

Verwandtschaftsanalyse der Skelettreste aus dem bandkeramischen Massengrab von Talheim, Kreis Heilbronn

Applikation mit odontologischen und klassisch-epigenetischen Merkmalen

KURT W. ALT, WERNER VACH und JOACHIM WAHL

Einleitung

Das bandkeramische Massengrab von Talheim wurde im Jahre 1983 bei Gartenarbeiten zufällig entdeckt und anschließend in zwei Kampagnen (1983/84) durch Mitarbeiter des Landesdenkmalamtes Baden-Württemberg ausgegraben¹. Die ca. 3 × 1,5 m große Skelettgrube ist aufgrund typischer Keramikbefunde in die mittlere bis jüngere Bandkeramik zu stellen. Zwei ¹⁴C-Datierungen an Knochenproben erlaubten eine Präzisierung der zeitlichen Einordnung. Danach läßt sich ein kalibriertes Alter von etwa 7000 Jahren annehmen.

Unter Berücksichtigung der ausgeglichenen demographischen Gruppenstruktur kann bei dem Talheimer Massengrab vermutlich davon ausgegangen werden, daß die gemeinsam verlochten Individuen die Bewohner einer kleinen Siedlung repräsentieren (Abb. 1). Da alle Individuen gleichzeitig zu Tode kamen und offensichtlich in einem Zuge beseitigt wurden, kann in diesem Fall in paläodemographischer Hinsicht ohne Bezug auf Bevölkerungsmodelle argumentiert werden. Chronologische Aspekte im Hinblick auf Bestattungsabfolgen oder eine Feinchronologie können unberücksichtigt bleiben. Um nun unter dem Gesichtspunkt der Abgrenzung eventueller Verwandtschaftsgruppen zu klären, ob sich die Lokalbevölkerung in durch enge genetische Beziehungen miteinander verbundene Familien trennen läßt und ob die Gruppe in ihrer Gesamtheit oder in Teilen homogen oder eher heterogen war, wurde eine verwandtschaftsanalytische Untersuchung durchgeführt².

Soziale Strukturen in prähistorischen Bevölkerungen

Die Quellen zur Aufdeckung sozialer Strukturen innerhalb prähistorischer Bevölkerungen sind zum einen Funde und Befunde zur materiellen Hinterlassenschaft, zum Siedlungs- und zum Bestattungswesen, zum anderen das Skelettmaterial. Bei der anthropologischen Bearbeitung von Skelettresten ist heute neben der diagnostischen Erfassung von biologischen Individualdaten (Alter, Geschlecht, Körperhöhe, krankhafte Veränderungen u. a.) und deren demographischer Auswertung die Tendenz zu beobachten, unter Verwendung modernster Verfahren Er-

1 J. WAHL/H. G. KÖNIG, Anthropologisch-traumatologische Untersuchung der menschlichen Skelettreste aus dem bandkeramischen Massengrab bei Talheim, Kreis Heilbronn. *Fundber. Baden-Württemberg* 12, 1987, 65 ff.

2 Mit Unterstützung durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (Al 287/2-1).

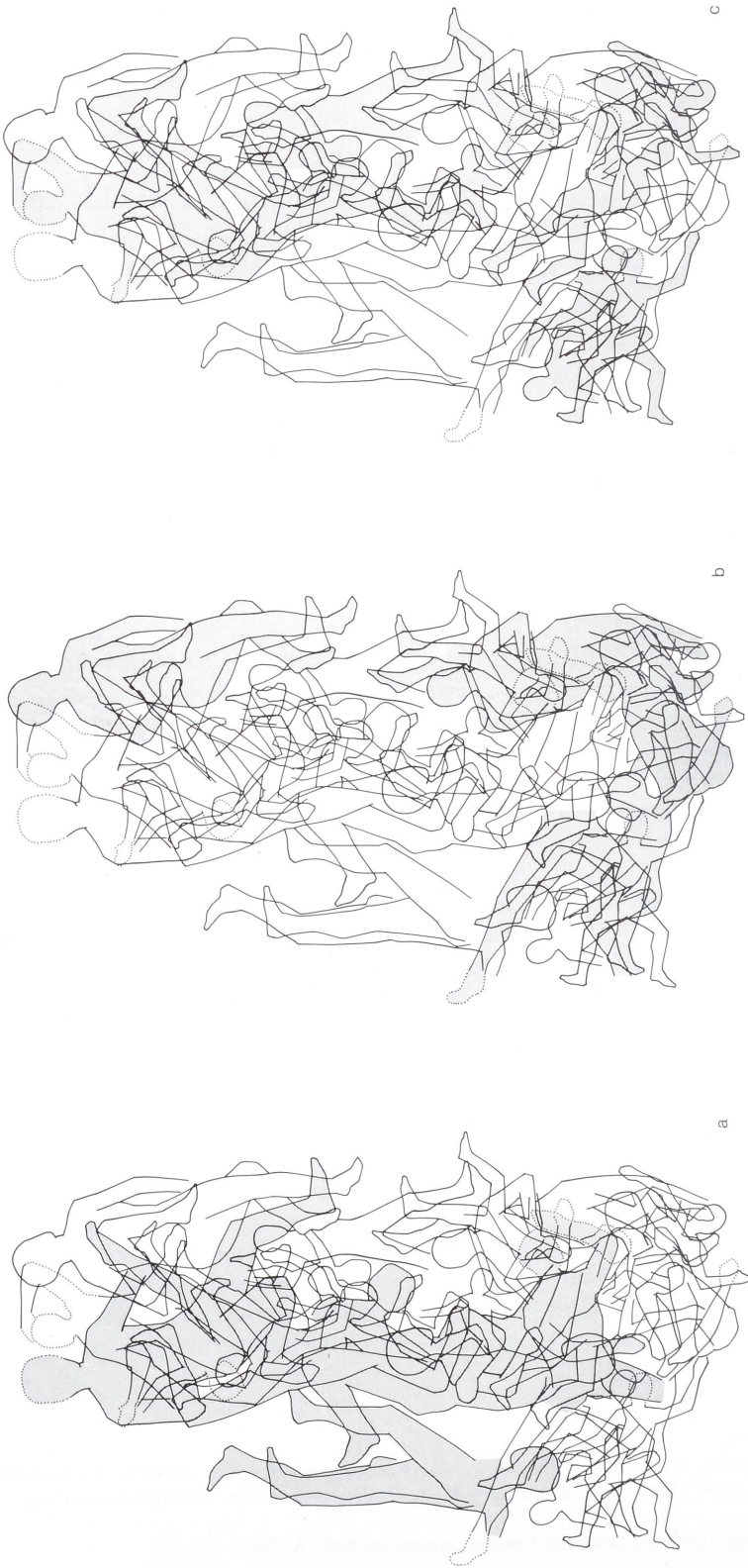


Abb. 1 Rekonstruktion zur Lage der Individuen im Talheimer Massengrab: a = Männer; b = Frauen; c = Kinder und Jugendliche (nach WAHL/KÖNIG [Anm. 1] Abb. 6).

kenntnisse zu sozialen Verhaltensweisen, zur Bevölkerungsdynamik und zu sozio-ökologischen und ökonomischen Lebensbedingungen unserer Vorfahren zu gewinnen.

Zur Modellentwicklung und Hypothesengenerierung in der Frage nach den sozialen Strukturen prähistorischer Bevölkerungen sollten sowohl kulturanthropologische Konzepte benutzt als auch sozialtypische und ethnosozilogische Ansätze herangezogen werden³. Insbesondere muß danach gefragt werden, welche soziologischen Kriterien, die einzelne Gesellschaften beschreiben (soziale Schichtung, schichtenspezifische Symbole, Binnenstrukturen und -organisationen, Familien- oder Sippeinheiten), im archäologischen Kontext überhaupt evident sein können. Von methodischer Seite wäre die multidisziplinäre Einbindung verschiedener Wissenschaftsbereiche vor der Erhebung bzw. Evaluierung der Daten und nicht erst bei der Interpretation der Ergebnisse optimal.

Die Möglichkeiten der paläodemographischen Rekonstruktion früherer Bevölkerungen sind in hohem Maße von der Quantität und Qualität der Daten abhängig. Auf der Quellenseite nehmen der Bestattungsbrauch, der Erhaltungszustand und die Repräsentanz des untersuchten Materials einschränkend Einfluß. Während die Erfassung der Individualdaten methodisch kaum Probleme bereitet, verlangt die systematische Aufbereitung des Datenbestandes für eine demographische Gräberfeldanalyse die Applikation stabiler Bevölkerungsmodelle. Unvollständige Individualdaten, kleine Stichprobenumfänge und die wechselnde Qualität archäologischer Angaben (z. B. zu Datierung, Sozialstatus) erschweren die Zusammenstellung von Individual- zu Gruppendaten.

Kulturhistorische Modelle zur sozialen und politischen Organisation urgeschichtlicher Gesellschaften sind primär sozio-kulturell orientierte Stufenmodelle. Sie beschreiben ursprünglich egalitäre Gruppenstrukturen, die über die Zeit durch ökonomisch und materiell sich ändernde Lebensbedingungen zu stärker gegliederten Gesellschaften führten. Über den zeitlichen Ablauf derartiger Prozesse und über die Rahmenbedingungen sozio-kultureller Veränderungen gehen die Meinungen allerdings weit auseinander. Relativ unbestritten scheint dagegen, daß bis in das Frühmittelalter hinein die sozialen Beziehungen innerhalb prähistorischer Gemeinschaften primär durch familiäre Strukturen vorgegeben und geprägt waren⁴.

Auch hinsichtlich der Organisation sozialer Strukturen in neolithischen Populationen differieren die Ansichten erheblich. Einerseits werden hierarchische Strukturen beschrieben, wie sie für tribale Gesellschaften typisch sind⁵, wobei aber der Status der Führung (Häuptling, Big Men etc.) – wie ethnographische Studien im übergreifenden Kulturvergleich zeigen – wohl offen bleiben muß. Andererseits werden für neolithische Gruppen auch mehr egalitäre Strukturen in Erwägung gezogen⁶.

