

PLOIDIE-HISTOGRAMM (PST)

Version 1.0

Copyright 1991-92

Mario Nenno

PLOIDIE-HISTOGRAMM (PST) ist weder Public Domain, Shareware noch Freeware. Alle Rechte bleiben beim Autor Mario Nenno (Adresse siehe Anhang).

Das Programm kann jeder für private Zwecke oder zur Forschung und Lehre in öffentlichen oder nichtkommerziellen Institutionen beim Autor kostenlos gegen Materialpreis für die Diskette, Porto und Verpackung erhalten.

Es wird keine Garantie für die Richtigkeit der mit dem Programm erzeugten Daten übernommen. Der Gebrauch und die Interpretationen der Ergebnisse geschieht auf eigene Gefahr.

INHALTSVERZEICHNIS

1.	EINLEITUNG	3
1.1	Kurzbeschreibung	3
1.2	Hardware Voraussetzung	3
1.3	Programm Voraussetzung	3
1.4	Was kann man mit dem Programm machen ?	4
1.5	Hinweise zur Bedienung	5
1.6	Bemerkung zum 2C-Wert	5
2.	MENÜS	6
2.1.	PLOIDIE-MENÜ	7
2.1.1	Meßwerte laden	7
2.1.2	Ploidiegrad bestimmen	8
2.1.3	Start-Wert, Klassenbreite	8
2.1.4	Klassenbreite oder Mittelwert der Klassen	9
2.1.5	Übersichtsgrafik und 2C-Wert	9
2.1.6	Ploidiestufen-Grafik	11
2.2.	STANDARD-MENÜ	12
2.2.1	Meßwerte laden	12
2.2.2	Histogramm	12
2.2.3	Start-Wert, Klassenbreite	12
2.2.4	Form des Histogrammes	13
2.2.5	Klassenbreite oder Mittelwert der Klassen	16
2.2.6	Statistische Parameter	16
3.	SONSTIGES	17
3.1.	Werte zeigen	17
3.2.	Wechseln zu Standard-/Ploidie-Menü	17
3.3.	Optionen	18
3.3.1	Maximum der Y-Achse	18
3.3.2	Klassen zwischen C-Werten	18
3.3.3	Drucker für Hardcopy	19
3.3.4	Ploidie-Garfik in HPGL-Plot-Datei	19
3.3.5	Kleinster C-Wert	19
4.	ANHANG	20
4.1.	Technische Daten	20
4.2.	Hinweis zum absoluten DNA-Gehalt	21
4.3.	Adresse des Autors	21

1. EINLEITUNG

An dieser Stelle möchte ich mich bei allen bedanken, die zu diesem Programm beigetragen haben. Besonderes bedanke ich mich bei Herrn Dipl. Biologen Thomas Becker für seine unermüdliche Unterstützung in vielen Diskussionen und die Weitergabe seiner Erfahrungen beim Auswerten von DNA-Messungen.

Auch den Forschungspraktikanten Andrea Hamann, Katrin Hoffmann, Ralph Meyer und Ralf Schindler, die in zahlreichen Diskussionen durch ihre Verbesserungsvorschläge und die Überlassung von Messdaten an der Weiterentwicklung wesentlich beteiligt waren.

1.1. Kurzbeschreibung

PLOIDIE-HISTOGRAMM (PST) wurde für einen bestimmten Zweck geschrieben und versteht sich nicht als universelles Werkzeug.

PST ist in zwei Hauptmenüs, PLOIDIESTUFEN und STANDARD, aufgliedert.

In dem PLOIDIESTUFEN-MENÜ hilft das Programm auf möglichst einfache Weise aus Meßwerten von DNA-Messungen an Zellkernen, die Ploidiestufen (z.B. 2C, 4C, 8C, 16C, 32C ...) zu ermitteln, grafisch darzustellen und als Hardcopy und falls gewünscht zusätzlich in einer HPGL Plot-Datei, zu dokumentieren.

In dem STANDARD-MENÜ kann man nach Messungen von entsprechenden Stadien eines DNA-Standards den 2C-Wert als Mittelwert sehr einfach errechnen lassen.

1.2. Hardware Voraussetzung

IBM XT/AT oder Kompatibler mit 640 kB, Hercules oder kompatibler Graphikkarte, EGA, VGA Karte, Disketten- oder Festplattenlaufwerk. Für die Hardcopy wird ein EPSON 9 bzw. 24 Nadel oder Kompatibler, NEC P6 oder Kompatibler oder Hewlett Packard Laserdrucker II bzw III oder Kompatibler vorausgesetzt.

1.3. Programm Voraussetzung

Die Werte müssen in einer Datei (ASCII-Format) vorliegen. Der Name der Wertedatei muß auf .DAT enden.

Jeder Wert muß in einer eigenen Zeile stehen. Die Werte dürfen nur ganzzahlige Werte sein (Integer). Maximale Anzahl der Werte, siehe Anhang, Technische Daten.

