

Notat: Specialopgørelse af forsøgene i 07003 serierne - *Kvælstof respons på variabel biomasse i vinterhvede*

05-11-2021

Philipp Trénel, ph.d., seniorkonsulent
phtr@teknologisk.dk, +45 72 20 33 92

Formål

- At belyse kvælstofresponsen målt som øget relativt kerneudbytte, relativt proteinudbytte og protein% som funktion af tilført kvælstof (N) ved variabel biomasse målt som drone-indhentet NDRE ved måle- og tilførselstidspunkterne marts (03), april (04) og maj (05).
- Der ønskes bestemt, om N-responsen er størst ved:
 - lav biomasse (lave NDRE-værdier), hvilket taler for en optimal omfordeling af gødskning fra områder med høj biomasse til områder med lav biomasse i marken ('Robin Hood' strategi) eller
 - høj biomasse (høje NDRE-værdier) svarende til en optimal omfordeling af gødskning fra områder med lav biomasse til områder med høj biomasse i marken (omvendt 'Robin Hood' strategi).
- Der ønskes bestemt, om gradueringseffekten (=synergieffekten mellem kgN tildelt og biomasse målt som NDRE) på relativt kerneudbytte, relativt proteinudbytte og protein% er størst i marts, april eller maj.

Overordnede konklusioner

- Der er fundet en såkaldt Structural Equation Model (SEM), der i tilstrækkelig grad beskriver effekten af N-tildeling i synergi med biomasse målt ved NDRE på de tre tidspunkter marts, april og maj i afgrødens vækstsæson. Denne model inkluderer kun N-tildeling og NDRE som inputvariabler (model M1). Modellen har en forventet standard prædiktionsfejl på $RMSEP = \pm 11.3$ hkg kerner/ha. RMSEP for de enkelte marker lå mellem ± 6.5 og ± 15.2 hkg kerner/ha.
- At øge kompleksiteten af modellen ved at inkludere ler% og relativ højde i marken i forhold til markens laveste punkt forbedrede ikke prædiktionssevnen betydeligt. En random forest (RF) prædiktionsmodel kunne også confirmere, at andre variabler end N-tildeling, NDRE og deres synergi kun i ringe grad forbedrer prædiktionssevnen.
- Model M1 indikerede, at N-responsen for ekstra tildelt N stiger med faldende NDRE i alle tre target-variabler, hvilket understøtter den såkaldte 'Robin Hood' strategi som den optimale strategi.
- Det optimale gradueringstidspunkt blev bestemt ved sammenligning af de totale effekter af gradueringen på de forskellige tidspunkter. Denne varierer mellem target-variablerne: en optimering af kerne-udbytte opnås mest

effektiv tidligt i sæsonen (mart, april), mens det modsatte gælder for protein%.

- Fordelingen af NDRE tidligt i sæsonen (marts) varierede betydeligt mellem markerne og dermed den forventede graduerings effekt. Ud fra modellen indikeres, at gradueringen tidligere i væksten (lavere NDRE i marts) resulterer i en højere N-respons ved høst.
- Ud fra modellen kan der beregnes en optimeret gradueringsstrategi i form af tildelingsfunktioner i marts, april og maj.

Metoder

Forsøgsdesign

- Forsøgsbehandlinger, måleparametre og forsøgsdesign er beskrevet i Nordic Field Trial System her (se links).
 - 070031919: link til forsøgsplan
 - 070032020: link til forsøgsplan
 - 070032121: link til forsøgsplan

Data

- Data er hentet fra NFTS.
- EM38: EM38 punktdata er hentet fra FieldTrialMonitor, og der er udført Kriging-interpolering til generering af EM38-kort for hver lokalitet ved at bruge den automatiske kriging-procedure i R-pakken `automap` på et 0.5 × 0.5 m grid. Derefter er der for hver parcel i marken fundet den gennemsnitlige krigede EM38 værdi over griddet.
- Ler%: For hver lokalitet er der brugt lineær regression til at estimere sammenhængen mellem målt Ler% (tre målinger pr. lokalitet, strategisk placeret af SEGES, 0-25 cm dybde) og parcelvis EM38, hvorefter der for hver parcel er prædikeret en Ler%-værdi.
- Topografiske variabler: Gennemsnitlig relativ højde (m) i forhold til markens laveste punkt, samt slope (topografisk hældning) og aspect (kompassretnings- eksponering) er beregnet for hver parcel ud fra Danmarks højdemodel DHM/Terrain, se her [Danmarks Højdemodel \(sdf.dk\)](https://sdf.dk/).
- NDRE: der er brugt NDRE som biomasse-indikator. NDRE er målt ved efteråret i året før høst (`NDREfall`) og de tre tidspunkter marts (`NDRE03`), april (`NDRE04`) og maj (`NDRE05`) forud de respektive gødskningsbehandlinger i marts (`kgN03`), april (`kgN04`) og maj (`kgN05`). Der er anvendt NDRE, idet denne typisk har en senere mætning end NDVI.
- Der er beregnet følgende target-variabler jf. NFTS-formelsamlingen:
 - Udbytte i standard kvalitet (hkg/ha) (`hkgKerne.ha`)
 - Proteinudbytte (hkg/ha) (`hkgRåprotein.ha`)
 - Protein% (`Protein_proc`)
- Data for de enkelte forsøg fremgår af graferne i Appendikset.
- Forsøg 070031919-003 er udgået af analyserne her, idet der forelå indikationer på, at vækst og udbytte var begrænset af andet end kvælstof

(ingen N-respons ved øget N-tildeling). Dermed er forsøget ikke egnet til undersøgelse af synergieffekten mellem biomasse og N-tildeling.

- Karakteristika af forsøgslokaliteter (marker), der indgår i analysen, er beskrevet i tabel 1.

Modeller

- Der er brugt Structural Equation Models (SEM) til at modellere, hvorledes N-gødskning ved de tre forskellige tidspunkter marts, april og maj afhængig af biomasse ved de pågældende tidspunkter både direkte og indirekte øger biomassen og endeligt påvirker afgrødens kerneudbytte, proteinudbytte og protein%. Da SEM modeller modellerer variabelernes inter-afhængighed langs en defineret påvirkningskæde, kaldes SEM modeller også for Path Models.
- I en SEM analyse opstilles der et path-netværk af variabelers rettede afhængigheder som en hypotese, hvorefter data bruges til at estimere påvirkningsstørrelserne (effekterne) langs netværkets grene.
- Effekter i SEM modellens opstillede path-netværk estimeres som koefficienter i lineære modeller. Dermed er en SEM model en ordnet eller struktureret samling af lineære regressioner, hvis koefficienter afspejler påvirkningernes størrelse for alle grene i netværket.
- SEM netværkets hypotese testes ved at undersøge, om de foreliggende data afviser den samlede præsenterede path-hypotese. Dertil er der anvendt Fisher's C test.
- Ud fra de estimerede effekter (koefficienter) beregnes der både direkte og indirekte effekter. Indirekte effekter af en variabel er effekter via andre variable langs en sti igennem netværket. Dermed kan en SEM model bruges til at estimere både:
 - korttidseffekter, f.eks. påvirkningen af graderet N-gødskning i marts på biomasse i april, og
 - langtidseffekter, f.eks. påvirkningen af graderet N-gødskning i marts ($kgN03:NDRE03$) på udbytte ved høst. Den totale langtidseffekt er summen af både den direkte og indirekte effekt. Den indirekte effekt af graderet N-gødskning i marts på udbytte ved høst er medieret via den observerede biomassepåvirkning i april og i maj. Den direkte effekt på udbytte ved høst er effekten af graderet N-gødskning i marts udover den medierede effekt (i.e., den marginale effekt). Dette kunne f.eks. skyldes forsinkelse af effekten, som dermed ikke er kommet til udtryk i mediator-variablerne NDRE i april og maj, eller at NDRE kun er en proxy for biomasse og dermed ikke fange hele væksteffekten.
- Der er også undersøgt, om følgende baggrundsvariable influerer i) vekselvirkningen mellem biomasse og gødningstildeling og ii) target-variablerne uafhængig af vekselvirkningen mellem biomasse og gødningstildeling (som hovedeffekter):
 - NDRE målt i efteråret før høståret ($NDRE_{fall}$),
 - tekstur målt som Ler% estimeret via kalibrerede EM38 målinger ($Clay$) eller

