ und im Sinne einer beträchtlichen Rationalisierung der Laborarbeiten bei gleichzeitig möglicher Steigerung des zu bearbeitenden Probenaufwandes wird bei der Analyse und Auswertung des Heringslarvenmaterials die im folgenden beschriebene Bearbeitung von „Sammelproben“ vorgeschlagen.

Die Anregung dazu wurde der Arbeit von WUHRMANN (1973) entnommen, die sich allerdings allgemein auf meßtechnische Aufgaben der Gewässerüberwachung bezieht.

Durch das Konzept der „Sammelproben“ wird nicht nur die notwendige Laborarbeit ökonomischer gestaltet, es wird durch die mögliche Steigerung der Anzahl der auswertbaren Feldproben auch eine Erhöhung der Qualität der für den Zweck wichtigen Aussagen erreicht.

Nachteile dieses Konzepts bestehen vor allem darin, daß Informationen über die konkreten Verhältnisse auf den einzelnen Feld-Stationen verloren gehen und die Genauigkeit der Schätzung nicht mehr anzugeben ist. Eine Anwendung erfordert also die Konzentration auf die wesentlichen Zielinformationen und den Verzicht auf durchaus

nützliche, manchmal wichtige Randinformationen, sowie auf die Angabe der Genauigkeit der Schätzungen. Diese Informationen sollten günstiger durch speziell entnommene Feldproben im Falle unserer Untersuchungen z. B. auch bedarfsweise durch die Analyse der Proben aus dem zweiten parallel geführten Netz des Bongo-Plankton-Fangerätes gewonnen werden.

Zielinformationen der Untersuchung des Probensatzes einer Aufnahme sind bei unseren Arbeiten die Abundanz der Heringslarven im Gewässer zum Zeitpunkt einer jeden Aufnahme und deren Längenstruktur.

Die Analyse der Entwicklung der „Larvenpopulationen“ im Verlaufe einer Saison und die Bestimmung der Anzahl der Überlebenden der Larven, sowie deren Wachstum, erfolgt durch den Vergleich der Ergebnisse mehrerer Aufnahmen.

Das vorgeschlagene Konzept besteht darin, daß die Untersuchung einer Vielzahl von Feldproben hinsichtlich der Larvenabundanz und deren Längenstruktur, die anschließende Zusammenfassung der Station-Ergebnisse und die Mittelwertbildung, die zu einer für das Untersuchungs-gewässer gültigen Schätzung der durchschnittlichen Abundanz und Längenstruktur der Larven führt, wie nachfolgend beschrieben, abgeändert wird.

An Stelle der Bearbeitung der einzelnen Feldproben wird die Bearbeitung von „Sammelproben“ durchgeführt. Das heißt, daß aus einer Vielzahl entnommener Feldproben, die das Gewässer repräsentativ erfassen, durch Vermischen in einem Probengefäß eine „Sammelprobe“ hergestellt wird. Mit Hilfe von Stichproben aus der „Sammelprobe“ werden die „mittleren“ Verhältnisse des Probensatzes hinsichtlich der Abundanz und Längenstruktur der Larven im Gewässer eingeschätzt. Eine Berechnung der Genauigkeit (Konfidenzintervall) für das Untersuchungsgebiet ist allerdings nicht möglich. Es ist aber anzunehmen, daß die Genauigkeit im allgemeinen nicht geringer als in den Vorjahren (durchschnittlich $\pm 61\%$) sein wird. Eine exakte Bestimmung ist durch die Bearbeitung des zweiten Probensatzes des „Bongonetzes“ nachträglich möglich.

2. Probenentnahme:

Das vorgeschlagene Konzept der „Sammelproben“ verlangt eine spezielle Strategie der Entnahme der Feldproben. Es sind vor allem folgende Aspekte zu beachten:

1. das Netz der Probenstationen muß das Untersuchungs-gewässer repräsentativ erfassen
2. das Probenprogramm muß die Larvensaison repräsentativ erfassen
3. die einzelnen Feldproben müssen mengenproportional sein.

Die repräsentative Bearbeitung des Untersuchungsgewässers erfordert es, daß die verschiedenen geographischen Gewässerteile vollständig durch Feldproben erfaßt werden.