Unter bestimmten Voraussetzungen (z. B. stationäre Bevölkerung durch konstante Geburten- und Sterberaten) ist durch eine Verknüpfung von paläodemographischen Determinanten mit kulturellen (materiellen) Gegebenheiten die Aufdeckung sozialer Strukturen in prähistorischen Gemeinschaften möglich. Wenn darüber hinaus durch anthropologische Untersuchungen der Nachweis von Familiengruppen gelingt, dürfte die Ausgangssituation zur Entdeckung und Interpretation sozialer Einheiten wesentlich besser werden.

Die Bemühungen, von anthropologischer Seite biologische (genetische) Beziehungen zwischen einzelnen Bestatteten auf prähistorischen Friedhöfen zu rekonstruieren, reichen lange zurück. Sie fanden aber in der Praxis über erfolgversprechende Ansätze hinaus kaum breitere Anwen-

3 Vgl. M. HARRIS, *Kulturanthropologie* (Frankfurt am Main/New York 1989). – F. R. VIVELO, *Handbuch der Kulturanthropologie* (Stuttgart 1981).

4 H. STEUER, *Frühgeschichtliche Sozialstrukturen in Mitteleuropa*. Abhandl. Akad. Wiss. Göttingen, Phil.-Hist. Kl. 3, 128, 1982, 38 ff.

5 P. VAN DER VELDE, *Bandkeramik social inequality – a case study*. *Germania* 68, 1990, 19 ff.

6 M. GODELIER, *Horizon, trajets marxistes et anthropologie* (Paris 1973).

dung⁷. Nachdem sich die Eignung epigenetischer Merkmale (syn. Diskreta) für vergleichende Populationsuntersuchungen herausgestellt hatte⁸, fanden anatomische Varianten des Schädels mit der Zeit auch verstärkt Anwendung bei Infrapopulationsuntersuchungen bzw. Verwandtschaftsanalysen⁹. In den letzten Jahren wurden neue Verfahren entwickelt, „genetische“ Beziehungen von Individuen in lokalen Populationen zu entdecken und statistisch zu bewerten¹⁰. Nach A. BACH sind als Ursachen für Schwierigkeiten bei Familienanalysen mangelnde Kenntnisse zur Bestattungsabfolge in Kollektivgräbern sowie fehlende Feinstratigraphien in Gräberfeldern zu sehen¹¹. In der Regel sind auch keine realen Familien abgrenzbar, da lediglich familiäre Ähnlichkeit festgestellt, nicht aber der Nachweis von Eltern-Kind-Beziehungen möglich ist. Eine Ausnahme hiervon bilden Mehrfachbestattungen, wenn die Befundsituation auf eine gleichzeitige Grablege schließen läßt. In diesen Fällen können Individuen, die gleichzeitig zu Tode kamen, auch als Angehörige verschiedener Generationen beurteilt werden, falls der Verdacht auf familiäre Verbundenheit besteht. Insofern bietet der Befund von Talheim ideale Voraussetzungen für eine derartige Untersuchung.

Grundlagen der Verwandtschaftsanalyse (VA)

Bei einer VA sucht man nach Ähnlichkeiten und Übereinstimmungen von Individuen in ihren äußeren Merkmalen bzw. im Erscheinungsbild. Die Auswahl der für die VA relevanten Merkmale wird nach Gesichtspunkten wie hohe Erblichkeit, niedrige Häufigkeit in der Bevölkerung, hinweiskräftige Merkmalsausprägung, weitgehende Unabhängigkeit von Alter und Geschlecht sowie geringe Merkmalsinterkorrelation getroffen¹². Das entscheidende Kriterium ist dabei die Erblichkeit der einbezogenen Merkmale. Eine Hauptschwierigkeit in der Anwendung der epigenetischen Varianten für die VA liegt aber nach wie vor darin, daß für die Mehrzahl der Merkmale Untersuchungen über ihre Heritabilität fehlen, da sich bis heute keine genügend großen Stichproben mit bekannter Genealogie zur Überprüfung ihrer Erblichkeit fanden. Dies führte zu der Überlegung, zur Aufdeckung biologischer Beziehungen zwischen Individuen prähistorischer Bevölkerungen Merkmale zu suchen, für die bereits Informationen zur Erblichkeit vorliegen. Da speziell Merkmale der Zähne und Kiefer diese Eigenschaft bieten, finden

7 Vgl. H. ULLRICH, Interpretation morphologisch-metrischer Ähnlichkeiten an ur- und frühgeschichtlichen Skeletten in verwandtschaftlicher Hinsicht. *Zeitschr. Arch.* 3, 1969, 48 ff.

8 A. CZARNETZKI, Epigenetische Merkmale im Populationsvergleich III. *Zeitschr. Morph. u. Anthr.* 64, 1972, 145 ff.

9 Vgl. etwa T. SJØVOLD, Die Bedeutung epigenetischer Skelettmerkmale für die Analyse prähistorischer Populationsstichproben. *Homo* 27, 1976, 87 ff. – B. HOLLACK, Möglichkeiten und Grenzen von Infrapopulationsvergleichen am Beispiel der alamannisch-fränkischen, bajuwarischen und thüringischen Skelettserien aus Endingen, Sindelsdorf und Eschwege-Niederhone (Diss. Gießen 1986). – K. WILTSCHKE-SCHROTTA, Das frühbronzezeitliche Gräberfeld von Franzhausen I. Analyse der morphologischen Merkmale mit besonderer Berücksichtigung der epigenetischen Varianten (Diss. Wien 1988).

10 K. W. ALT/W. VACH, The reconstruction of "genetic" kinship in prehistoric burial complexes – problems and statistics. In: H. H. BOCK/P. IHM (Hrsg.), *Classification, data analysis, and knowledge organization* (Berlin/New York 1991) 299 ff. – K. W. ALT/W. VACH, Non spatial analysis of "genetic" kinship in skeletal remains. In: M. SCHADER (Hrsg.), *Analyzing and modeling data and knowledge organization* (Berlin/New York 1992) 247 ff. – W. VACH/K. W. ALT, Detection of kinship structures in prehistoric burial sites based on odontological traits. In: J. ANDRESEN/T. MADSEN/I. SCOLLAR (Hrsg.), *Computing the past – computer applications and quantitative methods in archeology*. Aarhus Univ. Press (Aarhus 1993) 287 ff.

11 A. BACH, *Neolithische Populationen im Mittelbe-Saale-Gebiet* (Weimar 1978).

12 Vgl. F. W. RÖSING, Diskreta des menschlichen Skeletts – ein kritischer Überblick. *Homo* 33, 1982, 100 ff.

heute vor allem Zahnmerkmale Anwendung in der VA¹³. Neben inhaltlichen Kriterien sprechen ihre einfache Erfassung, die Möglichkeit der Überprüfung in Rezentbevölkerungen und die meist bessere Erhaltung der Kiefer und Zähne gegenüber dem restlichen Skelett für die Präferenz dieser Merkmalsgruppe.

Das Grundprinzip prähistorischer Verwandtschaftsanalysen besteht darin, aus dem erhöhten Auftreten seltener, genetisch determinierter Merkmale an Skelettresten auf verwandtschaftliche Beziehungen zwischen den Bestatteten zu schließen. Dabei kommt es jedoch nicht nur auf das häufigere Auftreten seltener Varianten an sich an, sondern vielmehr auf deren gemeinsames Auftreten bei denselben Individuen. Das erhöhte Auftreten mehrerer seltener Merkmale bei denselben Individuen kann das Vorliegen einer Kernfamilie implizieren¹⁴. Zur statistischen Absicherung der Befunde wurden einige Verfahren entwickelt und deren Anwendung auf verschiedene Skelettserien erprobt¹⁵.

Die Aussagekraft einer bestimmten Variante als Hinweis auf genetische Beziehungen zwischen verschiedenen Individuen ergibt sich aus der Höhe des Frequenzunterschiedes zwischen den untersuchten Individuen und einer Referenzpopulation. Liegen gesicherte Kenntnisse über die Heritabilität des Merkmals vor, so erhöht sich der Wert dieses Hinweises. Für die meisten der von uns für die VA benutzten Merkmale liegen bereits fundierte Kenntnisse über deren formale Genetik vor, und für eine ganze Reihe von ihnen existieren Zwillings- und Familienuntersuchungen aus Rezentstudien. Neuere Untersuchungen zeigen, daß sich die Merkmalsfrequenzen der meisten Varianten über lange Zeiten hinweg bis heute kaum wesentlich geändert haben¹⁶. Zur Charakterisierung der Aussagekraft und Bedeutung eines odontologischen Merkmals für die VA sprechen wir in diesem Zusammenhang von der Wertigkeit der Merkmale.

Die inhaltliche Validierung gefundener „Auffälligkeiten“ wird anhand anthropologischer und archäologischer Zusatzinformationen gestützt. Unverzichtbare anthropologische Parameter für die VA sind die demographischen Angaben zum Alter und Geschlecht der Bestatteten. Auch individuelle Besonderheiten über die odontologischen Merkmale hinaus (z. B. erbliche Pathologica), die gemeinsam bei mehreren Individuen beobachtet werden, können wichtige Anhaltspunkte bei der Interpretation der entdeckten „familiären“ Strukturen sein.

Bei verschiedenen Anwendungen der VA auf ur- und frühgeschichtliche Nekropolen hat sich gezeigt, daß eine umfassende Rekonstruktion sozialer Strukturen nur in enger Zusammenarbeit mit der Archäologie Ergebnisse liefert, die den hohen Auswertungsaufwand rechtfertigen¹⁷. Archäologische Zusatzinformationen für die VA sind z. B. Angaben zur Chronologie, zu Grabbeigaben, zur räumlichen Verteilung der Bestatteten auf dem Gräberfeld sowie zu anderen wichtigen Grabbefunden¹⁸.

13 K. W. ALT, Verwandtschaftsanalyse an Skelettmaterial – Methodenentwicklung auf der Basis odontologischer Merkmale (Habil. Schr. Freiburg 1991).

14 Siehe K. W. ALT/W. VACH/S. PICHLER, Familienanalyse an kaiserzeitlichen Skelettresten aus einer Villa rustica bei Regensburg-Harting. Bayer. Vorgeschbl. 57, 1992, 261 ff. – K. W. ALT/S. PICHLER/W. VACH/W. HUCKENBECK/M. STLOUKAL, Family burial from a Veteřov settlement from Velké Pavlovice. Homo (im Druck).

