

Verwandschafts- und Implexberechnungen

In GENEALOGIE Heft 1 und 2/1984 S. 15ff bzw. 44ff erschien ein Aufsatz von **Arndt Richter** über: **Die Ahnenschaft von Gregor Mendel** zu seinem 100. Todestag am 06.01.1984. Darin wird besonders auf den guten Erforschtheitsgrad und die vielen Verwandtenehen hingewiesen. Der Autor weist auf die Möglichkeit hin, diese Ahnenliste als Test für genealogische und nachbarwissenschaftliche Anwendungen von Computergenealogie-Programmen zu verwenden. In der modernen Genetik ist die Computeranwendung selbstverständlich geworden. Daher bringen wir ein wenig „Verwandschaftsmathematik“ von **Arndt Richter**.

Statistische Ergänzungen zur Ahnenschaft von Gregor Mendel

Von **Arndt Richter**

Der o.g. Aufsatz hat im Mendeljahr 1984 eine freundliche Aufnahme gefunden. Begegnungen und Korrespondenz mit Mendelverwandten erfolgten. Dadurch kam ich auch noch in den Besitz der Nachkommentafeln von Gregor Mendels Schwestern. Von beiden Schwestern existiert heute eine umfangreiche Nachkommenschaft.

Auch von institutioneller Seite fand der Aufsatz eine günstige Aufnahme, wobei dort vor allem das Ausmaß der verwandschaftlichen Verflechtung von Gregor Mendels Ahnen überrascht hat. Daher dürfte Mendels Ahnentafel eine erhebliche statistische Bedeutung zukommen, vor allem für die Populationsgenetik und die Demographie. Aus der Korrespondenz mit den biologischen Nachbarwissenschaften habe ich allerdings den Eindruck gewonnen, daß sich bis heute noch kein brauchbares EDV-Programm zur Berechnung der biologischen (genetischen) Verwandtschaft von komplexen Verwandtenehen durchsetzen konnte. Das bei Albert **Jacquard** (1974)¹⁾ erwähnte IBM-Computerprogramm zur Berechnung von Verwandschafts- bzw. Inzuchtkoeffizienten scheint ein „Inselverfahren“ geblieben zu sein. [geschrieben August 1984!].

Besonders erfreulich war es daher, daß mein Aufruf, die Ahnentafel Mendels als Modell für Computerprogramme für genealogische und nachbarwissenschaftliche Zwecke zu verwenden, nicht ohne Echo geblieben ist. M. **Sigmund** (Institut für Medizinische Statistik, Dokumentation und Datenverarbeitung der Universität Bonn) schickte mir im Juni 1984 eine DIN A3 Computergrafik von Mendels Ahnen, die in verkleinerter Form auf Seite 191 zu sehen ist. Diese Grafik enthält für einen Teil von Mendels Ahnen Vor- und Familienname, Personensymbol (Quadrat oder Kreis), Abstammungslinien, Ahnennummer (leider zunächst nur eine!) sowie die Lebensdaten. Die Grafik geht dabei stammbaumartig von Mendels 10-fachem Ahnenpaar Kaspar Pietsch oo N.N. Kuntschig aus. Diese genealogische Computergrafik wurde mittels eines von M. Sigmund entwickelten Plotter-Programmes erstellt, das bereits 1983 als PEDPLO (a PEDigree PLOt Program) vorgestellt worden war²⁾.

Hervorgehoben sei vor allem noch, daß Kurt **Ewald**, München, mit dem von ihm entwickelten Mikrocomputer-Programm zur Berechnung der gb- und b-Werte von Verwandtenehen meine manuell berechneten Ergebnisse für die Verwandtenehe von Mendels Eltern exakt bestätigen konnte. Weiterhin enthält diese EDV-Berechnung einen Listenausdruck mit allen 64 Verwandschaftswegen (als Ahnennummernfolge), die biologisch hierfür relevant sind. Als „Nebenprodukt“

fielen noch die analogen Berechnungen für die Verwandtenehen von Gregor Mendels Großeltern und Urgroßeltern mit ab.

Es mag daher nun gerechtfertigt sein, meine 1983 manuell berechneten Statistikwerte zu Mendels Ahnenschaft hier erstmals zu veröffentlichen. Zu Vergleichs-, aber auch zu Kontrollzwecken sind diese Statistikwerte sicherlich für manche Genealogen, aber auch für den einen oder anderen Naturwissenschaftler von Interesse. Die Terminologie und Notation der Kennwerte folgt meist den bewährten methodischen Arbeiten von Siegfried **Rösch**. Auf die Technik der Berechnung kann hier nicht eingegangen werden. Der deutsche Leser muß auf die wertvollen Arbeiten von Wilhelm **Ludwig** (1944)³⁾ und Siegfried **Rösch** (1955, 1977)⁴⁾ hingewiesen werden.