Die Wertedatei kann mit jedem beliebigen Editor oder Textverarbeitungsprogramm erstellt werden, die ASCII-Dateien erzeugen kann. Auf PC mit: Edlin, Edit, ED, CSE, MicroEmacs, KEDIT, MS WORD, WINWORD, WORDPERFECT, Editoren von NORTON COMMANDER, PC TOOLS usw.

1.4. Was kann man mit dem Programm machen ?

- Meßwerte sortiert in eine neue Datei speichern
- Meßwerte sortiert und übersichtlich in einer Tabellen auflisten

PLOIDIESTUFEN-Menü

- Übersichtsgrafik der Meßwerte in einem Histogramm mit logarithmischer Einteilung der X-Achse
- frei einstellbare Klassenbreite in Übersichtsgrafik
- beliebiger Start-Wert für Klasseneinteilung
- einfache Festlegung des 2C-Wertes als Mittelwert durch definieren eines Bereiches in der Übersichtsgrafik mit Pfeiltasten
- Darstellung der Ploidiestufen in der Grafik in C-Wert Skala
- 5 oder 10 Klasseneinteilungen zwischen zwei Klassen
- in der Ploidiestufen-Grafik werden eine lineare Skala für die C-Werte und eine logarithmische Skala für die Meßwerte benutzt
- Bildschirmausdruck (Hardcopy) der Ploidiestufen-Grafik zur Dokumentation
- die Ploidiestufen-Grafik in eine Plot-Datei im HPGL-Format zur Ausgabe auf einem Plotter, HP Laserjet II/III oder zum Einbinden in ein Textverarbeitungssystem

STANDARD-Menü

- statistische Angaben für Standardwerte; Lageparameter (Minimum, Maximum, Mittelwert, Median) und Streumaße (Spannbreite, mittlerer Fehler des Mittelwertes, Stichproben-Standardabweichung, Varianz)
- Form des Histogrammes für Werte des Standards als Grafik Histogramm, vertikale Blockgrafik oder als Textdatei mit oberer Klassengrenzen und Häufigkeit zum Export in Grafikprogramme
- beliebiger Startwert für Klasseneinteilung
- frei einstellbare Klassenbreite
- bei der Darstellung als Grafik Histogramm können entweder die obere Klassengrenze oder der Mittelwert der Klasse angezeigt werden

- einfache Festlegung des 2C-Wertes als Mittelwert durch definieren eines Bereiches im Histogramm mit Pfeiltasten

1.5. Hinweise zur Bedienung

Einfache Handhabung durch Menüführung. Auswählen eines Menüs durch Drücken des invers dargestellten Buchstabens des Menüpunktes.

Dort, wo das Programm vom Benutzer Eingaben erwartet, werden meistens sinnvolle Vorgaben gemacht. Mit der RETURN-Taste kann der Vorgabewert übernommen oder durch neue Eingabe überschrieben werden.

Die Skalierung der X- und Y-Achse geschieht vollautomatisch.

1.6. Bemerkung zum 2C-Wert

In dieser Beschreibung wird der 2C-Wert als kleinster C-Wert angenommen, von dem aus die weiteren Verdopplungsschritte berechnet werden. Der **2C-Wert** soll nur **als Beispiel** dienen.

Im Menü <OPTIONEN> (s. 3.3.5) kann man ebenso andere C-Werte, wie z.B. 3C oder 4C, als den kleinsten C-Wert festlegen. Die Angabe des kleinsten C-Wertes bezieht sich nur auf die Beschriftung der X-Achse in der Ploidiegrafik (s. 2.1.6).

2. MENÜS

Anmerkung

Da die meisten Drucker Buchstaben nicht invers darstellen können, werden in dieser Beschreibung, die im Programm invers dargestellt Buchstaben, in Klammern gesetzt.

Aufteilung

Das Programm ist grundsätzlich in die zwei Hauptmenüs , PLOIDIESTUFEN und STANDARD, getrennt. Zwischen den beiden Menüs kann man einfach hin- und herwechseln.

Reihenfolge

Da viele Abläufe in beiden Menüs sehr ähnlich sind, haben sie einen fast identischen Aufbau. Zur schnelleren Einarbeitung wird in der linken Spalte der Menüs durch die Hinweise "Zuerst ...", "dann ...", und "Sonstiges ..." auf die Reihenfolge beim Arbeiten hingewiesen.

Als erstes muß man mit dem Menü <Werte (l)aden> die Meßwerte laden.

Dann kann man erst die Menüpunkte <(P)loidiegrad bestimmen>, <(H)istogramm> bzw. <Werte (z)eigen> und <Stas(i)stik> wählen.

Auswahl eines Menüpunktes

Die Auswahl eines Menüpunktes erfolgt durch Drücken der entsprechenden Taste des Buchstabens, der in dem Menüpunkt invers dargestellt wird.

