

Torstein Sjøvold, *Non-Metrical Divergence Between Skeletal Populations. The Theoretical Foundation and Biological Importance of C.A.B. Smith's Mean Measure of Divergence*. OSSA 4, Supplement 1. University of Stockholm 1977. 133 Seiten.

Biostatistische Veröffentlichungen können grundsätzlich unter zwei verschiedenen Gesichtspunkten referiert werden. Der eine betrifft die mathematischen Zusammenhänge und die rechnerische Methodik. Es ist zu erwarten, daß Zeitschriften wie *Biometrie*, *Biometrics* u. a. die Monographie unter diesem Aspekt behandeln und vorzugsweise ihren ersten Teil ('Theoretical Foundation') berücksichtigen. Der zweite Gesichtspunkt ist der des Benutzers, der in erster Linie danach fragt, welchen Informationsgewinn die vorgeführte Methodik wohl erzielt. Im vorliegenden Fall ist der Standpunkt des Rez. der des Nutzers bzw. Nachnutzers.

Der Text zerfällt in drei Teile von verschieden leichter Lesbarkeit: die sehr anspruchsvolle theoretische Begründung, die natürlich leicht verständliche Schilderung des Materials (Fuchsschädel) nach Menge und Herkunft, Jahr der Aufsammlung, Anführung bestimmter Merkmale (insgesamt 19 'traits') und die beim konzentrierten Lesen und Tabellenstudium begreifbaren Ergebnisse und ihre Kommentierung, die lediglich

Verständnis für die Begriffe Korrelation und Signifikanz voraussetzt. Dieser 'mittlere' Grad der Lesbarkeit trifft übrigens auch noch auf die ersten Seiten (S. 1–7) der theoretischen Einführung zu, in denen der Leser unter Hinweis auf die zuerst von Heincke (1898) begonnenen Versuche zur rechnerischen Unterscheidung von Tierpopulationen auf die 'superiority' einer schließlich von C. A. B. Smith (1977) geschaffenen Methode (Mean Measure of Divergence, MMD) hingeführt wird.

Am Beispiel von 2352 Schädeln in Schweden 1965/66 bis 1970/71 erlegter Rotfüchse (*Vulpes vulpes* L.) wird diese Methodik demonstriert. Als Populationen werden die in fünf verschiedenen geographischen Regionen Schwedens erbeuteten Füchse bzw. die davon gewonnenen Schädelserien angesehen. 19 Merkmale (traits) wurden registriert: Fehlen des dritten Molaren im Unterkiefer, Vorhandensein oder Fehlen akzessorischer Durchtrittsöffnungen für Nerven und/oder Gefäße in Stirnbein, Siebbein und Nasenbein und im Unterkiefer, Ausbildung einer Knochenleiste (*Crista sagittalis*) auf dem Hirnschädel u. a.

Um etwaige Einflüsse des Geschlechts und Alters, der Jagdsaison, der Rechts-Links-Verteilung und ähnliche generelle Bedingungen erfassen zu können, mußte vorerst das Gesamtmaterial unter entsprechenden Gesichtspunkten geordnet und ausgezählt werden. Hernach setzte die eigentliche, erst recht nur mit Computertechnik zu bewältigende Analyse ein, zu deren Verständnis sogar Kenntnisse der nichteuklidischen Geometrie (S. 24) und der Matrizenrechnung (S. 38) erforderlich sind. Die Resultate sind in umfangreichen Tabellen (19 im Text und weitere in Appendix 1–7 auf 16 Druckseiten) niedergelegt.

Diese Zahlentafeln enthalten exakte Angaben über die Korrelation zwischen den Merkmalen wie auch über die regionalen Unterschiede. So findet man die strengste Korrelation zwischen einem akzessorischen Foramen im Stirnbein und einem 'frontal canal' für einen Ast des Nervus frontalis, keine Korrelation zwischen dem Körpergewicht und dem Fehlen des dritten Molaren im Unterkiefer usw. Den höchsten Betrag an Divergenz gegenüber allen übrigen Regionen liefert das Gebiet Skåne-Blekinge. Auf die Rolle großer schwedischer Flüsse und des Mälarsees als geographische Barrieren fällt dabei Licht.

