

# Zur problematischen Beziehung zwischen mathematischer multivariater Analyse und physischer Anthropologie

Gerrit Nanning van Vark

## Einleitung

In einer Buchbesprechung von VAN VARK und HOWELLS (1984), *Multivariate Statistical Methods in Physical Anthropology*, sagte der bekannte englische Statistiker Michael HEALY, daß »Physical anthropology has been the nursery of multivariate methods« (physische Anthropologie war die Kinderstube der multivariaten Verfahren; HEALY 1985).

Der Grund für diese Beziehung ist einfach zu verstehen. Massen von Skelettfunden, damals sowie heute wichtige Forschungsdaten für die Anthropologie, sind innerhalb von Populationen (zur Definition von »Population« in diesem Kontext siehe VAN VARK & SCHAAFSMA 1992, 226) des »anatomisch modernen« Menschen normalverteilt, und die Korrelationsmatrizen dieser Populationen sind annähernd die gleichen. Das impliziert, daß die zuerst entwickelten mathematischen multivariaten Verfahren einen guten Ausgangspunkt für die damals noch relativ einfachen Berechnungen bildeten. Weniger verständlich ist, daß die Anwendung dieser Verfahren in der physischen Anthropologie im Moment sehr eingeschränkt ist, und zwar besonders deswegen, weil mit dem Vorhandensein von immer besseren, benutzerfreundlicheren Computern die umfangreichen Berechnungen, die bei der praktischen Anwendung später entwickelter multivariater Verfahren erforderlich sind, möglich wurden. Leider muß man erkennen, daß infolge dieser nicht optimalen Situation die mathematische multivariate Analyse bislang nur wenig zur prähistorischen Anthropologie und zur Paläoanthropologie beigetragen hat.

Hierfür können verschiedene Gründe angeführt werden. Einer der Hauptgründe ist zweifelsohne, daß die mathematische multivariate Analyse nur dann effektiv angewandt werden kann, wenn die von Mathematikern entwickelten Basismethoden den spezifischen anthropologischen Problemen angepaßt werden. Leider werden im Moment fast ausschließlich die obenerwähnten, traditionellen Basismethoden benutzt mit der Konsequenz, daß man häufig verzerrte und sogar strittige Ergebnisse erhält, die das Vertrauen in die mathematischen multivariaten Methoden nicht gerade stärken. Es liegt auf der Hand anzunehmen, daß der Grund für dieses Vorgehen in erster Linie auf der mangelhaften Kenntnis der Anthropologen bezüglich der komplexen mathematischen multivariaten Verfahren beruht. Man könnte sagen, daß dadurch eine gewisse Furcht generiert wird mit der Konsequenz, daß viele Kollegen lieber nicht mit diesen Verfahren arbeiten. Es wäre aber unrichtig anzunehmen, daß dies die einzigen Gründe für die schlechten Beziehungen zwischen der mathematischen multivariaten Analyse und der physischen

Anthropologie sind. Weitere wichtige Gründe sind, daß für eine effektive Anwendung der betreffenden Methoden viel Vorarbeit geleistet werden muß: Computerprogramme müssen geschrieben werden, Daten gesammelt und die Brauchbarkeit von neu entwickelten Methoden empirisch überprüft werden. Das alles kostet Zeit und Geld. Außerdem sollte die Zusammenarbeit mit einem an der Anthropologie interessierten Statistiker gesucht werden, was nicht immer eine einfache Aufgabe ist. Zusammengefaßt kann man sagen, daß viele Kollegen einfach nicht in der Lage sind, sich mit den Methoden richtig vertraut zu machen, sie deswegen nicht schätzen und kaum die Möglichkeit haben, sie anzuwenden, auch wenn sie das gerne tun würden. Hierzu gehört auch, daß viele Anthropologen nicht wissen, wie sie die Ergebnisse dieser Verfahren auswerten sollen und deshalb auf diese Ergebnisse ganz verzichten.

In der vorliegenden Arbeit wird, nach einigen allgemeinen Ausführungen über die Anwendung mathematischer multivariater Verfahren in der heutigen anthropologischen Praxis, anhand einiger Beispiele gezeigt, wie man mittels gewisser, oft nur geringfügiger Anpassungen an die üblichen mathematischen Methoden brauchbare Resultate bekommen kann, die von wesentlichem Interesse für die physische Anthropologie sein können.

Im ersten Beispiel besprechen wir eine mittlerweile schon dreißig Jahre alte Methode zur Geschlechtsbestimmung prähistorischer Individuen auf Grund von Skelettüberresten. Ein weiteres Beispiel wird der Paläoanthropologie entnommen. Dieses Beispiel betrifft die Rekonstruktion von evolutionären und phylogenetischen Tendenzen bei den späteren Hominiden.

Einige Schlußworte sind der Frage gewidmet, welche praktischen Maßnahmen getroffen werden sollten, um die heutige Situation zu verbessern.