Das Untersuchungsgewässer ist außerdem in Gebiete, die als potentielle Laichareale anzusehen sind, bzw. die Laichareale enthalten und in solche Gebiete, in denen keine Laichablagen erwartet werden, kaum zu unterscheiden. Das Netz der Probenstationen muß dem Rechnung tragen und die unterschiedenen Gewässerteile im Verhältnis ihrer Flächen mit Stationen belegen.

Das für unsere Untersuchungen aufgestellte Netz der Probenstationen umfaßt für den Greifswalder Bodden 30 Stationen, die das Gewässer flächenproportional repräsentativ abdecken.

Die zeitliche Abfolge der Larvenaufnahmen hat einen wesentlichen Einfluß auf die Repräsentativität der Aussagen zur Entwicklung der Larvenabundanz, zum Wachstum und zur Mortalität der Larven. Eine möglichst kurze Abfolge in der gesamten Saison wird darum angestrebt. Das Problem wurde u. a. von CORTEN (1980) anschaulich dargestellt; es wird klar, daß nicht nur die Anzahl der Aufnahmen, sondern auch deren günstige Verteilung im Saisonverlauf eine wesentliche Rolle für die Einschätzung der Saisonlarvenproduktion spielt.

Eine unumgängliche Voraussetzung für die Herstellung einer Sammelprobe ist es, daß die einzelnen Feldproben mengenproportional sind. Bei unseren Untersuchungen soll eine mittlere Abundanz der Heringslarven, angegeben in Individuen $\times m^{-2}$ Gewässeroberfläche (Ind. $\times m^{-2}$), mit der Fläche des Untersuchungsgewässers multipliziert werden, um die Abundanz im Gewässer z. Z. einer Aufnahme zu schätzen.

Zur Bestimmung der Abundanz in Ind. $\times m^{-2}$ aus der Anzahl der Individuen in der Probe wird, bei mengenproportionaler Erfassung aller Schichten der Wassersäule durch die Feldprobe, die Individuenzahl in der Probe mit dem Quotienten Hohlentiefe \times Filtervolumen $^{-1}$ multipliziert. Voraussetzung für die Zusammenfassung vieler einzelner Feldproben und Ausdruck ihrer Mengenproportionalität ist es darum, daß der Quotient Hohlentiefe \times Filtervolumen $^{-1}$ für die einzelnen Feldproben gleich ist. Diese Gleichheit bedeutet, daß auf allen Stationen für jede Schicht der Wassersäule ein gleich großes Filtervolumen durchfischt wird und somit die Stationen gleichwertig in die Sammelprobe eingehen.

Praktisch heißt das, daß die Absenk- und Hievgeschwindigkeit des Planktonfangergerätes sowie die Schiffsgeschwindigkeit bei allen Hols gleich sein muß, sofern man annehmen kann, daß keine Veränderungen der Filtrationsleistungen der Netze während des Hols erfolgt, was sicher nicht der Fall sein wird. Meßtechnik zur laufenden Überwachung der Netztiefe und des Wasserdurchflusses sollte eingesetzt werden.

3. Laborbearbeitung der Feldproben:

Der dem Gewässer im Rahmen einer Aufnahme entnommene Feldprobensatz wird im Labor zu einer „Sammelprobe“ zusammengefaßt. Dabei werden den Feldproben zunächst die groben Bestandteile wie Treibgut verschiedener Art, große Algen u. a. Pflanzenteile, Quallen usw. entnommen. Es ist selbstverständlich so zu arbeiten, daß dabei möglichst keine Heringslarven den Proben mitentnommen werden und verloren gehen. Die einzelnen Feldproben werden dann in einem Probengefaß vereint, gut vermischt und mittels Planktonteiler, in Abhängigkeit vom Umfang der gesamten „Sammelprobe“ in Stichproben gleichen Umfanges geteilt.

Die Qualität der Teilung der „Sammelprobe“ in die Stichproben ist bestimmend für deren Varianz und damit für den auszuwertenden Stichprobenaufwand.

