

# Mehrfachahnen und Ahnenimplex

## Analysiert mit der genealogischen Software *AhnenImplex* – Ein Beispiel

Gerhard Kreile & Heiko Hungerige

In diesem Blog-Beitrag werden an einem Beispiel einige der Analysemöglichkeiten der genealogischen Software *AhnenImplex* vorgestellt. Der Blog-Beitrag kann als Ergänzung zu dem in diesem Monat in Heft 3 (S. 18-20) der „Computergenealogie“ erschienenen Artikel „*Quantitative Genealogie: Verwandtschaft messbar machen mit AhnenImplex*“ gelesen werden.

Ausgangspunkt der Analyse ist eine umfangreiche GEDCOM-Datei von Gerhard Kreile mit über 18.000 Personen. Von ihm sind derzeit (2023) 529 Vorfahren bekannt, darunter neun Vollgeschwister- und zwei Halbgeschwister-Paare („Ahnengeschwister“). Deren Eltern (bzw. Elternteile bei den Halbgeschwistern) tauchen in der Ahnentafel mehrfach auf (*primärer Ahnenimplex*).

Die genealogische Software *AhnenImplex* wurde von Martin Jülich (Chemnitz) auf Anregung von Arndt Richter (München) speziell dafür entwickelt, Mehrfachahnen (MFA) in Ahnentafeln (AT) zu finden und hinsichtlich statistisch-genealogischer Kennwerte wie Ahnenhäufigkeit ( $z$ ), Ahnenimplex ( $i_k$ ), biologischem Verwandtschaftsgrad ( $b$  bzw.  $g'b$ ), Verwandtschaftskoeffizient ( $R$ ), Generationsverschiebung ( $gb$ ) u.v.m. zu analysieren. Grundlage hierfür ist die *Quantitative Genealogie* von Siegfried Rösch (1899 – 1984).<sup>1</sup>

### Mehrfachahnen und Ahnenimplex – was war das nochmal?

In jeder ausreichend erforschten Ahnentafel tritt früher oder später aus biologischer Notwendigkeit Ahnenimplex oder „Ahnengleichheit“ auf, früher – etwas missverständlich – auch als „Ahnenschwund“ oder „Ahnenverlust“ bezeichnet. Gemeint ist damit, dass mindestens zwei oder auch mehrere Positionen in der Ahnentafel durch ein und dieselbe Person besetzt werden; diese treten in der Ahnentafel des Probanden dann doppelt oder mehrfach auf (*Mehrfachahnen*).

Ausgelöst wird jeder Ahnenimplex ( $i_k$ ) zwangsläufig durch ein Geschwisterpaar (oder auch mehrere Geschwister), deren Nachfahren in einer der folgenden Generationen heiraten (*Verwandtenehen*) und schließlich (oft erst nach mehreren Generationen) den Probanden hervorbringen. Diese *Ahnengeschwister* nehmen „bei der Berechnung verwandtschaftlicher Verflechtungen eine Daten- und Brückenfunktion ein“.<sup>2</sup> Konkret bedeutet dies, dass allein aus der Zusammenstellung dieser Ahnengeschwister in einer sog. *Verschwisterungsliste* (VSL; vgl. Tab. 1) verschiedene statistisch-genealogische Kennwerte abgeleitet werden können, u. a. sämtliche Ahnennummern (Kekule) der Ahnentafel, der biologische Verwandtschaftsgrad und der Ahnenimplex.

### Verschwisterungsliste (VSL)

Mit *AhnenImplex* lässt sich leicht eine solche Verschwisterungsliste erstellen. Tabelle 1 zeigt die den Ahnenimplex auslösenden Voll- und Halbgeschwister in einer Übersicht. Ebenfalls angegeben sind die jeweils kleinsten Ahnennummern der Ahnengeschwister sowie die jeweils „ausgefallenen Ahnennummern“ (Geschwistereltern). Was damit gemeint ist, soll nachfolgend an zwei Beispielen verdeutlicht werden.

In der väterlichen Ahnenlinie **Kreile** lösen die Vollgeschwister Valentin (\* 1620) und Adam (\* 1612) aus Geroda (Teil des Marktes Geroda im Landkreis Bad Kissingen, Unterfranken) den Ahnenimplex

<sup>1</sup> Vgl. Rösch, 1955; Richter, 1997; Hungerige, 2020a; Meyer, 2020a; 2020b. Die Windows-Software *AhnenImplex* sowie das Handbuch zum Programm von Weert Meyer können kostenlos auf der TNG-Homepage des Roland zu Dortmund e.V. heruntergeladen werden (<https://tng.rolandgen.de/browsemedia.php?mediatypID=documents>).

<sup>2</sup> Richter, 1997, S. 61.

aus; beide Geschwister sind Vorfahren des Probanden. Sie treten in seiner AT mit den AN 512 und 1136 auf. Die Eltern dieser Ahnengeschwister, Adam **Kreile** († 1637) und Catharina **Fell** (ca. 1580 – 1637), tauchen in der AT erstmals mit den AN 1024 und 1025 als Eltern von Sohn Valentin (AN 512) auf, dann aber nochmal mit den AN 2272 und 2273 als Eltern von Sohn Adam (AN 1136). Die Personen mit den AN 2272 und 2273 sind also in dem Sinne „ausgefallen“, als sie schon mit den AN 1024 und 1025 in der Ahnentafel vorhanden und somit „erforscht“ sind. *Nicht* ausgefallen sind sie aber in biologischer Hinsicht, im Gegenteil: Da sie doppelt in der AT auftauchen (wegen einer weiteren Verwandtenehe in der Nachkommenschaft tatsächlich sogar dreifach), geben sie auch ihre Gene zwei Mal (bzw. drei Mal) an die nachfolgenden Generationen weiter. Die Wahrscheinlichkeit, dass sich Teile ihres Genoms in den nachfolgenden Generationen erhalten, verdoppelt (bzw. verdreifacht) sich also.