## Einige Anmerkungen über die Stellung mathematischer multivariater Verfahren in der heutigen anthropologischen Praxis

Wie erwähnt werden im Moment fast ausschließlich mathematische multivariate Basismethoden angewandt ohne Rücksicht auf später entwickelte Anpassungen, die es ermöglichen, diese mathematischen Verfahren effektiv zu benutzen. Das gilt für die Anthropologie wie auch für verschiedene andere Disziplinen. Ein klares Beispiel zeigt die Berechnung und Benutzung der Trennstärke der Diskriminanzfunktion. Bekanntlich ist die Diskriminanzanalyse bei weitem die wichtigste mathematische multivariate Methode für die physische Anthropologie. Die Trennstärke der Diskriminanzfunktion ist ein Basiskonzept dieser Methode. Im Moment besteht hierüber aber große Verwirrung.

Die betreffende Trennstärke wird berechnet aus den Meßwerten von Individuen der sogenannten Ausgangsstichproben. Die derart berechnete Trennstärke überschätzt aber die Trennstärke der berechneten Funktion für

- a) die zu vergleichenden Populationen,
- b) die zu klassifizierenden Individuen,

und zwar um so mehr, je kleiner der Quotient der Umfänge der Ausgangsstichproben und die Zahl der ausgewählten Variablen sind (Für eine ausführliche Diskussion und einige Beispiele siehe VAN VARK & VAN DER SMAN 1982).

Dieses Problem stellt sich im Besonderen in der Paläoanthropologie, wo die Umfänge der Stichproben fast ausnahmslos sehr klein sind. Trotzdem stößt man in der Literatur nicht selten auf Arbeiten, in denen Diskriminanzfunktionen mit vielen Variablen angewandt werden. Leider bedeutet das, daß in diesen Arbeiten eher die Fehler statt die Biologie interpretiert werden. Es gibt aber seit zwei Jahrzehnten Formeln, die die Trennstärke für die Umfänge der Ausgangsstichproben und die Zahl der Variablen korrigieren (siehe z. B. VAN VARK 1976; VAN VARK & VAN DER SMAN 1982; VAN VARK & SCHAAFSMA 1992). Diese Formeln sind bis jetzt jedoch kaum benutzt worden. Es ist klar, daß man so nicht weiterkommt.

Es spricht ebenso für sich, daß falsche Anwendungen wie z. B. die oben erwähnten nicht zur Popularität mathematischer multivariater Prozeduren beitragen. Es ist denn auch durchaus verständlich, daß viele Kollegen sich fragen, was diese Methoden überhaupt bringen. Unsere Antwort: Im Prinzip sehr viel, aber um das zu erreichen, sollte Einiges geändert werden. Aber zuerst zu der Frage: Was bringen diese Methoden?

Im Vergleich mit der morphognostischen Diagnostik bietet die mathematische multivariate Analyse verschiedene wichtige Vorteile. Es ist gut, dabei zu realisieren, daß sowohl morphognostische wie mathematisch-statistische Vergleiche von Populationen, Stichproben und Individuen, falls sie auf mehreren Merkmalen basieren, multivariat-statistische Methoden sind. Die technische Ausarbeitung ist aber grundverschieden. Bei einer morphognostischen Diagnose werden auf mehr oder weniger intuitiver Basis eine gewisse Zahl von Variablen selektiert und angewandt und jeder dieser Variablen ein gewisses Gewicht gegeben. Bei Anerkennung dieser Gewichte werden die Korrelate zwischen den Variablen aber nicht oder kaum berücksichtigt. Das alles impliziert, daß, im Gegensatz zu einer professionell durchgeführten mathematischen Analyse, nicht nach rigiden Kriterien selektierte Variablen benutzt werden, die außerdem nicht nach ihren unabhängigen Beiträgen für die Diagnose herangezogen und gewertet worden sind. Es gibt infolgedessen keinen Grund zu der Annahme, daß diese Gewichte vieles oder auch nur wenig mit den Gewichten gemein haben, die bei einer mathematischen Analyse erzeugt werden. Die morphognostische Methode wird infolgedessen u. a. zu einer größeren Fehlklassifikationswahrscheinlichkeit führen. (Interessant ist dabei, daß bei der mathematischen Analyse Informationen mitberücksichtigt werden, die bei einer visuellen Analyse überhaupt nicht beobachtet werden können. Vgl. VAN VARK &

SCHAAFSMA 1992, Abb. 2, und VAN VARK 1995, Abb. 4). Außerdem ist es bei einer rein visuellen Analyse unmöglich, die Wahrscheinlichkeit, daß ein Individuum richtig klassifiziert worden ist, zu berechnen oder, einfacher gesagt, man hat oft keine Ahnung, inwieweit die Resultate zuverlässig sind. Man könnte über die spezifischen Vorteile der mathematischen Verfahren vieles mehr sagen, aber wir möchten uns hier beschränken, darauf hinzuweisen, daß numerische Daten relativ einfach standardisiert, reproduziert und ausgewechselt werden können, was erheblich zur Objektivierung der Resultate beiträgt. Es gibt natürlich auch Nachteile. Gegenüber den genannten klaren Vorteilen der mathematischen Verfahren steht der Nachteil, daß bei einer mathematischen Analyse das Studienmaterial ersetzt wird durch numerische Daten, was bedeutet, daß ein Großteil der vorhandenen morphologischen Informationen nicht benutzt wird.