4. Beschreibung der sequentiellen Auswertemethode

Durch Auswertung weniger Teilproben x_i soll die Larvenmenge der Sammelprobe und deren Längenverteilung geschätzt werden. Durch eine geeignete Methode ist der Aufwand an Laborarbeit zu minimieren. Dabei soll sich die Schätzgenauigkeit für das Untersuchungsgebiet aber nicht wesentlich verschlechtern. Es wird gefordert, daß für das Konfidenzintervall

$$[\bar{x} + /- d] < [\bar{x} + /- k\bar{x}] \quad (1)$$

mit $k = 0.1$ bzw. $k = 0.05$ gilt. Das heißt

$$[d < k\bar{x}] \text{ bzw. } [d/\bar{x} < k].$$

Es werden aufeinanderfolgend Teilproben analysiert und jeweils danach entschieden, ob die geforderte Bedingung (1) schon erfüllt ist, d. h. die Auswertung beendet werden kann, oder ob eine weitere Teilprobe auszuwählen und zu analysieren ist. Unterschieden werden dabei die beiden Fragestellungen:

- schätzen der Larvenmenge der Sammelprobe
- schätzen der Längenverteilung der Sammelprobe.

Im folgenden werden einige Bezeichnungen eingeführt:

Y	Anzahl der Larven in der Sammelprobe
x_i	Anzahl der Larven in der i-ten Teilprobe, $i = 1, N$
N	Anzahl der Teilproben Mittelwert der Larvenzahl der analysierten Teilproben

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

$$Y = N \bar{x}_n$$

$$s_N^2 = \frac{1}{n-1} \left(\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}_n)^2 \right) \left(\frac{N-n}{N} \right) \quad \text{Varianz der } x_i \text{ mit Endlichkeitskorrektur}$$

$$s_N^2 = \frac{1}{N-1} \left(\sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x}_N)^2 \right) \quad \text{Varianz aller Teilproben}$$

$$CV_N = s_N / \bar{x}_N \quad \text{Variationskoeffizient}$$

P_{ij}	Anteil in % des j-ten Längenbereiches in der i-ten Teilprobe
k	geforderte Schätzgenauigkeit
α	Irrtumswahrscheinlichkeit
$t(n-1, 1-\frac{\alpha}{2})$	Quantil der Student-Verteilung

$$8.3 - 5 = 8.3 \cdot 10^{-5} = 0.000083$$

5. Schätzen der Larvenmenge in der Sammelprobe
Ausgangspunkt ist die Forderung

$$d_n = t(n-1, 1-\frac{\alpha}{2}) s_n / \sqrt{n} < k \bar{x}_n.$$

Durch Umformen erhält man die Ungleichung

Tabelle 1
Auswertung einer in 6 6 zerlegten Larvenprobe

n	x_j	L_t	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	≥ 17	$\sum x_i^2 / \bar{x}_n^2 - n$	$n \frac{6}{n}$	
1	132	1	4	6	6	8	30	48	23	3	2	—	—	—	—	1.183 -2	1.800 -4	$CV_N = 0.166$
2	154	1	5	4	5	15	31	55	26	8	1	1	1	1	—	1.295 -1	6.490 -3	$\alpha = 0.05$
3	91	—	1	9	4	7	22	35	10	2	1	—	—	—	—	1.298 -1	3.560 -2	$k = 0.1$
4	125	—	2	5	6	3	42	30	22	4	—	—	—	1	1	—	—	—
5	116	}	2	1	7	12	10	42	103	52	8	2	—	1	—	—	—	—
6	124																	

$$\sum_{i=1}^n x_i^2 / \bar{x}_n^2 - n \frac{k^2 n (n-1)}{t^2 (n-1, 1-\frac{\alpha}{2}) (\frac{N-n}{N})} = a_n^N \quad (2)$$

die für eine sequentielle Arbeitsweise leicht handhabbar ist.

Es ist nach der Erzeugung der N-Teilstichproben die Tabelle der a_n^N zu berechnen. Nachdem die ersten beiden Teilproben analysiert wurden, ist jedesmal der Vergleich (2) durchzuführen und zu entscheiden, ob die nächste Teilprobe auszuwerten ist (Ungleichung nicht erfüllt) oder die Analyse beendet werden kann.