Tab. 1: Verschwisterungsliste (VSL) mit den „ausgefallenen AN“ (Implex) der Geschwistereltern in der Ahnentafel von Gerhard Kreile

Geschwistergruppen, die Vorfahren von Gerhard Kreile sind		„ausgefallene AN“ (Geschwistereltern)
Ahnenstämme	kleinste AN	
<b>a) Vollgeschwister</b>		
● Mathias <b>Och</b> ↔ Johann Georg <b>Och</b>	42, <u>78</u>	156 / 157
● Matern <b>Kreile</b> ↔ Hans <b>Kreile</b>	256 / <u>518</u>	1036 / 1037
● Valentin <b>Kreile</b> ↔ Adam <b>Kreile</b>	512 / <u>1136</u>	2272 / 2273
● Wolfgang <b>Schramm</b> ↔ Johann <b>Schramm</b>	1290 / <u>2572</u>	5144 / 5145
● Georg <b>Liebmann</b> ↔ Barbara <b>Liebmann</b> gen. Ehle	1896 / <u>1911</u>	3822 / 3823
● Anna <b>Leib</b> ↔ Johann <b>Leib</b>	1897 / <u>1902</u>	3804 / 3805
● Nicolaus <b>Liebmann</b> ↔ Caspar <b>Liebmann</b>	3792 / <u>4004</u>	8008 / 8009
● A. Cath. <b>Liebmann</b> ↔ Chr. <b>Liebmann</b> ↔ Elis. <b>Liebmann</b>	3795 / <u>3800</u> / <u>8011</u>	7600 / 7601; 16022 / 16023
● Georg <b>Liebmann</b> ↔ Johannes <b>Liebmann</b>	15168 / <u>15180</u>	30360 / 30361
<b>b) Halbgeschwister mit gemeinsamem Vater (oder Geschwister ohne bekannte Mutter)</b>		
● Agatha <b>Stauch</b> ↔ Barbara <b>Stauch</b>	3793 / <u>4005</u>	8010
<b>c) Halbgeschwister mit gemeinsamer Mutter (oder Geschwister ohne bekannten Vater)</b>		
● Matthäus <b>Liebmann</b> ↔ Barbara <b>Neuber</b>	7590 / <u>7613</u>	15226

Etwas anders sieht es aus, wenn der Ahnenimplex nicht durch Voll-, sondern durch Halbgeschwister ausgelöst wird: In der mütterlichen Ahnenlinie **Stauch** (Tab. 1, b) ist das bei den Halbgeschwistern Agatha (1605 – 1682; AN 3793) und Barbara (1627 – 1680; AN 4005) der Fall. Ihr Vater Hans **Stauch** (1577 – 1640) war zwei Mal verheiratet; Agatha und Barbara (beide wiederum Vorfahrinnen des Probanden) haben deswegen verschiedene Mütter. Hans **Stauch** tritt daher als Vater der Halbgeschwister mit den AN 7586 und 8010 in der Ahnentafel auf; im Sinne der „Erforschtheit“ ist die AN 8010 daher „ausgefallen“. Da die Halbgeschwister aber verschiedene Mütter haben (also unterschiedliche Personen), fällt von diesen keine AN aus.

### Ahnenimplex ( $i_k$ )

Wird einmal ein Ahnenimplex durch zwei oder auch mehrere Ahnengeschwister ausgelöst, setzt er sich in den aufsteigenden Ahnengenerationen zwangsläufig fort; auch dort treten dann also Mehrfachahnen auf. Da dies eine logische Notwendigkeit und in diesem Sinne „nichts Besonderes“ ist, wurde bereits 1907 von dem Baseler Journalisten und Genealogen Julius Oscar Hager (1853 – 1914) zwischen dem auslösenden *Original-Implex* und dem sich in höheren Generationen „mechanisch“ fortsetzenden *Konsekutiv-Implexen* unterschieden. Griffiger erscheint hier jedoch die von

Arndt Richter eingeführte Unterscheidung *primärer* vs. *sekundärer* Implex. Bei der Berechnung des Ahnenimplex' ist daher darauf zu achten, dass nur die auslösenden *primären* Implexe in die Berechnung eingehen. Berücksichtigt man auch die zwangsläufig auftretenden Sekundärimplexe, wird die Angabe für den Ahnenimplex massiv überschätzt. Abbildung 1 zeigt die Zunahme des Ahnenimplex' ( $i_k$ ) in Prozent über 20. Generationen (dem Probanden Gerhard **Kreile** wird die Ahnengeneration „0“ zugewiesen).

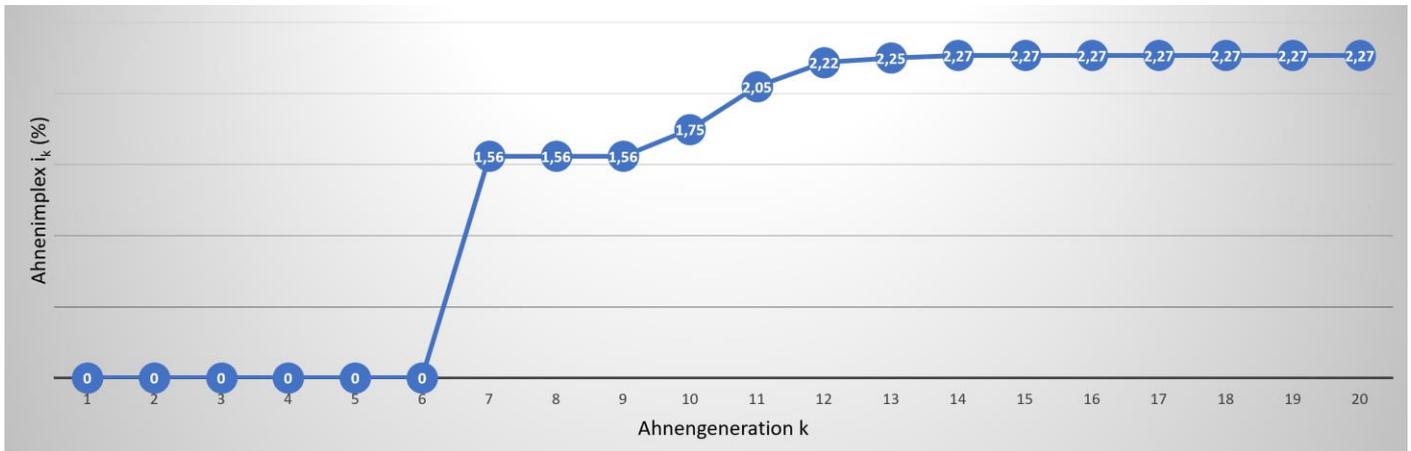


Abb. 1: Zunahme des Ahnenimplex  $i_k$  über  $k = 20$  Generationen in der Ahnentafel von Gerhard Kreile. Der Ahnenimplex erhöht sich nur in den Generationen, in denen tatsächlich auch Ahnen „ausfallen“. In den Generationen  $k = 8$  und  $k = 9$  sowie  $k = 15$  bis  $k = 20$  bleibt der Implex im Vergleich zu der jeweils vorhergehenden Generation gleich, da nur sekundärer Implex auftritt.