15 ALT/VACH, Reconstruction (Anm. 10) 301 ff. – ALT/VACH, Non-spatial (Anm. 10) 249 ff. – K. W. ALT/W. VACH, Rekonstruktion biologischer und sozialer Strukturen in ur- und frühgeschichtlichen Bevölkerungen – Innovative Ansätze zur Verwandtschaftsanalyse in der Archäologie. Prähist. Zeitschr. 69, 1994, 56–91.

16 K. W. ALT, Odontologische Binnenanalyse von Bevölkerungen. Individuum – Familie – Population. In: K. W. ALT/J. C. TÜRP (Hrsg.), Die Evolution der Zähne. Phylogenie – Ontogenie – Variation (Berlin 1996).

17 ALT/VACH, Non-spatial (Anm. 10) 255. – ALT/VACH/PICHLER (Anm. 14) 273. – VACH/ALT (Anm. 10) 290.

18 Vgl. K. W. ALT/W. VACH/L. JØRGENSEN, Anwendung und Bedeutung archäologischer Informationen in der anthropologischen Verwandtschaftsanalyse. Arch. Inf. 16, 1993, 295 ff.

Die anthropologischen Quellen

Bei der anthropologischen Untersuchung der Skelettreste aus dem bandkeramischen Massengrab von Talheim wurden als Mindestindividuenzahl 34 Personen (18 Erwachsene sowie 16 Kinder und Jugendliche) ermittelt¹⁹. Davon standen für die odontologische Verwandtschaftsanalyse 30 Individuen (je zur Hälfte Erwachsene sowie Kinder und Jugendliche) zur Verfügung. Dieser Unterschied in der Individuenzahl resultiert im wesentlichen aus dem Erhaltungszustand. Bei den ausgeschlossenen Individuen fehlten Zahnreste entweder ganz, oder Einzelzähne und kleinere Kieferfragmente mußten unberücksichtigt bleiben, weil sie keinem Individuum mit Sicherheit zugeordnet werden konnten.

Die von J. WAHL und H. G. KÖNIG erfaßten epigenetischen Merkmale der Schädel (insgesamt 29 Merkmale)²⁰ wurden in die Verwandtschaftsanalyse miteinbezogen, wobei von einem Individuum (VA-Nr. 3) lediglich die epigenetischen Merkmale für die Familienanalyse benutzt werden konnten, da Zahnreste gänzlich fehlen. Zur einfacheren Handhabung bei der elektronischen Datenverarbeitung wurden alle Individuen fortlaufend neu durchnummeriert (VA-Nr. 1–30). Damit ein Vergleich mit den Daten der anthropologischen Bearbeitung möglich ist, wurde eine Konkordanzliste erstellt (Tab. 1).

Zur Methodik der Verwandtschaftsanalyse

Bei den Zahnmerkmalen, die unter Beachtung der Kriterien, die grundsätzlich an Merkmale für eine Familienanalyse gestellt werden²¹, für die Verwandtschaftsanalyse der Skelettreste von Talheim verwendet wurden, handelt es sich im wesentlichen um Normvarianten der Zahnkronen und -wurzeln sowie um Anomalien der Zähne hinsichtlich Form, Größe, Zahl, Struktur und Stellung²². Jedes dieser Merkmale kann in der Regel an mehreren Zähnen auftreten, einige Merkmale wie die Verschmelzungstypen von Wurzeln können verschiedene Varianten aufweisen. Somit ergeben sich ungefähr 1000 einzelne Merkmale, die bei jedem Individuum erhoben werden können.

Für die Analyse müssen Merkmale, die gleiche genetische Informationen widerspiegeln, zusammengefaßt werden. Dies betrifft alle bilateralen Merkmale. Die meisten Zahnmerkmale sowie die anderen epigenetischen Merkmale treten symmetrisch auf. Teilweise ist aber auch die Zusammenfassung ganzer Zahngruppen (z. B. der Molaren) notwendig. Jede erfaßte Komponente eines Merkmals kann die Zustände „ausgeprägt“ (+), „nicht ausgeprägt“ (–) und „nicht beurteilbar“ (?) annehmen (vgl. dazu Tab. 2). Wir nennen im folgenden ein Merkmal beurteilbar, wenn es in mindestens einer Komponente beurteilbar ist, und wir nennen es ausgeprägt, wenn es in mindestens einer Komponente ausgeprägt ist. Bei der Merkmalerfassung bleibt allerdings immer eine Unsicherheit insofern bestehen, als sich hinter nicht beurteilbaren Merkmalen bzw. Komponenten noch reale Ausprägungen verstecken können, so daß insbesondere bei mangelnder Übereinstimmung zweier Individuen in einer Anzahl von Merkmalen, die als biologische Verschiedenheit interpretiert werden könnte, zu prüfen ist, ob überhaupt eine ausreichende Anzahl gemeinsam beurteilbarer Merkmale vorhanden ist.

19 WAHL/KÖNIG (Anm. 1) Tab. 10.

20 WAHL/KÖNIG (Anm. 1) 73.

21 Vgl. RÖSING (Anm. 12) 100.

22 ALT (Anm. 13) 86 ff. – ALT/VACH, Reconstruction (Anm. 10) 59 ff.

Tabelle 1 Alters- und Geschlechtsbestimmung, Erhaltungszustand der Kiefer- und Zahnreste sowie Konkordanzliste der Individuen aus dem Massengrab von Talheim*.

VA-Nr.	Anthrop.-Nr.	Inv.-Nr.	VA-Mm				Alter	Geschlecht
			UK	OK	Σ Zähne	EM		
1	84-2	84-2	×	×	29	×	20-30	m
2	84-4	84-4	×	×	8	×	≈20	w
3	84-10	-	-	-	-	×	Inf. II	?
4	84-23	84-23	×	×	13	×	Inf. II	?
5	84-24	84-24	×	×	-	×	Inf. I	?
6	84-28	84-28	×	×	29	×	Inf. II	?
7	83-3 A	83-3 A	×	×	25	×	50-60	m
8	83-3 B	83-3 B/83-1	×	×	13	×	20-40	m?
9	83-3 C/22 C2	83-3 C/83-1	×	×	12	×	Inf. II	?
10	83-6 + 10 A	83-6	×	-	1	×	Inf. I	?
11	83-7	83-7	×	×	24	×	30-40	m?
12	83-8	83-8	×	×	28	×	50-70	m?
13	83-10 B	83-10 B/83-22	×	×	17	×	20-40	w?
14	83-11	83-11	×	×	24	×	20-30	m
15	83-12	83-12	×	×	29	×	20-30	m
16	83-13/14 A	83-13	×	-	2	×	Inf. I	?
17	83-14 B/15 C	83-14 B	×	×	-	×	Inf. I	?
18	83-15 A	83-15 A	×	×	16	×	Inf. II	?
19	83-15 B	83-15 B	×	×	22	×	Inf. II	?
20	83-18 A	83-18 A	-	-	10	×	50-60	w?
21	83-18 B	83-18 B	×	×	30	×	20-40	m?
22	83-19/20 B	83-19/20 B	×	-	3	×	Inf. I	?
23	83-20 A	83-20 A	×	×	32	×	20-30	w
24	83-22 C1	SK-31	×	×	30	×	20-40	m
25	83-22 E	SK-30	×	×	26	×	30-50	?
26	83-22 H	83-22 H	×	×	23	×	40-50	?
27	83-22 I	83-22 I	×	×	18	×	Inf. II	?
28	83-22 D	84-22	×	×	32	×	40-60	w?
29	83-22	83-22 IV	×	×	-	×	Inf. I	?
30	83-22	83-22 VII	×	×	7	×	Inf. II	?

* Individualdaten (Alter/Geschlecht) sowie EM aus WAHL/KÖNIG (Anm. 1)

VA-Nr.: Kennzahl für die Individuen in der Verwandtschaftsanalyse

Anthrop.-Nr.: Kennzeichnung der Individuen bei der Ausgrabung

Inv.-Nr. Inventarnummer

VA-Mm: Merkmale für die Verwandtschaftsanalyse

UK: Unterkiefer vorhanden

OK: Oberkiefer vorhanden

 Σ Zähne: Anzahl der beurteilbaren Zähne

EM: epigenetische Merkmale

Tabelle 2 Verteilung von 48 ausgewählten Merkmalen.

Merkmal-Nr.	VA-Nr. 1-30																													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	
14*	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
87	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
91	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
100	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
102	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
108	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
112	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
114	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
124	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
134	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
142	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
146	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
159	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
164	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
174	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
210	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
215	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
221	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
223	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
238	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
252	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
265	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
333	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
356	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
409	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
464	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
472	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
510	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
512	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
521	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
554	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
609*	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
650*	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
671*	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
673	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
825	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1010	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1021	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1022	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1027	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1033	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1034	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1046	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1059	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1067	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1069	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
1070	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	

* Merkmale mit mehr als zwei Komponenten. Hier bedeutet + = Merkmal in mindestens einer Komponente ausgeprägt, ? = Merkmal in allen Komponenten nicht beurteilbar, - = Merkmal nicht ausgeprägt. VA-Nr. 20 zeigt keines der 48 selektierten Merkmale.

Die wesentliche Aufgabe besteht nun darin, aus der vorliegenden Datenmatrix Hinweise auf Gruppen genetisch verwandter Individuen abzuleiten. Dabei können drei verschiedene Ansätze verfolgt werden.

Ansatz 1: Falls die Mitglieder einer Familie alle ein bestimmtes, für diese Familie typisches Merkmal aufweisen, so ist die relative Häufigkeit dieses Merkmals in einer kleinen Population, wie in der hier untersuchten, im Vergleich zu anderen Populationen deutlich höher. Eine erhöhte Merkmalsfrequenz kann somit einen Hinweis auf eine Familie liefern.

Ansatz 2: Wenn es für eine Familie mehrere familientypische Merkmale gibt, so können wir einen Hinweis auf diese Familie dadurch finden, daß wir nach einer Gruppe von Individuen und einer Menge von Merkmalen suchen, bei der alle Individuen mehrere Merkmale aufweisen und jedes Merkmal bei mehreren Individuen auftritt.