Während **Ludwig** auf den Arbeiten des amerikanischen Populationsgenetikers Sewall **Wright** (1922) aufbaut, stützt sich **Rösch** bei der biologischen Verwandtschaftsberechnung vor allem auf **Geppert** und **Koller** (1938). An Röschs „**Quantitativer Genealogie**“ (1955) sollte m.E. auch der Genetiker nicht vorbeigehen, der sich um eine präzise Begriffsbildung innerhalb des verwandtschaftswissenschaftlichen Teils der Populationsgenetik bemüht. Auch auf zwei sehr wertvolle demographisch-genealogische Arbeiten von Hermann v. **Schelling** (1944, 1945)⁵⁾ muß hier noch hingewiesen werden, da v. **Schelling** dort auf wahrscheinlichkeits-statistischem Wege Ahnenimplex-Modelle in Abhängigkeit von der Bevölkerungsgröße (Heiratskreise) abgeleitet hat. In seiner Arbeit von 1945 entspricht dabei das Modellbeispiel mit dem größten Implexwert (kleinster Heiratskreis) dem Ahnenimplexwert von Gregor **Mendel** überraschend gut.

Von einer ebenfalls publizierten bäuerlich-bodenständigen Ahnenschaft aus dem Darmstädter Raum (Proband: Änne **Ullrich**, * 1930)⁶⁾ werden hier zum Vergleich die analogen statistischen Kennwerte, die ich bereits 1982 berechnet hatte, mit angegeben. Frau Ruth **Hoewel**, Marburg, sei auch hier sehr für ihre Bemühungen gedankt, mir daß genealogische Material damals für meine Studien zur Verfügung gestellt und erweitert zu haben.

Ich begrüße es, die vor über 2 Jahren abgefaßten „statistischen Ergänzungen zur Ahnenschaft von Gregor Mendel“ in der **COMPUTERGENEALOGIE** veröffentlichen zu können. Der „Aufruf“, die **Mendel-Ahnentafel** als methodisches Testbeispiel für verschiedene Computerprogramme zu verwenden (**GENEALOGIE** 1/1984 S.22) sei an dieser Stelle noch einmal wiederholt. Die Leser unserer Zeitschrift werden wohl zunächst an einem **Programm zur Implexberechnung** am meisten interessiert sein, bzw. sich ein solches aufgrund ihrer technischen Möglichkeiten selbst erstellen wollen. Als Hilfe für diesen Zweck werden daher noch Tabelle 3 und Tabelle 4 nachgetragen. Die Ahnenstämme in Tabelle 3 entsprechen dabei der Kennzeichnung der Ahnenliste in **GENEALOGIE** 2/1984, S. 44-56. Das Prinzip der Implex-Berechnung dürfte aus beiden Tabellen zweifelsfrei hervorgehen. Diese Methode hat sich bei der eigenen manuellen Berechnung - auch bei komplexeren Verflechtungen! - gut bewährt. Bei verwandtschaftlichen Zweifelsfällen wird es manchmal nützlich sein, sich die Verflechtungen aufzuzeichnen bzw. anhand der Grafik in **GENEALOGIE** 1/1984 S.16-17 vor Augen zu führen. Besonders gilt dies für die sogenannten „Kettenehen“ mit den Ahnenhalbgeschwistern. In einer der nächsten Nummer dieser Zeitschrift möchte ich versuchen, noch einige prinzipielle und zeichnerische Hinweise für Möglichkeiten zur grafischen Darstellung der Ahnenverflechtungen zu geben (Plotterprogramme).

Literatur:

- 1) Albert Jacquard: The Genetic Structure of Populations. Berlin-Heidelb.-New York(Springer) 1974,S.113
- 2) Martin Sigmund: PEDPLO: A pedigree plot program. In: Computer Programs in Biomedicine 17 (1983), 283 - 286 (siehe auch Abbildung)
- 3) Wilhelm Ludwig: Über Inzucht und Verwandtschaft. In: Zeitschrift für menschliche Vererbungs- und Konstitutionslehre 28 (1944) H.1, 278-312 Berlin (Springer)
- 4) Siegfried Rösch: Grundzüge einer quantitativen Genealogie. Heft 31 des Praktikum für Familienforscher. Neustadt/Aisch (Degener) 1955, s.a. in: Siegfried Rösch: Goethes Verwandtschaft, Versuch einer Gesamtverwandtschaftstafel mit Gedanken zu deren Theorie. Neustadt/Aisch (Degener) 1956. Siegfried Rösch: Caroli Magni Progenies. Neustadt/Aisch (Degener) 1977
- 5) Hermann v. Schelling: Studien über die durchschnittliche Verflechtung innerhalb einer Bevölkerung. Jena (Fischer) 1945. Hermann v. Schelling: Die Ahnenschwundregel.In: Der Erbarzt 12 (1944) H. 9/12. S. 113-120
- 6) Ruth Hoevel: Eine Ahnentafel in starker verwandtschaftlicher Verflechtung aus dem Darmstädter Raum. Beitrag zu den Themen Genealogie und Statistik, Genealogie und Demographie. Selbstverlag 1983. (Steinweg 15, 3550 Marburg). Rezension in: GENEALOGIE 3/1984 S. 94
- 7) über autosomale und x-chromosomale Verwandtschaft siehe:
Hermann Athen: Theoretische Genealogie. In: Genealogica & Heraldica. Report of the 14th International Congress for Genealogical and Heraldic Sciences in Copenhagen 25.-29.8.1980 S. 421-432. Kopenha- gen 1982
Arndt Richter: Erbmäßig bevorzugte Vorfahrenlinien bei zweigeschlechtigen Lebewesen. In: Archiv für Sippenforschung 74/1979 S. 96-109. Rezension von Hermann Athen in: Quellen und Forschungen zur ostfriesischen Familienkunde 28 H.9-10 (1979) S. 140. Referate: Felix v. Schroeder in: Der Herold 23 H. 9 (1980) S. 97-98, G. Karigl in: Theoretical and Applied Genetics Vol.60 No.2 (1981) S. 97-98

Erklärung der in den nachfolgenden Tabellen verwendeten Symbole

- k = Nummer einer Generation; die des Probanden selbst wird als $k = 0$ angenommen; die Generationen der Vorfahren werden negativ gezählt, die der Nachkommen positiv
- at_k = theoretische Anzahl der Ahnen in der k -ten Generation = 2^{-k}
(hier ist berücksichtigt, daß k in der Ahnentafel negativ ist)
- ap_k = physische Anzahl der Ahnen in der Generation k bei Ahnenimplex, dabei wird jede Person, die in der Ahnentafel mehrfach vorkommt, nur einmal gezählt, und zwar jeweils bei ihrer niedrigsten Ahnennummer
- i_k = Ahnenimplex („Ahnenverlust“) in der k -ten Generation der Ahnentafel = $(at_k - ap_k)/at_k$
- $a't_k$ = unvollständig bekannte theoretische Anzahl der Ahnen in der k -ten Generation infolge Lückenhaftigkeit der Forschung (bei Vollzählung aller Ahnen, deren Identität irgendwie ermittelt ist)

a'_k = desgl. für unvollständig bekannte physische Anzahl der Ahnen in der k-ten Generation (bei Vollzählung aller Ahnen, deren Identität irgendwie ermittelt ist)

rt_k = Anteil der bekannten theoretischen Ahnen = a'_k/at_k

z = Anzahl der Verwandtschaftswege zwischen zwei Individuen

b = mittlerer biologischer Verwandtschaftsanteil zweier Individuen = 2^{-g^b}

g^b = biologischer Verwandtschaftsgrad zweier Individuen = $-\log_2 b$
= $-3,3219 \log b$; die einzelnen Verwandtschaftsgrade wurden nach Rösch „symbolisch-komprimiert“ dargestellt. Dabei bedeuten die Zahlen keine Potenzen im arithmetischen Sinne, sondern geben die Häufigkeit des Verwandtschaftsgrades (der Grundzahl) wieder: 17^{15} bedeutet 15-mal im 17. Grad verwandt, zahlenmäßig = $15 \cdot 2^{-17}$

g^b = biologischer Verwandtschaftsgrad bei mehrfacher Verwandtschaft (summarischer biologischer Verwandtschaftsgrad) = $-\log_2 \Sigma b$

g''^b = kleinster ganzzahliger biologischer Verwandtschaftsgrad (reine Rechengröße)

g'''^b = reduzierter biologischer Verwandtschaftsgrad (reine Rechengröße)

g^b_s = Schwerpunktwert des biologischen Verwandtschaftsgrades (arithmetisches Mittel der Einzelwert)