Obwohl auch in der 15. bis 20. Ahnengeneration Mehrfachahnen auftauchen, steigt der primäre Ahnenimplex ab der 14. Ahnengeneration nicht weiter an und erreicht in dieser mit 2,27% sein Maximum.

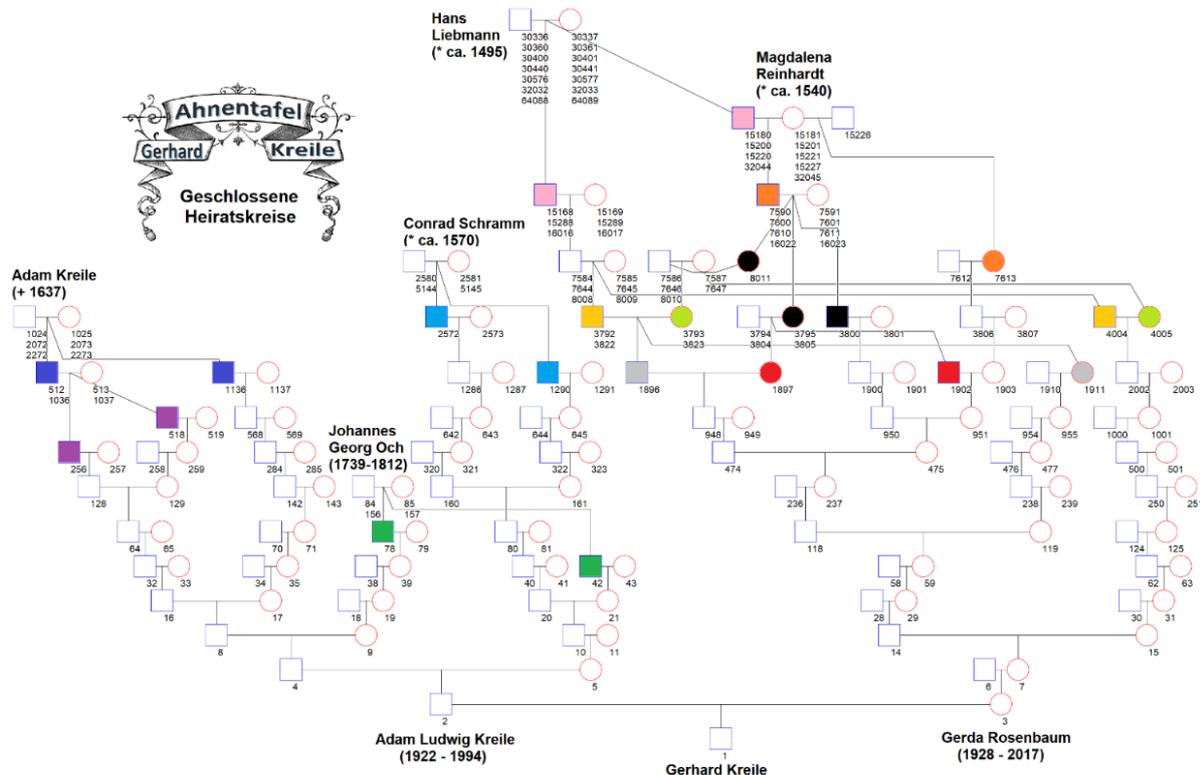


Abb. 2: Geschlossene Heiratskreise in der Ahnentafel von Gerhard Kreile. Angegeben sind die Ahnennummern nach Kekule. Ahnengeschwister sind farbig markiert.

Insgesamt tritt (wie bereits aus der VSL zu sehen; vgl. Tab. 1) elf Mal Ahnenimplex auf, ausgelöst durch acht Vollgeschwister-Paare, ein Vollgeschwister-Triplet (**Liebmann**) und zwei Halbgeschwister-Paare. Veranschaulichen lässt sich dies durch einen Auszug der „geschlossenen Heiratskreise“ aus der Ahnentafel (Abb. 2), die insgesamt 529 Vorfahren des Probanden umfasst.

Zur besseren Veranschaulichung lässt sich dieses „Ahnenetz“<sup>3</sup> in einzelne, sog. *geschlossene Heiratskreise* „zerlegen“. Für einen oder mehrere solcher „geschlossenen Heiratskreise“ wurde 1907 von Julius Oscar Hager (1853 – 1914) der Begriff *Deszentorium* eingeführt. Gemeint ist damit ein Auszug aus der AT, der die Abstammung des Probanden „von einem Ahnen in allen Linien dartut“.<sup>4</sup> Die nachfolgenden Abbildungen zeigen solche Deszentorien in der AT des Probanden für die Nachfahrenlinien **Kreile**, **Schramm** und **Reinhardt**.