Ansatz 3: Für zwei genetisch miteinander verwandte Individuen ist zu erwarten, daß sie mehrere Merkmale gemeinsam aufweisen. Berechnen wir zu je zwei Individuen ein Maß für die Ähnlichkeit, beruhend auf der Anzahl der gemeinsam ausgeprägten Merkmale, so sollte sich eine Familie dadurch auszeichnen, daß ihre Mitglieder alle eine erhöhte Ähnlichkeit besitzen.

Diese drei Ansätze weisen jeweils Vor- und Nachteile auf. Ansatz 1 erfordert die Benutzung von externen Informationen über die relative Häufigkeit in vergleichbaren (!) Populationen, was eine Reihe von Problemen aufwirft. Bei der Analyse großer Populationen mit mehreren hundert Individuen wird Ansatz 2 der Vorzug vor Ansatz 3 gegeben²³. Das Erkennen einer Familie anhand von paarweisen Ähnlichkeiten ist nämlich insofern problematisch, als dieser Ähnlichkeit vermutlich nur sehr wenige familientypische Merkmale zugrunde liegen, so daß sie bei der Betrachtung sehr vieler Merkmale in einem Ähnlichkeitsmaß nicht zum Ausdruck kommt. Bei der Analyse einer kleinen Population wiegt dieses Problem weniger schwer, da hier durch die Eliminierung solitärer Merkmale die Anzahl der im Ähnlichkeitsmaß zu berücksichtigenden Merkmale wesentlich geringer ist. Umgekehrt ist bei kleinen Populationen die Auffälligkeit eines Hinweises gemäß Ansatz 2 schwieriger zu beurteilen, da Übereinstimmungen in mehreren Merkmalen nur bei solchen Merkmalen auftreten können, die mehrfach vorkommen und somit im allgemeinen auch eine erhöhte Häufigkeit besitzen. Daher ist es notwendig, externe Häufigkeiten zur Abschätzung der Auffälligkeit zu benutzen, so daß die von VACH und ALT entwickelte Methodik nicht direkt benutzt werden kann²⁴. In der vorliegenden Arbeit werden alle drei Ansätze verfolgt, und es wird zuletzt versucht, die Ergebnisse in geeigneter Weise zu kombinieren.

Ergebnisse

Nach einer ersten Durchsicht der verschiedenen Zahn- und Kiefermerkmale sowie der epigenetischen Merkmale wurde eine Liste derjenigen Varianten zusammengestellt, die aufgrund ihrer relativen Häufigkeit als möglicherweise familientypisch erschienen (Ansatz 1; siehe Tab. 3). Um zu prüfen, ob die beobachteten Häufigkeiten erhöht sind, wurden sie entsprechenden Vergleichszahlen gegenübergestellt. Bezüglich der Vergleichszahlen kann man sich hier – wie meist – nur zum Teil auf Angaben aus zeitgleichen Populationen stützen²⁵, in den übrigen Fällen muß mit

²³ ALT/VACH, *Reconstruction* (Anm. 10) 73 ff.

²⁴ VACH/ALT (Anm. 10) 291 f.

²⁵ E. PENSER, *Stomatologische Untersuchungen an erwachsenen Neolithikern aus dem Mittelbe-Saale-Gebiet* (Diss. München 1985).

Tabelle 3 Verteilung der Merkmale mit erhöhter Häufigkeit, Frequenzen und Wahrscheinlichkeiten in der Gesamtgruppe und Merkmalsverteilung bei den Nichterwachsenen.

Nr.	Merkmal	Ges.-Gruppe		rf-%	cf-%	p-Wert	Kinder	
		mb	ma				mb	ma
87	Höckeranzahl 44 34 (3)	15	3	20,0	5,0	0,036	4	2
146	Wurzelanzahl 15 25 (2)	14	4	28,6	8,7	0,028	3	0
221	Höckerreduktion 46 36	18	3	16,7	1,1	0,00096	9	0
252	Fissurenmuster 47 37 (1)	19	4	21,1	8,0	0,06	8	2
333	Dens invaginatus 12 22	13	4	30,8	3,0	0,00047	5	2
510	Akzess. Höcker 17 27 (DAT)	10	3	30,0	11,5	0,098	8	2
554	Tub. paramolare 48 38 (1)	11	3	27,3	1,7	0,00073	0	0
673	Größenreduktion 12 22	7	4	23,5	0,7	0,00071	5	1
825	Anteriorer Engstand	12	5	41,7	11,0	0,0065	2	1
1028	For. retromolare	15	7	46,7	7,8	0,000064	1	1
1034	For. mentale mult.	26	7	28,0	9,1	0,0072	12	2
4	Lingualfläche 12 22 (2)	9	2	22,2	8,0	0,37	5	1
14	Lingualfläche 11 21 12 22 (2)	12	3	25,0	14,0	—	7	2
91	Höckeranzahl 45 35 (3)	11	4	36,4	—	—	0	0
100	Fissurenmuster 15 25 (1)	9	4	44,4	—	—	4	2
102	Fissurenmuster 15 25 (3)	9	4	44,4	—	—	4	2
108	Fissurenmuster 44 34 (3)	11	3	27,3	—	—	0	0
112	Fissurenmuster 45 35 (1)	15	2	13,3	—	—	0	0
114	Fissurenmuster 45 35 (3)	15	5	33,3	—	—	0	0
124	Akzess. Leiste 44 34	5	2	40,0	—	—	4	2
126	Fissur-Randleiste 14 24	9	6	66,7	—	—	5	4
134	Fissur-Randleiste 44 34	13	4	30,8	—	—	4	2
142	Wurzelanzahl 14 24 (1)	13	4	30,8	31,1	0,61	3	2
148	Wurzelanzahl 15 25 (2,3)	14	4	28,6	—	—	0	0
159	Höckeranzahl 17 27 (3)	22	3	13,6	—	—	0	0
164	Höckerreduktion 17 27	22	7	31,8	20,0	0,13	8	5
174	Wurzelanzahl 17 27 (1)	17	2	11,8	—	—	0	0
210	Höckeranzahl 46 36 (4)	19	3	15,6	11,6	0,38	9	1
215	Höckeranzahl 47 37 (5)	22	3	13,6	8,2	0,27	8	2
223	Höckerreduktion 46 36	18	3	16,7	—	—	9	3
238	Höckerreduktion 47 37	23	4	17,4	—	—	8	2
247	Höckerreduktion 48 38	11	6	54,5	—	—	0	0
265	Wurzelanzahl 47 37 (1)	17	2	11,8	—	—	0	0
316	Fissuren Tub. dentis 12 22	13	6	46,2	40,0	0,43	5	2
356	Akzess. Höcker Randlst 14 24	5	2	40,0	—	—	5	2
399	Tub. Carabelli 16 26	10	5	50,0	—	—	9	5
409	Tub. Carabelli 18 28	10	2	20,0	—	—	0	0
464	Akzess. Höcker 16 26	3	2	66,7	—	—	3	2
472	Akzess. Höcker 17 27	8	2	25,0	—	—	8	2
512	Akzess. Höcker 16 26 (ML)	8	2	25,0	10,0	0,19	8	2
521	Kompressionsform 17 27	22	3	13,6	—	—	0	0
527	Foramina molaria 47 37	20	3	15,0	—	—	0	0
609	Abnormale Wurzellänge (1)	19	5	26,3	16,7	0,20	4	1
650	Absenz 18 28 48 38	19	5	26,3	16,7	—	0	0
671	Formreduktion hyp. Zähne	23	4	17,4	—	—	0	0
690	Größenreduktion hyp. Zähne	23	9	39,1	—	—	0	0
816	Mikrosymptome komplett	27	12	44,4	—	—	12	2
843	Anteriorer Endstand 12 22	13	2	15,4	—	—	2	1
1010	Lückenbildung	13	4	30,8	—	—	2	2
1021	Torus mandibularis	24	3	8,7	—	—	0	0
1022	Torus palatinus	9	3	33,3	19,5	0,25	1	0
1027	For. infraorbitale mult.	7	2	28,6	10,0	0,15	4	2
1033	For. mentale part.	26	3	12,0	—	—	0	0
1046	Can. mylohyoideus	17	2	12,5	8,3	0,42	6	0
1059	Ossicula coronalia	20	2	10,0	—	—	7	2
1067	Os astericum	18	3	16,7	—	—	5	2
1069	Can. condylaris post.	9	4	44,4	—	—	0	0
1070	Can. hypoglossi	9	3	33,3	—	—	0	0
1084	For. zygomaticofac. mult.	14	7	50,0	—	—	4	3

mb: Anzahl der beurteilbaren Merkmale; ma: Anzahl der ausgeprägten Merkmale; rf: relative Frequenz; cf: comparative Frequenz (in Klammern jeweilige Merkmalsvariante bzw. Anzahl der Höcker oder Wurzeln)

Vergleichsdaten aus diachronen oder gar rezenten Vergleichspopulationen gearbeitet werden²⁶. Als Maß für die Aussagekraft wurde der p-Wert berechnet, d. h. die Wahrscheinlichkeit, mindestens die beobachtete Anzahl von Merkmalsträgern zu finden, wenn für jedes beurteilbare Individuum die Wahrscheinlichkeit einer Merkmalsausprägung wie in der Vergleichspopulation ist. Je kleiner dieser p-Wert, desto auffälliger ist der Hinweis auf eine genetische Beziehung zwischen den Individuen, die sich an einem bestimmten Merkmal manifestiert.

Auf diese Weise ließen sich elf Merkmale finden, die zu Beginn von Tabelle 3 zusammengefaßt sind, für die eine deutliche Erhöhung der relativen Häufigkeit ($p < 0.1$) aufgezeigt werden kann. Von diesen elf Merkmalen (ausschließlich odontologische Merkmale) können fünf als für die VA höherwertig eingestuft werden, nämlich die Merkmale 87, 146, 333, 554 sowie 673, wobei für die zwei erstgenannten gewisse Einschränkungen gelten. Sie gehören zu den Normvarianten der Zahnkronen bzw. -wurzeln, deren genetische Basis feststeht, jedoch fehlen noch weitergehende Studien zu ihrer Heritabilität. Besser stellt sich die Situation für die drei übrigen Merkmale dar. Dort liefern Populationsunterschiede und Familienuntersuchungen Hinweise auf eine genetische Basis dieser Merkmale²⁷. In der heutigen Normalbevölkerung wird z. B. der Dens invaginatus (Merkmal 333) in einer Frequenz von ca. 3% beobachtet. Diese kann sich innerhalb von Familien auf eine Häufigkeit zwischen 30–40% steigern²⁸.