f = Inzuchtkoeffizient = $b/2$

Tabelle 1: Statistikwerte aus der Ahnentafelanalyse von

		Gregor Mendel (1822-1884)					Änne Ullrich (*1930)				
		Ahnenimplex		Erforschtheitsgrad			Ahnenimplex		Erforschtheitsgrad		
k	at _k	ap _k	i _k	a't _k	a'p _k	rt _k	ap _k	i _k	a't _k	a'p _k	rt _k
-1	2	2	0,00	2	2	1	2	0,00	2	2	1
-2	4	4	0,00	4	4	1	4	0,00	4	4	1
-3	8	8	0,00	8	8	1	8	0,00	8	8	1
-4	16	16	0,00	16	16	1	16	0,00	16	16	1
-5	32	30	0,06	32	30	1	32	0,00	32	32	1
-6	64	51	0,20	60	49	0,94	61	0,05	63	60	0,98
-7	128	94	0,27	97	69	0,76	111	0,13	102	85	0,80
-8	256	172	0,33	93	45	0,36	209	0,18	134	90	0,52
-9	512	342	0,33	58	21	0,11	395	0,23	143	<78	0,28
-10	1024	(684)	(0,33)	27	8	0,03	(790)	(0,23)	151	<69	0,15
-11	2048	-	-	5	3	0,00	-	-	98	<71	0,05
-12	4096	-	-	1	-	0,00	-	-	58	<48	0,01
	8190			403	255	7,20			811	<563	7,79

Tabelle 2: Statistikwerte zur biologischen (genetischen) Verwandtschaft

	Gregor Mendel	Änne Ullrich
1. autosomale Verwandtschaft zwischen den Eltern der Probanden (auf die Normalchromosomen bezogen)		
z =	64	268
b =	0,01947	0,00481
gb =	8 ² 9 ¹ 10 ⁵ 12 ⁶ 13 ¹³ 14 ²¹ 15 ¹⁶	11 ² 12 ⁶ 14 ⁸ 15 ¹³ 16 ⁴⁸ 17 ⁴⁵ 18 ⁷⁴ 19 ⁵⁶ 20 ⁶ 21 ⁴ 22 ⁴ 23 ²
g'b =	5,68	7,70
g''b =	6; 9; 10; 11; 12; 13; 14;	8; 11; 12; 13; 15; 18; 19; 20; 22
g'''b =	5 (1; 4; 5; 6; 7; 8; 9)	7 (1; 4; 5; 6; 8; 11; 12; 13; 15)
gb _s =	13,28	17,42
gb _s - g'b =	7,60	9,72
2. x-chromosomale Verwandtschaft zwischen den Eltern der Probanden (auf die X-Chromosomen bezogen)		
z _x =	1	1
b _x =	0,01562	0,00012
gb _x =	6	13
3. Inzuchtkoeffizienten der Probanden (autosomal und x-chromosomal)		
f =	0,0093	0,00240
f _x =	-	0,00006
(nur bei Frauen!) für Mendels Schwestern: 0,00781		

Tabelle 3

Geschwistergruppen mit den „ausgefallenen
Ahnennummern“
in der Ahnentafel von Gregor Mendel

Ahnenstämme	<u>Geschwistergruppen</u>	Ahnennr.	<u>„ausgefallene Ahnennummern“ (Geschwistereltern)</u>
<u>a.) Vollgeschwister</u>			
Weiß Ia / Ib		18, 43	86 / 87
Blaschke Ib / Id		22, 29	58 / 59
Blaschke Ic / Ie		34, 61	122 / 123
Münster Ib / Ia		46, 60	120 / 121
Blaschke Ic / If		68, 103	206 / 207
Ertel Ib / Ia		70, 76	152 / 153
Brosch Ia / Ib [siehe auch c.)]		78, 186	372 / 373
Blaschke Ia / Ic / Ig		80, 136, 213	272 / 273 ; 426 / 427
Schreiber Ib / Ia		81, 154	308 / 309
Schwirtlich Ia / Ib		96, 248	496 / 497
Kasper Ib / Ia [siehe auch b.) und c.)]		106, 112	224 / 225
Pietsch Ia / Ib / ic		143, 161, 251	322 / 323; 502 / 503
Schlosser Ib / Ia		197, 230	460 / 461
Kahlig Ib / Ia		210, 328	656 / 657
<u>b.) Halbgeschwister mit gemeinsamem Vater</u>			
Blaschke Ia / Ib		20, 44	88
Kuntschig Ia / Ib		25, 63	126
Ertel Ia / Ic		38, 51	102
Kasper Ic / Ib / Ia [siehe auch a.)]		75 , (106, 112)	212
<u>c.) Halbgeschwister mit gemeinsamer Mutter</u>			
Kasper Ic / Brosch Ia / Ib [siehe auch a.)]		75, (78, 186)	157