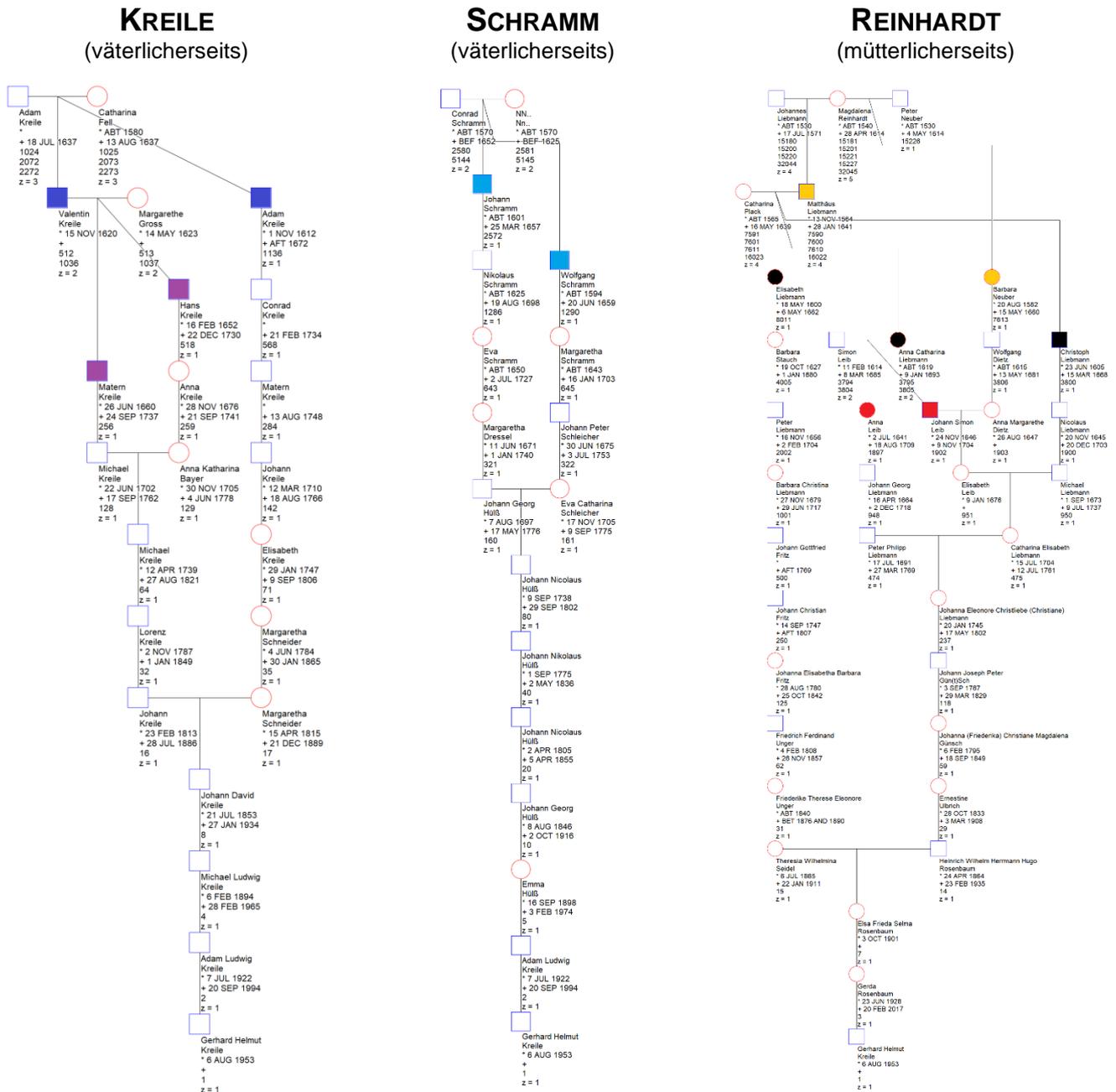


Abb. 3: Deszentorien

<sup>3</sup> Vgl. dazu Richter, 2009, S. 443, sowie Richter, 2020. Vgl. dazu auch Hungerige, 2020b, sowie Rutherford, 2018, S. 218: „Familienstammbäume [sind] nicht so sehr verzweigte Bäume als vielmehr Netzwerke oder Geflechte (...).“

<sup>4</sup> Forst-Battaglia, 1913, S. 11. Vgl. auch Heydenreich, 1913, S. 45, sowie Hager, 1907a; 1907b; 1912.

## Mehrfachahnen (MFA)

Insgesamt treten in der AT des Probanden neun namentlich bekannte Mehrfachahnen (MFA) mit einer Ahnenhäufigkeit von jeweils  $z = 7$ , zwei MFA mit  $z = 5$ , vier MFA mit  $z = 4$ , 14 MFA mit  $z = 3$  und 24 MFA mit  $z = 2$  auf.

Der erste MFA mit einer Ahnenhäufigkeit von  $z = 7$  ist Hans **Liebmann** (ca. 1495 – 1570) aus Geiersthal (Ortschaft im Ortsteil Lichte der Stadt Neuhaus am Rennweg im Landkreis Sonneberg, Thüringen) mit den AN 30336, 30360, 30400, 30440, 30576, 32032 und 64088. Seine Linie lässt sich bis zu seinem Urururgroßvater Kirsten **Oberländer** (\* ca. 1370) zurückverfolgen; alle Vorfahren von Hans **Liebmann** in dieser Linie haben ebenfalls eine Ahnenhäufigkeit von  $z = 7$  (sekundärer Implex). Kirsten **Oberländer** ist auch der Ahn mit der höchsten Ahnennummer (970776) in der 20. Ahnengeneration.

## Ehen naher Verwandter (konsanguine Ehen)

Neben dem Ahnenimplex  $i_k$  (auch *Ahnenverlustkoeffizient* (AVK) genannt) wird bei Verwandtschaftstafeln auch gerne der *Inzuchtkoeffizient*  $F$  (*coefficient of inbreeding*) angegeben. Auch dieses, erstmals 1922 von dem Populationsgenetiker Sewall G. Wright (1889 – 1988) vorgestellte Maß kann ausschließlich aus der Kenntnis der oben beschriebenen Verschwisterungslisten (VSL) berechnet werden.

Autosomale Gene liegen immer paarweise vor (*Allele*). Ein Allel erhält das Kind von seinem Vater, das andere von seiner Mutter. Allele sind also unterschiedliche Varianten eines Gens, die sich am gleichen Genort (*Locus*) der jeweiligen Chromosomenpaare befinden. Erhält ein Kind *identische* Allele von Vater und Mutter, ist es bezüglich dieses Gens *homozygot*, erhält es *unterschiedliche* Allele ist es bezüglich dieses Gens *heterozygot*. Der Inzuchtkoeffizient  $F$  beschreibt nun die „Wahrscheinlichkeit, dass eine homozygote Person beide Allele eines Gens von einem einzigen gemeinsamen Vorfahren der Eltern geerbt hat.“<sup>5</sup> Er ist also ein Wahrscheinlichkeitsmaß dafür, „dass sich bei Nachkommen von bereits eng biologisch verwandten Eltern dieselbe (zufällig ausgewählte) Erbinformation findet wie bei dem letzten gemeinsamen Vorfahren der beiden Elternteile.“<sup>6</sup>