Die beiden Methoden unterscheiden sich also in den angewandten Daten sowie in der technischen Verarbeitung der Daten. Das impliziert, daß im Prinzip jede dieser Methoden ihren eigenen Wert hat. Infolgedessen ist es in manchen Fällen zu empfehlen, beide Methoden anzuwenden, damit die betreffenden Probleme von verschiedenen Seiten beleuchtet werden können. Dabei bietet aber die mathematische multivariate Analyse, falls korrekt angewandt, essentielle neue Möglichkeiten. In den folgenden Abschnitten werden dafür einige Beispiele gegeben.

### Beispiel 1: Die Geschlechtsdiagnose prähistorischer Skelettserien

Die Geschlechtsdiagnose prähistorischer Skelettserien stellt ein wichtiges Problem in der prähistorischen Anthropologie dar, nicht nur wegen der Bestimmung der demographischen Verhältnisse, sondern auch, weil diese Diagnose beim Populationsvergleich eine wichtige Rolle spielt. Der morphologische Unterschied zwischen den beiden Geschlechtern einer Population, wie er sich in den multivariaten Abstandsmaßen widerspiegelt, ist nicht selten größer als der übereinstimmende Unterschied zwischen zwei verschiedenen Populationen. Das impliziert, daß, bevor man die Berechnung von Schätzwerten von Populationsabständen durchführt, der Prozentsatz von männlichen und weiblichen Individuen in den zu vergleichenden Stichproben gleichgestellt werden soll. Dazu ist erforderlich, daß das Geschlecht der betreffenden Individuen im voraus bekannt ist.

Die Basisdiskriminanzanalyse, die in den dreißiger Jahren von FISHER entwickelt wurde (FISHER 1936), reicht für eine Lösung dieses Problems nicht aus. Der Grund dafür ist, daß unterschiedliche Populationen unterschiedliche Skelettmaße und Mittelwerte aufweisen, was sich in unterschiedlichen Diskriminanzfunktionswerten ausdrückt. Das bedeutet, daß man die geschätzten Parameter, die den Verteilungen von Diskriminanzfunktionswerten von Stichproben rezenter Populationen entnommen werden, nicht ohne weiteres anwenden kann, um prähistorische Skelettfunde nach dem Geschlecht zu klassifizieren (vgl. Abb. 1).