- topografiske variabler, såsom relativ højde i forhold til markens laveste punkt (`r.Height`), topografisk hældning (`slope`) eller kompasretnings-eksponering (`aspect`).
- For at mindske antal SEM path-modeller, der skal testes, er der brugt en Random Forest model til understøttelse af variabeludvælgelse.
- I alle modeller er der anvendt:
 - Kerneudbytte og proteinudbytte udtrykt som relativt udbytte i forhold til markens gennemsnit. Dermed sikres der fokus på omfordeling indenfor mark og ikke mellem marker. Variablerne betegnes hhv. som:
 - `d.hkgKerne.ha`
 - `d.hkgRåprotein.ha`
 - Logit-transformede NDRE-værdier. Dermed tages der højde for at NDRE (virtuelt) er begrænset mellem 0 og 1. NDRE er ikke udtrykt i forhold til markens gennemsnit, fordi dette muliggør, at gradueringsresponsen kan være forskelligt ved lave eller høje NDRE-værdier, og dermed forklare forskelle i N-respons imellem marker.
 - For NDRE ved efteråret er der efter transformationen beregnet den relative afvigelse fra markens gennemsnit (`d.NDREfall`), idet denne variabels påvirkning af NDRE i marts (`NDRE03`) ikke er påvirket af niveauændringer i NDRE hen over vinteren, f.eks. pga. udvintring.
- Alle modeller er analyseret på tværs af forsøgene 070031919-001, -002, 070032020-001, -002, -003, og 070032121-001 og -002.

Random Forest prædiktionsmodel

- Der er brugt en random forest model til at generere:
 - 1) en optimal prædiktionsmodel for udbytte, proteinudbytte og protein% som benchmark for SEM modellernes opnåede prædiktionssevne
 - 2) for at undersøge variabernes relative Variable Importance (VIMP) og derigennem udpege kandidater for betydende hovedeffekter og vekselvirkninger med synergieffekten mellem biomasse og gødningstildeling.
- Der er brugt en multivariat-respons random forest model med default-indstillinger (500 træer i skoven, $m/3$ variabler samlet til hvert træ, hvor m er antal variable).

SEM path-modeller

- Der er brugt piecewise SEM modeller af lineære mixed effects modeller, med forsøg (trial) og gentagelsesblok (b) modelleret som nestede normalfordelte tilfældige effekter.
- Effekterne er beregnet som standardafvigelses-standardiserede effekter, omtrentligt svarende til Pearson korrelationer. Dermed er effekternes størrelse (i.e., variabernes betydning) sammenlignelige på tværs af SEM netværket. Standardiseringen gør at koefficienter ikke direkte kan tolkes i

målte enheder, f.eks. NDRE-enheder, kg kerne/ha, etc., men skal tolkes som korrelationer.

- Til estimering af såvel 95%-konfidensintervaller som en forventet test-set eller hold-out prædiktionssevne for SEM modellernes prædiktioner langs påvirkningskæden er der anvendt 500 bootstrap iterationer, hvor gentagelsesblokke på tværs af alle marker tilfældigt samples og hvor ikke-sampled gentagelsesblokke fungerer som out-of-bag test set til beregning af RMSEP (Root Mean Squared Error of Prediction).
- RMSEP er også beregnet for hver forsøgslokalitet for sig for at undersøge, om enkelte marker udviser betydende mismatch med den estimerede SEM path-model.
- For at undersøge, hvilket N-tildelingstidspunkt udviser størst påvirkning af parametre ved høst er der ud fra SEM modellen estimeret totale, direkte og indirekte effekter for NDRE, kgN tildelt og synergieffekten mellem NDRE, og kgN tildelt på kerneudbytte, proteinudbytte og protein%. Den totale effekt er summen af den direkte effekt og alle indirekte effekter.
- I alle SEM modeller er der taget højde for korrelationen mellem target-variablerne kerneudbytte, proteinudbytte og protein% vha. co-variables parametre.
- Der er udført standard modelkontrol for normalfordelte residualer.
- Alle analyser er udført i R, særligt vha. pakkerne `randomForestSRC`, `nlme`, og `piecewiseSEM`.

Forbehold

- De fundne resultater baserer sig på de foreliggende data. Modellens kompleksitet i forhold til antal marker i datasættet gør, at de fundne koefficienter kan forventes at variere ved tilføjelse af data fra flere marker.
- RMSEP er estimeret på baggrund af hold-out af gentagelsesblokke og ikke for hold-out marker.



Tabel 1: Karakteristika af forsøgslokaliteter. Gns.±SD.

Høstår	Forsøg	% NA	N gent.	N parc.	Højde (m.o.h.)	Gns. slope	Ler%	NDRE efterår	NDRE marts	hkg kerne/ha	hkg protein/ha	Protein%
2019	070031919-001	6,2	60	473	68.0±2.7	5.1±2.7	13.2±2.9	0.47±0.03	0.36±0.03	113.0±8.9	9.8±1.2	10.2±0.7
2019	070031919-002	5,4	60	477	44.9±2.0	2.7±1.7	18.3±3.2	0.43±0.08	0.32±0.06	118.1±8.8	10.3±1.1	10.3±0.8
2020	070032020-001	4,4	63	497	62.5±1.2	4.1±2.0	8.9±1.5	0.33±0.03	0.19±0.02	68.4±11.1	7.0±1.6	12.0±1.4
2020	070032020-002	23,3	52	399	113.9±2.3	6.1±1.9	10.8±1.3	0.41±0.03	0.21±0.04	92.8±10.0	7.9±1.6	10.0±1.2
2020	070032020-003	1,1	55	435	39.9±1.0	2.9±1.2	8.2±0.9	0.33±0.03	0.2±0.02	94.8±14.0	8.4±1.5	10.5±1.6
2021	070032121-001	9,1	45	349	80.8±3.1	4.3±2.8	8.5±0.6	0.37±0.04	0.19±0.02	102.6±7.0	7.9±1.2	9.1±1.0
2021	070032121-002	3,8	68	539	55.9±2.3	2.5±1.3	9.7±1.0	0.3±0.03	0.12±0.02	91.4±9.7	7.4±1.6	9.5±1.3