Als Tuberculum paramolare (Merkmal 554) wird ein akzessorisches Höckerchen am Protoconid bzw. Paraconus bezeichnet. Hinweise auf eine genetische Grundlage dieses Merkmals liefern ebenfalls Frequenzunterschiede bei rezenten Populationsstudien²⁹ und Ergebnisse aus Zwillingsuntersuchungen³⁰. Die Reduktion der Größe der seitlichen Schneidezähne im Oberkiefer ist ein Mikrosymptom der Hypodontie. Sie gilt als eine Anlageschwäche dieser Zähne, der im Zusammenhang mit dem Fehlen von Zähnen und weiteren Mikrosymptomen im Gebiß hinweisender Charakter auf eine familiäre Basis dieser Merkmale zukommen kann³¹.

Hinsichtlich des Auftretens dieser drei herausragenden Merkmale zeigen folgende Individuen Übereinstimmungen: Bei Merkmal 333 sind vier Individuen (1, 4, 14 und 19) betroffen, in Merkmal 554 stimmen die Individuen 2, 11 und 21 überein, und Merkmal 673 kommt bei den Individuen 4, 11, 21 und 24 vor. Die mit Einschränkungen höherwertigen Merkmale 87 und 146 verteilen sich auf drei (1, 18 und 27) bzw. vier Individuen (2, 8, 14 und 23). Somit läßt sich schon an diesen drei Merkmalen eine enge Beziehung der Individuen 11 und 21 belegen, da sie in zwei sehr seltenen Merkmalen übereinstimmen.

Zusätzlich zur Verteilung dieser Merkmale auf die Gesamtgruppe (Erwachsene, Kinder und Jugendliche) wurde ihre Verteilung auf die subadulten Individuen alleine betrachtet, denn im allgemeinen wird davon ausgegangen, daß letztere mit höherer Wahrscheinlichkeit die Grundpopulation einer Bevölkerungsstichprobe widerspiegeln. Die Völkerkunde lehrt uns allerdings, daß diese Annahme nicht durchgehend gültig ist. Aus verschiedenen Teilen der Erde sind Beispiele von Kinderraub bekannt. Neben Frauenraub, Blutrache o. ä. könnte hierin vielleicht sogar der Auslöser des Geschehens in Talheim zu sehen sein. Für Erwachsene besteht dagegen eher die Möglichkeit, daß sie aufgrund bestimmter Exogamievorschriften oder aus anderen

26 A. A. DAHLBERG, The paramolar tubercle (Bolk). *Am. Journal Phys. Anthr.* 3, 1945, 97 ff. – A. SOLLICH, Zur Aplasie bleibender Zähne unter Berücksichtigung ihrer Mikrosymptome (Diss. Berlin 1974).

27 Vgl. beim Dens invaginatus. F. A. C. OEHLERS, Dens invaginatus (Dilated composite odontome). II. Associated posterior crown forms and pathogenesis. *Oral Surg.* 10, 1957, 1302 ff. sowie H. SCHAEFER, Über das Vorkommen des „Dens in dente“. *Schweiz. Monatsschr. Zahnheilkde.* 63, 1953, 779 ff.

28 H. GRAHNÉN/B. LINDAHL/K. A. OMNELL, Palatal invaginations (dens in dente) of the second maxillary permanent incisors. *Odont. Revy* 9, 1958, 163 ff.

29 DAHLBERG (Anm. 26) 101.

30 Vgl. Y. MIZOGUCHI, Genetic variability of permanent tooth crowns as ascertained from twin data. *Journal Anthr. Soc. Nippon* 85, 1977, 301 ff.

31 A. G. JÖHR, Reduktionserscheinungen an den oberen seitlichen Schneidezähnen, dominant gehäuft in einem Schwyzer Bergdorf. *Archiv Julius-Klaus Stift. Zürich* 9, 1934, 73 ff. – SOLLICH (Anm. 26) 83.

Gründen (z. B. soziale Zuordnung) von außerhalb in die Gruppe gelangt sein können. Bereits bei der anthropologischen Bearbeitung der Skelettreste konnte ein im Vergleich zu den übrigen Individuen auffallend gedungen gebauter und relativ kleiner Mann separiert werden, der unter Umständen als Fremder zu betrachten ist³².

Eine Zusammenstellung der Verteilung der auffälligen Merkmale auf die Gesamtgruppe sowie gesondert auf die Kinder und Jugendlichen findet sich in Tabelle 3. In der dritten Spalte dieser Tabelle ist die Anzahl der Individuen aus der Gesamtpopulation erfaßt, an denen ein bestimmtes Merkmal beurteilbar war (mb), die folgende Spalte zeigt die Anzahl der Individuen aus der Gesamtpopulation, an denen dieses Merkmal ausgeprägt war (ma). Die beiden letzten Spalten zeigen die spezifische Situation für die Subadulten. Aus der Subtraktion der jeweiligen Werte von „ma“ und „mb“ der Nichterwachsenen von der Gesamtgruppe ergibt sich die Beurteilbarkeit und das Auftreten eines Merkmals bei den Kindern und Jugendlichen sowie Erwachsenen, wobei vor allem der Vergleich der Werte von „ma“ relevant ist.

Fast alle der ihrer Häufigkeit nach auffälligen Merkmale können ebenso bei den Subadulten gefunden werden. Eine deutliche Aufwertung hinsichtlich eines familientypischen Merkmals erfährt dabei Merkmal 164 durch die Tatsache, daß von sieben Merkmalsträgern alleine fünf unter den Nichterwachsenen zu finden sind. Dagegen findet sich bei Merkmal 221 von drei Merkmalsträgern keines unter den Kindern und Jugendlichen, obwohl für neun von ihnen Beurteilbarkeit vorliegt. Bei einigen Merkmalen läßt die geringe Anzahl von beurteilbaren Kindern keinen Schluß auf die Häufigkeit innerhalb der Altersgruppe der Subadulten zu. Dies könnte damit zusammenhängen, daß einige dieser Merkmale (z. B. Zahnwurzelmerkmale) altersabhängig auftreten.

Im zweiten Schritt der Analyse wurde die paarweise Ähnlichkeit der Individuen betrachtet (Ansatz 3). Grundlage für die Berechnung der Distanzen sind die Merkmale mit einer erhöhten Häufigkeit in der Population, wobei jedoch alle Merkmale mit einer relativen Häufigkeit $\geq 45\%$ sowie mehrere Submerkmale zusammenfassende Merkmale gestrichen wurden. Die Verteilung der 48 selektierten Varianten auf die Individuen zeigt Tabelle 2, wobei im folgenden Individuum 20 nicht berücksichtigt wird, da es keines dieser Merkmale aufweist. Zunächst wird die Anzahl der Merkmale bestimmt, die an mindestens einem der beiden Individuen ausgeprägt und an beiden beurteilbar sind (Tab. 4a). Anschließend setzen wir diese in Relation zur Anzahl der gemeinsam ausgeprägten Merkmale je Individuenpaar (Tab. 4b). Als Ähnlichkeitsmaß ergibt sich der Quotient dieser Zahlen (Tab. 4c), wobei wir jedoch diejenigen Paare von der Berechnung ausnehmen, bei denen der Nenner ≤ 4 ist. Für diese Individuenpaare ist eine Beurteilung der Ähnlichkeit kaum möglich.

Besonderes Augenmerk ist nun auf jene Gruppen von Individuen zu richten, die eine erhöhte paarweise Ähnlichkeit besitzen. Dies ist hier lediglich für zwei Untergruppen von je drei Individuen der Fall: zum einen für die Individuen 1, 4 und 18, zum anderen für die Individuen 6, 7 und 19, wobei erstere eine minimale Ähnlichkeit von 37,5%, letztere von 28,6% besitzen. Das Ergebnis scheint im Hinblick auf die gesuchten familiären Strukturen zunächst von geringer Aussagekraft. Betrachten wir jedoch zusätzlich die Merkmale, die den Ähnlichkeiten zugrunde liegen (Tab. 4d), so ergibt sich ein differenzierteres Bild.

Bei der ersten Gruppe stimmen die drei Individuen (1–4–18) in drei der insgesamt 47 betrachteten Merkmale überein, für fünf weitere Merkmale zeigen sich paarweise Übereinstimmungen. Für vier dieser fünf Merkmale war dabei das dritte Individuum in diesem Merkmal nicht beurteilbar. Von den drei gemeinsam ausgeprägten Merkmalen 14, 164 und 510 wurde dem letztgenannten schon oben eine hohe Wertigkeit zugeschrieben, während das Merkmal 164 durch das gehäufte Auftreten bei den Subadulten höheres Gewicht bekam. Insgesamt sind von

32 WAHL/KÖNIG (Anm. 1) 92.

Tabelle 4a Anzahl der gemeinsam beurteilbaren und mindestens einmal ausgeprägten Merkmale je Individuenpaar *