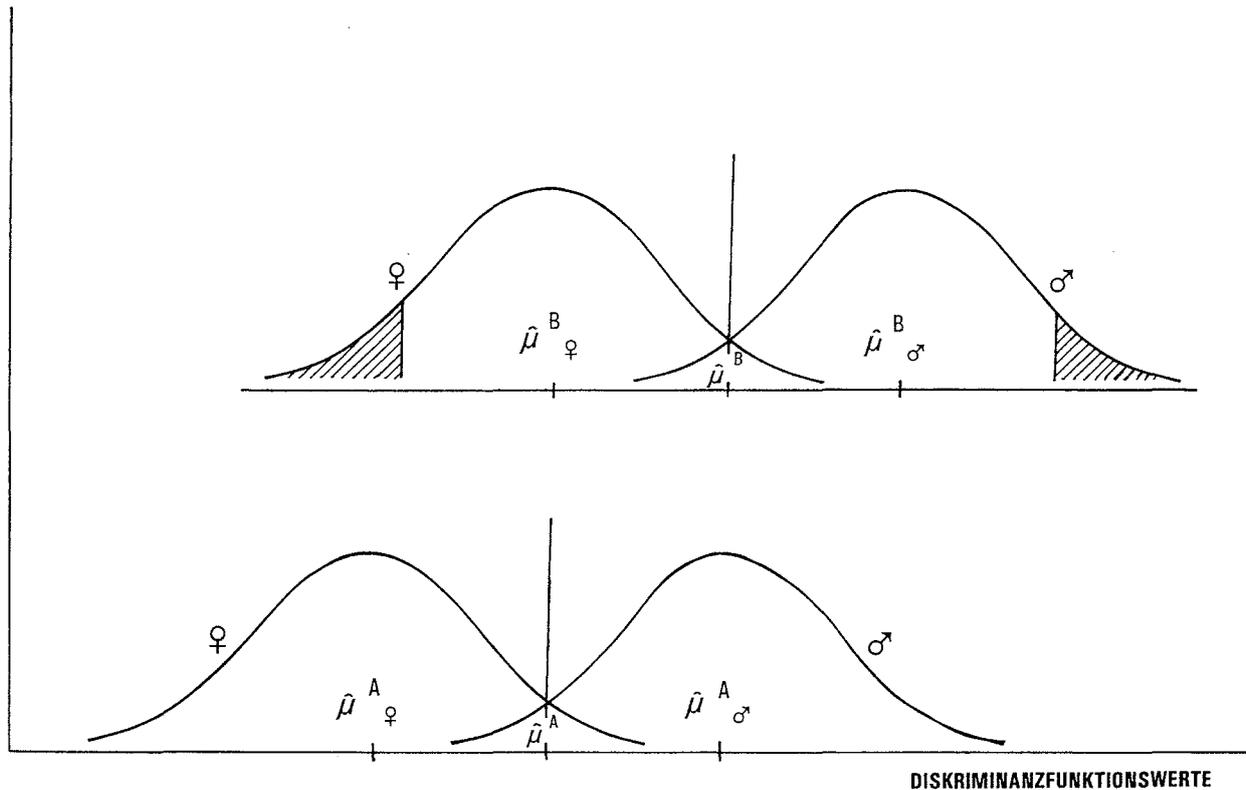


Abb. 1: Kurven von weiblichen und männlichen Verteilungen von Diskriminanzfunktionswerten nicht gesiebter Stichproben aus zwei Populationen, A und B. Die betreffenden Verteilungen sind in den Stichproben aus den zwei Populationen sehr verschieden, sodaß man die Geschlechtsdiagnose eines Individuums aus Population B nicht ohne weiteres aufgrund der Verteilungen der Stichproben aus Population A stellen kann. Es wären in dem Falle die Hälfte aller weiblichen Individuen aus Population B falsch klassifiziert, da der kritische Wert  $\hat{\mu}^B$  gleich dem Mittelwert  $\hat{\mu}^B_{\text{♀}}$  der Frauen aus Population B ist. Eine Lösung bietet im Prinzip die IDA. Bei dieser Variante der Diskriminanzanalyse wird vorausgesetzt, daß das Geschlecht von den am meisten femininen bzw. am meisten maskulinen Individuen der zu klassifizierenden Serie (der schraffierten Teile) im voraus bekannt ist. Mittels eines iterativen Prozesses werden mit dieser Methode sodann Diskriminanzfunktionswerte und der kritische Wert  $\hat{\mu}^B$  berechnet, aufgrund dessen dann alle Individuen dieser Serie nach ihrem Geschlecht klassifiziert werden.

Dieses Problem läßt sich jedoch in vielen (allerdings nicht allen) Fällen mit relativ einfachen Anpassungen an der Basistechnik bewältigen. Bei VAN VARK et al. (1996) sind dazu vier verschiedene Methoden erwähnt. Auf eine davon, die sogenannte iterative Diskriminanzanalyse (IDA), möchten wir hier kurz eingehen. Man geht folgendermaßen vor:

1. Es werden einige Individuen herausgesucht, deren Geschlechtsunterschiede am Skelett derart ausgeprägt sind, daß man schon nach einigen isolierten Skeletteilen das Geschlecht sicher bestimmen kann. (Zu diesem Schritt gibt es Alternativen für unterschiedliche Situationen).
2. Es wird eine Diskriminanzfunktion berechnet, wobei man nur von den Meßwerten der ausgesuchten Individuen ausgeht.
3. Für alle anderen Individuen der Serie werden die Werte dieser Diskriminanzfunktion berechnet.
4. Der zweite Schritt wird wiederholt mit dem Unterschied, daß dasjenige Individuum, dessen Diskriminanzfunktionswert am weitesten von dem kritischen Wert  $\hat{\mu}$  (halbwegs dem männlichen und weiblichen Durch-

schnittswert) der zuerst berechneten Diskriminanzfunktion entfernt ist, in die Berechnung einbezogen wird.

5. und folgende. Der Prozeß wird wiederholt, bis zum Schluß alle Individuen in die Berechnung einbezogen sind.

Die Methode wurde 1966 von uns entwickelt; 1967 wurde darüber erstmalig referiert (und zwar auf der Tagung der Gesellschaft für Anthropologie und Humangenetik in Königstein); danach wurde sie verschiedene Male veröffentlicht, u. a. in deutscher Sprache (VAN VARK 1971). Wir konnten dabei zeigen, daß diese Variante der Diskriminanzanalyse (unter bestimmten Bedingungen) der Basisdiskriminanzanalyse von FISHER (FISHER 1936), die voraussetzt, daß von allen Individuen, die an der Berechnung der Diskriminanzfunktionen beteiligt sind, das Geschlecht im voraus bekannt ist, nicht nachsteht. Die Methode bietet gewiß noch weitere Möglichkeiten (wie eventuell eine – abgesehen von biologischen Grenzen – hundertprozentig korrekte Geschlechtsdiagnose von prähistorischen Schädelserien), falls andere Variablen, die zum Beispiel einer Fourieranalyse entnommen werden können, angewandt

werden (vgl. NOVOTNY et al. 1993). Leider muß man feststellen, daß in den vergangenen dreißig Jahren die Methode durch keinen anderen Anthropologen benutzt worden ist. Diese Feststellung ist beispielhaft für das geringe Interesse, das Anthropologen an den spezifischen multivariaten Methoden zeigen.