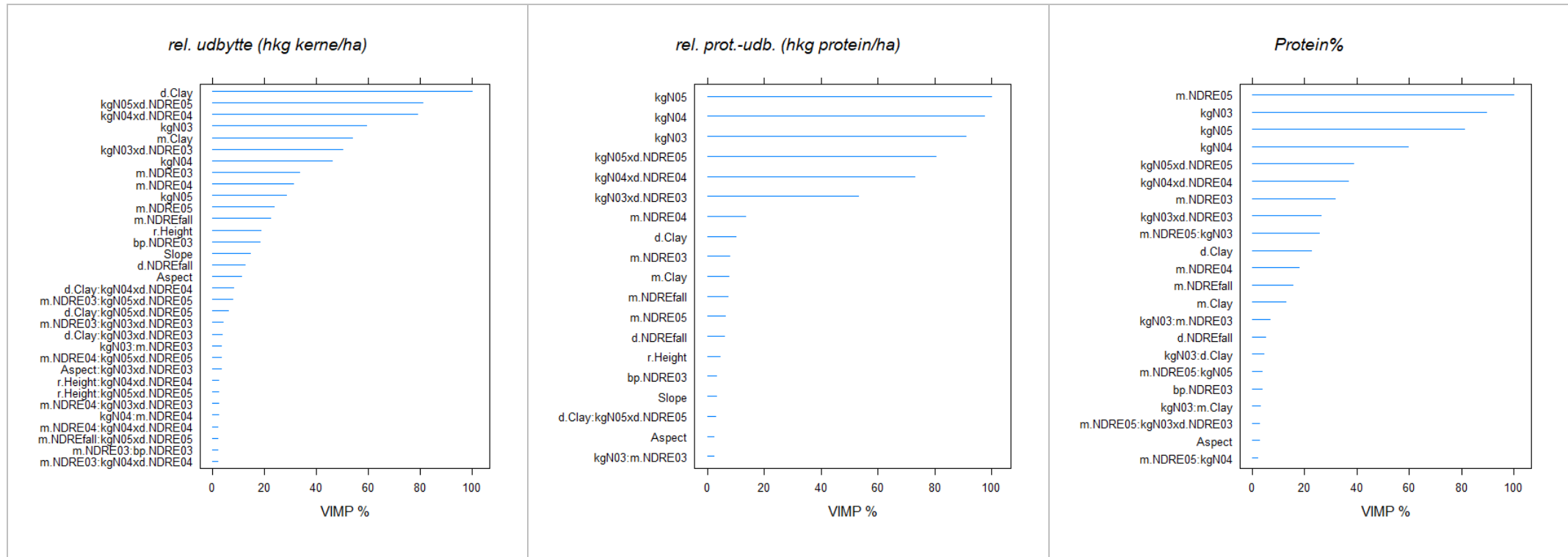


Fig. 1: Relativ VIMP i forhold til modellens mest betydende variabel. 'd.': relativ til markens gns.; 'm.': markens gns.; 'bp.NDRE03': klassevariabel for NDRE03 < 0.2 (ja/nej); '.x.' eller ':' indikerer vekselvirkning. Det fremgår, at vekselvirkninger med synergieffekten mellem N-gødskning og biomasse er af lav betydning for prædiktionen af target-variablerne, mens selve synergieffekten typisk har høj betydning, særligt vedr. kerne-udbytte fordelingen indenfor mark. Kun variabler/vekselvirkninger med en rel. VIMP > 2% er vist.

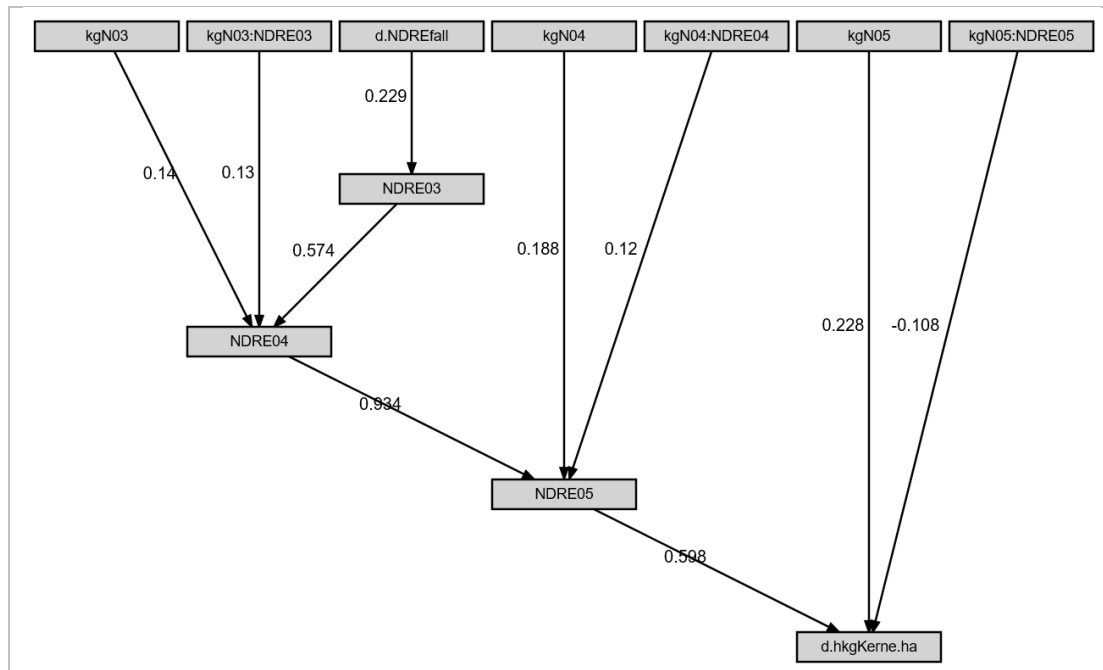


Fig. 2: Minimal path model for relativt udbytte. En minimal path model består kun af direkte korttidseffekter svarende til en fuldkommen mediering af effekterne. Grenenes koefficienter er standardiserede effekter omtrentligt svarende til korrelationer.

Resultater

- RF-analysen indikerede, at variabler vedr. N-tildeling, biomasse (NDRE) og deres synergi (vekselvirkning) dominerede VIMP for alle tre target-variabler, undtagen for det relative kerneudbytte, hvor Ler%-variationen både indenfor og mellem markerne var en betydende variabel (Fig. 1). Ler%-variationen indenfor mark er den mest betydende variabel for det relative kerneudbytte efterfulgt af graduerings-indikatorerne.
- Vekselvirkninger med graduerings-synergieffekten viste sig at være ikke betydende for nogle af target-variablerne.
- Resultater af SEM analyse fremgår af Fig. 2 til 5 og tabeller 2 til 4.
- Minimal path modellen kunne forkastes som en tilstrækkelig beskrivelse af data (Fisher's C-test, $p < 0.001$).
- SEM model M1, som udvider minimal path modellen med indirekte effekter og direkte langtidseffekter fra N-tildeling, biomasse og deres synergieffekt til target-variablerne, leverede et fit, der ikke kunne forkastes (Fisher's C-test, $p < 0.76$).

