

Genealogie im EDV-Zeitalter – ein Plädoyer für AhnenImplex

Zwar bleibt die Arbeit in der Genealogie stets intensives Quellenstudium alter Archivalien, Sichtung und Wahrung alter Familienunterlagen (Briefe, Familienchroniken, Ahnenpässe,...) sowie die Sicherung alter Fotos (der berühmte „Zigarrenkasten“).

Die ermittelten Familiendaten (Lebensdaten, Aufenthaltsorte, Berufe,...) können heute bequem mit einer passenden Genealogie-Datenbank-Software erfasst und dokumentiert werden.

Mittels dieser Software lassen sich nun verschiedene Ausgaben generieren:

- AT, NT, Ausdrücke in Familienform, Quellenlisten,

Die frühere Arbeitsweise „auf Papier“ via Familienstammbaum und / oder Karteikarte ist kaum noch anzutreffen.

Aber die Probleme in der Datenerfassung via Genealogie-Datenbank-Programm sind vielfältig. Exemplarisch seien hier nur 2 unter vielen näher ausgeleuchtet:

- Wie erfasse ich unterschiedliche Vor-/Nach-Namen Schreibweisen.
- Wie stemme ich Patronymik, Höfenamen, Adelstitel,...usf.

Ein ostfriesisches Beispiel:

Der weibliche Vorname Siefer: = Ziefer = Siever = Ziever = Siewer = Ziewer = Cevia (USA!)

Der Nachname Flesner: = Flessner = Fleßner = Fleshner

Hat man die Schreibvariante Siefer Flesner aus Quelle A in der Datenbank übernommen, kann das Wiederfinden eben dieser Siewer Fleßner aus Quelle B zum Problem werden...

Das Genealogie-Programm GenProfi löst diese Dilemmata über das Leitnamen-System und führt einen separaten Patronym-Namen...

Natürlich ist auch in der elektronischen Datenerfassung eine gute Dokumentation oberstes Gebot (möglichst separat für jeden Eintrag) und sollte allseits selbstverständlich sein.

Kompatibilität in den Datenstrukturen existiert zwischen verschiedenen Genealogie-Datenbank-Programmen **praktisch nicht**.

Aber fast jedes Genealogie-Datenbank-Programm kann über den GEDCOM-Standard „wenigstens“ den harten Kern der Genealogie: **die Familiendatenstrukturen** sicher ausgeben. Dieses GEDCOM kann dann von „Fremd“-Programmen eingelesen werden.

Für statistische Auswertungen der Familienstrukturen ist der GEDCOM-Standard aber allemal ausreichend.

Das Programm **AhnenImplex**^{1,2} von Martin Jülich ist ein statistisches Auswerteprogramm. Es dient allein der Analyse der Familienstrukturen. Neuerfassung von Daten ist nicht Aufgabe dieses Programmes.

Als Dateninput dient ein GEDCOM-File. **AhnenImplex** kann mit den in ihm gespeicherten Familienstrukturen viele Auswertungen vornehmen, die in der Regel in den Genealogie-Datenbank-Programmen nicht implementiert sind.

Manuell wären solche Auswertungen aufgrund des Arbeitsaufwandes nicht zu stemmen. So gibt es denn bislang nur wenige statistische Auswertungen der Familienstrukturen.

Hier haben Soziologen Vorarbeit geleistet. So wurden OSB analysiert bezüglich Alter bei Eheschließung, Anzahl der Kinder und Kindersterblichkeit³.

Allerdings richtet **AhnenImplex** den Focus nicht auf diese Punkte.

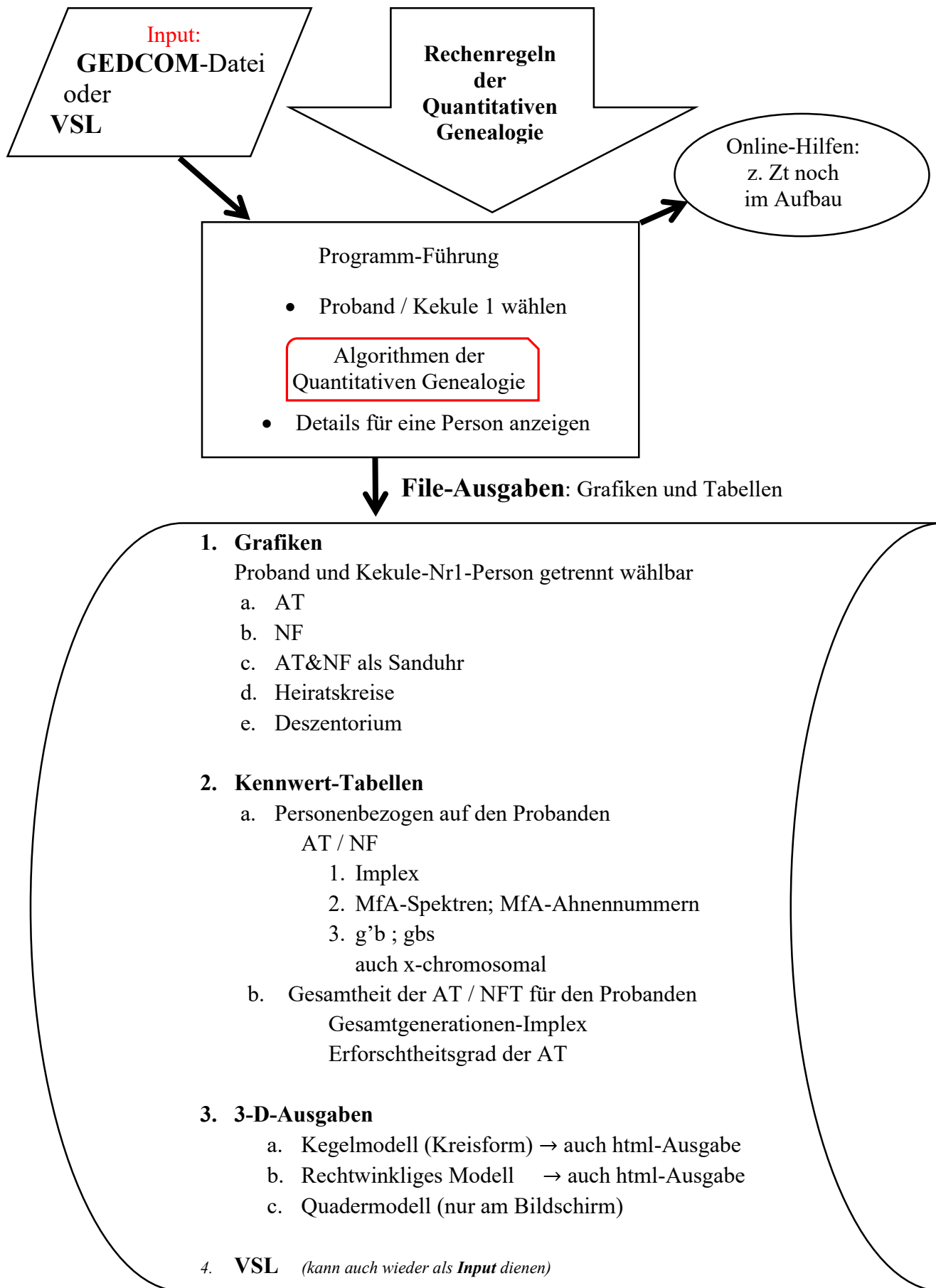
Vielmehr kann das Programm **AhnenImplex** Folgendes gemäß den Regeln der Quantitativen Genealogie⁴ analysieren:

- gibt es Personen mit hohem Inzuchtkoeffizienten f
[$f = 0,5$ deutet i.d.R. auf einen Datenbank-Fehler hin: Geschwisterehe!!!?]
- wer sind meine Spitzenahnen {können die meisten genealogischen DB-Programme auch}
- wie weit ist meine AT erforscht
- wie groß ist der Implex auf meiner AT?
[→ im Programm **AhnenImplex** kann jede beliebige Person zum Probanden bestimmt werden]
- falls Implex für den Probanden vorhanden:
 - Ausgabe der Ahnen-Verschwisterungsliste (VSL).
Diese kann auch als **Heiratskreise-AT** visualisiert werden!
→ auch als interaktive HTML-Datei.
 - Welche Mehrfachahnen gibt es?
→ Ausgabe auch der zugehörigen Kekule-Nrn.
→ Ausgabe des ausführlichen Verwandtschaftsgrades **gb** als Spektrum
- wie ist eine Person in der Datenbank mit dem Probanden verwandt:
summarischer biologischer Verwandtschaftsgrad **g'b**
 - **g'b** wird differenziert in
 - **g'b(d)** direkte Verwandtschaft in gerader Linie: Ahn bzw. Nachkomme
 - **g'b(s)** Seitenverwandtschaft (Collateral): Vetter, Tante, Großonkel...
 - sind beide Werte nicht zu bestimmen, so liegt im Rahmen des analysierten Personennetzes keine Verwandtschaft über gemeinsame Ahnen vor (Schwippschwager, Angeheiratete...). Das heißt aber nicht, dass eine Verwandtschaft ausgeschlossen ist. Es können ja noch Verbindungen im Genealogie-Datenbank-Programm nicht eingegeben sein! Oder die Quellenlage ist „unzureichend“: Verwandtschaft besteht, aber es gab noch keine Kirchenbuchführung, so dass die Verwandtschaft nicht mehr nachgewiesen werden kann...
Hat jemand nur seine Ahnen eingegeben und macht sich selbst zum Probanden, kann er natürlich keine Seitenverwandtschaft finden. Für einen seiner Ahnen kann das schon anders aussehen....
- bei der Auswertung der Ahnenschaft wird nach
 - **autosomalem**
und
 - **gonosomalem** (x-chromosomalem)
Erbgang unterschieden.
- eine AT auf diejenigen Ahnen „reduzieren“, die ihr X-Chromosom an den mit Probanden vererben können
- ein **Deszentorium** ausgegeben: alle Ahnenlinien von einem Mehrfachahnen bzw. von einem Mehrfachahnenpaar zum Probanden
- auch ein **Doppeldeszentorium** ist möglich
- auch kann eine AT um die Seitenverwandten ergänzt werden. Bei „tief“ erforschten AT's wird dies bei vollständiger Ausgabe „schnell“ „unübersichtlich“
- die **Kreisahnentafel** ist eine wunderbare Möglichkeit, um
 - den Erforschtheitsgrad visuell aufzuzeigen
 - den Umfang von Implex abzuschätzen: mehrfach vorkommende Ahnen werden im Ocker-Farbtönen dargestellt
 - ansonsten: Väter in Rot, Mütter in Blau

➔ weitere Literaturhinweise am Ende dieses Artikels.

Für das Auswerteprogramm **AhnenImplex** liegt folgendes Ablaufschema vor:

AhnenImplex: Programm-Ablaufplan

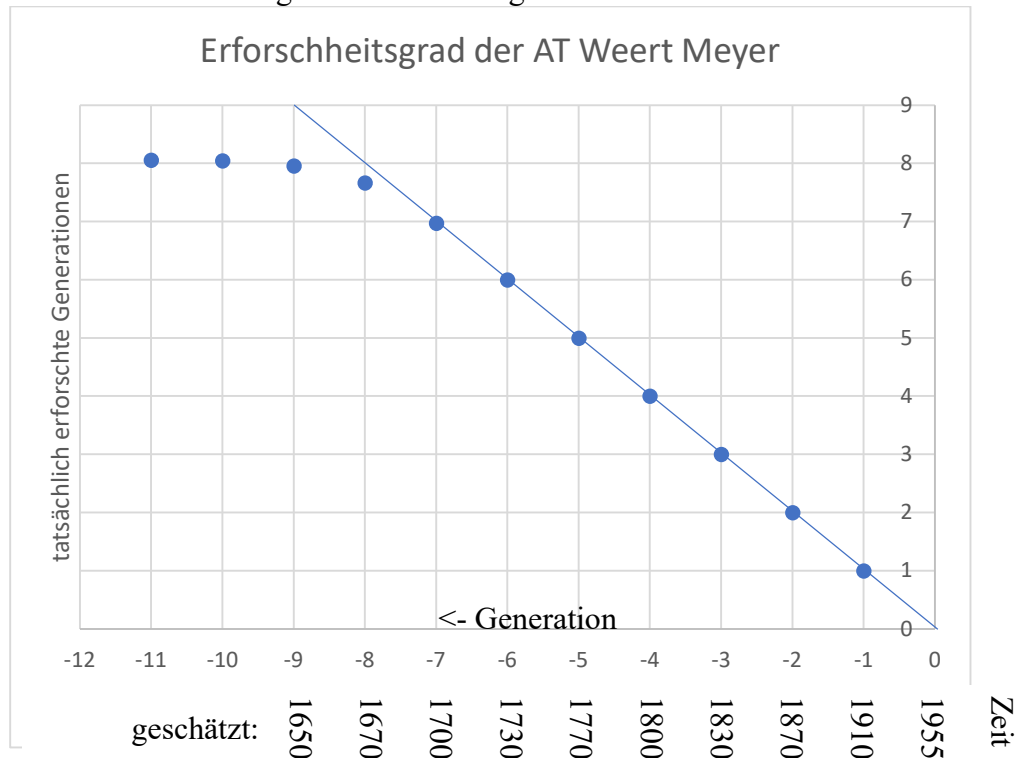


Zunächst aus meinem eigenen Datenbestand: Proband Weert Meyer

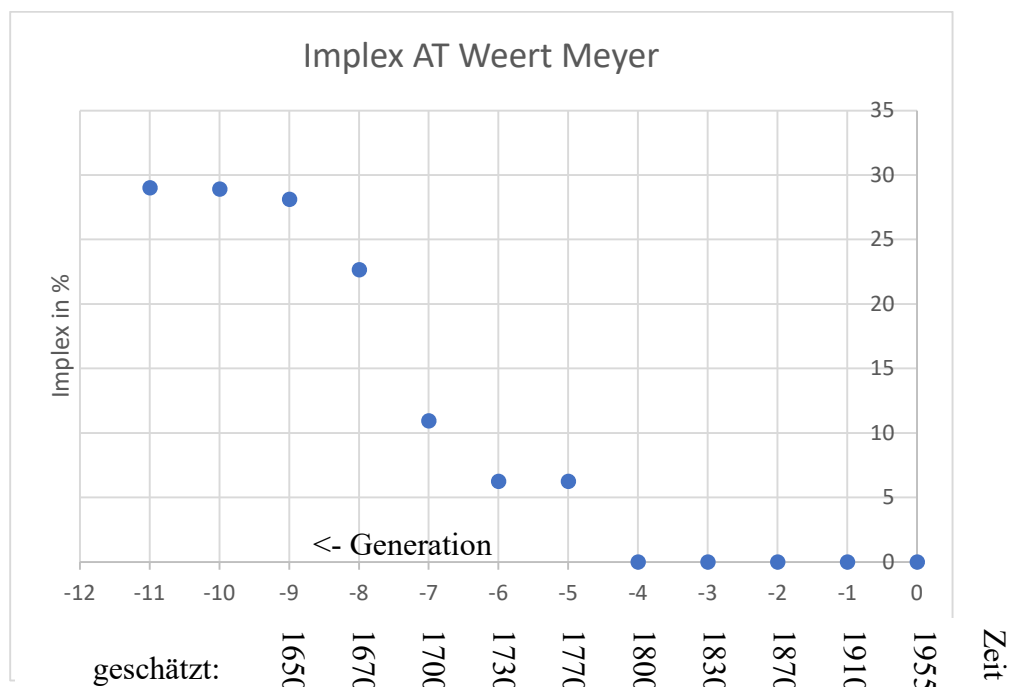
Eltern	Vetter und Kusine
--------	-------------------

An dieser Stelle keine weiteren Erläuterungen. Siehe dazu die Literatur (1) bis (7).

Der Erforschtheitsgrad und der Implex auf einer AT wird in eine Excel-Tabelle gedruckt. Hier eine Auswertung eines Excel-Ausgabe-Files als Schaubild:

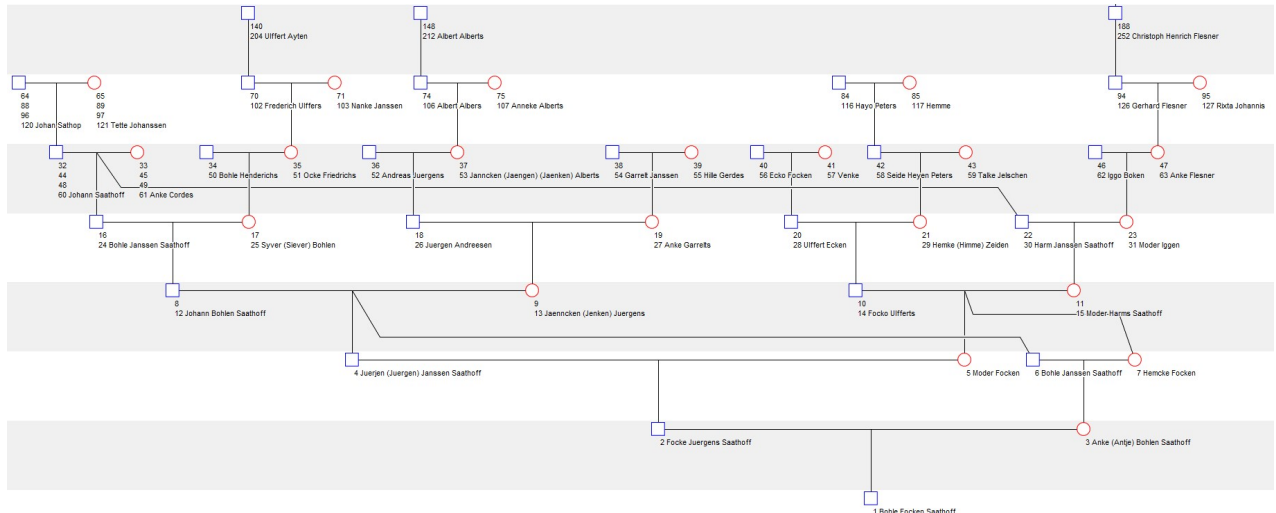


Interpretation: Bis zur 7. Generation ist die AT vollständig erforscht. Die 8. Gen. nur noch zu 70%, die 9. etwa noch 40%. In „Summe“ sind etwa 8 Generationen erforscht. Der zugrunde liegende Rechenalgorithmus ist aus Rösch: **Quantitative Genealogie** entnommen.