## Beispiel 2: Die Rekonstruktion der hominiden Phylogenie

Das zweite Beispiel betrifft, wie erwähnt, die Paläoanthropologie. Man könnte sagen, daß besonders in diesem Bereich die Anwendung mathematischer multivariater Verfahren im Moment sehr unbefriedigend ist. Und zwar nicht nur, weil sie so wenig benutzt werden, sondern auch, weil man die zahlreichen und relativ großen methodologischen Probleme, die hier vorliegen, nur unzureichend unterscheidet und berücksichtigt. Es handelt sich um Probleme, die jedes für sich eine Anwendung von nur mathematischen multivariaten Basismethoden fast völlig sinnlos machen. Die wichtigsten Probleme sind die folgenden:

1. Die vielfach äußerst geringen Stichprobenumfänge.
2. Die unbekannt, relativ unterschiedlichen Kovarianzmatrizen der zu vergleichenden Populationen (das heißt Populationen, die oft zu unterschiedlichen Genera, Arten oder/und Unterarten gehören).
3. Die oft unbekannt Anzahl der Populationen im vorhandenen Material.
4. Der im Durchschnitt schlechte Erhaltungszustand des Materials.

Auch hier gilt aber, daß die Probleme mittels nur geringer Anpassungen an die Basistechnik gelöst werden könnten. Wir können in dieser Kurzfassung nicht auf die betreffenden Methoden eingehen (wir verweisen dafür auf VAN VARK 1995), sondern wollen nur einige praktische Resultate hervorheben, die einen gewissen Eindruck von der Effektivität der Methoden geben.

1981 stellten wir, ausgehend von den spezifischen Problemen angepaßten multivariaten Verfahren, fest, daß die Schädel von Petralona, Steinheim und Kabwe (Broken Hill) nach dem angewandten mathematischen Standard einander relativ ähnlich sind, und eine weit größere Distanz zum modernen Menschen aufweisen als ältere *H. erectus*-Schädel aus Asien; ein damals überraschendes, sogar unwahrscheinliches Resultat, das wir daraufhin mit verschiedenen anderen Variablensätzen, Kovarianzmatrizen und Computerprogrammen überprüft haben. Hierbei wurden immer wieder die obengenannten Abstandsverhältnisse bestätigt, das heißt, daß der relativ große Abstand der drei erwähnten Schädel zum modernen Menschen bei anderen Variablensätzen bestätigt wurde und daß zudem nach dem zugehörigen Testverfahren die drei Schädel auf dem 5 % Niveau einen signifikant größeren Abstand zum Schädel des modernen Menschen haben als die asiatischen *H. erectus*-Schädel (vgl. VAN VARK 1984, 1985 a, 1985 b).