Tabel 2: Resultater fra RF og SEM modellerne

Model	Beskrivelse	Forklarende variabler	Respons	Model performance				p-værdi af Fisher's C-test [†]
				Marginal (faste effekter)			Conditional (faste + tilfældige effekter)	
				RMSEP	% [‡]	R ²	R ²	
Random Forest	Benchmark model	alle ÷ trial ÷ gent.blok	Rel. udbytte	±6.5 hkg/ha	±6.7	0.58		
			Rel. prot.udb.	±0.6 hkg/ha	±7.2	0.81		
			Protein%	±0.5 %-point	±4.7	0.90		
M-0 Minimal path	Kun direkte korttidseffekter af NDRE:kgN, ingen baggrundsvariabler	NDRE og kgN trial og blok som tilfældig effekt	NDRE03			0.05	0.93	<0.001
			NDRE04			0.57	0.91	
			NDRE05			0.78	0.85	
			Rel. udbytte	±10.0 hkg/ha	±10.3	0.25	0.47	
			Rel. prot.udb.	±1.3 hkg/ha	±15.5	0.40	0.56	
			Protein%	±1.4 %-point	±13.6	0.22	0.64	
M-1	Både kort- og langtids-, direkte og indirekte effekter af NDRE:kgN, ingen baggrundsvariabler	Som M0	NDRE03			0.05	0.93	0.759
			NDRE04			0.48	0.90	
			NDRE05			0.80	0.85	
			Rel. udbytte	±11.3 hkg/ha	±11.7	0.44	0.78	
			Rel. prot.udb.	±1.1 hkg/ha	±13.1	0.65	0.90	
			Protein%	±1.0 %-point	±9.8	0.52	0.88	
M-2	Som M-1 +Clay	Som M1 plus ler% både som hovedeffekt og vekselvirkning med NDRE:kgN	NDRE03			0.06	0.92	0.892
			NDRE04			0.57	0.92	
			NDRE05			0.80	0.86	
			Rel. udbytte	±11.3 hkg/ha	±11.7	0.44	0.79	
			Rel. prot.udb.	±1.1 hkg/ha	±12.6	0.66	0.90	
			Protein%	±0.9 %-point	±9.1	0.56	0.88	
M-3	Som M-1 +Clay +r.Height	Som M2 plus en polynomial-effekt af orden 2 for relativ højde som hovedeffekt	NDRE03			0.06	0.92	0.723
			NDRE04			0.57	0.92	
			NDRE05			0.80	0.86	
			Rel. udbytte	±11.4 hkg/ha	±11.8	0.44	0.79	
			Rel. prot.udb.	±1.1 hkg/ha	±12.6	0.66	0.90	
			Protein%	±0.9 %-point	±9.1	0.56	0.88	

[†]: p > 0.05 indikerer, at data ikke kan afvises at fitte til modellen

[‡]: procent af gns. target-variabel over alle marker

Tabel 3: RMSEP for SEM model M1 fort alle forsøg og for hvert forsøg

	RMSEP		
	Rel. udbytte (hkg kerne/ha)	Rel. protein-udb. (hkg råprot./ha)	Protein%
Alle forsøg	11.3 (10.6, 12.1)	1.1 (1.0, 1.2)	1.00 (0.90, 1.10)
070031919-001	15.2 (13.5, 16.7)	1.6 (1.5, 1.8)	0.52 (0.46, 0.60)
070031919-002	10 (8.8, 11.1)	1.1 (1.0, 1.3)	0.47 (0.42, 0.52)
070032020-001	10.2 (9.1, 11.1)	0.9 (0.8, 1.0)	1.97 (1.83, 2.12)
070032020-002	6.6 (4.8, 8.6)	0.6 (0.5, 0.7)	0.52 (0.41, 0.69)
070032020-003	12.1 (10.9, 13.3)	0.7 (0.6, 0.8)	0.97 (0.72, 1.22)
070032121-001	6.5 (4.6, 8.4)	0.6 (0.5, 0.7)	0.93 (0.87, 1.00)
070032121-002	13.9 (12.4, 15.2)	1.4 (1.3, 1.5)	0.60 (0.52, 0.68)

Tabel 4: Estimerede totale, direkte og indirekte standardiserede effekter i SEM model M1. Negative koefficienter for graduerings-effekten (synergien mellem N-tildeling og biomasse, kgN03:NDRE03) indikerer, at 'Robin Hood' strategien er på spil i de foreliggende data. Med fed er indikeret det behandlingstidspunkt med størst total effekt af graduerings-effekten.

Target variabel	Effekt	Total (95%-CI)	Indirekt	Direkt
Rel. udbytte (hkg kerne/ha)	NDRE03	0.76 (0.64, 0.87)	0.42	0.34
	NDRE04	0.99 (0.89, 1.08)	0.18	0.81
	NDRE05	0.18 (0.12, 0.24)	-	0.18
	kgN03	0.21 (0.16, 0.27)	0.20	0.01
	kgN04	0.16 (0.10, 0.21)	0.03	0.12
	kgN05	0.24 (0.22, 0.26)	-	0.24
	kgN03:NDRE03	-0.43 (-0.51, -0.34)	-0.05	-0.37
	kgN04:NDRE04	-0.24 (-0.31, -0.17)	-0.04	-0.2
	kgN05:NDRE05	-0.15 (-0.20, -0.10)	-	-0.15
Rel. protein-udb. (hkg råprot./ha)	NDRE03	0.42 (0.33, 0.51)	0.33	0.09
	NDRE04	0.77 (0.7, 0.84)	0.14	0.63
	NDRE05	0.14 (0.11, 0.18)	-	0.14
	kgN03	0.50 (0.46, 0.55)	0.16	0.34
	kgN04	0.43 (0.39, 0.46)	0.03	0.4
	kgN05	0.52 (0.50, 0.53)	-	0.52
	kgN03:NDRE03	-0.21 (-0.26, -0.14)	-0.02	-0.19
	kgN04:NDRE04	-0.16 (-0.21, -0.11)	-0.02	-0.14
	kgN05:NDRE05	-0.11 (-0.15, -0.09)	-	-0.11
Protein%	NDRE03	0.10 (0.06, 0.15)	0.12	-0.01
	NDRE04	0.33 (0.27, 0.38)	0.15	0.18
	NDRE05	0.15 (0.12, 0.18)	-	0.15
	kgN03	0.40 (0.36, 0.43)	0.10	0.3
	kgN04	0.33 (0.31, 0.35)	0.03	0.3
	kgN05	0.49 (0.47, 0.51)	-	0.49
	kgN03:NDRE03	-0.09 (-0.13, -0.05)	0.00	-0.09
	kgN04:NDRE04	-0.18 (-0.20, -0.15)	-0.02	-0.16
	kgN05:NDRE05	-0.16 (-0.19, -0.13)	-	-0.16