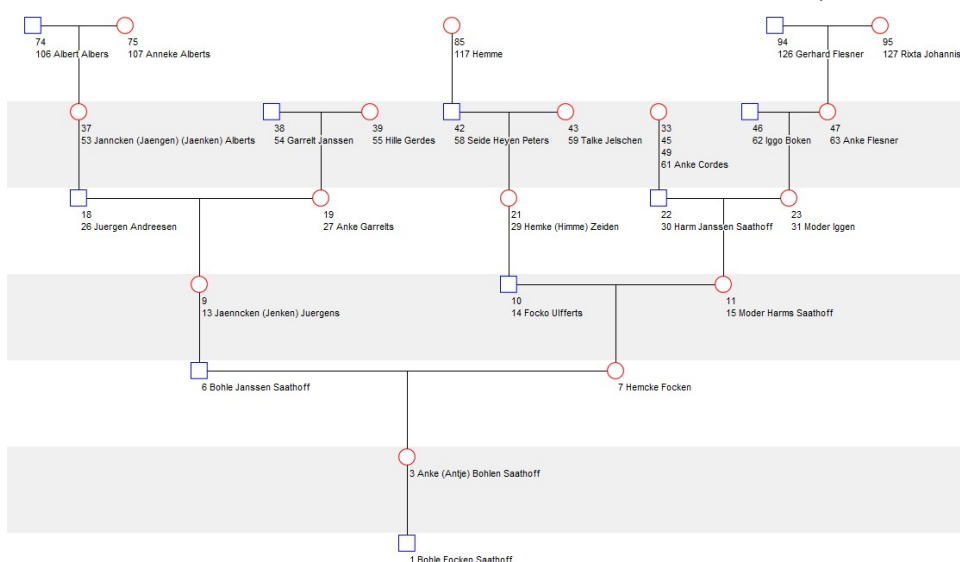


Das erste Mal findet ein Implex von 7,5% in der 5. Generation statt. In der 7. Gen. kommen noch mal rund 4% hinzu, in der 8. Gen. noch mal rund 11%. In Summe wird ab der 10. Gen. rund 28% erreicht. Da die AT noch nicht ganz ausgeforscht ist, können sich die Werte ab der 10. noch erhöhen. Ohne eine ungefähre Angabe des Lebenszeitpunktes der jeweiligen Generation (hier etwa der Geburtszeitpunkt) machen obige Diagramme keinen Sinn!

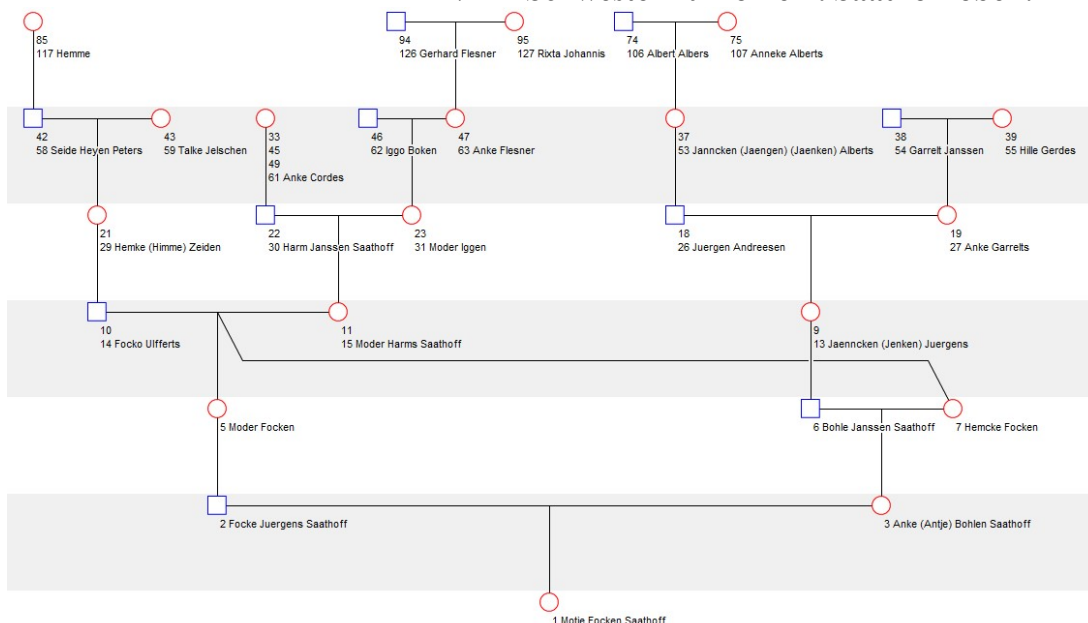
Ist A um 1800, B um 2000 geboren, so können für B noch 6 Generationen mehr erforscht werden als für A. Diesen Umstand gilt es bei Vergleichen des Erforschtheitsgrades unbedingt zu beachten!

Darstellung einer doppelten Vetter-Kusine – Heirat von v = 2 und v = 3**AT des Bohle Focken Saathoff: autosomal und x-chromosomal**