2.1. Ploidie-Menü

Hier wird die Ploidieverteilung ermittelt, dargestellt und ausdruckt.

```

+-----+
|                                     PLOIDIESTUFEN - MENÜ                                     |
+-----+
|
|   Zuerst ...           Messwerte (L)aden
|   dann ...           (P)loidiegrad bestimmen
|   Sonstiges ...     Werte (z)eigen
|                                     (W)echseln zu Standard-Menü
|                                     (O)ptionen
|                                     Programm (E)nde
|

```

2.1.1 Messwerte laden

Durch wählen des Menüpunktes <Messwerte (L)aden> im PLOIDIESTUFEN-MENÜ gelangt man in das Menü WERTE LADEN.

Hier werden alle Dateien aufgelistet, die sich im aktuellen Verzeichnis befinden, und auf ".DAT" enden. Sie werden in 2 Spalten (jeweils max. 19 Dateien) mit Dateiname und Dateigröße dargestellt.

```

+-----+
|                                     WERTE LADEN                                     |
+-----+
|
|   Name      Größe      Name      Größe
|   TEST.DAT  1234      TABALL8.DAT  3795
|   BRYO3.DAT  688      HUGE.DAT    6391
|   ALLIUM.DAT 1306
|   TABALL7.DAT 3539
|
|   Name der Wertedatei (ohne .DAT):
|

```

Das Programm fragt nach dem Namen der Datei, in der die Meßwerte abgespeichert sind. Der Dateiname muß ohne die Erweiterung ".DAT" eingegeben werden.

Dann lädt das Programm die Werte aus dieser Wertedatei.

Anschließend werden die Werte aufsteigend sortiert und in eine neue Datei mit dem selben Dateinamen aber einer neuer Datei-Endung ".SDA" (sortierte Daten) abgespeichert. Diese neue Datei wird auch im ASCII-Format gespeichert und kann später z.B. zur Dokumentation, mit einem Textverarbeitungsprogramm oder einem Editor eingelesen und weiterverarbeitet werden.

Nach dem Laden und Sortieren kehrt das Programm automatisch zum PLOIDIESTUFEN-MENÜ zurück.

2.1.2 Ploidiegrad bestimmen

Durch wählen des Menüpunktes <(P)loidiegrad bestimmen> gelangt man zu dem wichtigsten Teil des Programmes.

Zunächst erhält man Informationen über Minimum, Maximum und Anzahl der Meßwerte, Minimale Klassenbreite und weitere Angaben.

```
----- MINI-STATISTIK                               INFO -----
Minimaler Wert:      56109                             Werte Datei: TEST.DAT
Maximaler Wert:     113296                             Minimale Klassenbreite: 14
Anzahl der Werte:   68                                 sortiert :      TRUE
```

2.1.3 Start-Wert, Klassenbreite

Für das Histogramm in der Übersichtsgrafik müssen der Start-Wert, d.h. der Wert, ab dem die Klasseneinteilung beginnen soll, sowie die Klassenbreite bestimmt werden.

Für beide Angaben macht das Programm Vorgaben, die in Klammern hinter dem abgefragten Parameter stehen. Wenn man diese Vorgaben übernehmen möchte, braucht man nur die RETURN-Taste drücken. Falls andere Werte eingesetzt werden sollen, gibt man den gewünschten Wert ein und drückt dann RETURN. Das Programm "merkt" sich in beiden Fällen den Wert für einen evtl. erneuten Aufruf.

Als Vorgabe für den Start-Wert gilt der "Minimale Wert", d.h. der kleinste Wert der eingelesenen Daten.

Für die Vorgabe der Klassenbreite wird automatisch die um eins größere "Minimale Klassenbreite" gewählt. (Dies hat sich in der Praxis bewährt)

```
----- Eingabe von Start-Wert und Klassenbreite ----
      Start-Wert (123456) :
Klassenbreite (    45) :
```


2.1.4 Klassenbreite oder Mittelwert der Klassen

In manchen Fällen ist es von Vorteil, wenn im Histogramm der Übersichtsgrafik die Klassen nicht in Form von Balken, sondern nur die Mittelwerte der einzelnen Klassen dargestellt werden.

Falls nur die Mittelwerte angezeigt werden sollen, wählt man "M". Sonst übernimmt man die Voreinstellung "K" für Klassengrenzen in Form von Balken.

(K)lassengrenzen oder (M)ittelwerte der Klassen? (K):

2.1.5 Übersichtsgrafik und 2C-Wert

Aus den Angaben über Start-Wert und Klassenbreite wird eine *Häufigkeitsverteilung* der Meßwerte berechnet. Diese Häufigkeitsverteilung wird dann in einem Histogramm als *Übersichtsgrafik* auf dem Bildschirm dargestellt.

