

COGITATIONES

Die nomographische Bestimmung des logarithmischen Durchschnittes von Versuchsdaten und die graphische Ermittlung von Regressionswerten

Einleitung. Um die statistische Beurteilung von Versuchsergebnissen zu vereinfachen, ist es vorteilhaft, diejenigen Grössen der Versuchsanordnung, die in die Berechnung eingehen, konstant zu halten¹. Dadurch werden auch günstige Voraussetzungen geschaffen, um die Berechnungen mit Hilfe von Nomogrammen durchzuführen^{1,2}. An einem Beispiel aus der Mikrobiologie soll gezeigt werden, wie durch geeignete Wahl der Versuchsgrössen die rein graphische Bearbeitung der Messungen ermöglicht wird.

Experimentelle Grundlagen. Das Trockengewicht eines Schimmelpilzes nimmt in den ersten Tagen des Wachstums exponentiell zu. Ersetzen wir die Absolutwerte der Messungen durch deren Logarithmen, so liegen die Punkte, als Funktion der Zeit aufgetragen, auf einer Geraden. Zur Beschreibung des Wachstums genügt es, zwei Parameter dieser Geraden, zum Beispiel die Steigung b und die Abszisse x_c des Schnittpunktes der Geraden mit einer willkürlich festgelegten Horizontalen $y_c = c$ anzugeben (Figur 1).

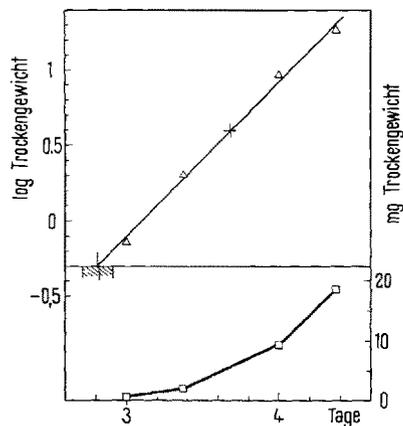


Fig. 1. Trockengewichte der Pilzmycelien als Funktion der Zeit. Mittelwerte aus vier Parallelkulturen: Durchschnitt der vier Einzelwerte und logarithmischer Durchschnitt. Graphisch ermittelter Schnittpunkt der Regressionsgeraden mit $y_c = -0,30103$ und berechneter Wert mit Vertrauensbereich (schraffiert).

¹ H. THÖNI, Biometr. Z. 5, Heft 1, im Druck (1963).

² A. WENGER, Diss. Universität Bern (1961).

Nomogramm zur Bestimmung des logarithmischen Durchschnittes aus vier Einzelwerten