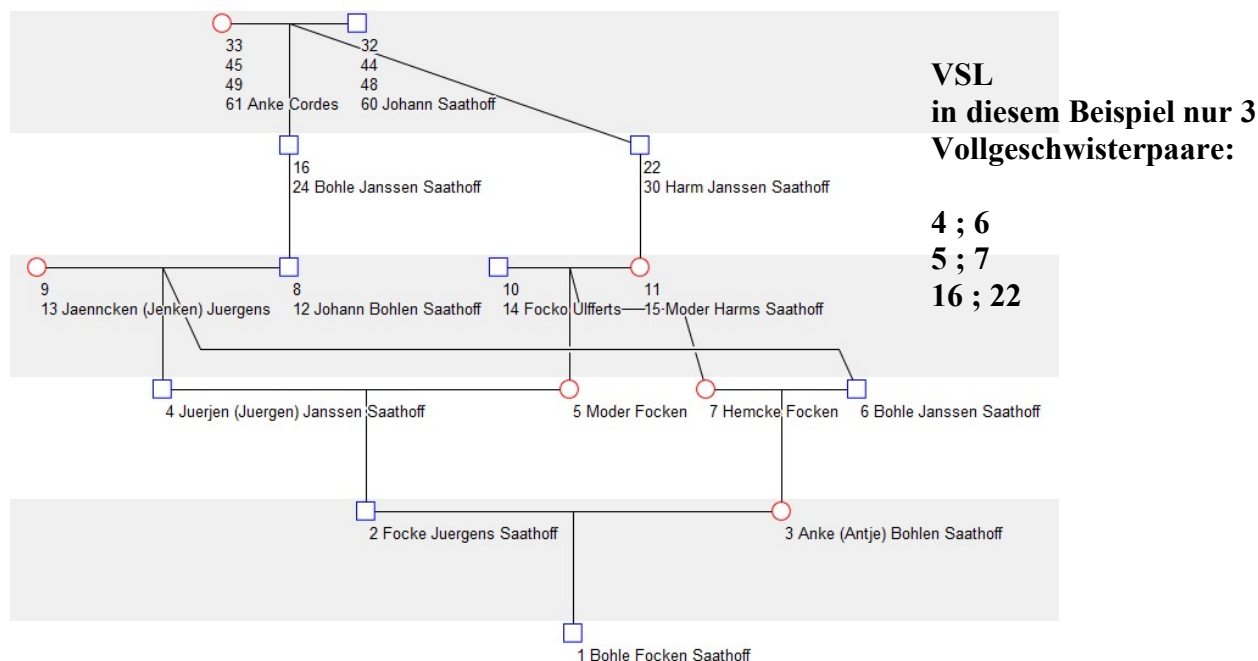
Es ergibt sich für den Probanden ein Inzuchtkoeffizient $f = 13,3\%$. Ein „bedenklich“ hoher Wert. In Adelskreisen kann dieser f -Wert aber noch höher sein! (Karl II v. Spanien > 25%)

AT des Bohle Focken Saathoff: nur x-chromosomale Ahnen, hier ein männlicher Proband

**AT der Motie Focken Saathoff: nur x-chromosomale Ahnen, hier ein weiblicher Proband;
→ die Schwester zu Bohle F. Saathoff oben!**



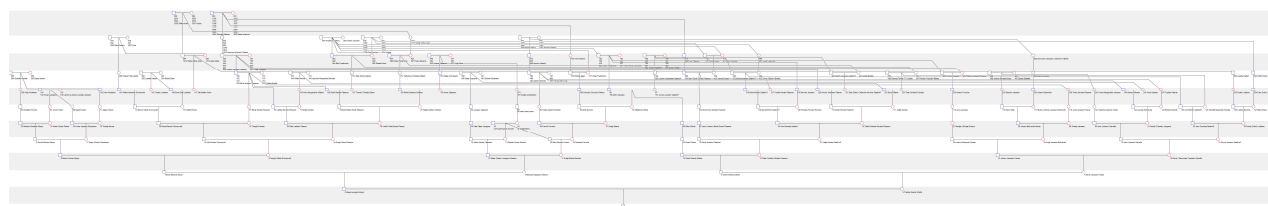
Johann und Motie sind Bruder und Schwester! Beachten Sie deren unterschiedliche x-chromosomale Ahnenschaften!

AT des Bohle Focken Saathoff: **Heiratskreise** → Visualisierung der VSL

Aus der Heiratskreise-AT kann man alle Geschwisterpaare/-gruppen auf einer AT ablesen.

Sie ist praktisch die Visualisierung der Verschwisterungsliste VSL.

Die nachfolgende Verschwisterungsliste der AT Weert Meyer ist schon umfangreicher....



... und kann auf DIN-A4 Breite nicht mehr in genügender Auflösung dargestellt werden.

Die VSL als Liste lautet für Weert Meyer:

Vollgeschwister

21 22 /Focken Eschen/Eschen Focken/

48 95 /Ulferts/Ulferts/

67 69 /Focken/Focken/

75 76 156 239 /Gerdes Flessner/Gerdes Flessner/Gerdes Flessner/Gerdes Flessner/

80 245 /Claassen/Claasen/

93 244 247 /Alberts Koester/Alberts/Alberts/

96 218 460 /Janssen/Janssen/Janssen/

104 217 /Gerdes Flessner/Gerdes Flessner/

124 216 /Bohlen Saathoff/Bohlen Saathoff/

125 223 /Toenjes/Toenjes/

129 142 /Wuebben/Wuebben/

145 146 /Luebben/Luebben/

147 506 /Matten Aden/Matten/

150 220 461 /Janssen Flessner/Johansen Flesner/Janssen Flessner/

155 222 /Willems/Willems/

173 318 /Andreeshen/Andressen/

192 377 419 499 502 634 /Frederichs/Frederichs/Fredrichs/Friedrichs/Frederichs/Frederichs/

194 248 442 /Johanssen Saathoff/Janssen Saathoff/Janssen Saathoff/

233 243 /Janssen/Janssen/

251 314 /Rieken/Rieken/

289 295 /Garlts/Garlts/

294 1271 /Willms Aden/Wilms Aden/

317 443 /Mimken/Mimken/

372 939 /Alberts/Alberts/

416 600 753 /Flessner/Flesner/Flesner/

418 503 508 /Ecken/Ecken/Ecken/

Ein Beispiel für eine detaillierte Kennwerte-Ausgabe für einen ausgewählten Ahnen

 Details - Proband: I3 Klaassen Meyer, Weert

Nummer:	I1848
Nachname:	Flesner
Vorname:	Gerhard
Geboren:	ABT 1602 Wallensen
Gestorben:	6 MAY 1671 Weene

Partner:

Nummer:	I1849
Nachname:	Johannis
Vorname:	Rixta
Geboren:	1591
Gestorben:	16 MAR 1669 Weene
Heirat:	BEF 1625

kleinste Kekulenummer: 832


$z(d) = 9$
 $b(d) = 17/2048$
 $g^*b(d) = 6.91$
 $gbs(d) = 10.22$
 $gb(d) = 9^1 10^5 11^3$

Kekule-Nummern:	
Generation:	Nummern:
9	832
10	1200, 1216, 1506, 1736, 1760
11	2496, 3688, 3824

X-Chromosomale Kekule-Nummern:	
Generation:	Nummern:
	keine!

hier wurden 2 Ahnen ausgewählt.