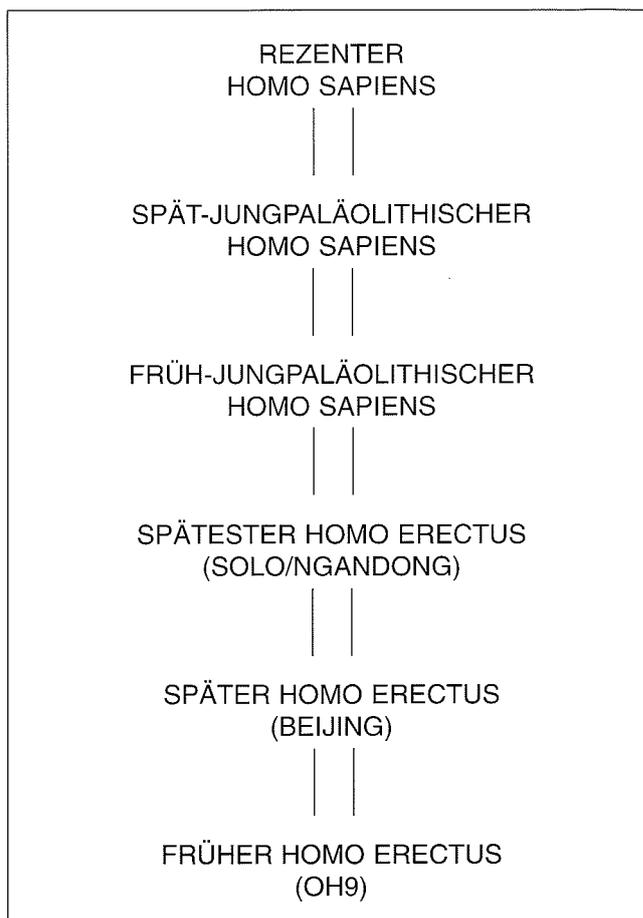


Abb. 2: Hierarchisches Schema der morphologischen Abstände zwischen sechs chronologisch sukzessiven hominiden Gruppen, basierend auf verschiedenen multivariaten Testverfahren. (vgl. VAN VARK 1995; STEERNEMAN et al. 1995). Die Abstände wurden aus den Schädelmaßen berechnet.

Aufgrund dieser Ergebnisse wurden zwei Hypothesen aufgestellt. Die erste lautet, daß es seit wenigstens einer Million Jahren zwei unabhängige Abstammungslinien gegeben hat, die sich beide in Richtung wachsender Hominisation entwickelt haben. Populationen der ersten Linie lebten im Mittleren Pleistozän in Ostasien, die der zweiten in Europa und Afrika. Die zweite Hypothese beinhaltet, daß die Europäisch-Afrikanische Linie ausgestorben ist und der moderne Mensch von der ersten, asiatischen Linie abstammt.

Das war also 1981. Die Hypothesen sind seitdem verschiedene Male veröffentlicht worden (z. B. VAN VARK 1983 a, 1983 b, 1984, 1985 a, 1985 b), aber mit einigen Ausnahmen, in denen sie nur kurz angesprochen wurden (WOLPOFF 1989; HOWELLS 1993 und RIGHTMIRE 1996), hat bis jetzt keiner darauf reagiert.

Anfang der neunziger Jahre wurden weitere mathematische Testverfahren entwickelt, die die beiden Hypothesen unterstützten (STEERNEMAN et al. 1995; VAN VARK et al. 1995). Besonders seit den neuen Funden von Atapuerca, Spanien, sind heute viele Paläoanthropologen der Meinung, daß es tatsächlich zwei derartige Linien gegeben hat, eine in Europa und Afrika (u. a. vertreten von *H. hei-*

*delbergensis*) und eine zweite in Asien (vertreten vom späten *H. erectus*); eine Meinung, die also die erste, fünfzehn Jahre alte Hypothese bestätigt. Das trifft nicht für die zweite oben erwähnte Hypothese zu: Die Kollegen, die meinen, diese zwei Linien unterscheiden zu können, sind im allgemeinen der Auffassung, daß sowohl der Neanderthaler als auch der moderne Mensch von *H. heidelbergensis* abstammen, und daß infolgedessen der asiatische *H. erectus* eine Sackgasse darstellt. Unsere Berechnungen indizieren hingegen, daß nur der Neanderthaler von *H. heidelbergensis* abstammt, der moderne Mensch aber vom asiatischen *H. erectus* (dessen Nachfolger, nach weiteren Untersuchungen, auf die wir hier nicht eingehen können, zum Teil später in den Mittleren Osten und Afrika übersiedelten; vgl. VAN VARK 1995, 1996). Das impliziert, daß die Trennung der Phylogenie des Neanderthalers und des modernen Menschen vor sehr langer Zeit stattgefunden hätte, das heißt vor einer Million Jahren oder noch erheblich früher.

Viele weitere Beispiele könnten hier gegeben werden, wie z. B. von Berechnungen, die es annehmbar machen, daß die Evolution der beiden obengenannten Linien mehr oder weniger parallel in eine Richtung von wachsender Hominisation gelaufen ist, daß chronologisch sukzessive jungpaläolithische und mesolithische Populationen fortlaufende evolutionäre Stadien zwischen *H. erectus* und den modernen Menschen vertreten (siehe Abb. 2) und daß die Evolution des Menschen wenigstens seit der Zeit des frühen *H. erectus* eine Beschleunigung aufweist. Von Bedeutung ist, daß alle diese Tendenzen nur mit Hilfe von Zahlen, die auf spezifischen multivariaten Verfahren basieren, aufgezeigt bzw. getestet werden können. Funktionieren können diese Verfahren aber nur, wenn die Resultate der betreffenden Berechnungen in der gängigen Diskussion mitberücksichtigt werden oder, besser noch, wenn viele Anthropologen sich an der Anwendung dieser Verfahren beteiligen.