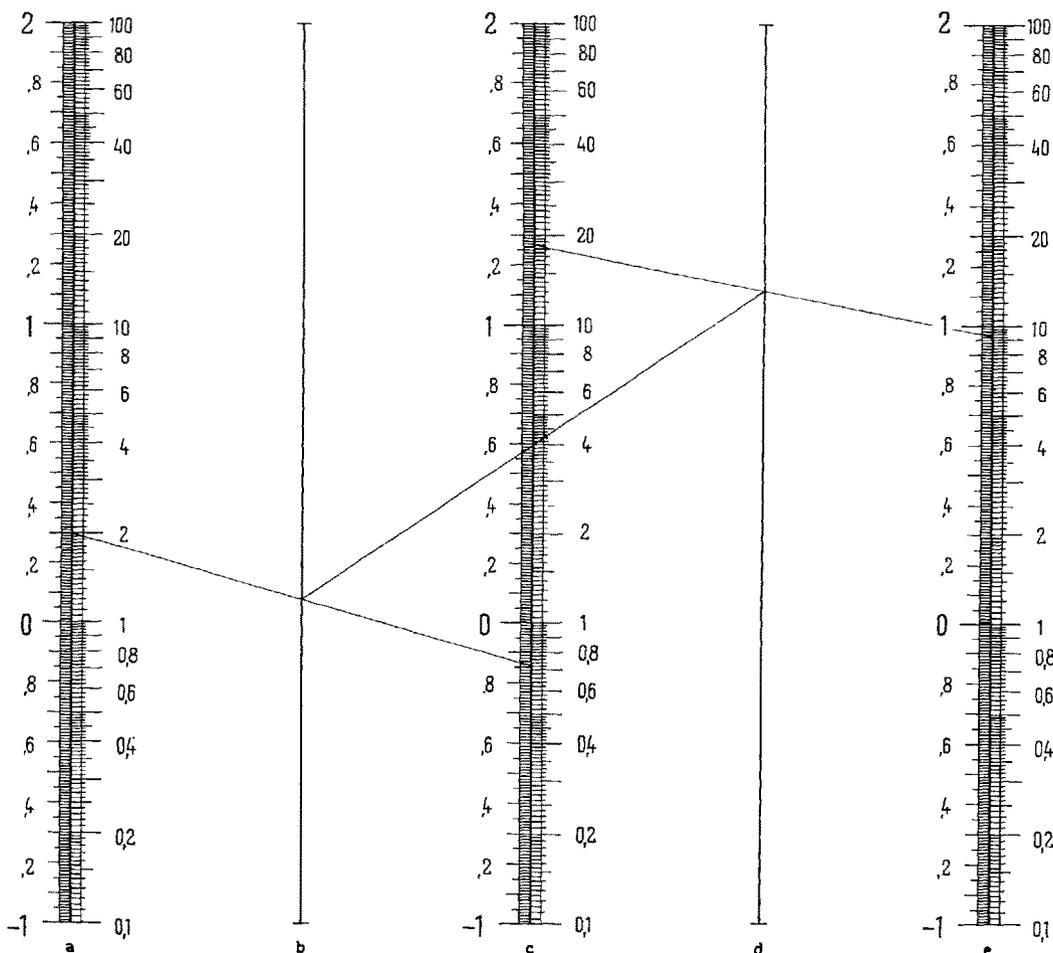


Fig. 2.

Graphische Auswertung der Versuchsdaten. Es hat sich gezeigt, dass es vorteilhaft ist, anstelle der Logarithmen der Durchschnitte der Stichproben die Durchschnitte der Logarithmen der Einzelwerte aufzutragen, da diese *logarithmischen Durchschnitte* die Gerade besser bestimmen.

Wählen wir für den Stichprobenumfang N_i und die Stichprobenanzahl M je die Zahl 4, so gelten folgende Beziehungen:

$$\bar{y}_i = \frac{\log w_{i1} + \log w_{i2} + \log w_{i3} + \log w_{i4}}{4} = \frac{\frac{y_{i1} + y_{i2}}{2} + \frac{y_{i3} + y_{i4}}{2}}{2}$$

und

$$\bar{y} = \frac{\bar{y}_1 + \bar{y}_2 + \bar{y}_3 + \bar{y}_4}{4} = \frac{\frac{\bar{y}_1 + \bar{y}_2}{2} + \frac{\bar{y}_3 + \bar{y}_4}{2}}{2}$$

Dabei bedeuten: w_{ij} die Trockengewichte der Mycelien in mg, y_{ij} die Logarithmen der Trockengewichte, \bar{y}_i den logarithmischen Durchschnitt einer Stichprobe, \bar{y} den logarithmischen Gesamtdurchschnitt der vier Stichproben einer Regression.

Mit Hilfe eines Nomogrammes lassen sich diese gesuchten Mittelwerte leicht aus den Versuchsdaten bestimmen. Das Nomogramm besteht aus fünf parallelen, in gleichen Abständen angeordneten Skalenträgern a, b, c d, und e. b und d sind Hilfsskalen ohne Einteilung; a, c und e tragen die Funktion $y = \log w$. Links vom Skalenträger sind die Werte für y , rechts davon diejenigen für w eingezeichnet³. Wie aus geometrischen Gründen leicht einzusehen ist, liefern die Hilfsskalen b bzw. d den Durchschnitt der Funktionswerte auf a und c bzw. e und c, und auf der Skala c kann der Durchschnitt der Funktionswerte auf b und d abgelesen werden.

Um den logarithmischen Durchschnitt \bar{y}_i einer Stichprobe zu bestimmen, gehen wir mit zwei Werten w_{i1} und w_{i2} auf den Skalen a und c ein; dabei benützen wir die rechten Einteilungen, da es sich um die ursprünglichen

Messwerte handelt. Durch Verbinden der beiden Punkte mit einer Geraden erhalten wir auf b einen Hilfspunkt. In analoger Weise bestimmen wir mit w_{i3} und w_{i4} auf e und c einen Hilfspunkt auf d. Der Schnittpunkt der Verbindungsgeraden der beiden Hilfspunkte mit der Skala c liefert uns den gesuchten Funktionswert \bar{y}_i .

Um den Wert \bar{y} zu finden, gehen wir in gleicher Weise mit den vier logarithmischen Durchschnitten $\bar{y}_1 \dots \bar{y}_4$ auf den Skalen a, c und e ein. Dabei sind die linken Einteilungen zu benützen, da es sich bei den \bar{y}_i um Logarithmen handelt (vgl. das eingezeichnete Beispiel zu Figur 1).