In beiden Fällen handelt es sich um Ahnen, die ihr X-Chromosom nicht an den Probanden vererben konnten

 Details - Proband: I3 Klaassen Meyer, Weert

Nummer:	I1824
Nachname:	Uiffers
Vorname:	Frederich
Geboren:	ABT 1620 Ostersander
Gestorben:	ABT 1683 Ostersander

Partner:

Nummer:	I1825
Nachname:	Janssen
Vorname:	Nanke
Geboren:	ABT 1630 Parochie Weene
Beerdigt:	7 JUN 1697 Weene
Heirat:	ABT 1650 Weene

kleinste Kekulenummer: 384

$z(d) = 14$
 $b(d) = 23/1024$
 $g^*b(d) = 5.47$
 $gbs(d) = 9.42$
 $gb(d) = 8^1 9^8 10^7$

Kekule-Nummern:	
Generation:	Nummern:
8	384
9	754, 760, 838, 872, 998, 1004
10	1256, 1268, 1734, 1742, 1772, 1788, 1840

Die Kennwerte sind gemäß den **Regeln der Quantitativen Genealogie** zu interpretieren!

Hier eine AT des Bullen Roan Gauntlet. nach Wright 1922

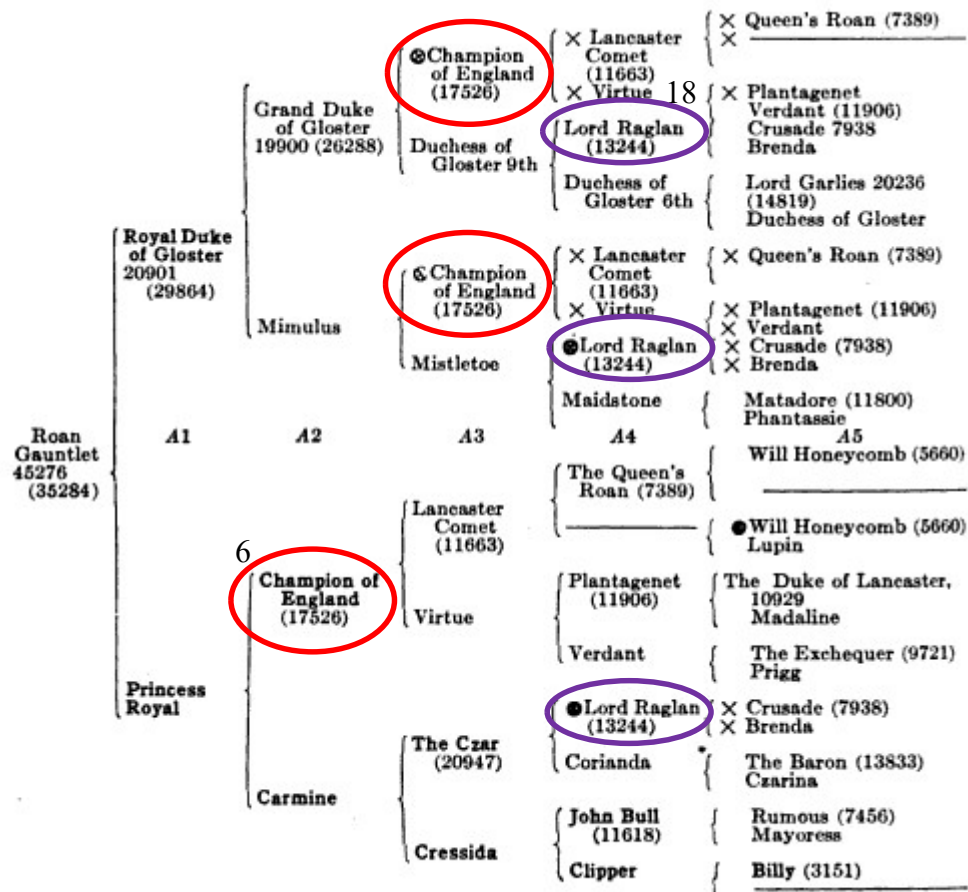
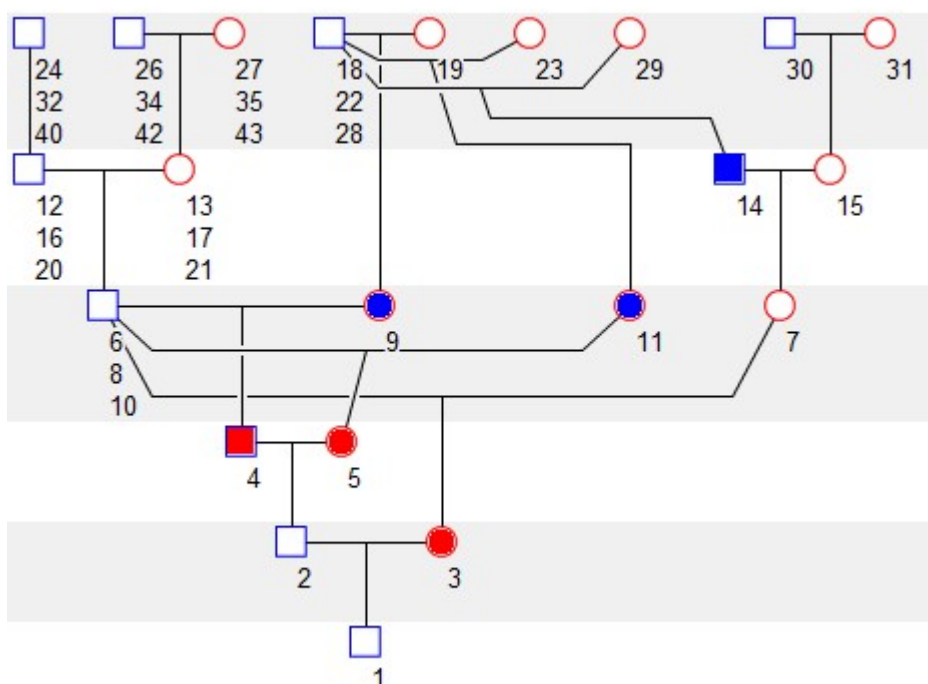


FIG. 232.—Pedigree of Roan Gauntlet, a famous Cruickshank Shorthorn bull.

siehe http://www.puregrassbeef.com/cruickshank_scotch_shorthorn

Ausgabe AT des Bullen Roan Gulett (nachkoloriert) mit Hilfe von AhnenImplex:

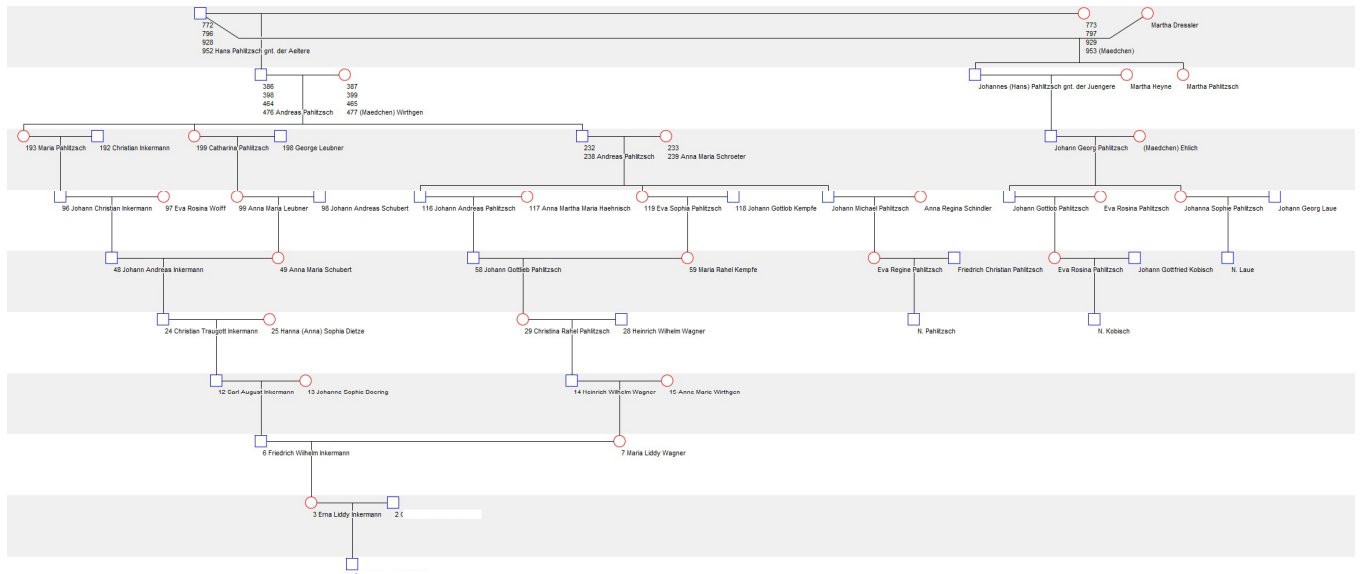
3; 4; 5 Halbgeschwister vom Vater 6 9; 11; 14 Halbgeschwister vom Vater 18



Vater 2: Royal Duke of Gloster f = 15,62%

Sohn 1: Roan Gauntlet f = 14,06%

Beispiel : AT (Teil-AT); aber mit Ausgabe der Seitenverwandtschaft:

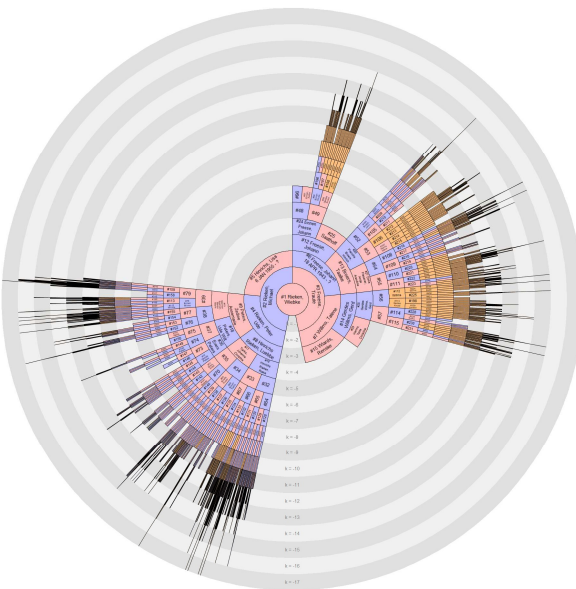


Ein Beispiel für die **Kreisahnentafel**:

Kreisahnentafel für Wiebke Rieken:

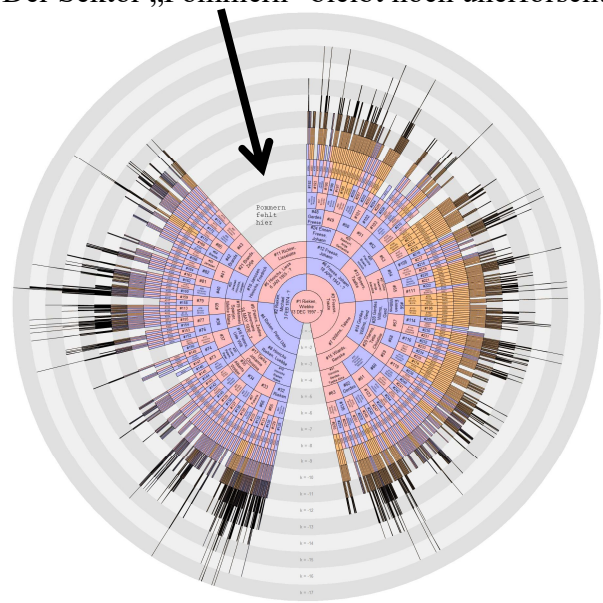
- hier in der Absicht, den Forschungsstand zu visualisieren

Stand Mai 2020



Stand Oktober 2020

Der Sektor „Pommern“ bleibt noch unerforscht



Bedeutung der Farben:

Blau: Väter

Rot: Mütter

Ocker: mehrfach vorkommender Ahn (Implex)

Bis auf den Sektor Pommern (1/8 der AT) ist diese AT nun sehr tief erforscht.

Sie zeigt einen hohen Implex auf: Farbe Ocker.