Der Inzuchtkoeffizient  $F$  entspricht durchschnittlich der Hälfte des *Verwandtschaftskoeffizienten*  $R$  (*coefficient of relationship*) der beiden Elternteile zueinander, da sie jeweils nur 50 % ihrer Gene vererben ( $R = 2F$ ). Er gibt also die Nähe der biologischen Verwandtschaft zweier Lebewesen anhand der Wahrscheinlichkeit an, dass sie dieselbe (zufällig ausgewählte) Erbinformation (dieselbe Kopie eines Allels) voneinander oder einem gemeinsamen Vorfahren geerbt haben. Zwischen einem Elternteil und seinem leiblichen Kind sowie zwischen Vollgeschwistern besteht ein Verwandtschaftskoeffizient von  $R = 0,5$  ( $\frac{1}{2}$ ), zwischen Halbgeschwistern sowie Großeltern und Enkel nur noch ein Verwandtschaftskoeffizient von  $R = 0,25$  ( $\frac{1}{4}$ ).

Ein Beispiel: In den Nachfahrenlinien Conrad **Schramm** (\* ca. 1570, AN 2580 und 5144,  $z = 2$ , väterliche Seite) liegt die Heirat der miteinander verwandten Ehepartner Johann Georg **Hülß** (1697 – 1776; AN 160) und Eva Catharina **Schleicher** (1705 – 1775; AN 161) fünf bzw. vier Generationen nach dem Implex (ausgelöst durch die „Ahnenbrüder“ Johann und Wolfgang **Schramm**, zwei Söhnen von Conrad **Schramm**). Die Eheleute waren also Ururur- bzw. Ururenkelkinder (*Generationsverschiebung*) ihres gemeinsamen Vorfahren Conrad **Schramm** und sich ihrer „Verwandtschaft“ wohl noch nicht einmal bewusst. Ihr gemeinsamer Sohn Johann Nicolaus **Hülß** (1738 – 1802; AN 80) war also ein Kind aus einer Verwandtenehe und hat demnach einen Inzuchtkoeffizienten von  $F = 0,0019$  sowie einen Verwandtschaftskoeffizienten von  $R = 0,0038$ .

<sup>5</sup> Vgl. Murken et al., 2017, S. 255.

<sup>6</sup> Zit. nach Wikipedia, Eintrag „Inzuchtkoeffizient“, 01.04.2019.

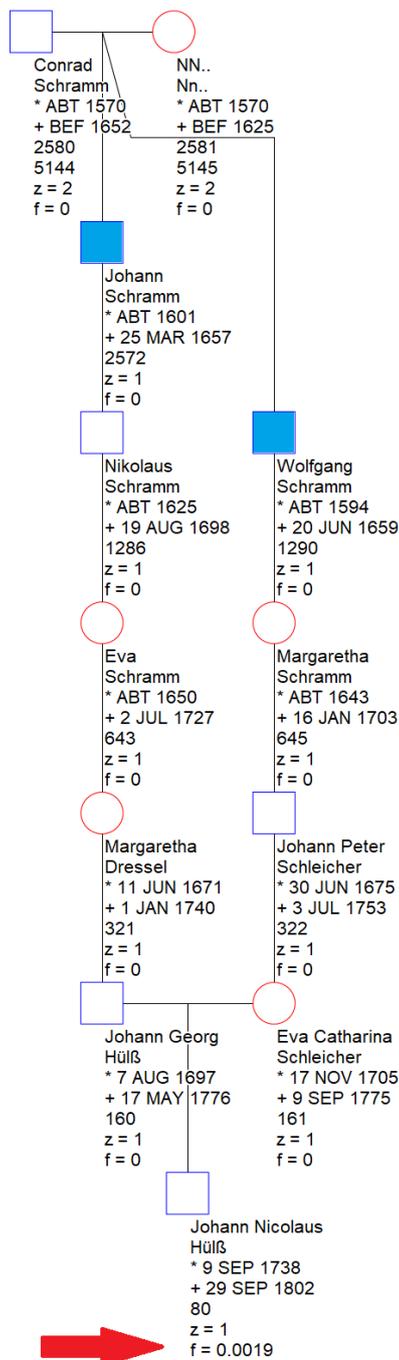


Abb. 4: Inzuchtkoeffizient von Johann Nicolaus Hülß

Er hat also eine Wahrscheinlichkeit von 0,19% für irgendein Allel seines Vorfahren Conrad **Schramm** homozygot zu sein (Abb. 4). Da das Basisrisiko für ein Kind mit einer nicht vorhersagbaren genetischen Erkrankung für die Allgemeinbevölkerung mit 2-4% angegeben wird, gilt dies als genetisch unbedenklich.<sup>7</sup> Bei einer Cousin-Cousinen-Heirat 1. Grades erhöht sich dieses Risiko für das Kind aber beispielsweise auf das Doppelte (6,25%) und liegt damit über dem Basisrisiko.

## Generationsverschiebung und Generationsspektren (gb)

Durch unterschiedliche Generationsabstände in den einzelnen Nachfahrenlinien kommt es häufiger vor, dass ein Mehrfachahn in *verschiedenen* Generationen in Erscheinung tritt (*Generationsverschiebung*). Für die Notation verwendet Rösch den Begriff *Generationsspektrum* (gb).

Ein Beispiel: Hans **Liebmann** (ca. 1495 – 1570) tritt als siebenfacher Mehrfachahn sechs Mal in der 14. Ahnengeneration und einmal in der 15. Ahnengeneration des Probanden auf. In der Notation von Rösch wird dies geschrieben als  $gb = 14^6 15^1$ .

Um dies auch statistisch zu erfassen, schlägt Rösch außerdem als Maß den *Schwerpunktwert des biologischen Verwandtschaftsgrades* ( $gb_s$ ) vor. Für Hans **Liebmann** ist  $gb_s = 14,14$ . Dieser Wert verdeutlicht, dass Hans **Liebmann** deutlich „näher“ an der 14. Ahnengeneration (in der er sechs Mal auftritt) als an der 15. Ahnengeneration ist (in der er nur einmal auftritt).