An zwei Beispielen soll das Verfahren erläutert werden. Die Urdaten und die Auswertetabelle des ersten Beispiels sind in Tabelle 1 zusammengefaßt. Nach Auswertung von 5 Teilproben war die geforderte Genauigkeit erreicht. Die Urdaten und die Auswertetabelle des zweiten Beispiels sind in Tabelle 2 zusammengefaßt. Die Bearbeitung konnte nach der 6. Teilprobe beendet werden. Die Beispiele zeigen, daß 1/6 bzw. 10/16 des Aufwandes ein-

Tabelle 2
Auswertung von 1/16 einer zerlegten Probe

n	$\sum x_i$	$\sum x_i^2 / \bar{x}_n^2 - n$	a_n^{16}	
1	153	—	—	$CV_N = 0.098$ $\alpha = 0.05$ $k = 0.1$
2	292	4.598 -3	1.417 -4	
3	455	1.131 -2	3.994 -3	
4	602	1.355 -2	1.582 -2	
5	722	5.041 -2	3.764 -2	
6	862	5.171 -2	7.267 -2	
7	990	6.388 -2	1.244 -1	
8	1124	6.717 -2	2.011 -1	

gespart werden konnten. Es sollte aber bei der Überprüfung von (2) noch folgendes beachtet werden. Für $N > 10$ und der Gültigkeit von (2) ist zu empfehlen, die beiden Nebenbedingungen zu kontrollieren

- a) $n/N > 1/4$
- b) ist $n/N < 1.4$, so sollte (2) für $(n-1)$ und n richtig sein.

Die Tabelle 3 zeigt die Abhängigkeit des zu erwartenden Laboraufwandes bei $N=12$ Teilproben von der Größe CV_N .

Aus der Tabelle 3 kann der Hauptfaktor für die Effektivität dieser Methode abgelesen werden. Für CV -Werte ≤ 0.1 kommt es zu einer großen Einsparung an Laborarbeit. CV_N wird aber durch den Prozeß der Teilung der Sammelprobe bestimmt. Eine Ungenauigkeit in dieser Bearbeitungsstufe erhöht den Aufwand der Laborarbeit. Aus diesem Grunde ist es notwendig, vor seiner Anwendung einen möglichen systematischen Fehler des Plankontrollers auszuschließen bzw. bei dessen Auftreten seine Auswirkungen durch einen bestimmten Teilungsalgorithmus zu minimieren (s. Anhang).

Bei der Überprüfung des von uns genutzten Plankontrollers erhielten wir das folgende Ergebnis:

162 Larven wurden wiederholt halbiert und die erste Hälfte ausgezählt

Larvenzahl	n	1	2	3	4	5	6	7
		72	73	89	81	76	82	88
		$\bar{x}_7 = 80.14, s_7 = 6.817, CV_N = 0.085.$						

Mit dem t-Test konnte kein systematischer Fehler nachgewiesen werden.

Tabelle 3
Darstellung der Abhängigkeit d_n / \bar{x} von CV_N
 $N = 12, \alpha = 0.05, \bar{x}_N = 100$

CV_N	s	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
0.5	50	4.10	1.08	0.65	0.47	0.37	0.30	0.24	0.19	0.15	0.10	0
0.4	40	3.28	0.86	0.52	0.38	0.30	0.24	0.19	0.15	0.12	0.08	0
0.3	30	2.46	0.65	0.39	0.28	0.22	0.18	0.14	0.12	0.09	0.06	0
0.2	20	1.64	0.43	0.26	0.19	0.15	0.12	0.10	0.08	0.06	0.04	0
0.1	10	0.82	0.22	0.13	0.10	0.07	0.06	0.05	0.04	0.03	0.02	0
0.05	5	0.41	0.11	0.06	0.05	0.04	0.03	0.02	0.02	0.01	0.01	0

Diese Ergebnisse zeigen, daß N und CV_N großen Einfluß haben. Es sollte ein CV_N -Wert um 0,1 und ein großes N angestrebt werden. Dabei ist aber $\bar{x}_N = 100$ nicht zu unterschreiten, da sich dann der Variationskoeffizient wieder vergrößert.

6. Schätzen der Längenverteilung

Um die Güte der Längenverteilung von aufeinanderfolgenden Teilproben einzuschätzen, gibt es verschiedene Möglichkeiten.

- a) Kontrolle der Konfidenzgrenzen der Mittelwerte von ausgewählten Längenbereichen
- b) Kontrolle der Häufigkeitsverteilung ausgewählter Längenbereiche
- c) Kontrolle der Häufigkeitsverteilung ausgewählter aufeinanderfolgender Teilproben (χ^2 -Test)
- d) Kontrolle der Anteile von ausgewählten Längenbereichen aufeinanderfolgender Teilproben.

Für eine sequentielle Auswertetechnik sind die Berechnungen für a), b) und c) aufwendig. Weiterhin kann es durch Überlappungen von Normalverteilungen zu Fehleinschätzungen kommen. Aus diesen Gründen wurde die Möglichkeit d) angewandt.