- **Erklärung:** ihre Eltern und Großeltern stammen alle aus der Kirchenparochie Weene

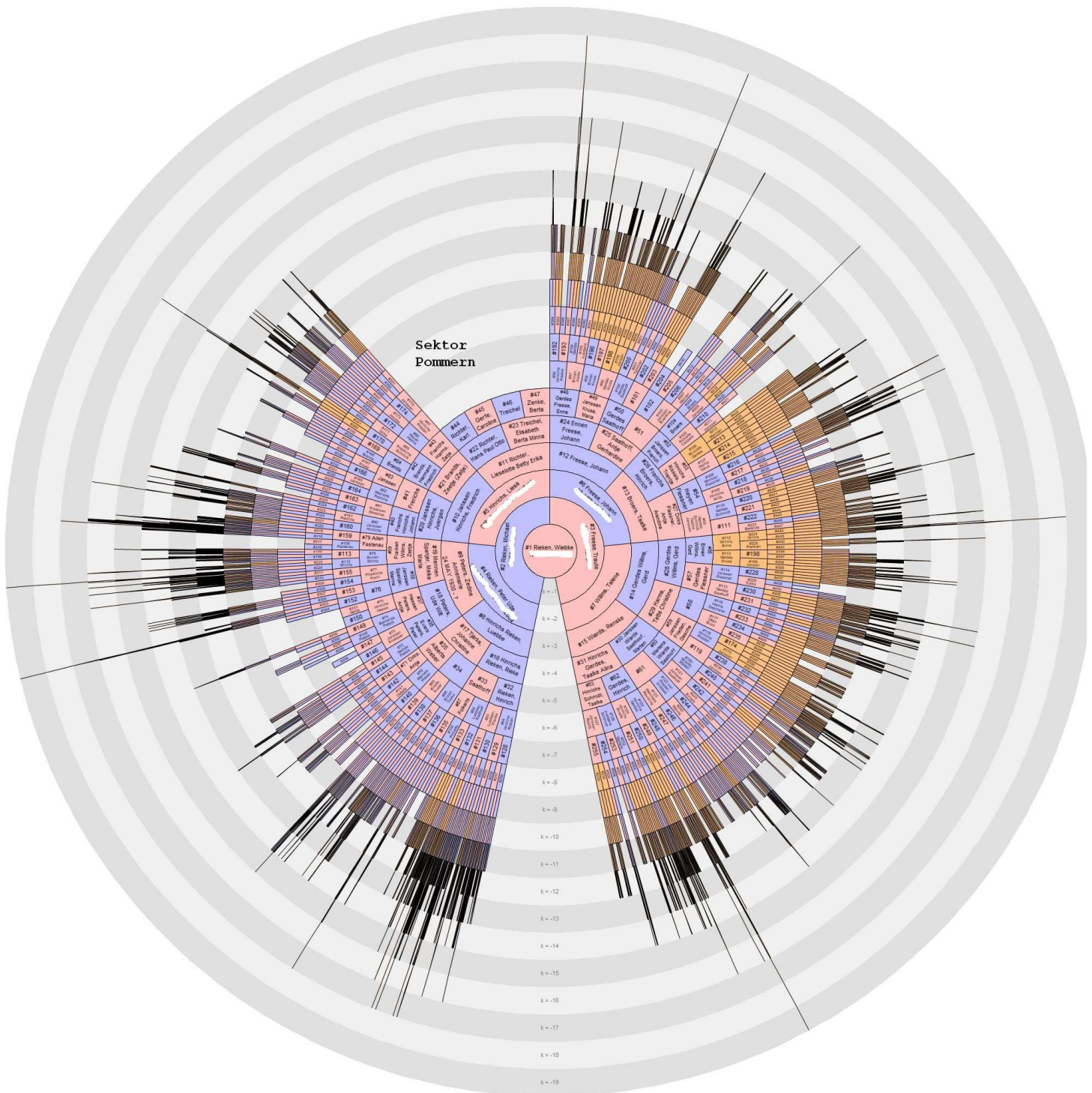
Hier zur Probandin Wiebke R. noch diese Daten:

Erforschtheit $Rp(v) = 8,7$

Implex $i(-14) = 35\%$

Inzuchtkoeffizient $f = 0,0021$

Die letzte Kreis-AT für Wiebke Rieken hier noch einmal vergrößert dargestellt.



Es ist zu bedenken,

- dass dieses Ausgabe-Format dem schnellen und sicheren Überblick dienen soll.

Die Ausgabe ist nicht als eine „Schmuck“-AT konzipiert!

Dafür gibt es andere Programme....

Ein paar Literaturhinweise:

- 1) AhnenImplex. Ein Grafik- und Berechnungsprogramm auf der Grundlage der „Quantitativen Genealogie“ von Siegfried Rösch (1899 – 1984)
Programmiert von Martin Jülich aus Chemnitz – (Version 1.9.1.118)
bislang noch unveröffentlicht

dazu das
- 2) Handbuch „AhnenImplex“
Das Grafik- und Berechnungsprogramm „AhnenImplex“ auf der Grundlage der „Quantitativen Genealogie“ von Siegfried Rösch (1899 – 1984); Programmiert von Martin Jülich (Version 1.9.1.118)
Autor dieses Handbuches: Weert Meyer
bislang noch unveröffentlicht
- 3) Die verlorenen Welten, von Arthur E. Imhoff; Verlag C. H. Beck, 2. Aufl. 1985
- 4) Professor Dr. Siegfried Rösch
BIBLIOTHEK FAMILIENGESCHICHTLICHER ARBEITEN BAND XVI GOETHES VERWANDTSCHAFT
Versuch einer Gesamtverwandtschaftstafel mit Gedanken zu deren Theorie
Teil 1: Einführung in die Quantitative Genealogie
Neustadt an der Aisch 1954; VERLAG DEGENER & Co., INHABER GERHARD GESSNER
Download hier: <https://re-koeln.de/roesch/Goethes-Verwandschaft.pdf>
- 5) Homepage von Arndt Richter: www.geneTalogie.de
- 6) Über den autosomalen Verwandtschaftsgrad; S. Rösch 1954; Download hier:
<https://www.upstalsboom.org/download/77/forschungsergebnisse/2875/ueber-den-autosomalen-verwandtschaftsgrad-roesch-1954.pdf>
- 7) Verwandtschaft messbar machen; Eine kurze Einführung in die Quantitative Genealogie
Weert Meyer ; 2021 Download hier
<https://www.upstalsboom.org/download/77/forschungsergebnisse/2732/verwandtschaft-messbar-machen-eine-einfuehrung.pdf>