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	
1		9	0	9	0	15	12	10	10	1	12	6	14	13	16	4	1	14	15	16	4	15	16	7	8	13	4	0	7	
2			1	5	1	5	4	3	2	0	6	3	6	6	11	1	0	8	7	7	1	7	9	4	5	4	3	0	3	
3				1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	
4					2	9	9	7	9	1	9	5	9	9	10	4	1	8	9	11	6	10	9	6	4	10	5	0	7	
5						1	3	2	1	1	1	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	2	2	1	0	2	0	0	
6							7	5	6	1	7	4	11	8	13	2	1	13	10	12	4	11	11	4	6	11	2	0	3	
7								8	6	1	8	6	8	9	12	2	2	9	8	12	4	11	12	6	7	9	6	2	4	
8									4	1	6	4	8	7	12	4	2	9	8	8	4	7	10	7	3	6	3	1	4	
9										1	7	4	8	7	9	5	2	9	9	7	6	5	9	5	4	8	4	2	5	
10											1	1	1	2	1	1	2	1	2	1	3	1	2	1	1	1	1	1	1	
11											7	10	8	13	4	1	9	8	9	2	8	10	9	7	6	4	0	4		
12												7	7	10	1	1	7	5	10	2	8	11	3	4	6	2	2	3		
13												9	12	3	2	12	13	12	6	11	10	7	6	11	4	1	5			
14													15	4	1	9	6	14	4	11	14	6	6	6	8	4	1	2		
15															5	1	13	11	17	3	16	18	10	9	8	6	2	2		
16																1	1	1	4	1	4	1	4	1	2	3	1	0	3	
17																	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	2	1	0	
18																		14	11	5	12	11	6	9	10	3	0	6		
19																				12	4	11	11	7	8	14	3	0	4	
21																					4	13	15	9	7	11	6	0	4	
22																						2	4	2	2	4	2	0	5	
23																							16	7	4	8	5	1	2	
24																								10	11	9	8	1	5	
25																									4	5	4	2	3	
26																										5	2	2	2	
27																											3	1	3	
28																												2	1	
29																													1	

* Individuum 20 ohne relevante Merkmale

Tabelle 4b Anzahl gemeinsam ausgeprägter Merkmale je Individuenpaar*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	
1	1	0	5	0	2	1	0	1	0	1	0	2	2	3	0	0	6	4	1	1	1	1	1	0	0	1	3	0	0	1	
2		0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	
3			1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
4				1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	3	2	1	2	0	1	0	1	0	0	0	0	0	
5					0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
6						2	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	4	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	
7							1	1	1	1	0	2	2	0	1	0	0	1	3	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	
8								2	1	2	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	
9									1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	
10										0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	
11											0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	2	0	0	2	0	0	1	0	0	
12												0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	
13													0	2	0	0	0	2	2	2	0	0	0	4	1	1	1	1	0	0	
14														3	0	1	0	1	0	1	1	0	3	1	0	0	1	0	0	0	
15															0	0	2	2	2	0	0	2	2	1	2	1	2	3	0	1	
16																0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	
17																	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	
18																		0	0	0	2	2	1	3	1	1	2	0	0	0	
19																			0	2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	
20																				0	2	0	5	4	0	0	1	1	0	0	
21																					0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	
22																						0	0	0	0	0	1	0	0	0	
23																							1	1	1	1	2	1	0	0	
24																								1	0	0	0	0	0	0	
25																									1	1	0	0	0	0	
26																										1	0	0	0	0	
27																											0	1	0	0	
28																												0	0	2	
29																													0	0	0

* Individuum 20 ohne relevante Merkmale

Tabelle 4c Relative Häufigkeit der Übereinstimmung je Individuenpaar*.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30							
1		11		56	13	0	10	8	0	14	15	19	43	27	6	7	0	13	23	14																
2				20	0			17	0	17	17	0	13	0	14	14	11	0																		
3																																				
4					11	11	0	11	10	11	10	10	0	11	10	38	22	9	33	0	11	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0					
5																																				
6						29	0	0	0	0	0	0	9	0	0	15	40	8	8	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
7							13	17	0	33	25	0	8	11	38	8	8	0	8	17	14	0	17	0	17	0	17	0	17	0	17	0				
8									33	13	14	0	0	0	0	0	0	0	14	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0			
9									14	13	0	11	0	0	11	0	0	11	0	0	11	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0			
10																																				
11									0	0	0	0	0	0	0	0	13	22	0	20	0	0	0	0	0	0	17	0	0	0	0	0	0			
12										0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
13											0	17	17	15	17	0	0	40	14	17	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
14												20	0	17	7	7	27	7	0	0	13	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0	0	0	0		
15															0	15	18	0	13	11	10	22	38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
16																																				
17																																				
18																		14	18	20	8	27	17	11	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
19																			0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
21																					38	27	0	0	9	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
22																																				
23																						6	14	25	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24																																				
25																																				
26																																				
27																																				
28																																				
29																																				

* Individuum 20 ohne relevante Merkmale

Tabelle 4d Paare von Individuen mit einer relativen Übereinstimmung $\geq 25\%$ oder mindestens drei gemeinsamen Merkmalen*.

Paare	z	N	freq-%	gemeinsame Merkmale
1-4	5	9	56	14, 164 , 252, 333, 510
1-18	6	14	43	14, 87 , 91, 142, 164 , 510
4-18	3	8	38	14, 164 , 510
6-19	4	10	40	102, 124, 134, 164
7-19	3	8	38	134, 164 , 650
6-7	2	7	29	134, 164
13-24	4	10	40	114, 159, 521, 650
21-23	5	13	38	100, 265, 1022, 1069
15-27	3	8	38	108, 215, 825
4-22	2	6	33	164 , 223
7-12	2	6	33	134, 1021
8-11	2	6	33	210, 609
14-23	3	11	27	146 , 825 , 1070
18-24	3	11	27	124, 159, 1010
1-19	4	15	27	102, 142, 164 , 333
21-24	4	15	27	521, 673, 1010, 1069
7-13	2	8	25	650, 1034
23-27	2	8	25	100, 825
1-27	3	13	23	87 , 238, 825
14-15	3	15	20	409, 825 , 1046
1-15	3	16	19	91, 142, 825

* fett die unter Ansatz 1 auffälligen Merkmale einschließlich Merkmal 164

z: Anzahl der gemeinsam ausgeprägten Merkmale

N: Anzahl der Merkmale mit gemeinsamer Beurteilbarkeit und Ausprägung an mindestens einem der beiden Individuen

freq-%: relative Frequenz

den acht Merkmalen, die an mindestens zwei dieser Individuen ausgeprägt sind, gleich vier unter den elf aufgrund ihrer Häufigkeit sehr auffälligen Merkmalen.

In der zweiten Untergruppe stellt sich die Situation nicht ganz so eindeutig dar. Eine gemeinsame Merkmalsausprägung findet sich hier nur für zwei Merkmale bei den betroffenen Individuen (6-7-19), in zwei weiteren Fällen zeigen mindestens zwei Individuen eine entsprechende Ausprägung. Die Wertigkeit dieser fünf Merkmale für die Verwandtschaftsanalyse liegt eher im mittleren Bereich. Bemerkenswert ist, daß auch diese Individuen das Merkmal 164 gemeinsam aufweisen.

In Tabelle 4d sind 15 weitere Paare aufgeführt, die sich durch hohe paarweise Ähnlichkeit auszeichnen, ohne daß sich Gruppen von Individuen mit paarweise erhöhter Ähnlichkeit bilden lassen. Am bedeutsamsten sind dabei die Paare 14-23, 1-19 und 1-27, da sie jeweils in zwei bei Ansatz 1 auffälligen Merkmalen übereinstimmen. Das Paar 11-21, welches, wie oben erwähnt, in zwei wichtigen Merkmalen Übereinstimmung zeigt, bleibt hier unauffällig, da es keine weiteren gemeinsamen Merkmale aufweist.

Zuletzt wurde der von VACH und ALT entwickelte Algorithmus zur Aufdeckung auffälliger Teilblöcke der Datenmatrix angewendet³³, bei dem mehrere Individuen in einer Anzahl von für diese Individuen typischen Merkmalen übereinstimmen (Ansatz 2). Als Merkmalsmenge wurden alle Merkmale mit mindestens zwei Ausprägungen sowie maximal 50% Ausprägungen

33 VACH/ALT (Anm. 10) 288.

Tabelle 5a Auffälliger Teilblock der Datenmatrix für die Individuen 1, 4, 15 und 18.

Nr.	Merkmal	Individuen				Merkmalsprofil		
		1	4	15	18	ma*	ma	mb
14	Lingualfläche konkav 11 21 12 22	--++	--++	????	?+??	3	3	12
91	Höckeranzahl 45 35 (3)	++	??	++	?+	3	4	11
142	Wurzelanzahl 14 24 (1)	?+	??	++	?+	3	4	13
164	Höckerreduktion 17 27	+?	+?	--	+—	3	7	22
510	Akzess. Höcker 17 27 (DAT)	+?	+?	??	+—	3	3	10
820	Ant. Engstand Unterkiefer	+	?	+	?	2	2	12
843	Ant. Fehlstand 12 22	--	+—	+—	??	2	2	13
1067	Os astericum	??	+?	+—	?—	2	3	18

ma*: Anzahl der Ausprägungen innerhalb der vier Individuen
 ma: Anzahl der Ausprägungen in der Gesamtgruppe
 mb: Anzahl der beurteilbaren Individuen in diesem Merkmal

Tabelle 5b Auffälliger Teilblock der Datenmatrix für die Individuen 15, 27 und 30.

Nr.	Merkmal	Individuen			Merkmalsprofil		
		15	27	30	ma*	ma	mb
22	Randleisten mesial 43 33	++	+?	??	2	3	17
108	Fissurenmuster 44 34 (3)	+—	+?	??	2	3	11
215	Höckeranzahl 47 37 (5)	+?	+?	?+	3	3	22
232	Höckerreduktion 47 37	—?	+?	?+	2	2	23
1050	Sut. infraorbitale	++	?+	--	2	2	8

ma*: Anzahl der Ausprägungen innerhalb der drei Individuen
 ma: Anzahl der Ausprägungen in der Gesamtgruppe
 mb: Anzahl der beurteilbaren Individuen in diesem Merkmal

Tabelle 5c Auffälliger Teilblock der Datenmatrix für die Individuen 14, 15 und 23.

Nr.	Merkmal	Individuen			Merkmalsprofil		
		14	15	23	ma*	ma	mb
409	Tub. Carabelli 18 28	++	+—	--	2	2	10
660	Formreduktion 18 28	--	++	+—	2	2	13
823	Ant. Engstand UK	+	+	+	3	4	12
1046	Can. mylohyoideus	+—	+—	--	2	2	17
1062	Os lambdae	—	+	+	2	2	13

ma*: Anzahl der Ausprägungen innerhalb der drei Individuen
 ma: Anzahl der Ausprägungen in der Gesamtgruppe
 mb: Anzahl der beurteilbaren Individuen in diesem Merkmal

Tabelle 5d Teilblock der Datenmatrix für die Individuen 6, 7 und 19.