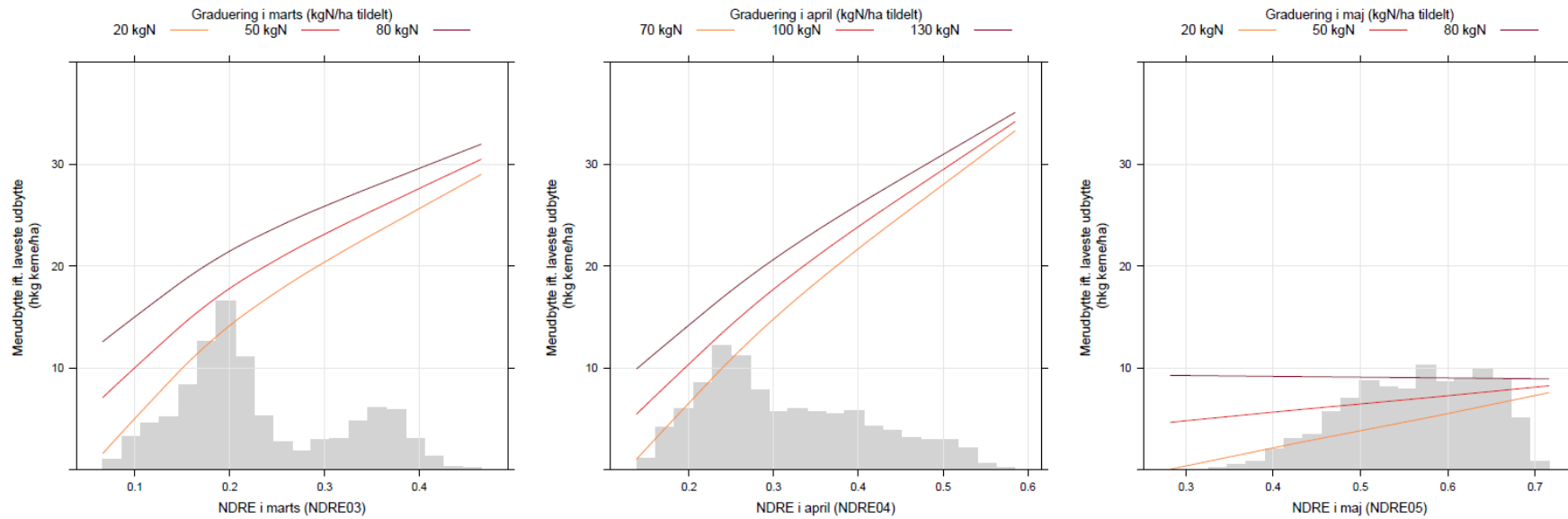


Fig. 3: SEM model M1 prædiktioner af relativt udbytte for N-tildeling i marts, april og maj. Forskellen mellem kurverne er N-responsen. I grafen er også vist fordelingen af NDRE på tværs af forsøgsmarkerne. Relativt udbytte er her udtrykt i forhold til det lavest ydende område i marken.

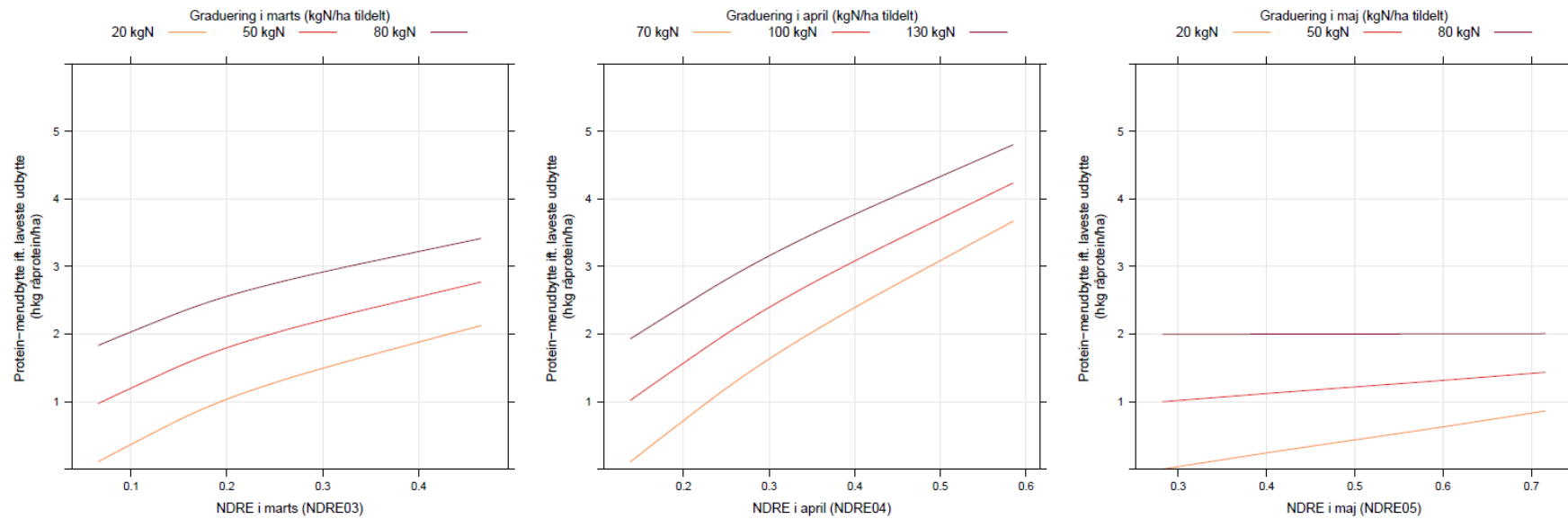


Fig. 4: Som Fig. 3, men for relativt proteinudbytte.

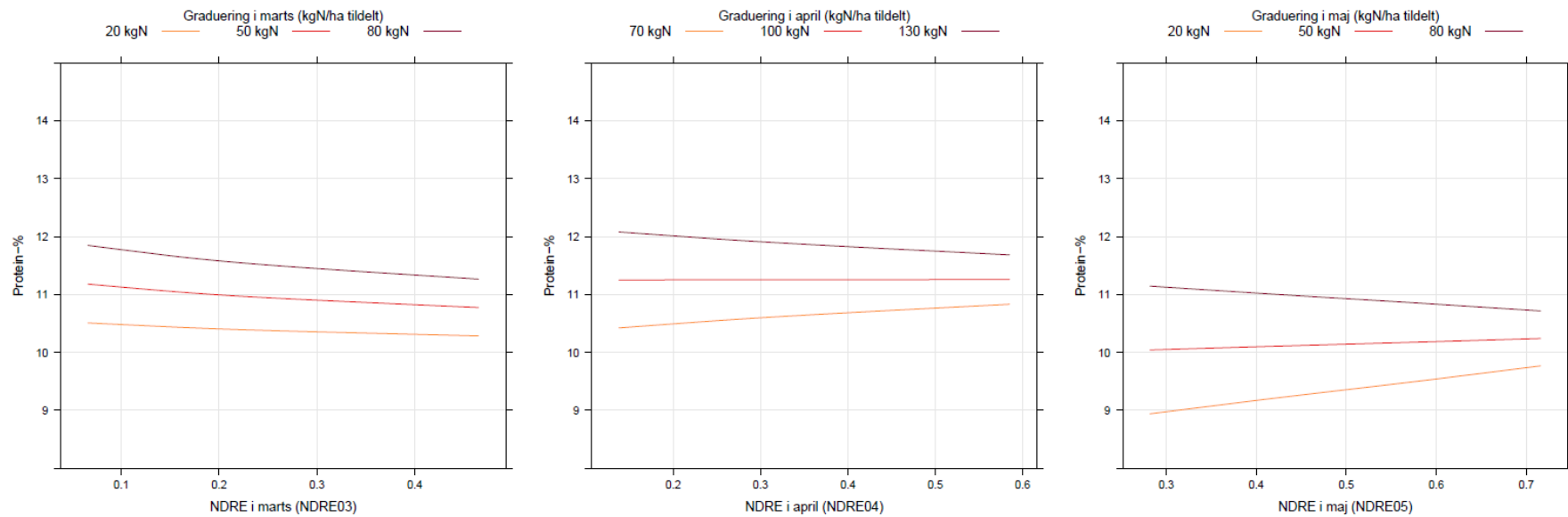


Fig. 5: Som Fig. 3, men for relativt proteinudbytte.