Um die Verdopplungsschritte der Ploidisierung besser zu erkennen, wird die X-Achse des Histogrammes im Dekadischen Logarithmus (Log10) skaliert. In dieser Darstellungsweise erscheinen zwar die Klassen ungleichmäßig breit aber die Verdopplungsschritte entsprechen immer gleichen Abständen.

Als Bezugspunkt zwischen den Meßwerten und dem entsprechendem C-Wert muß der 2C-Wert festgelegt werden. Das Programm kann den Benutzer nur insoweit unterstützen, daß man einen Bereich festlegt, und das Programm berechnet den Mittelwert für diesen Bereich. Dieser Mittelwert soll dann dem 2C-Wert entsprechen.

*Die Festlegung des Bereiches für den 2C-Wert
ist subjektiv und
wird nicht vom Programm automatisch ausgeführt*

Der Benutzer muß anhand der Häufigkeitsverteilung in der Übersichtsgrafik entscheiden, welcher Bereich dem 2C-Wert entspricht.

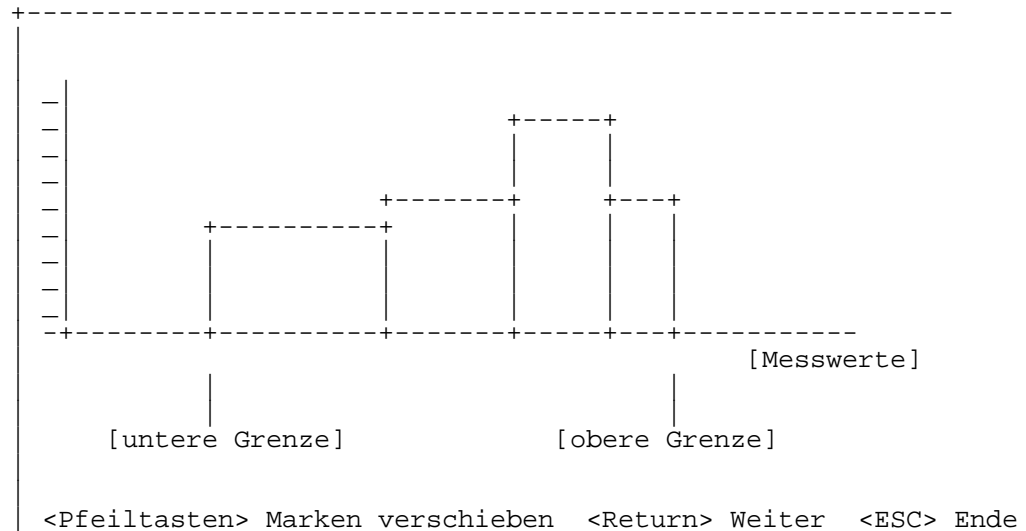
Das Festlegen des Bereiches für den 2C-Wert erfolgt per Pfeiltasten.

Mit den Pfeiltasten werden zwei Linien gesteuert, die jeweils die untere und obere Grenze des Bereiches, für den der Mittelwert errechnet werden soll, darstellen. Die linke Linie entspricht dabei der unteren und die rechte Linie der oberen Grenze des Bereiches.

Die untere Grenze wird mit den Pfeiltasten für Rechts "->" und Links "<-" bewegt. Analog dazu wird die obere Grenze mit der Tastenkombination mit String (Strg) bzw. Control (Ctrl) und Pfeiltaste verschoben.

Tasten zum Verschieben der Marken:

Taste/n	Bewegung
->	untere Grenze nach rechts
<-	untere Grenze nach links
Ctrl + ->	obere Grenze nach rechts
Ctrl + <-	obere Grenze nach links



Die Linien oder "Marken" lassen sich nur in Intervallen der Klassenbreite bewegen. Ein Unterschreiten des Minimalen Wertes, Überschreiten des entsprechenden Maximalen Wertes sowie das Überkreuzen von oberer und untere Marke ist nicht möglich.

Ist der Bereich durch die beiden Marken festgelegt, drückt man RETURN und der Mittelwert dieses Bereiches wird angezeigt.

Markierter Bereich
Mittelwert :

Die Marken lassen sich nun nicht mehr verschieben.

Mit dem Mittelwert ist der 2C-Wert als Bezugspunkt für die anschließende Ploidiestufen-Grafik festgelegt.