Nr.	Merkmal	Individuen			Merkmalsprofil		
		6	7	19	ma*	ma	mb
102	Fissurenmuster 35 45 (3)	++	??	+?	2	4	9
124	Akzess. Leiste 44 34	++	??	++	2	2	5
134	Fissur Randleiste 44 34	++	++	+—	3	4	13
164	Höckerreduktion 17 27	++	+—	+—	3	7	22
650	Absenz 18, 28, 38, 48	--??	++++	??+—	2	5	19

ma*: Anzahl der Ausprägungen innerhalb der drei Individuen
 ma: Anzahl der Ausprägungen in der Gesamtgruppe
 mb: Anzahl der beurteilbaren Individuen in diesem Merkmal

innerhalb der beurteilbaren Varianten herangezogen (insgesamt 129). Die auffälligste Substruktur innerhalb der Gesamtpopulation bildet eine Gruppe, die sich aus den vier Individuen 1–4–15–18 zusammensetzt. Hier lassen sich acht Merkmale finden, von denen jedes der vier Individuen mindestens fünf aufweist (Tab. 5 a). Das Fehlen von Merkmalen ist dabei fast ausschließlich auf mangelnde Beurteilbarkeit zurückzuführen. Von den acht Varianten war eine (510) durch ihre Häufigkeit auffällig. Mit Ausnahme des Merkmals 164 treten alle anderen außerhalb dieser Gruppe höchstens einmal auf, obwohl die entsprechenden Regionen noch für eine Reihe weiterer Individuen beurteilbar sind, so daß es gerechtfertigt erscheint, sie als typisch für diese Gruppe anzusehen. Die durch ihre Häufigkeit auffälligen Merkmale 252 und 333, die in Tabelle 4 d durch ihre Übereinstimmung bei den Individuen 1 und 4 auffielen, fehlen in dieser Übersicht. Sie treten nur zweimal innerhalb der Individuen 1, 4, 15 und 18 auf und jeweils an zwei weiteren Individuen, so daß sie nicht als typisch für diese vier Individuen angesehen werden können.

Bei der Anwendung dieses Ansatzes wurden noch zwei weitere Teilblöcke der Datenmatrix mit je drei Individuen diskriminiert (Tab. 5 b und 5 c). In beiden Fällen konnten fünf Merkmale gefunden werden, die bei mindestens zwei Individuen ausgeprägt sind und neben diesen kaum noch angetroffen werden. Beide Gruppen bilden Ergänzungen der Individuenpaare 14–23 und 15–27, die schon in der Ähnlichkeitsanalyse auffällig waren. Den Merkmalen in Tabelle 5 c ist eine höhere Wertigkeit als jenen in Tabelle 5 b zuzuschreiben. Wie aus Tabelle 4 d ersichtlich ist, stimmen die Individuen 14 und 23 noch in weiteren Merkmalen überein, die jedoch noch mehr als einmal außerhalb dieses Paares auftreten (Merkmal 146) oder überhaupt nur sehr selten beurteilbar sind (Merkmal 1070), so daß sie hier nicht als für diese Individuen typische Merkmale identifiziert werden.

Aus ähnlichen Gründen bleiben hier auch die Individuen 6, 7 und 19 unauffällig, obwohl wir in der Ähnlichkeitsanalyse dort Übereinstimmungen in mehreren Merkmalen gefunden haben. Wie aus Tabelle 5 d ersichtlich wird, sind diese Merkmale aber wiederum nicht als typisch für diese Gruppe anzusehen.

Zusammenfassung der Ergebnisse der Verwandtschaftsanalyse

Jede der bisher durchgeführten Einzelanalysen legt verschiedene Hypothesen nahe, Gruppen genetisch verwandter Individuen zu bilden. In Tabelle 6 wurde die Zugehörigkeit der Individuen zu möglichen Gruppen zusammengefaßt. Zur größten Gruppe, charakterisiert durch Einzelmerkmale, gehören die drei aufgrund ihrer Häufigkeit auffälligen und wegen ihrer Heritabilität wertvollen Merkmale 333 (Dens invaginatus an den seitlichen Schneidezähnen im Oberkiefer), 554 (Tuberculum paramolare an den unteren Weisheitszähnen) und 673 (Größenreduktion der seitlichen Schneidezähne im Oberkiefer) sowie das durch sein häufiges Vorkommen bei Kindern und Jugendlichen ausgezeichnete Merkmal 164 (Höckerreduktion der mittleren Molaren im Oberkiefer). Eine zweite Gruppe bilden die beiden in der Distanzanalyse auffälligen Untergruppen, eine dritte Gruppe die drei aus Ansatz 2 auffälligen Teilblöcke.

In Abbildung 2 wurden die möglichen Gruppenbildungen graphisch veranschaulicht und noch zusätzlich auffällige Paare der Distanzanalyse berücksichtigt. Es sei erwähnt, daß sich auch die Merkmalsträger der beiden weniger aussagekräftigen Merkmale 87 (Höckeranzahl der ersten Prämolaren im Unterkiefer) und 146 (Wurzelsanzahl der zweiten Prämolaren im Oberkiefer), d. h. die Gruppen 1–18–27 sowie 2–8–14–23 in diese Darstellung einfügen lassen. Das gleiche gilt für die Paare 1–27, 1–15 und 14–15, die laut Tabelle 4 d ebenfalls mindestens drei gemein-

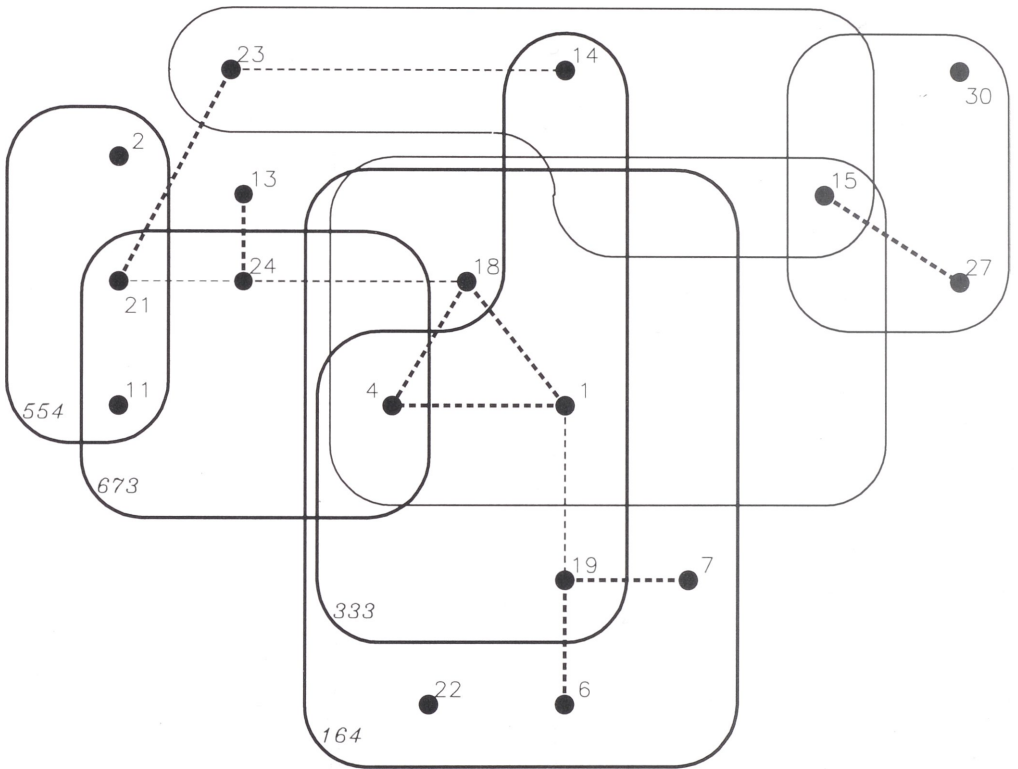


Abb. 2 Graphische Darstellung der Ergebnisse (Auffälligkeiten aus Tabelle 6). Gestrichelte Linie (fett): Ähnlichkeit $\geq 35\%$; gestrichelte Linie (fein): Ähnlichkeit $\geq 25\%$; durchgezogene Linie (fett): Träger eines besonderen Merkmals; durchgezogene Linie (fein): auffälliger Teilblock der Datenmatrix.

same Merkmale aufweisen. Von den in der graphischen Darstellung ablesbaren Gruppierungen erscheinen uns die folgenden besonders bedeutsam:

I. Die beiden Individuen 11 und 21 stimmen in zwei seltenen Merkmalen (Tuberculum paramolare und Größenreduktion der seitlichen Oberkieferschneidezähne) überein. Es handelt sich dabei um zwei vermutlich männliche Erwachsene. Die Individuen 2, 4 und 24 als Träger eines dieser Merkmale bieten sich als mögliche Ergänzung an, zumal die Individuen 2 und 4 nur in je einem der beiden Merkmale beurteilbar sind. Das Individuum 23 zeigt zwar eine relativ hohe Ähnlichkeit zu Individuum 21, ist aber definitiv kein Träger eines der beiden Merkmale, so daß wir es nicht zu dieser Gruppe rechnen.

II. Die Individuen 1, 4 und 18 weisen eine hohe paarweise Ähnlichkeit auf. Da die Individuen 1 und 4 das auffällige Merkmal 333 (Dens invaginatus) zeigen, in dem Individuum 18 nicht beurteilbar ist, können wir es als ein typisches Merkmal ansehen, so daß wir die Merkmalsträger 14 und 19 auch zu dieser Gruppe zählen. Die Zugehörigkeit von Individuum 19 wird dabei auch durch die hohe relative Ähnlichkeit der Individuen 1 und 19 gestützt. Auch wenn das Individuum 15 definitiv nicht das Merkmal 333 zeigt, so möchten wir es aufgrund der Ergebnisse aus Tabelle 5 a auch zu dieser Gruppe zählen.

Die Hinzunahme von Individuum 19 legt nahe, auch die Individuen 6 und 7 hinzuzufügen, da sie eine hohe relative Ähnlichkeit zu Individuum 19 zeigen, und die sechs Individuen 1, 4, 18, 6, 7 und 19 alle das Merkmal 164 (Höckerreduktion der mittleren Molaren im Oberkiefer) aufzeigen.