## Diskussion

Was bedeuten nun letztere Ergebnisse und die diesen zugrundeliegenden spezifischen Verfahren für die Beziehung zwischen der mathematischen multivariaten Analyse und der Paläoanthropologie? Im Moment kann die Antwort nur negativ sein: Bis heute nur sehr wenig oder nichts. Die Annahme liegt auf der Hand, daß, nebst den einleitend genannten Faktoren hierbei auch eine Rolle spielt, daß es in diesem Bereich im Moment nicht, wie es zum Beispiel bei der Geschlechtsdiagnose von Skeletten prähistorischer Individuen der Fall ist, einen »goldenen Standard« gibt, mit dessen Hilfe die Resultate der Berechnungen überprüft werden können. Es gibt aber in vielen Fällen Möglichkeiten, Unterstützung für die erhaltenen Resultate zu bekommen, sei es durch mehrere Berechnungen basierend auf unterschiedlichen mathematischen Prozeduren, sei es durch Untersuchungsergebnisse anderer Art, zum Beispiel aus der Molekularbiologie.

Die mathematische multivariate Analyse kann, falls kor-

rekt angewandt, ein wichtiges Hilfsmittel sein für das Aufspüren von evolutionären Tendenzen und phylogenetischen Beziehungen. Unseres Erachtens bietet sie dazu einen besseren Ausgangspunkt als die Kladistik, so wie diese im Moment im Rahmen der Hominidenforschung angewandt wird. Bei derartigen Analysen werden a) eine erhebliche Informationsreduktion durchgeführt, indem kontinuierliche Variablen ersetzt werden durch binäre Variablen, b) keine Rücksicht genommen auf die (oft überlappende) Verteilung der Variablen, c) die Korrelationen zwischen den Variablen nicht berücksichtigt, d) das »parsimony«-Kriterium angewandt statt Rücksicht zu nehmen auf die Parameter der Verteilungen der Variablen. Auf diese Weise werden statistische Gesetze mit den Füßen getreten. Es ist denn auch verständlich, daß die bisherigen Resultate von kladistischen Analysen der hominiden Phylogenie nicht mit den ursprünglichen Erwartungen übereinstimmen (vgl. HABGOOD 1989; TRINKAUS 1990; CORRUCINI 1990; BRAUER & MBUA 1990). Nach unserer Meinung kann die Kladistik nur in Sonderfällen, wobei es sich eher um außerordentliche strukturelle Komplexe handelt, erfolgreich eingesetzt werden. Überzeugende Beispiele können bis jetzt aber nicht genannt werden.

Die der Paläoanthropologie heute zur Verfügung stehenden Methoden bieten nur ein beschränktes Spektrum an Untersuchungsmöglichkeiten. Wir können uns also nicht den Luxus erlauben, fortgeschrittene mathematische multivariate Methoden zu vernachlässigen, wie das jetzt geschieht. Das Gleiche gilt für die prähistorische Anthropologie, wobei die Forschungsmöglichkeiten in diesem Bereich größer sind.

Die Schlußfrage der zur Diskussion stehenden Betrachtungen sollte daher lauten: Wie könnte man die Beziehungen zwischen der multivariaten Analyse und der Anthropologie dahingehend ändern, daß die betreffenden Methoden erfolgreicher bei anthropologischen Forschungen eingesetzt werden? Aus dem, was wir darüber in der Einleitung gesagt haben, könnte man schließen, daß in erster Linie der Unterricht verbessert werden sollte. Wir hoffen, dazu einen Beitrag liefern zu können mit Lehrgängen, bei denen am Morgen der anthropologischen Problematik angepaßte Methoden schrittweise behandelt werden und am Nachmittag desselben Tages die besprochenen Methoden mit dem Computer geübt werden. Dabei werden jedem Teilnehmer ein Computer und eine Diskette mit den Programmen der Methoden sowie Datenmaterial zur Verfügung gestellt die er/sie nachher mit nach Hause nehmen kann. Abhängig von dem Interesse könnte dieser Unterricht ausgebaut werden. Die Lehrgänge werden im Newsletter der European Anthropological Association angekündigt werden.

Natürlich können derartige Lehrgänge nur einen Schritt darstellen und es sind noch viele anderen Maßnahmen erforderlich, um die genannte Zielsetzung zu erreichen. Nur wenn zahlreiche Anthropologen (und Statistiker!) sich daran beteiligen, d. h. umfangreiche Erfahrungen mit den mathematischen multivariaten Methoden gewonnen werden, können diese Methoden vollwertig in die Anthropol-

logie integriert werden. Erst dann wird die Beziehung zwischen der mathematischen multivariaten Analyse und der physischen Anthropologie wieder so eng sein wie sie anfangs war.