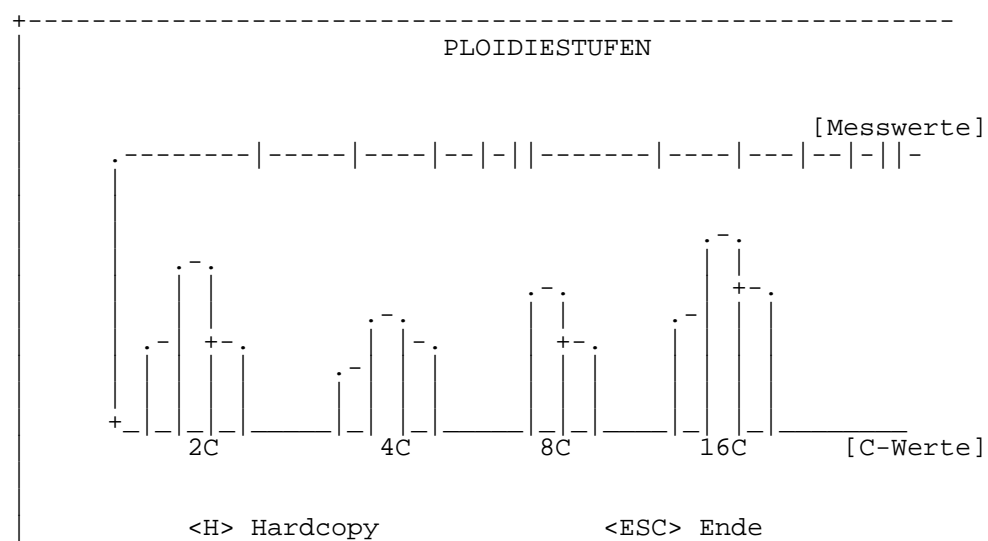
Will man den Bereich neu festlegen kann mit der "ESC"-Taste abbrechen und kehrt automatisch in das PLODIESTUFEN-MENÜ zurück. Mit RETURN gelangt man weiter zur PLODIESTUFEN-GRAFIK.

2.1.6 Ploidiestufen-Grafik

Für die Darstellung der Ploidiestufen, wird die Klasseneinteilung der Werte neu berechnet. Die Berechnung der Klassenbreite erfolgt entsprechend der Einstellung im Menü OPTIONEN. Dabei kann man zwischen 5 oder 10 Klasseneinteilungen wählen.

In dem Histogramm der Ploidiestufen-Grafik werden am unteren und oberen Rand verschiedene Einteilungen der X-Achse vorgenommen.

Am unteren Rand der Grafik entspricht die Einteilung dem Vielfachen des C-Wertes (2C, 4C, 8C, 16C usw.) während die Einteilung am oberen Rand die selbe logarithmische Einteilung ist, wie bei der vorherigen Übersichtgrafik.



Die Grafik kann durch Drücken der Taste "H" als Hardcopy auf einem angeschlossenen und Drucker dokumentiert werden (mögliche Druckertypen, siehe Anhang, Technische Daten). Der Drucker muß vor dem Drücken der Taste eingeschaltet sein !

2.2. Standard-Menü

Das Standard-Menü ist der Teil, in dem die Werte für den DNA-Standard bearbeitet werden. Diese Werte müssen in einer eigenen Datei stehen, die auf .DAT endet.

```

-----
|                                     STANDARD - MENÜ                                     |
+-----+
|
|   Zuerst ...           Messwerte (L)aden
|   dann ...           (H)istogramm
|   Sonstiges ...      Stat(i)stik
|                                     Werte (z)eigen
|                                     (W)echseln zu Ploidiestufen-Menü
|                                     (O)ptionen
|                                     Programm (E)nde
|

```

2.2.1 Messwerte laden

Durch auswählen des Menüpunktes <Messwerte (L)aden> im STANDARD-MENÜ gelangt man in das Menü WERTE LADEN.

Beschreibung siehe 2.1.1

2.2.2 Histogramm

Durch Auswahl des Menüpunktes <(H)istogramm> gelangt man in den Hauptteil des Standard-Menüs.

Wie in dem Teil zur Bestimmung der Ploidiestufen (2.1.2) werden dem Benutzer als erstes einige wichtige Informationen über den Minimalen Wert, Maximalen Wert, Anzahl der Werte, Mittelwert und minimale Klassenbreite gegeben.

```

----- MINI-STATISTIK -----
Minimaler Wert:      56109
Maximaler Wert:     113296
Anzahl der Werte:    68
                               INFO -----
                               Werte Datei: TEST.DAT
                               Minimale Klassenbreite: 14
                               sortiert : TRUE

```

2.2.3 Start-Wert, Klassenbreite

Für das Histogramm der Werte des Standards müssen der Start-Wert, d.h. der Wert, ab dem die Klasseneinteilung beginnen soll, sowie die Klassenbreite bestimmt werden.

Für beide Angaben macht das Programm Vorgaben, die in Klammern hinter dem abgefragten Parameter stehen. Wenn man diese Vorgaben übernehmen m+chte drückt man die RETURN. Falls man einen andere Werte einsetzen m+chte, gibt man den gewünschten Wert ein und drückt dann RETURN. Das Programm "merkt" sich in beiden Fällen den Wert für einen evtl. neuen Aufruf.