## „Erbwirksamkeit“ eines Mehrfachahren

Genealogisch interessant ist auch die sog. *Erbwirksamkeit* eines Mehrfachahren.<sup>8</sup> Zunächst sind die Ahnen eines Probanden, die ihm näher liegen, biologisch von weitaus größerer Bedeutung als weit entfernte Ahnen, da sich der Gen-Anteil eines Probanden von einem Ahnen ja mit jeder weiteren Generation halbiert. Wie der deutsche Mathematiker und Autor mehrerer Schullehrbücher Hermann Athen (1911 – 1980) mathematisch zeigen konnte, ist die „Autosomen-Verwandtschaft“ nach „der 6. Generation eher unwahrscheinlich als wahrscheinlich“<sup>9</sup>, da durchschnittlich nur noch  $1/2^6 = \frac{1}{64}$  der Gene des Ahnen den Probanden erreichen. Es

liegt aber auf der Hand, dass die biologische Bedeutung eines Ahnen für den Probanden umso größer ist, *je häufiger* er in der AT des Probanden auftaucht, da „seine Gene“ dann über viele (nämlich  $z > 1$ ) verschiedene Nachfahrenlinien ihren Weg zum Probanden gefunden haben. Wie lässt sich also die (wahrscheinliche)<sup>10</sup> *Erbwirksamkeit* eines *Mehrfachahren* in einer bestimmten Generation mit der *Erbwirksamkeit* eines *einfachen Ahns* in einer bestimmten Generation vergleichen?

<sup>7</sup> Murken et al., 2017, S. 257.

<sup>8</sup> Otto Forst-Battaglia (1889 – 1965) spricht in diesem Zusammenhang auch von „Erbintensität“; vgl. Forst-Battaglia, 1932, S. 18ff, sowie 1948, S. 162ff.

<sup>9</sup> Athen, 1982, S. 424. Der Artikel beruht auf einem 1980 in Kopenhagen gehaltenen Vortrag und wurde 1982 posthum publiziert.

<sup>10</sup> Vgl. hierzu Richter, 1997, S. 13: „Mittels der Rechenverfahren der Quantitativen Genealogie bzw. Biostatistik kann niemals die wahre *Erbwirksamkeit* eines weit zurückliegenden Ahns errechnet werden. Immer müssen wir uns aufgrund der hochkomplizierten Erbstruktur und Vererbungsweise mit durchschnittlichen *Wahrscheinlichkeits-Werten* begnügen.“

In Röschs *Quantitativer Genealogie* gibt auf diese Frage der sog. *summarische biologische Verwandtschaftsgrad* (abgekürzt mit  $g'b$ ) eine Antwort. Er lässt sich über eine Logarithmus-Formel, einfacher jedoch mit der Software *AhnenImplex* berechnen. Ein Beispiel soll das verdeutlichen.

Der bereits oben erwähnte Hans **Liebmann** (ca. 1495 – 1570) tritt als siebenfacher Mehrfachahn sechs Mal in der 14. Ahnengeneration und einmal in der 15. Ahnengeneration des Probanden auf. Mittels *AhnenImplex* lässt sich für ihn ein  $g'b$ -Wert von 11,29 (also abgerundet: 11) berechnen. Inhaltlich besagt dies, dass Hans **Liebmann** (der überwiegend nur in der 14. Ahnengeneration auftritt) die gleiche Erbwirksamkeit wie *ein einfacher Ahn* in der 11. Ahnengeneration hat. Es besteht daher also eine größere Wahrscheinlichkeit dafür, dass evtl. ein kleiner Teil seines Genoms auch im Genom des Probanden auftritt.

## X-chromosomaler Erbgang

In der derzeit populären (und teilweise heftig umstrittenen) *DNA-Genealogie*<sup>11</sup> können je nach Fragestellung unterschiedliche Arten von DNA untersucht werden: Die „normale“ *autosomale DNA* (atDNA), die *DNA des Y-Chromosoms*<sup>12</sup> (yDNA), die nur über die rein väterliche Linie weitergegeben wird, die *DNA des X-Chromosoms* (xDNA) mit der Besonderheit, dass Männer ihr einziges X-Chromosom nur an ihre Töchter weitergeben können, nicht aber an ihre Söhne (wodurch unterschiedliche Häufigkeiten X-chromosomaler Ahnen in den Generationen entstehen), sowie die *mitochondriale DNA* (mtDNA), die nur über die rein mütterliche Linie vererbt wird (Abb. 5).

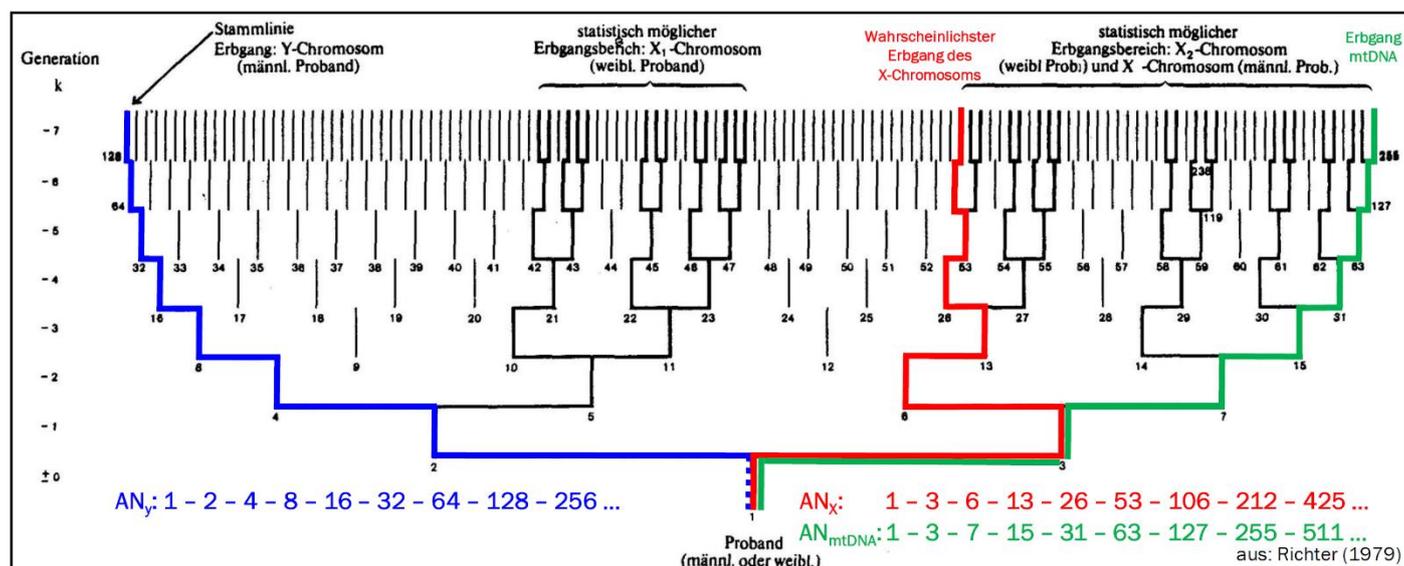


Abb. 5: Erbgang des Y-Chromosoms (blau) und der mitochondrialen DNA (grün) sowie die möglichen Erbgänge des X-Chromosoms (schwarz und rot) in einer AT (modif. nach Richter, 1979)