Aus der Häufigkeitsverteilung der mm-Klassen werden mehrere Bereiche ausgewählt. Diese können sich auch überlappen. Bei einer fehlerfreien Teilung sind die Häufigkeiten in den Unterproben, bzw. die Anteile der Bereiche an der Gesamtlängenverteilung normalverteilt. Für die Anteile treffen also die gleichen Voraussetzungen, wie für die Larvenmenge zu. Es ist folglich für alle ausgewählten Bereiche nach jeder analysierten Teilprobe

$$\sum_{i=1}^n p_{ij} / p_{jn} - n < a_n^N$$

zu kontrollieren.

Die Entscheidungsvorschrift lautet wie bei der Larvenmenge. Wenn die Ungleichung noch nicht erfüllt ist, muß die nächste Teilprobe analysiert werden.

Im dritten Beispiel (Tab. 1) werden die Anteile von Längenbereichen kontrolliert.

Um den zu erwartenden Probenumfang einzuschätzen, kann die Tabelle hinzugezogen werden. Es ist dafür der Variationskoeffizient der p_{ij} zu bestimmen.

Bei der Wahl der Längenbereiche sollte beachtet werden, daß die Werte $\bar{p}_j \geq 0.3$ sind und die Variation der p_{ij} minimal ist. Das heißt, Bereiche geringerer Häufigkeit und damit großer Variabilität sollten nicht das Hauptziel der Untersuchung sein.

7. Erste Ergebnisse bei der Anwendung der Sammelprobenmethode 1982

Im Juni 1982 wurden im Greifswalder Bodden zwei Larvenaufnahmen durchgeführt. Die erste Aufnahme fand um den 4. 6. statt und umfaßte 29 Stationen, die zweite wurde um den 16. 4. durchgeführt und umfaßte ebenfalls 29 Stationen.

Bei beiden Aufnahmen wurde eine Sammelprobe ausgewertet. Von dem parallel gefahrenen Netz wurden die Ergebnisse der einzelnen Stationen zur späteren Auswertung genutzt.

In Tabelle 4 sind die Werte der ausgewählten Teilproben der ersten Aufnahme, sowie deren Auswertung zusammengefaßt. Von den 128 Teilen der Gesamtprobe brauchten nur neun analysiert zu werden. 90 % des üblichen Aufwandes konnten eingespart werden.

Es ergaben sich die folgenden Schätzwerte:

Gesamtlarvenanzahl	17351	Vertrauensintervall
	[15616, 19086]	
Bereich 8-12 mm	6991	Vertrauensintervall
	[6291, 7690]	
Bereich 14-17 mm	6236	Vertrauensintervall
	[5612, 6860]	
Bereich ≥ 15 mm	6408	Vertrauensintervall
	[5767, 7049]	

In Tabelle 5 sind die Werte der ausgewählten Teilproben der zweiten Aufnahme, sowie deren Auswertung zusammengefaßt. Von den 32 Teilen der Gesamtprobe brauchten nur 10 analysiert zu werden.

Tabelle 4
Tabelle der ausgewerteten Teilproben der ersten Aufnahme. Die Sammelprobe wurde durch mehrfaches Halbieren in 128 Teilproben zerlegt.

n	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	$\sum_{h \neq j} n_{h,m} \cdot x_j$	$\sum x_j^2 / n$	a^{128} / n	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ 14-17 mm	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ 8-12 mm	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ ≥ 15 mm			
1	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	123	8.610	-3	2.274	2	8.175	-4	1.591	-3
2	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	105	3.772	-2	2.983	3	2.592	-3	2.073	-3
3	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	141	4.207	-2	4.168	-2	1.333	-2	2.185	-2
4	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	117	4.207	-2	4.665	-2	1.309	-2	2.343	-2
5	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	144	8.416	-2	4.665	-2	1.309	-2	2.343	-2
6	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	127	8.175	-2	4.665	-2	1.309	-2	2.343	-2
7	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	155	9.765	-2	7.402	-2	5.819	-2	7.782	-2
8	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	124	1.053	-1	1.072	-2	1.929	-2	8.450	-2
9	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	115	1.162	-1	1.072	-2	1.929	-2	8.450	-2
10	1	6	12	13	12	7	7	15	8	10	12	5	6	3	4	1	1	2	2	1	1	1	122	1.162	-1	6.904	-2	2.952	-2	8.463	-2