## Danksagung

Herrn D. KUIZENGA möchte ich für die technische und administrative Unterstützung danken.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. G. N. van Vark

Department of Anatomy and Embryology of the University

Oostersingel 69

NL-9713 EZ Groningen

The Netherlands

## Literatur

- BRÄUER, G. & MBUA, E. (1992): *Homo erectus* features used in cladistics and their variability in Asian and African hominids. *J. Hum. Evol.* 22, 79–108.
- CORRUCCINI, R. S. (1990): Review of SJ Gould. – Wonderful Life: The Burgess Shale and the Nature of History. New York: Norton.-Human Evol. 5, 579–587.
- ELDRIDGE, N. & TATTERSALL, I. (1975): Evolutionary models, phylogenetic reconstruction, and another look at hominid phylogeny. In: F. S. SZALAY (Hrsg.): Approaches to Primate Paleobiology. Karger, Basel 218–242.
- FISHER, R. A. (1936): The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Ann. Eug.* 8, 179–188.
- HABGOOD, P. J. (1989): An investigation into the usefulness of a cladistic approach to the study of the origin of anatomically modern humans. *Human Evolution* 4, 241–252.
- HEALY, M. J. R. (1985): Review of van Vark GN, Howells WW (Hrsg.) – Multivariate Statistical Methods in Physical Anthropology. Reidel, Dordrecht.-Biometrics 41, 345.
- HENNIG, W. (1950): Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik. [Phylogenetic Systematics. University of Illinois Press, Urbana, 1966 (translation).]
- HOWELLS, W. W. (1993): Getting here. The story of human evolution. The Compass Press, Washington DC.
- NOVOTNY, V., VACCA, E., VANZATA, V. & PESCE DELFINO, V. (1993): Differenze sessuali rilevabili sulla incisura ischiadica major del bacino dell'uomo: confronto tra analisi metrica e analisi della forma. *Anthropologia Contemporanea* 16, 229–237.
- RIGHTMIRE, G. P. (1996): The human cranium from Bodo, Ethiopia: evidence for speciation in the Middle Pleistocene. *J. of Human Evolution* 31, 21–39.
- TATTERSALL, I. (1986): Species recognition in human palaeontology. *J. Hum. Evol.* 15, 165–176.
- TRINKAUS, E. (1990): Cladistics and the hominid fossil record. *Am. J. Phys. Anthropol.* 83, 1–11.
- VAN VARK, G. N. (1971): Eine Methode zur Geschlechtsbestimmung prähistorischer Individuen auf Grund von Skelettüberresten. *Homo* 22, 76–84.
- VAN VARK, G. N. (1976): A critical evaluation of the application of multivariate statistical methods to the study of human populations from their skeletal remains. *Homo* 27, 94–114.
- VAN VARK, G. N. (1983 a): On the phylogenetic position of the Petralona skull. *Avθρωπος* 10, 88–92.
- VAN VARK, G. N. (1983 b): Did our *Homo erectus* ancestors live in Eastern Asia? *Homo* 24, 148–153.
- VAN VARK G. N. (1984): On the determination of hominid affinities. In: G. N. VAN VARK & W. W. HOWELLS (Hrsg.): Multivariate Statistical Methods in Physical Anthropology. Reidel Publishing Cy., Dordrecht. 323–349.
- VAN VARK, G. N. (1985 a): Some aspects of the reconstruction of human phylogeny with the aid of multivariate statistical methods. In: K. C. MALHOTRA & A. BASU (Hrsg.): Proceedings of the Indian Statistical Institute Golden Jubilee International Conference on Human Genetics and Adaptation, February 1982, Vol. 1, 64–77.
- VAN VARK, G. N. (1985 b): Multivariate analysis in physical anthropology. In: P. R. KRISHNAIAH (Hrsg.): Multivariate Analysis VI. North Holland, Amsterdam, 599–611.
- VAN VARK, G. N. (1995): The study of hominid skeletal remains by means of statistical methods. In: N. T. BOAZ & L. D. WOLFE (Hrsg.): Biological Anthropology: The State of the Science. International Institute for Human Evolutionary Research. Bend, OR, 71–90.
- VAN VARK, G. N. (1996): Out of Africa preceded by Out of Asia. Proceedings of the Congreso Internacional de Paleontología Humana, Orce, Spain, September 1995. Im Druck.
- VAN VARK, G. N., BILSBOROUGH, A. & HENKE, W. (1992): Affinities of European Upper Paleolithic *Homo sapiens* and later human evolution. *J. Hum. Evol.* 23, 401–417.
- VAN VARK, G. N., AMESZ-VOORHOEVE, W. H. M., STEERNE-MAN, A. G. M. & READ, D. W. (1995): A new statistical test for the comparison of the standardized differences corresponding to two different measurements: The case of Petralona and Kabwe. *J. Quantitative Anthropology* 5, 215–238.
- VAN VARK, G. N., AMESZ-VOORHOEVE, W. H. M. & CUIJPERS, A. G. M. (1996): Sex-diagnosis of human cremated skeletal material by means of mathematical-statistical and data-analytical methods. *Homo* 47, 305–338.
- WOLPOFF, M. H. (1989): Multiregional evolution: The fossil alternative to Eden. In: P. MELLARS & C. B. STRINGER (Hrsg.): The Human Revolution, Behavioral and Biological Perspectives on the Origin of Modern Humans, Edinburgh University Press, Edinburgh, 62–108.