Der allgemeine Nutzen solcher Biostatistik an Fuchsschädeln wird sogleich deutlich, wo zum Verständnis für den methodischen Fortschritt oder als Beispiel bereits erfolgter analoger Forschungen auf andere Objekte verwiesen wird. Das Literaturverzeichnis auf 7 engbedruckten Seiten weist 33 verwandte Arbeiten über Homo, 15 über Nager (Mäuse und Ratten), 2 über nichtmenschliche Primaten, 2 über den Fuchs und je eine Veröffentlichung über Seal, Hirsch und Frosch auf. Von Interesse ist in diesem Zusammenhang die Bemerkung, daß der Wolf (*Canis lupus*) und gewisse Haushundrassen (*Canis familiaris*) in vielen Fällen ähnliche 'traits' aufweisen wie die hier am Rotfuchs studierten (S. 76). Was menschliches Skelettmaterial betrifft, so weist der Verf. nachdrücklich darauf hin (S. 86), daß entsprechende Studien an Gebeinen bekannter Herkunft bzw. in bekannten familiären Zusammenhängen (sogenannte 'Erbbegrabnisse', beschriftete Schädel in Beinhäusern) und Familienuntersuchungen dringend erforderlich sind, wenn die aus den sogenannten epigenetischen Merkmalen erhältlichen Informationen möglichst vollständig erschlossen werden sollen.

Der Stolz der zu höchster Abstraktion befähigten Mathematiker läßt es im allgemeinen nicht zu, daß sie das Verständnis ihrer Formeln dem nicht mathematisch Ausgebildeten durch simple Rechenbeispiele mit konkreten Zahlenangaben erleichtern. Dies trifft auch für die vorliegende Monographie zu. Nur ausnahmsweise werden (S. 80) mit schlichten Worten Beziehungen zwischen der Seriengröße und der erreichbaren Signifikanz (geringste Größe einer nachweisbaren Korrelation) erörtert.

Der Verf. beherrscht die mathematischen Gedankengänge und die entsprechende Symbolik souverän und setzt dies auch bei seinen Lesern voraus. Dies führt leider dazu, daß er darauf verzichtet, den Archäologen (in diesem Falle speziell den Archäozoologen und den Anthropologen) den Nutzen solcher biostatistischen Analysen anschaulich vor Augen zu führen. Was als Eindruck bleibt, ist die Einsicht, daß es mit hochentwickelten statistischen Methoden (und dem Hilfsmittel des Computers) möglich ist, Einflüsse von Geschlecht, Alter, regionaler Herkunft, Rechts-Links-Lokalisation usw. auf die Häufigkeit und Manifestation epigenetischer Merkmale genau zu bestimmen. Dies gestattet, sie entweder auszuschalten oder 'Vertrauensgrenzen' der Aussagen zu ermitteln, wenn es um den Vergleich von Populationen geht.

Freilich ist in der Praxis die Anwendbarkeit solcher Verfahren dadurch eingeschränkt, daß das archäologische Material nach Seriengröße, Erhaltungszustand usw. kaum je den von Verf. analysierten Fuchsschädeln äquivalent sein wird. Selbst große 'butchering sites' von Großwild dürften keine so umfangreichen Serien von guterhaltenen homologen Skelettelementen liefern, wie sie hier vorlagen. Am ehesten würde sich bei den kleinen Nagern ein entsprechender Umfang erreichen lassen, die manchmal in ganzen Schichten

vorliegen, aber meist nur recht fragmentarisch erhalten sind. Wenn es aber in der Zukunft möglich werden sollte, durch systematisches Abrufen von Resten einer bestimmten Spezies von Museum zu Museum große Serien aufzubauen, wird man sich der raffinierten Methodik, die hier am Modell der Fuchsschädel vorgeführt wurde, gern bedienen. Es versteht sich, daß dies nur in einer multidisziplinären Arbeitsgemeinschaft geschehen kann, in der fähige Biometriker und Computerefachleute ganz unentbehrlich sein werden.

Berlin

Hans Grimm