Appendiks

Tabel A1: SEM model M1, estimerede koefficienter.

Response	Predictor	Estimate	Std.Error	Std.Estimate	95%-CI		p-value
NDRE03	d.NDREfall	2,73	0,08	0,23	0,2	0,26	***
NDRE04	d.NDREfall	0,89	0,08	0,08	0,06	0,11	***
NDRE04	kgN03	<0.01	<0.01	0,14	0,12	0,16	***
NDRE04	NDRE03	0,44	0,02	0,47	0,41	0,54	***
NDRE04	kgN03:NDRE03	<0.01	<0.01	0,13	0,11	0,16	***
NDRE05	d.NDREfall	-0,26	0,07	-0,03	-0,05	-0,02	***
NDRE05	kgN03	<0.01	<0.01	0,36	0,31	0,42	***
NDRE05	NDRE03	-0,17	0,02	-0,27	-0,34	-0,2	***
NDRE05	kgN04	<0.01	<0.01	0,18	0,15	0,21	***
NDRE05	NDRE04	0,71	0,02	1,01	0,96	1,05	***
NDRE05	kgN03:NDRE03	<0.01	<0.01	0,29	0,21	0,36	***
NDRE05	kgN04:NDRE04	<0.01	<0.01	0,11	0,06	0,15	***
d.hkgKerne.ha	kgN03	<0.01	0,02	0,01	-0,05	0,07	
d.hkgKerne.ha	NDRE03	6,87	1,15	0,34	0,26	0,41	***
d.hkgKerne.ha	kgN04	0,05	0,01	0,12	0,07	0,17	***
d.hkgKerne.ha	NDRE04	17,96	1,38	0,81	0,7	0,91	***
d.hkgKerne.ha	kgN05	0,09	0,01	0,24	0,22	0,26	***
d.hkgKerne.ha	NDRE05	5,52	1,21	0,18	0,12	0,24	***
d.hkgKerne.ha	kgN03:NDRE03	-0,08	0,01	-0,37	-0,44	-0,3	***
d.hkgKerne.ha	kgN04:NDRE04	-0,06	0,01	-0,2	-0,27	-0,14	***
d.hkgKerne.ha	kgN05:NDRE05	-0,07	0,02	-0,15	-0,2	-0,1	***
d.hkgProtein.ha	d.NDREfall	-2,84	0,38	-0,08	-0,11	-0,06	***
d.hkgProtein.ha	kgN03	0,02	<0.01	0,34	0,3	0,39	***
d.hkgProtein.ha	NDRE03	0,27	0,1	0,09	0,04	0,15	**
d.hkgProtein.ha	kgN04	0,02	<0.01	0,4	0,37	0,43	***
d.hkgProtein.ha	NDRE04	1,92	0,12	0,63	0,55	0,69	***
d.hkgProtein.ha	kgN05	0,03	<0.01	0,52	0,5	0,53	***
d.hkgProtein.ha	NDRE05	0,62	0,1	0,14	0,11	0,18	***
d.hkgProtein.ha	kgN03:NDRE03	-0,01	<0.01	-0,19	-0,23	-0,13	***
d.hkgProtein.ha	kgN04:NDRE04	-0,01	<0.01	-0,14	-0,19	-0,1	***
d.hkgProtein.ha	kgN05:NDRE05	-0,01	<0.01	-0,11	-0,15	-0,09	***
Protein_proc	d.NDREfall	-3,22	0,33	-0,09	-0,11	-0,07	***
Protein_proc	kgN03	0,02	<0.01	0,3	0,27	0,34	***
Protein_proc	NDRE03	-0,04	0,09	-0,01	-0,05	0,04	
Protein_proc	kgN04	0,02	<0.01	0,3	0,29	0,32	***
Protein_proc	NDRE04	0,59	0,1	0,18	0,13	0,22	***
Protein_proc	kgN05	0,03	<0.01	0,49	0,47	0,51	***
Protein_proc	NDRE05	0,68	0,09	0,15	0,12	0,18	***
Protein_proc	kgN03:NDRE03	<0.01	<0.01	-0,09	-0,13	-0,05	***
Protein_proc	kgN04:NDRE04	-0,01	<0.01	-0,16	-0,18	-0,13	***
Protein_proc	kgN05:NDRE05	-0,01	<0.01	-0,16	-0,19	-0,13	***
Co-varianser							
~~d.hkgKerne.ha	~~d.hkgProtein.ha	0,82		0,82	0,81	0,84	***
~~d.hkgKerne.ha	~~Protein_proc	-0,36		-0,36	-0,41	-0,31	***
~~d.hkgProtein.ha	~~Protein_proc	0,17		0,17	0,11	0,22	***

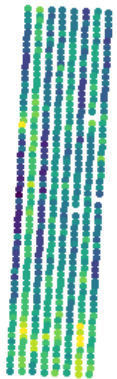
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05
NDRE-variabler er logit-transformerede