Tabelle 5

Ausgewertete Teilproben der 2. Aufnahme. Die Sammelprobe wurde in N = 32 Teilproben zerlegt

n	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	$\sum_{h \neq j} n_{h,m} \cdot x_j$	$\sum x_j^2 / n$	a^{32} / n	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ 17-22 mm	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ 13-17 mm	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ 7-13 mm	$\sum P_{ij}^2 / P_{jn} - n$ ≥ 15 mm								
1	2	3	5	2	6	2	4	9	6	5	10	9	16	7	3	8	9	2	1	2	2	111	2.338	-3	1.323	-4	8.874	-2	9.165	-3	2.046	-3	2.597	-3		
2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
6	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
8	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
9	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2
10	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	119	2	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2	119	2

Es ergaben sich die folgenden Schätzwerte:		
Gesamtlarvenzahl	3702	Vertrauensintervall [3413, 3991]
Bereich 7-13 mm	410	Vertrauensintervall [271, 549]
Bereich 13-17 mm	1298	Vertrauensintervall [1159, 1437]
Bereich 17-22 mm	1805	Vertrauensintervall [1709, 1901]
Bereich ≥ 15 mm	2992	Vertrauensintervall [2899, 3085]

Die Anwendung der Sammelprobe 1982 wies ihre Effektivität und Nutzbarkeit nach. Durch einen geschickten Teilungsalgorithmus kann dieser Effekt noch erhöht werden. Dabei muß aber jeder Anwender die Besonderheiten des genutzten Planktonteilers beachten.

Um die Kontrolle der Sammelprobentechnik zu ermöglichen, wurden von der zweiten Larvenaufnahme 1982 zusätzlich alle Larven der Sammelproben und des parallel geführten Netzes ausgemessen. Ziel dieser Untersuchung besteht in der Kontrolle der vorausgesagten Genauigkeit der vorgeschlagenen Methode. In Tabelle 6 sind die χ^2 -Verteilungen der 10 Teilproben, der 22 restlichen Teilproben und des zweiten Netzes angegeben. Als Gesamtlarvenzahl ergaben sich für das erste Netz 3764 Larven und für das zweite Netz 3778 Larven. Beide Werte lagen innerhalb des geschätzten Vertrauensintervalls. Weiterhin muß auf folgendes hingewiesen werden:

Tabelle 6

Vergleich der Ergebnisse der Sammelprobenschätzung mit den exakten Werten, bzw. mit dem parallel geführten Netz

- (1) mm-Klassen
- (2) χ^2 -Verteilung der Larvenhäufigkeit der 10 Teilproben
- (3) χ^2 -Verteilung der Larvenhäufigkeit der 22 restlichen Teilproben
- (4) χ^2 -Verteilung der Larvenhäufigkeit des zweiten Netzes

	(1)	(2)	(3)	(4)
7	—	—	—	4.24
8	—	3.45	8.06	11.65
9	—	12.09	18.04	27.79
10	—	17.27	16.88	27.00
11	—	22.32	26.09	27.00
12	—	34.54	34.82	31.27
13	—	41.45	44.90	36.00
14	—	55.27	72.91	51.09
15	—	63.77	92.10	72.02
16	—	69.91	99.00	78.35
17	—	90.67	115.89	82.05
18	—	94.89	103.99	76.64
19	—	89.51	82.89	78.61
20	—	101.80	66.00	72.00
21	—	69.95	59.86	79.94
22	—	59.95	51.89	55.58
23	—	48.56	39.91	87.17
24	—	45.63	31.08	46.06
25	—	21.59	13.81	39.44
26	—	12.09	6.91	21.70
27	—	8.64	6.91	9.53
28	—	3.18	3.07	6.88
29	—	5.18	1.92	2.65
30	—	1.73	1.92	1.08
31	—	0.53	0.58	0.79
32	—	—	0.58	—
33	—	—	0.58	—
990.90	—	—	1000	1000

Im Bereich 13-19 mm liegt die Larvenhäufigkeit bei den 22 32 der Sammelprobe höher als bei den 10 32. Entgegengesetzt ist es im Bereich 20-26 mm. In diesen Abschnitten wurde die geforderte und angenommene Schätznauigkeit nicht erreicht. Als Ursache sehen wir eine fehlerhafte Auswahl der 10 Teilproben an.