Siegfried Rösch hat 1955 die oben beschriebenen Berechnungsmethoden ausschließlich für den *autosomalen Erbgang* entwickelt. 1979 wurden diese durch Arndt Richter auf die *X-chromosomale Verwandtschaft*<sup>13</sup> erweitert. Bemerkenswert ist hierbei, dass das X-Chromosom nur über wenige, spezifische Ahnenlinien an die Probandin bzw. den Probanden weitergegeben werden kann, da das X-Chromosom des Vaters ja nie an einen Sohn weitergegeben wird (Abb. 5).

Es macht allerdings einen Unterschied, ob der Proband ein Mann oder eine Frau ist: Bei Männern (die ihr X-Chromosom *nur* von der Mutter erhalten) kommen in der Ahnengeneration  $k = -6$  dreizehn Ahnenlinien in Frage, die alle auf der mütterlichen Seite der Ahnentafel liegen, bei Frauen (die ihre

<sup>11</sup> Vgl. zur Einführung Bettinger, 2016; Bettinger & Parker Wayne, 2016. Kurze deutschsprachige Einführungen geben z. B. Kemper, 2017, sowie Scholz, 2017; zur Kritik daran z. B. Kramer, 2015, sowie Roth & Ivemark, 2018.

<sup>12</sup> Vgl. z. B. Preuschhof, 2009, 2016; Westreich, 2017.

<sup>13</sup> Vgl. z. B. Richter, 1979, 1997, 2006.



## Hinweise zu *AhnenImplex*

- Fragen zum Programm bitte NICHT an den Programmentwickler oder den Roland zu Dortmund, sondern ausschließlich an Weert Meyer, den Autor des Handbuchs ([Weert@gmx.de](mailto:Weert@gmx.de))!
- Programm und Handbuch können hier kostenlos heruntergeladen werden.  
<https://tng.rolandgen.de/browsemedia.php?mediatypeID=documents>
- Da es sich bei *AhnenImplex* um eine ausführbare exe-Datei handelt, warnt Windows vor dem Download. Der Download kann jedoch bedenkenlos durchgeführt werden, das Programm wurde vor dem Upload auf Viren überprüft.
- Haftungsausschluss: Trotzdem erfolgen Download und Verwendung des Programms auf eigenes Risiko, für eventuelle Schäden wird keine Haftung übernommen.
- Das Programm darf ausschließlich zu privaten und nicht zu kommerziellen Zwecken verwendet werden.

## Literatur

- Athen, Hermann (1982). Theoretische Genealogie. In: S. T. Achen (Hrsg.), *Genealogica & Heraldica. Report of The 14<sup>th</sup> International Congress of Genealogical and Heraldic Sciences in Copenhagen 25.-29. August 1980* (S. 421-432). Copenhagen: G. E. C. GAD. [Online: <http://tng.rolandgen.de>; dort unter Medien/Dokumente]
- Bettinger, Blaine T. & Parker Wayne, Debbie (2016). *Genetic Genealogy In Practice*. 3108 Columbia Pike, Suite 300, Arlington: National Genealogical Society.
- Bettinger, Blaine T. (2016). *The Family Tree Guide to DNA. Testing and Genetic Genealogy*. Cincinnati: F&W Media International.
- Forst-Battaglia, Otto (1913). *Genealogie*. (Grundriss der Geschichtswissenschaft, Reihe 1, Um. 4a). Leipzig, Berlin: B. G. Teubner. [Online: <https://archive.org>]
- Forst-Battaglia, Otto (1932). *Das Geheimnis des Blutes*. (Kleine historische Monographien, Bd. 36. Mit 20 Bildtafeln). Wien: Reinhold.
- Hager, Julius Oscar (1907a). Ein Kapitel aus der Descentorik. In: *Roland – Monatsschrift des „Roland“, Verein zur Förderung der Stammkunde, Jg. 8, H. 5*, S. 65-70 (Rubrik: Genealogie von Personen und Geschlechtern). [Online: <http://tng.rolandgen.de> dort unter Medien/Dokumente]
- Hager, Julius Oscar (1907b). Ein Kapitel aus der Descentorik (Schluss). In: *Roland – Monatsschrift des „Roland“, Verein zur Förderung der Stammkunde, Jg. 8, H. 6*, S. 81-85, sowie Tafeln I-IV (Rubrik: Genealogie von Personen und Geschlechtern). [Online: <http://tng.rolandgen.de>; dort unter Medien/Dokumente]
- Hager, Julius Oscar (1912). Ein Descentorium. In: *Vierteljahrsschrift für Wappen-, Siegel- und Familienkunde des Vereins „Herold“ in Berlin, XL. Jg.*, S. 1-11, mit 2 doppelseitigen Tafeln. [Online: <http://tng.rolandgen.de> dort unter Medien/Dokumente]
- Heydenreich, Eduard Karl Heinrich (1913). *Handbuch der praktischen Genealogie*. (Bd. 1). Leipzig: H. A. Ludwig Degener. [Online: <https://archive.org>]
- Hungerige, Heiko (2020a). Geschlossene Heiratskreise (Verwandtenehen) in der Ahnentafel von Katharina Pudenz (1914 – 1997) aus Bochum durch ihre Mehrfachahnen Conrad Döring (\* um 1480), Hanns Rode (\* vor 1522), Georg Schönefeld (\* 1600) und Thomas Pudenz (\* um 1633) aus dem Eichsfeld. In: *Roland - Zeitschrift der genealogisch-heraldischen Arbeitsgemeinschaft Roland zu Dortmund e. V., Bd. 27/28 (2018/19)*, S. 5-59.
- Hungerige, Heiko (2020b). Verwandtenehen: Die Ahnentafel als Ahnennetz. In: *Computergenealogie – Magazin für Familienforschung, 35. Jg., H. 1*, S. 16-19.
- Hungerige, Heiko (2023). Kurz erklärt: Verwandtenehen, Ahnengeschwister und Ahnenimplex. (Reihe „Hilfen zur Familiengeschichtsforschung“, Heft 3). (Typoskript). [Online: <https://www.roland-dortmund.de/publikationen/forschungshilfen/>]
- Hungerige, Heiko (2023). Berechnung des Ahnenimplex' ( $i_k$ ), aus Verschwisterungslisten (VSL) nach S. Rösch und A. Richter. (Reihe „Hilfen zur Familiengeschichtsforschung“, Heft 5). (Typoskript). [Online: <https://www.roland-dortmund.de/publikationen/forschungshilfen/>]
- Hungerige, Heiko (2023). Der verschlungene Weg des X-Chromosoms durch die Generationen (X-DNA Inheritance Charts). (Reihe „Hilfen zur Familiengeschichtsforschung“, Heft 11). (Typoskript). [Online: <https://www.roland-dortmund.de/publikationen/forschungshilfen/>]
- Hungerige, Heiko; Jülich, Eva-Maria; Jülich, Martin; Meyer, Weert; Richter, Arndt & Schmidt, Axel (2023). Quantitative Genealogie: Verwandtschaft messbar machen mit Ahnenimplex. In: *Computergenealogie – Magazin für Familienforschung, 38. Jg., H. 3*, S. 18-20.
- Kemper, Tobias A. (2017). Familiengeschichtsforschung plus Naturwissenschaft ist DNA-Genealogie. In: *Computergenealogie – Magazin für Familienforschung, Jg. 32, H. 2*, S. 26-31.
- Kramer, Anne-Marie (2015). The Genomic Imaginary: Genealogical Heritage and the Shaping of Bioconvergent Identities. In: *MediaTropes eJournal, Bd. V, Nr. 1*, S. 80-104. [Online]
- Meyer, Weert (2020a). Verwandtschaftsberechnungen für nah verwandte Elternteile. [Online-Materiale zur *Computergenealogie*, Heft 1/2020]
- Meyer, Weert (2020b). *Verwandtschaft messbar machen*. Typoskript (12 S.).