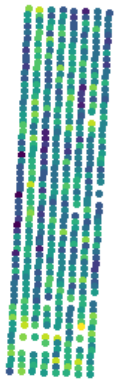
TEKNOLOGISK
INSTITUT

070031919-001

hkgKerne.ha



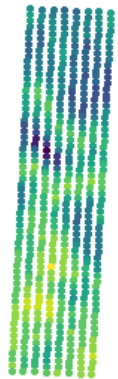
kgN.ha



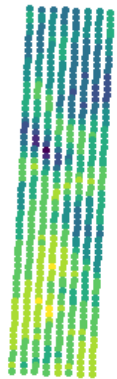
Protein_proc



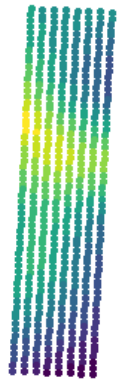
EM38



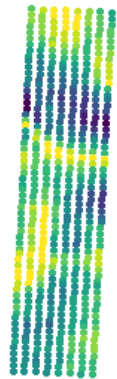
Ler_25



Height



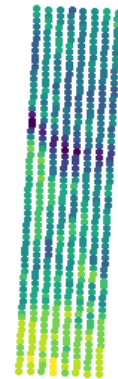
Slope



Aspect



NDVI03



NDVI04

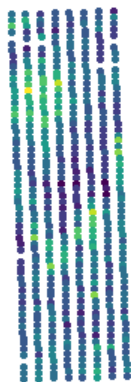


NDVI05

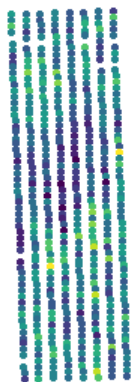


070031919-002

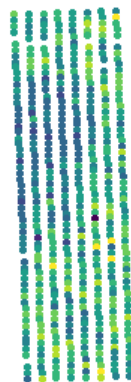
hkgKerne.ha



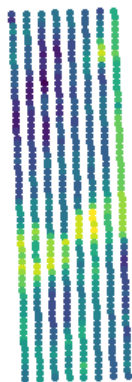
kgN.ha



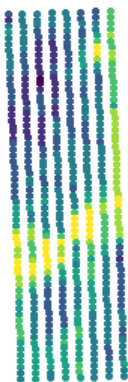
Protein_proc



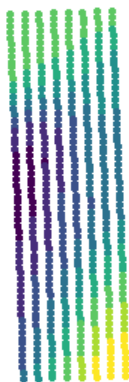
EM38



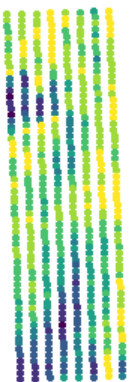
Ler_25



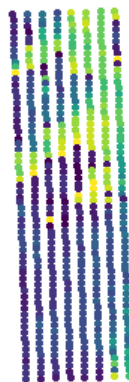
Height



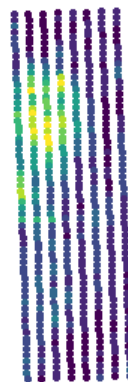
Slope



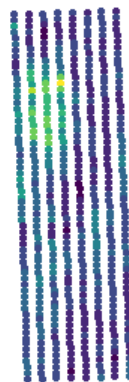
Aspect



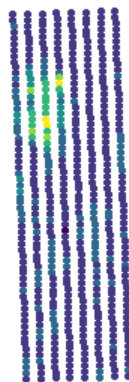
NDVI03



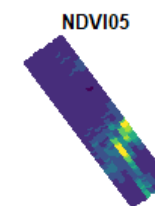
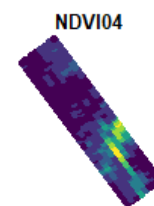
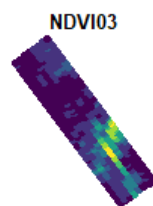
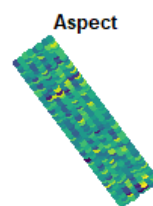
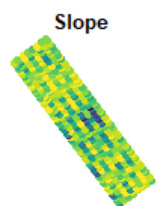
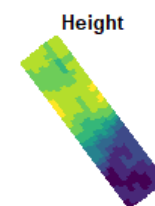
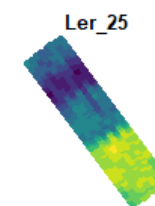
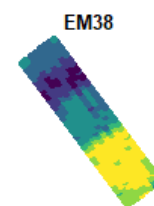
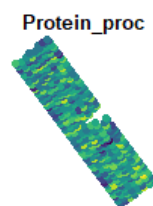
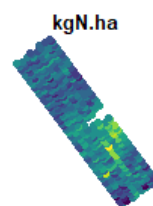
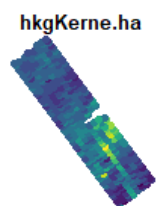
NDVI04



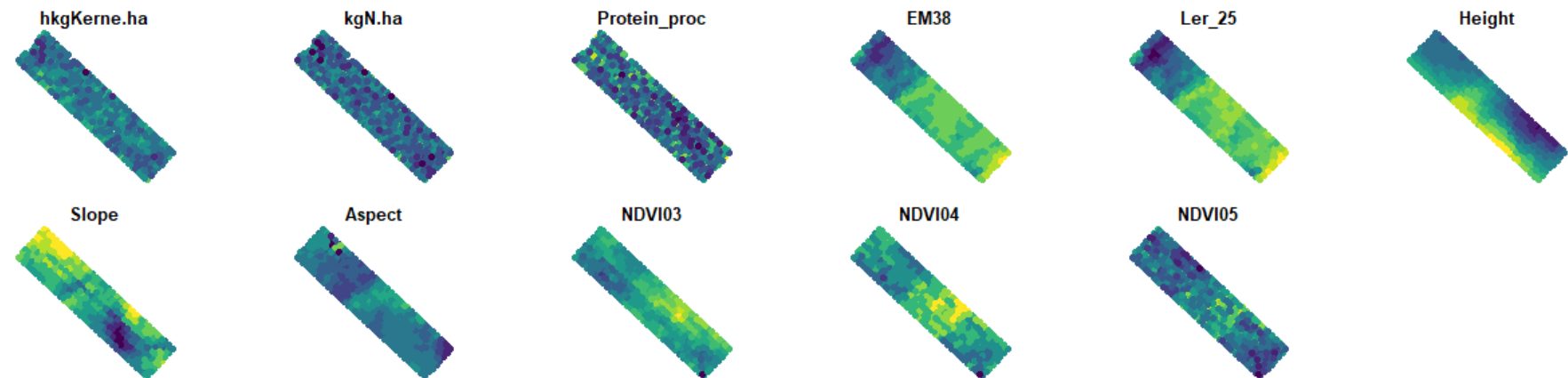
NDVI05



070031919-003



070032020-001



070032020-002

hkgKerne.ha

kgN.ha

Protein_proc

EM38

Ler_25

Height

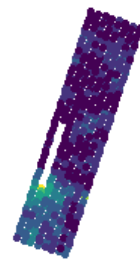
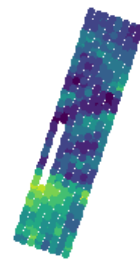
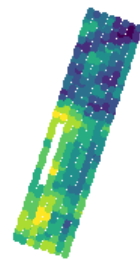
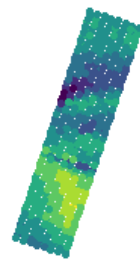
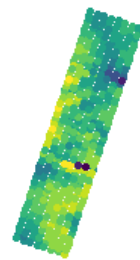
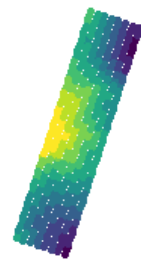
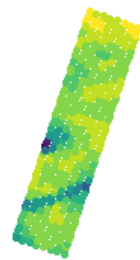
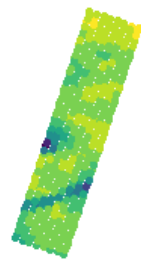
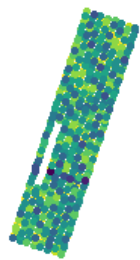
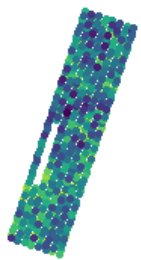
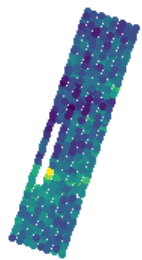
Slope