Für diese beiden Gruppen erscheint es uns sehr wahrscheinlich, daß sie zumindest teilweise genetisch verwandte Individuen enthalten. Die Bildung weiterer Gruppen erscheint dagegen noch in höherem Maße von hypothetischer Natur zu sein. Dies gibt insbesondere für

III. die Individuen 14, 15 und 23
sowie

IV. die Individuen 15, 27 und 30.

Die Mehrfachnennung von Individuum 15 läßt sich sicher zum Teil auf die hohe Anzahl von Merkmalsausprägungen bei diesem Individuum zurückführen. Es fällt jedoch auf, daß es trotz guten Erhaltungszustandes der Skelettreste keine Übereinstimmungen mit den Individuen 2, 11 und 21 aufweist (Tab. 4c), was dessen Polarisierung in Abbildung 2 unterstützt.

Diskussion

Die Ergebnisse der verwandtschaftlichen Einzeluntersuchungen unter verschiedenen Ansätzen sowie deren zusammenfassende Interpretation lassen folgende Schlußfolgerungen zu: Die Bevölkerung von Talheim zeichnet sich bei zufriedenstellendem Erhaltungszustand der Skelettreste im Hinblick auf übereinstimmende bzw. trennende Merkmale durch eine relativ deutliche Geschlossenheit ihres Merkmalspektrums aus. Innerhalb dieses Spektrums treten nur wenige seltene Merkmale häufiger auf. Die prägnante Homogenität der Gruppe reflektieren nicht nur die odontologischen, sondern auch die epigenetischen Merkmale. Zusätzlich bestätigen erwartungsgemäß die im Rahmen der metrischen Aufarbeitung als durchweg niedrig zu klassifizierenden Variationskoeffizienten, daß es sich um eine ausgesprochen homogene Population handelt³⁴. Als markantes Kriterium für das Vorhandensein verschiedener Gruppierungen innerhalb dieser Populationseinheit, die entweder auf genetische Grundlagen und/oder abweichende Ernährungsgewohnheiten zurückzuführen sind, sind aber die unterschiedliche Ausprägung und der offensichtliche Zusammenhang zwischen dem Auftreten von *Cribrra orbitalia* und Zahnabschliff zu werten³⁵.

Die in höherer Frequenz auftretenden seltenen odontologischen Merkmale erlauben aufgrund weitergehender Analysen die Definition zweier Teilgruppen von Individuen, die vermutlich genetisch verwandte Individuen repräsentieren. Die zeitgleiche Beerdigung der Individuen gestattet es zudem, aus der Altersstruktur weitere Vermutungen über eventuelle familiäre Beziehungen abzuleiten:

Den Kern der Gruppe I bilden zwei gleichaltrige Männer (VA-Nr. 11 und 21), so daß hier die Interpretation von zwei Brüdern naheliegt. Bei Individuum VA-Nr. 24, als ebenfalls gleichaltriger Mann, könnte es sich um einen weiteren Bruder oder vielleicht auch „Cousin“ handeln; das weibliche Individuum VA-Nr. 2 mit einem ungefähren Alter von 20 Jahren käme als Tochter oder Schwester eines der Männer in Betracht, während Individuum VA-Nr. 4 als Infans II nur als Nachkomme zu interpretieren ist.

Den Kern der Gruppe II bilden der erwachsene Mann VA-Nr. 1 sowie die beiden als Infans II bestimmten Individuen VA-Nr. 4 und 18, so daß hier die Interpretation eines Vaters mit zwei Nachkommen naheliegt. Die Interpretation der Individuen VA-Nr. 6, 7 und 19 ist schwieriger, da es sich bei 6 und 19 um Kinder, bei 7 um einen spätmaturen Mann handelt. Da die Individuen

34 WAHL/KÖNIG (Anm. 1) 89.

35 WAHL/KÖNIG (Anm. 1) 104.

1 und 7 nicht gleichzeitig Väter von 19 sein können, läge es nahe, 7 als Großvater mütterlicherseits zu interpretieren, wobei die Mutter ein fehlendes Bindeglied darstellt.

Bei diesen Versuchen fällt das überwiegende Fehlen weiblicher Familienmitglieder auf. Dies ist einerseits darauf zurückzuführen, daß die Frauen zumindest unter den geschlechtsbestimmten Individuen in der Minderzahl sind und nur eine der Frauen, nämlich VA-Nr. 21, einen guten Erhaltungszustand der für die Analyse relevanten Skelettreste zeigt. Eine weitere Einschränkung der Aussage ergibt sich durch die Tatsache, daß in beiden Gruppen VA-Nr. 4 als Nachkomme in Betracht kommt.

Aus der höheren Ähnlichkeit der Kinder und Jugendlichen untereinander im Vergleich zur Gesamtgruppe bzw. den Erwachsenen ergeben sich zunächst einmal deutliche Indizien für eine Familienhaftigkeit bestimmter Merkmale. Das spezifische Betroffensein der Nichterwachsenen, die genetisch gesehen am ehesten in die eine oder andere Untergruppe der lokalen Bevölkerung gehören, während einzelne Erwachsene aufgrund der reproduktiven Dynamik von außen in die Sippengemeinschaft gelangt sein könnten, erschwert die osteologische Abgrenzbarkeit von „Kernfamilien“. Aus diesem Grund können kaum mehr als Gruppen einander biologisch nahestehender Individuen herausgestellt werden. Ob wir es hier möglicherweise mit einem Sippenverband mit bestimmten Familiengruppen zu tun haben, wobei wegen der geringen Gruppengröße eine höhere Wahrscheinlichkeit für Verwandtenehen besteht (reproduktive Isolation), oder ob sich mehrere Untergruppen in voneinander relativ unabhängige Gruppierungen trennen lassen, können erst weitergehende Untersuchungen zeigen.

Bei einer Gegenüberstellung der beiden in diesem Beitrag herausgearbeiteten Kerngruppen mit den von WAHL und KÖNIG ausschließlich auf der Basis der epigenetischen Merkmale postulierten Gruppierungen zeigen sich deutliche Abweichungen³⁶. Nach den neuerlichen Ergebnissen bestehen greifbare Ähnlichkeiten zwischen einzelnen Individuen aus den unter b), c) und d) ausgewiesenen Einheiten, so daß sich diese nun kaum mehr voneinander separieren lassen. Hier stellt sich allerdings die Frage nach der Gewichtung epigenetischer und odontologischer Merkmale, die nach dem derzeitigen Forschungsstand zu Ungunsten der erstgenannten ausfällt. Gruppe II rekrutiert sich ebenfalls aus b), c) und d), umfaßt aber zur Hälfte Individuen, die bei der ersten Studie erhaltungsbedingt nicht näher gruppiert werden konnten (VA-Nr. 1, 18 und 19)³⁷. Ein direkter Vergleich ist daraufhin nicht möglich. Faßt man jedoch die Gruppen b), c) und d) zusammen, zeigen sich auch nach der jüngsten Analyse kaum Querverbindungen zu a). So gesehen könnten tatsächlich zwei Gruppierungen mit jeweils verschiedenen Untereinheiten bestanden haben.

Insgesamt legen die Ergebnisse der vorliegenden Analyse zwar einige Hypothesen über engere genetische Beziehungen zwischen bestimmten Individuen nahe, es lassen sich aber keine großen, disjunkten „Familienstrukturen“ herausarbeiten (vgl. Abb. 2). Somit kann die wahrscheinlich familiär begründete Organisation in der sozialen Gemeinschaft von Talheim bisher nur fragmentarisch rekonstruiert werden. Für differenziertere Analysen und Rückschlüsse auf deren Binnengliederung sind noch weitere Untersuchungen nötig. Falls sich, wie erste Anwendungen hoffen lassen³⁸, in den nächsten Jahren die Effizienz der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) auch für Untersuchungen an Skelettmaterial herausstellt, werden vielleicht molekularbiologische Untersuchungen einmal weiteren Aufschluß über die Zusammenhänge in Talheim geben können.

36 WAHL/KÖNIG (Anm. 1) 95.

37 Von den insgesamt 30 in Tabelle 1 erfaßten Individuen konnten bei der Klassifizierung von WAHL und KÖNIG aufgrund der Unvollständigkeit der Datensätze nur 17 berücksichtigt werden.

38 Vgl. B. HERRMANN/S. HUMMEL, *Ancient DNA* (Berlin 1993).

Eine Gesamtbeurteilung der bisherigen verwandtschaftsanalytischen Ergebnisse weist auf einen wesentlichen Widerspruch hin. Zunächst läßt die relativ gute Erhaltung des Skelettmaterials eine differenzierte Auswertung erwarten, die sich aber nicht in den Befunden oder schlüssigen Ergebnissen widerspiegelt. Daß keine herausragenden Substrukturen sichtbar werden, könnte daran liegen, daß die Population bevölkerungsbiologisch gesehen isoliert lebt und in sich sehr homogen ist, weil alle irgendwie mit allen verwandt sind. Dagegen sprechen aber die Merkmalsfrequenzen, die in einer geschlossenen Population entsprechend erhöht sein müßten, was hier jedoch explizit nicht der Fall ist. Als mögliche Gründe für den aufgezeigten Widerspruch könnten sowohl bestimmte, schwer abschätzbare bevölkerungsdynamische Prozesse wie auch externe Faktoren, die auf die spezifische demographische Zusammensetzung der Dorfbevölkerung Einfluß nahmen, in Betracht gezogen werden. Dabei ist ein Zusammenhang mit dem plötzlichen Tod der gesamten Dorfbevölkerung nicht von der Hand zu weisen. Von methodischer Seite wäre zu wünschen, daß die Heritabilität einer größeren Anzahl epigenetischer Merkmale einer Klärung nähergebracht würde, um derartige Analysen künftig auf ein breiteres Fundament stellen zu können.

Anschriften der Verfasser

Priv.-Doz. Dr. KURT W. ALT, Institut für Rechtsmedizin
Moorenstraße 5
40225 Düsseldorf

Dr. WERNER VACH, Institut für medizinische Biometrie
Stefan-Meier-Straße 26
79104 Freiburg i. Br.

Dr. JOACHIM WAHL, Landesdenkmalamt Baden-Württemberg
Mainaustraße 29
78464 Konstanz