Als Vorgabe für den Start-Wert gilt der "Minimale Wert". Für den Vorgabewert der Klassenbreite wird die Spannbreite der Werte vom Minimalen Wert zum Maximalen Wert in 10 Klassen eingeteilt.

```
----- Eingabe von Start-Wert und Klassenbreite ----
      Start-Wert ( 123 ) :
      Klassenbreite ( 2 ) :
```

2.2.4 Form des Histogrammes

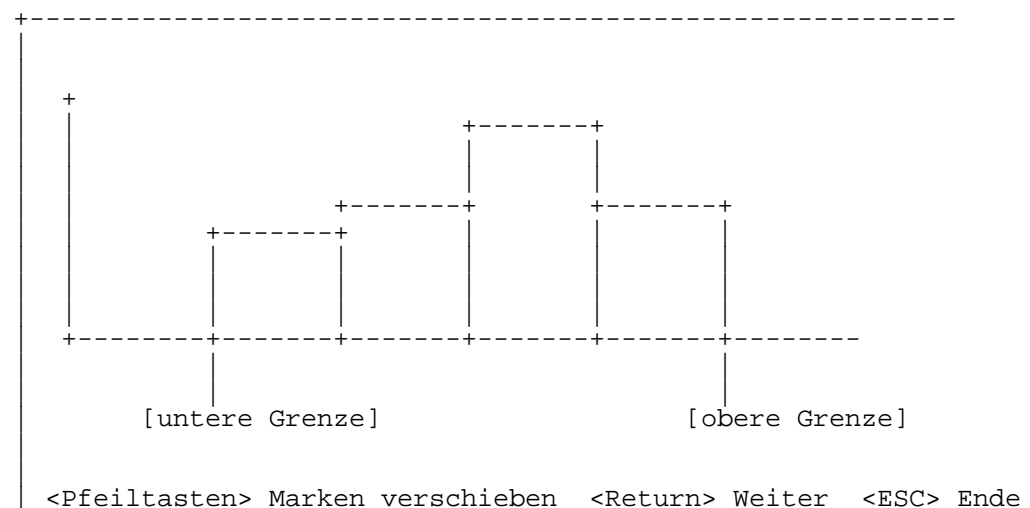
Bei der Darstellung der Standardwerte als Histogramm bietet das Programm verschiedene Möglichkeiten. So kann man wählen zwischen *Grafik Histogramm* oder *Vertikalen Histogramm in Blockgrafik*. Mit der dritten Möglichkeit, *Textdatei*, kann man die Werte in eine Datei abspeichern.

Grafik Histogramm

Die Werte werden gemäß der Angaben zu Start-Wert und Klassenbreite in Klassen eingeteilt. Die Ausgabe erfolgt auf dem Bildschirm im Grafikmodus (wie im Ploidiestufen-Teil).

Der 2C-Wert des Standards wird festgelegt als Mittelwert eines ausgewählten Bereiches in dem die Häufigkeitsverteilung maximal ist.

Das Festlegen des Bereiches für den 2C-Wert erfolgt per Pfeiltasten.



Mit den Pfeiltasten werden zwei Linien gesteuert, die jeweils die untere und obere Grenze des Bereiches, für den der Mittelwert errechnet werden soll, darstellen. Die linke Linie entspricht dabei der unteren und die rechte Linie der oberen Grenze des Bereiches.

Die untere Grenze wird mit den Pfeiltasten für Rechts ">" und Links "<" bewegt. Analog dazu wird die obere Grenze mit der Tastenkombination mit String (Strg) oder Control (Ctrl) und Pfeiltaste verschoben.

Die Linien oder "Marken" lassen sich nur in Intervallen der Klassenbreite bewegen. Ein Unterschreiten

des Minimalen Wertes, Überschreiten des entsprechenden Maximalen Wertes sowie das überkreuzen von oberer und untere Marke ist nicht möglich.

Tasten zum Verschieben der Marken:

Taste/n	Bewegung
->	untere Grenze nach rechts
<-	untere Grenze nach links
Ctrl + ->	obere Grenze nach rechts
Ctrl + <-	obere Grenze nach links

Ist der Bereich durch die beiden Marken festgelegt, drückt man RETURN und der Mittelwert dieses Bereiches wird angezeigt. Die Marken lassen sich dann nicht mehr verschieben.

Markierter Bereich
Mittelwert :

Dieser Mittelwert soll dem 2C-Wert des DNA-Standards entsprechen.

Die Annahme, daß der Mittelwert des markierten Bereiches dem 2C-Wert des DNA-Standards entspricht, ist nur dann gültig, wenn für die Messungen des Standards auch die entsprechenden Stadien wie z.B. mitotische Telophasen ausgewählt wurden .

Vertikales Histogramm in Blockgrafik

Die Werte werden gemäß den Angaben von Start-Wert und Klassenbreite in Klassen eingeteilt. Hier erfolgt die Ausgabe aber nicht als Grafik, sondern eher in Form einer Tabelle.

```

+-----+
|                                     VERTIKALES HISTOGRAMM                                     |
+-----+
| Obere Klassen-                       (Häufigkeit) Mittelwert           Klassenbreite: 7500 |
| grenze                                |                                     |
+-----+
| < 63609 ***** (10) 60133 |
| < 71109 ***** (9) 67400  |
| < 78609 ***** (14) 74666 |
| < 86109 ***** (32) 80755 |
| < 93609 ***** (12) 89744 |
| < 101109 ***** (5) 96824 |
|
| * Ende der Liste * Weiter mit beliebiger Taste ...