Aspect

NDVI03

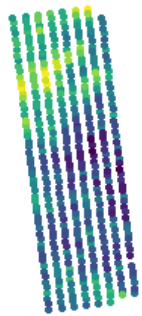
NDVI04

NDVI05

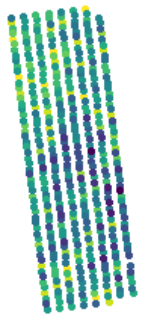


070032020-003

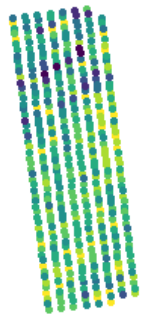
hkgKerne.ha



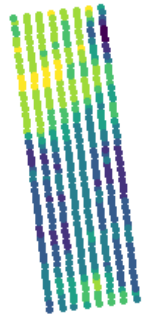
kgN.ha



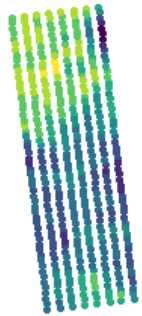
Protein_proc



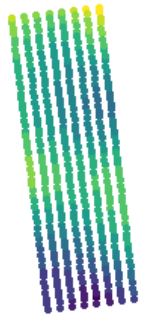
EM38



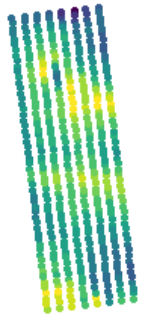
Ler_25



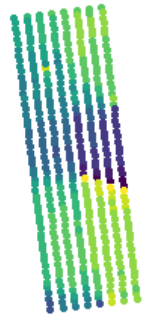
Height



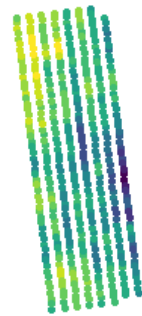
Slope



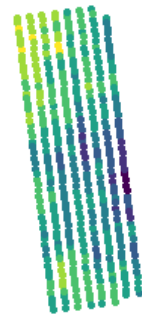
Aspect



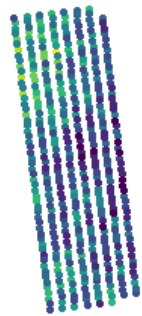
NDVI03



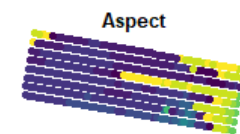
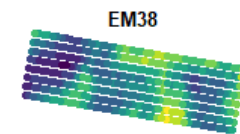
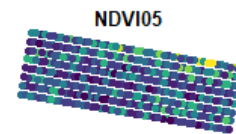
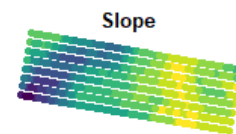
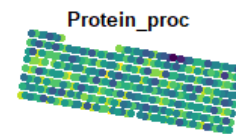
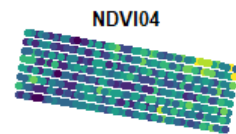
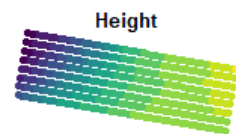
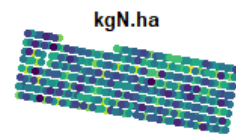
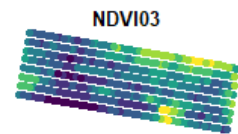
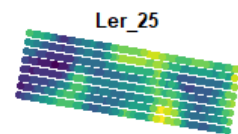
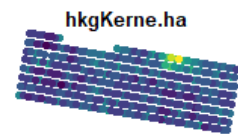
NDVI04



NDVI05



070032121-001



070032121-002

hkgKerne.ha

kgN.ha

Protein_proc

EM38

Ler_25

Height

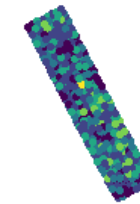
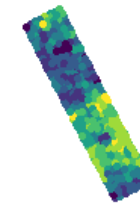
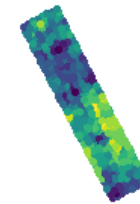
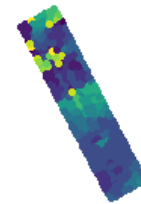
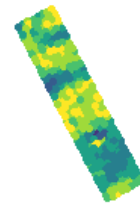
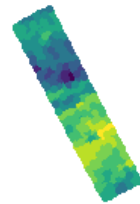
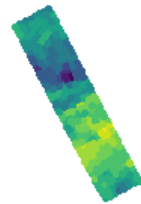
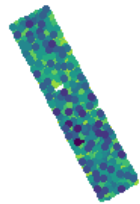
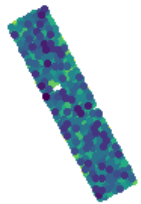
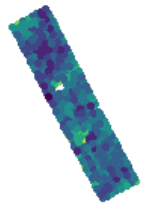
Slope

Aspect

NDVI03

NDVI04

NDVI05



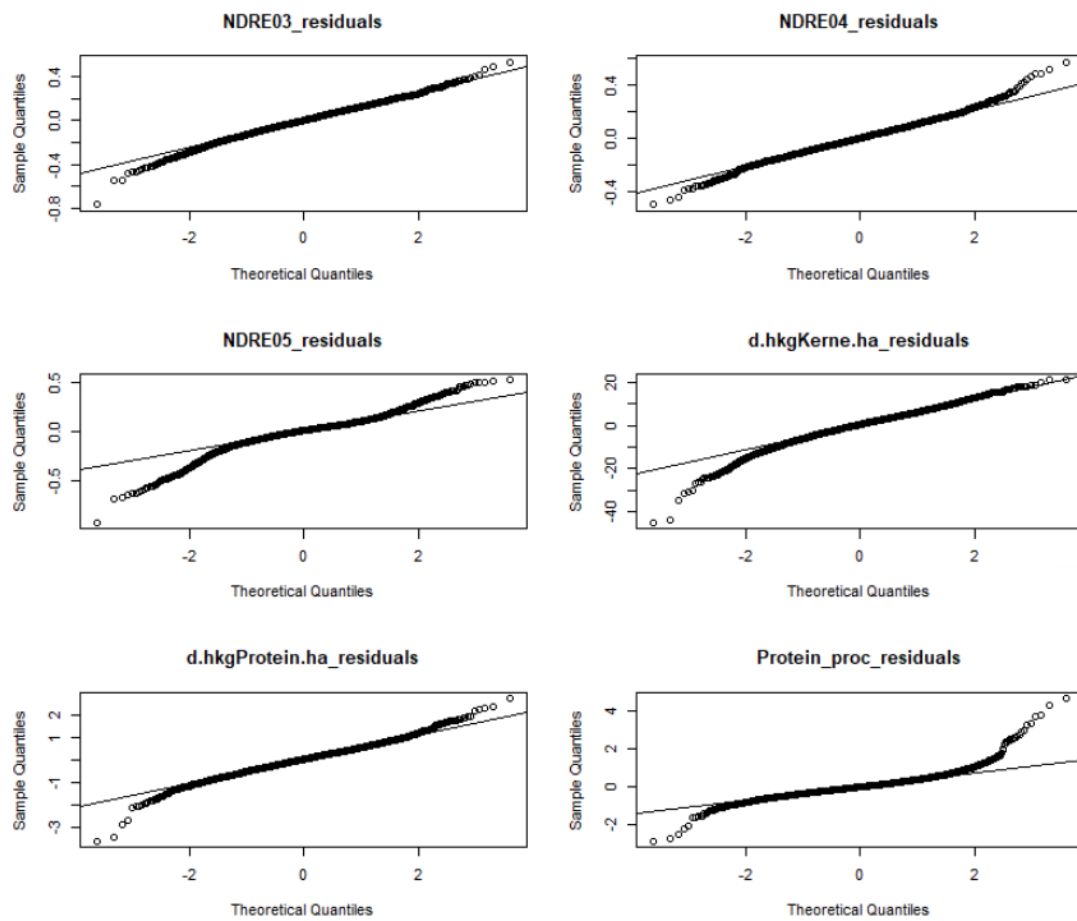


Fig. A1: Modelkontrol for M1.