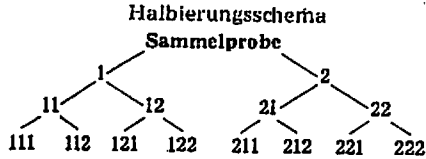
Wenn 1 die erste und 2 die zweite Hälfte beim Halbieren mit dem Planktonteiler bedeutet, so läßt sich jede Teilprobe eindeutig einer Zahlenfolge zuordnen (s. Schema).

Die Zuordnungen für die 10 Teilproben sind in Tabelle 7 dargestellt. Alle entstammen also aus der ersten Hälfte der ersten Teilung. Es fand keine zufällige Auswahl statt. Wir nehmen an, daß bei der ersten Halbierung eine unterschiedliche Längenverteilung erzeugt wurde. Ein weiteres Problem tritt beim Vergleich der beiden parallel geführten Netze auf. Auch dort liegt eine unterschied-

Tabelle 7

Zuordnung der ausgewerteten Teilproben zum Halbierungsschema

Probennummer	Zuordnung
1.	1.1.1.1.1.
2.	1.1.1.1.2.
3.	1.1.1.2.1.
4.	1.1.1.2.2.
5.	1.1.2.1.1.
6.	1.1.2.1.2.
7.	1.1.2.2.1.
8.	1.1.2.2.2.
9.	1.2.2.2.1.
10.	1.2.2.2.2.



liche Längenverteilung vor, die nicht nur auf zufällige Schwankungen zurückzuführen ist. An diesem Problem wird noch gearbeitet.

Anhang

1. Ausnutzen eines systematischen Fehlers des Planktonteilers

Möge der Planktonteiler die Probe a halbieren. Dabei werde eine Hälfte systematisch mit einem festen Anteil bevorzugt.

$$b_1 = \frac{a}{2} - y \frac{a}{2} \quad b_2 = \frac{a}{2} + y \frac{a}{2}$$

Unter der Ausnutzung der bereits erklärten Bezeichnung im Teilungsschema, läßt sich jede Teilprobe durch eine Kombination von Einsen und Zweien darstellen.

$$a_{1_2^j} = a_{2^{i+j}} (1-y)^i \cdot (1+y)^j$$

Die Variation der Teilproben wird jetzt minimiert, in dem man $a_{1_2^j}$ und $a_{j_1^i}$ kombiniert. Zum Beispiel $a_{111} + a_{222}$, $a_{112} + a_{221}$, $a_{121} + a_{212}$, $a_{122} + a_{211}$. Es treten dann systematische Abweichungen der Größenordnung y^2 auf.

2. Tabelle der Werte $k^2 n (n-1) t^2 \left(n-1, 1 \frac{\alpha}{2} \right)$ für $k = 0.1$

n	$k^2 n (n-1) t^2$	$\frac{16}{n}$
2	1.240 -4	1.417 -4
3	3.245 -3	3.994 -3
4	1.187 -2	1.582 -2
5	2.588 -2	3.784 -2
6	4.542 -2	7.267 -2
7	6.997 -2	1.244 -1
8	1.005 -1	2.011 -1
9	1.345 -1	3.083 -1
10	1.762 -1	4.599 -1
11	2.212 -1	7.078 -1
12	2.727 -1	1.091
13	3.283 -1	1.751
14	3.901 -1	3.127
15	4.586 -1	7.337
16	5.290 -1	∞

Literatur

1. BECHER, H. B.: Composite sampling in aquatic environment. ICES, C.M. 1977/L: 5
2. BRIELMANN, N.; OEBERST, R.: Collective Samples - a possibility to reduce the laboratory work by larvae surveys. ICES, C.M. 1982/J: 16
3. CORTEN, A.: The use of larval abundance data for estimating the stock size of North sea herring. ICES, C.M. 1978/H: 3
4. Autorenkollektiv: Biometrie Berlin: VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag 1973
5. COCHRAN, W. G.: Stichprobenverfahren Berlin, New York: Walter de Gruyter 1972
6. WEBER, E.: Grundriß der biologischen Statistik. Jena: VEB Gustav Fischer Verlag 1967
7. WUHRMANN, K.: Meßtechnische Angaben der Gewässerüberwachung. N T Nr. 12/1973