```

Obere Klassengrenze und Häufigkeit werden in einer Art Tabelle mit zwei Spalten aufgelistet. Jede Zeile entspricht dabei einer Klasse. Die linke Spalte enthält die obere Klassengrenze der jeweiligen Klasse, während in der rechten Spalte die Anzahl der Werte (Häufigkeit) durch die Anzahl von Sternchen "*" ausgedrückt wird. Am Ende jeder Zeile steht in Klammern die Häufigkeit und dahinter der Mittelwert der jeweiligen Klasse.

Sind mehr Klassen vorhanden, als Zeilen auf den Bildschirm dargestellt werden können, erscheint am unteren Bildschirmrand der Hinweis, mit einer beliebigen Taste eine Bildschirmseite weiter geblättert wird.

Textdatei

Damit ist die Möglichkeit gegeben, die Werte für die obere Klassengrenze und Häufigkeit in eine Datei abzuspeichern. Diese Datei wird im ASCII-Format geschrieben, trägt den selben Dateiname wie die Wertedatei aber mit der Endung ".HST".

Jede Zeile in dieser Datei, enthält in Form einer Tabelle mit zwei Spalten die obere Klassengrenze (Spalte 1) und die Häufigkeit (Spalte 2) der entsprechenden Klasse.

obere Klassengrenze	Häufigkeit
63609	10
71109	9
78609	14

Dieses Format läßt sich z.B. in Textverarbeitungsprogramme, Tabellenkalkulationsprogramme oder Grafikprogramme übernehmen und darin weiterverarbeiten.

2.2.5 Klassenbreite oder Mittelwert der Klassen

3. SONSTIGES

3.1. Werte zeigen

In dem Menüpunkt <Werte (z)eigen> kann man sich die Meßwerte auflisten lassen. Dazu werden sie sortiert, und in Form einer Tabelle dargestellt. Dies dient in erster Linie der Kontrolle oder dem Absuchen nach bestimmten Meßwerten oder Sprüngen.

Dieser Menüpunkt kann nur aktiviert werden wenn vorher eine Wertedatei (Standard oder Ploidie) geladen wurde (siehe 2.1.1). Sonst wird der Buchstabe "z" nicht invers gezeigt.

Pro Bildschirmseite können 140 Werte in sieben Spalten zu je 20 Werten dargestellt werden.

In der ersten Zeile der Dateiname und die Anzahl der Werte der aktuellen Wertedatei angezeigt. Außerdem erscheint rechts oben der Hinweis auf welcher Seite, von wievielen Seiten, man sich momentan befindet.

```

+-----+
| Datei: TEST.SDA      Anzahl der Werte :   Seite : 1/1
|      0      20      40      60      80      100      120
| + 1
| + 2
| + 3
| ...
| +19
| +20
| +21
|
| (Z)urück blättern      (V)orwärts blättern      (E)nde

```

Mit der Taste "Z" für zurück oder "V" für vorwärts kann zwischen den Seiten hin und her geblättert werden. Mit "E" für Ende kehrt man wieder in das vorherige Hauptmenü zurück.

3.2. Wechseln zu Standard-/Ploidie-Menü

Durch den Menüpunkt <(W)echseln zu ... -Menü> in das jeweils andere Hauptmenü (Standard oder Ploidie) wechseln.

Dieser Menüpunkt ist immer aktiv, und kann auch angewählt werden, ohne daß vorher Meßwerte geladen wurden. Denn das Programm geht davon aus, daß nach dem Wechsel ohnehin eine andere Wertedatei geladen werden soll.

3.3.3 (D)rucker für Hardcopy

Für die Hardcopy muß eingestellt werden, welcher Druckertyp angeschlossen ist. Zur Auswahl stehen EPSON, HP LASER und NEC. (siehe Anhang, Technische Daten)

Mit der Taste "D" wird zwischen den verschiedenen Möglichkeiten gewählt.

3.3.4 Ploidie-Grafik in HPGL-(P)lot-Datei

Um die Ploidie-Grafik in einer hohen Qualität (publikationsreif) auszugeben, kann man sie in eine Plot-Datei abspeichern. Die Plot-Datei wird im sog. "HPGL-Format" geschrieben, das sehr verbreitet ist. Eine solche Plot-Datei im HPGL-FORMAT, kann dann in viele Textverarbeitungsprogramme, wie z.B. das weit verbreitete MS WORD 5/5.5/für Windows, als Grafik eingelesen und ausgedruckt werden. Auch Desktop Publishing (DTP) Programme sollten damit zurechtkommen.