- Murken, Jan Diether, Grimm, Tiemo, Holinski-Feder, Elke & Zerres, Klaus (2017) (Hrsg.). *Taschenlehrbuch Humangenetik*. (9. Afl.). Stuttgart: Thieme.
- Preuschhof, Eckhard (2009). Die Preuschhof Familien aus Ostpreußen. Neue Erkenntnisse durch Analysen Y-chromosomaler DNA. In: *Altpreußische Geschlechterkunde*, 57. Jg., Bd. 39, S. 355 - 368.
- Preuschhof, Eckhard (2016). *Die Preuschhof – Familien aus Ostpreußen. Herkunft und Ausbreitung*. Typoskript (493 S.). [Online: [www.genetalogie.de](http://www.genetalogie.de)]
- Richter, Arndt (1979). Erbmäßig bevorzugte Vorfahrenlinien bei zweigeschlechtigen Lebewesen. Die Spaltungs-Proportionen in der Aszendenz bei geschlechtsgebundener Vererbung, erläutert am Beispiel des Menschen. Professor Dr. Siegfried Rösch zum 80. Geburtstag. In: *Archiv für Sippenforschung*, 45, H. 74, S. 96-109. [Online: [www.genetalogie.de](http://www.genetalogie.de) und <http://tng.rolandgen.de>]
- Richter, Arndt (1997). *Die Geisteskrankheit der bayerischen Könige Ludwig II. und Otto. Eine interdisziplinäre Ahnenstudie mittels Genealogie, Genetik und Statistik mit einer EDV-Programmbeschreibung von Weert Meyer*. Neustadt/Aisch: Verlag Degener & Co.
- Richter, Arndt (2006). Mütterliche Großväter im Lichte meiner These: *Von der besonderen Mittlerrolle X-chromosomaler Gene bei der Ausprägung geistiger Eigenschaften*. [Online: [www.genetalogie.de](http://www.genetalogie.de)]
- Richter, Arndt (2009). *Festgefügtes im Strome der Zeit. Genealogische Bekenntnisse*. Typoskript (666 S.). [Online: [www.genetalogie.de](http://www.genetalogie.de)]
- Richter, Arndt (2020). *Eine genealogische Gesetzmäßigkeit beim Ahnenimplex. Oder: Der krumme Weg der Gene – die Ahnentafel als Maschen-Netz!* [Typoskript, online: [www.genetalogie.de](http://www.genetalogie.de)]
- Rösch, Siegfried (1955). *Grundzüge einer quantitativen Genealogie*. (Teil A des Buches über Goethes Verwandtschaft) (= Praktikum für Familienforscher, Sammlung gemein-verständlicher Abhandlungen über Art und Ziel und Zweck der Familienkunde, H. 31) Neustadt an der Aisch: Degener & Co. (Sonderdruck aus „Goethes Verwandtschaft“). [Online im GenWiki]
- Roth, Wendy D. & Ivemark, Biorn (2018). Genetic Options: The Impact of Genetic Ancestry Testing on Consumers' Racial and Ethnic Identities. In: *American Journal of Sociology*, Bd. 124, Nr. 1 (July 2018), S. 150-184. [https://doi.org/10.1086/697487]
- Rutherford, Adam (2018). *Eine kurze Geschichte von jedem, der jemals gelebt hat. Was unsere Gene über uns verraten*. Reinbek bei Hamburg: Rowohlt Polaris.
- Scholz, Roman C. (2017). DNA-Genealogie. Gentests als Hilfsmittel der Ahnenforschung. In: *Genealogie*, 33. Jg., H. 2, S. 402-410.
- Westreich, Allan H. (2017). Using a Y-DNA Surname Project to Dig Deeper Into Your Genealogy: A Case Study. In: *Journal of Genetic Genealogy*, Bd. 9, S. 1-14. [Online]