Mit Hilfe dieser nomographisch bestimmten logarithmischen Durchschnitte können alsdann in einer graphischen Darstellung die gesuchten Parameter der Regressionsgeraden geschätzt werden.

Die nomographisch ermittelten logarithmischen Durchschnitte weichen um weniger als 0,01 vom berechneten Wert ab, und die graphisch bestimmten Schnittpunkte der Regressionsgeraden liegen innerhalb der Vertrauensgrenzen nach FELLER für die Irrtumswahrscheinlichkeit $P = 0,05$.

Summary. A nomogram has been constructed for the estimation of the logarithmic mean of four measurements. This nomogram makes it possible to transform the empirical data without tables and without computing.

H. THÖNI

*Botanisches Institut der Universität Bern (Schweiz),
12. November 1962.*

Genetische und biochemische Untersuchungen über die Bedeutung der Amino- und Nucleinsäuren im Ursachengefüge von Neoplasmen (Tumoren und Gallen). Ein Dauermodifikations- bzw. Prädeterminationsphänomen¹

Bei den Auseinandersetzungen über das Wesen der Neoplasmen² hat es sich im Verlaufe der letzten Jahre abgezeichnet, dass das Tumorproblem u.a. ein Problem der Proteinsynthese ist. Aus diesem Grunde stehen die Aminosäuren als Eiweissbausteine und die Nucleinsäuren als Hauptakteure der Proteinbiosynthese im Mittelpunkt vieler neuerer Arbeiten über die Krebsentstehung²⁻⁶.

In eigenen Arbeiten wurde zunächst nur die Bedeutung der sogenannten freien Aminosäuren für die Tumorbildung bei bestimmten Arten, Rassen, Genotypen und deren Bastarden bei Tabak (*Nicotiana*)⁷, Zahnkarpfen (*Poecilidae*)^{8,9} und *Drosophila*⁹ untersucht, wobei wir uns bemühten, unnatürliche Eingriffe in den Stoffwechsel zu vermeiden. Dabei kamen wir zu dem Ergebnis, dass die freien Aminosäuren im Ursachengefüge der Tumorbildung unserer Versuchsobjekte einen so hervorragenden

³ Die logarithmische Skala lässt sich leicht von käuflichem logarithmischem Papier (Einheit = 100 mm) übertragen; die lineare Skala erhält sodann eine mm-Einteilung. Ein einfacheres Nomogramm lässt sich unmittelbar auf Papier mit einfacher logarithmischer Teilung herstellen, wobei Maßstab und Bereich den Messwerten angepasst werden können. Der logarithmische Durchschnitt kann darauf jedoch nicht direkt abgelesen werden, sondern nur der entsprechende Numerus. Die dem logarithmischen Durchschnitt entsprechende Strecke kann aber mit dem Zirkel auf die graphische Darstellung übertragen werden.

¹ Den Herren Prof. Dr. G. DE LATTIN (Zoologisches Institut der Universität des Saarlandes) und Prof. Dr. B. HUSFELD (Forschungsinstitut für Rebenzüchtung Geilweilerhof/Pfalz) sind wir für die Förderung dieser Arbeit zu grosstem Dank verpflichtet. Herrn Prof. Dr. C. KOSWIG (Zoologisches Institut der Universität Hamburg) verdanken wir viele Anregungen und die freundliche Überlassung von ingezüchteten Stämmen für unsere Fischkreuzungen. - Mit Unterstützung durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft.

² A. GRAFFI und H. BIELKA, *Probleme der experimentellen Krebsforschung* (Leipzig 1959).

³ J. P. GREENSTEIN, *Biochemistry of Cancer* (New York 1954).

⁴ S. KIT in J. T. EDSALL, *Amino Acids, Proteins and Cancer Biochemistry* (New York and London 1960).

⁵ E. ROBERTS und D. G. SIMONSEN, in J. T. EDSALL, *Amino Acids, Proteins and Cancer Biochemistry* (New York and London 1960).

⁶ E. LE BRETON und Y. MOULÉ, in J. BRACHET und A. E. MIRSKY, *The Cell*, Bd. 5 (New York and London 1961).

⁷ F. ANDERS und F. VESTER, *Exper.* 16, 65 (1960). - F. VESTER und F. ANDERS, *Biochem. Z.* 332, 396 (1960).

⁸ F. ANDERS, F. VESTER, K. KLINKE und H. SCHUMACHER, *Exper.* 17, 549 (1961); *Biol. Zbl.* 81, 45 (1962).

⁹ F. ANDERS, A. ANDERS und K. KLINKE, *Verh. Deutsch. Zool. Ges. in Wien* (1962), im Druck.