Mit der Taste P wird gewählt, ob die Ploidie-Grafik auch in eine Plot-Datei geschrieben werden soll. Wenn "J" eingestellt ist, wird die Ploidie-Grafik auf dem Bildschirm dargestellt und in die HPGL-Plot-Datei geschrieben.

Damit die Beschriftung des Programmes später nicht in der publikationsreifen Grafik stirbt, erfolgt in der HPGL-Plot-Datei keine Beschriftung der Grafik.

Als Alternative zur Ausgabe über Textverarbeitungs- bzw. DTP-Programme gibt es ein speziell für HPGL-Plot-Dateien entworfenes Programm, das eine Plot-Datei im HPGL-Format auf vielen gängigen Druckern (9-, 24- Nadeldrucker, Laserdrucker, Plotter) oder auf einem Bildschirm (CGA bis VGA und Hercules) ausgeben, sowie in eine Grafik-Datei im PCX- oder GEM-Format konvertieren kann. Dieses Programm "PrintGL" (Ravitz Software Inc. 1990,1991) ist Shareware und kann vom EMBL-Fileserver (netserv@embl-heidelberg.de) zum Ausprobieren kopiert werden.

3.3.5 Kleinster (C)-Wert

Es gibt Gewebe, deren geringster DNA-Gehalt nicht 2C sondern z.B. 1C (z.B. Spermatozoen) oder 3C, 4C usw. beträgt. Um in diesen Fällen die X-Achse in der Ploidiegrafik richtig zu beschriften, gibt dieser Menüpunkt die Möglichkeit den kleinsten C-Wert vorzugeben. Hat man z.B. den DNA-Gehalt von Kernen gemessen, bei denen die kleinsten Kerne diploid (2C) waren, so wird man für den kleinsten C-Wert "2" für 2C einstellen. Bei mindestens triploiden Kernen entsprechend 3.

Mit der Taste C können Werte zwischen 1 bis 8 ausgewählt werden. Die Standardeinstellung ist 2 für den 2C-Wert als kleinsten C-Wert.

4. ANHANG

4.1. Technische Daten

Speicherbedarf:	640 kB
Sprache:	Pascal
Compiler:	TURBO PASCAL 6 (C) Borland GmbH
maximale Anzahl von Meßwerten:	1000
Wertebereich für Meßwerte:	1 bis 9.999.999, ganzzahlig
maximale Anzahl von Klassen:	4000
maximale Häufigkeit einer Klasse:	1000
Eingabeform der Meßwerte:	Ganzzahlige Werte (Integer) in ASCII-Datei (*.DAT) mit einem Wert pro Zeile
Dateinamen:	*.DAT Meßwerte; ein Wert (Integer) pro Zeile *.SDA sortierte Meßwerte; ein Wert(Integer) pro Zeile *.HST Export mit Obergrenze und Häufigkeit *.PLT Plot-Datei im HPGL-Format, getestet für HP 7475 Plotter und Textverarbeitungsprogramm wie z.B. MS WORD5
unterstützte Grafikkarten:	HGC/EGA/VGA
unterstützte Drucker :	EPSON 9-, 24-Nadeldrucker (z.B. RX-Serie, FX-Serie, LQ-Serie) und Kompatible HP Laserjet II/ III und kompatible Laserdrucker NEC P6 und Kompatible

4.2. Hinweis zum absoluten DNA-Gehalt

Zwischen dem 2C-Wert des DNA-Standards (errechneter Mittelwert im STANDARD-MENÜ) und dem absolutem DNA-Gehalt (Literaturwert) läßt sich eine Beziehung herstellen:

Hier ein Beispiel:

Mittelwert (STANDARD-MENÜ)	~	absoluter DNA-Gehalt (Allium cepa, Zwiebel)
79.039	~	33,5 pg DNA

Sind die Messungen von DNA-Standard und DNA-Messungen anderer Zellkerne unter den gleichen Bedingungen gemacht worden, kann man dem 2C-Wert der DNA-Messung (PLOIDIESTUFEN-MENÜ) auch einen absoluten DNA-Gehalt zuordnen.

Mittelwert (PLOIDIE-MENÜ)	~	absoluter DNA-Gehalt (unbekannt)
876.542	~	371,5 pg DNA

Diese Zuordnung wird derzeit von dem Programm noch nicht vorgenommen.

4.3. Adresse des Autors

Universität Kaiserslautern
 Mario Nenno
 Abt. Zellbiologie
 Postfach 3049
 6750 Kaiserslautern

Tel.: 06 31/ 205 - 2880
 Fax : 06 31/ 205 - 2998
 Internet: nenno@rhrk.uni-kl.de
 BITNET : KBIO11@DKLUNI01.bitnet

Ich bin für jede m+glichst genaue Fehlermeldung, konstruktive Kritik oder Vorschläge dankbar.