© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Zur Gattungs- und Artbestimmung von *Neomys*-Schädeln — Gleichzeitig eine Einführung in die Methodik der optimalen Trennung zweier systematischer Einheiten mit Hilfe mehrerer Merkmale[1]

Von Paul Bühler

Eingang des Ms. 12. 8. 1963

I. Einleitung

Die moderne Systematik der Säugetiere zeichnet sich dadurch aus, daß sie die Kennzeichen von systematischen Einheiten nicht durch Untersuchung einzelner Individuen zu erfassen sucht, sondern durch den Vergleich von Serien. Dabei ergibt es sich häufig, daß ein Merkmal ausreicht, um die Mehrzahl der Individuen bestimmten systematischen Einheiten zuzuordnen, während ein Rest nicht sicher eingeordnet werden kann. Die sich dadurch ergebende Frage, ob die vorliegende Gruppierung echten systematischen Einheiten entspricht, muß dann bejaht werden, wenn mit Hilfe biometrischer Methoden gezeigt werden kann, daß die festgestellten Unterschiede mit ausreichender Wahrscheinlichkeit tatsächlichen Unterschieden der Populationen entsprechen und nicht zufälliger Natur sind. Wenn sich zusätzlich noch nachweisen läßt, daß die beiden Populationen nicht geographisch vikarieren, dann liegt die Berechtigung vor, solche Populationen als Vertreter verschiedener Arten zu betrachten (Rensch 1929, Herre 1961, Bühler 1963). Unter bestimmten Umständen ist es also möglich, das Vorhandensein zweier Arten nachzuweisen, obgleich eindeutig trennende Einzelmerkmale fehlen, mit denen es möglich wäre, alle fraglichen Individuen ihren Arten zuzuordnen. In der Paläontologie und bei der Analyse von Gewöllmaterial, wo der Untersucher sich im allgemeinen auf Skelettmerkmale beschränken muß, ist das Fehlen eindeutig trennender Merkmale noch häufiger und vielfach ein Hindernis bei der Aufklärung von systematischen Fragen und von Verbreitungsproblemen. Der Taxonom kann nun in solchen Fällen versuchen, eine bessere Trennung dadurch zu erreichen, daß er mehrere Merkmale in einem Index zusammenfaßt. Wie ein solcher Index zusammengesetzt wird, ist zunächst gleichgültig, er soll nur besser trennen als die Einzelmerkmale. Eine unendliche Anzahl von Indizes ist deshalb möglich. Es ergibt sich die Frage: Läßt sich der Index, der am besten trennt, berechnen? Tatsächlich hat schon in der ersten Hälfte der dreißiger Jahre der englische Statistiker R. A. Fisher ein entsprechendes Verfahren, die „discriminant analysis", entwickelt (Barnard 1935, Fisher 1936, 1938, 1940). Praktisch ist dieses Verfahren in der Biologie aber bis heute fast nur im englischen Sprachbereich angewandt worden. Das liegt bei uns vor allem daran, daß es an deutschsprachigen Arbeiten fehlt, aus denen die allgemeine Brauchbarkeit

[1] Herrn Prof. Dr. O. Pflugfelder zum 60. Geburtstag gewidmet.

Smithsonian Institution APR 10 1964

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

dieser Methode sichtbar wird. Außerdem fehlen Darstellungen der mathematischen Grundlagen, die auch dem mathematisch nicht vorgebildeten Biologen zugänglich und verständlich sind.

Im folgenden war es deshalb nötig, neben der Berechnung des gesuchten Artmerkmales, das die Schädel von *Neomys f. fodiens* Schreber und *Neomys anomalus milleri* Mottaz optimal trennt, eine Einführung in die Grundlagen der Diskriminanzanalyse zu bringen, die auch von einem mathematisch nicht spezialisierten Biologen verstanden werden kann. Außerdem werden einige notwendige Verbesserungen dargestellt werden, die es ermöglichen, die gefundenen diskriminanzanalytischen Ergebnisse präziser zu erfassen (Trennwirkung; Klassifizierung zweier Verteilungen mit ungleichen Standardabweichungen; Wahrscheinlichkeit von Fehlbestimmungen bei ungleichen Standardabweichungen; Überschneidungsbereich zwischen zwei Verteilungen mit ungleichen Standardabweichungen). Der Schädelindex, der dabei errechnet wird, soll eine sichere Unterscheidung von *milleri*- und *fodiens*-Schädelresten aus Eulengewöllen ermöglichen und damit die Unklarheit über die Verbreitung von *N. a. milleri* klären helfen.

II. Zur Problematik der Verbreitung von *Neomys anomalus milleri* Mottaz, 1907

1. Übersicht über die bisherigen Nachweise von *N. a. milleri*

Von der rundschwänzigen Wasserspitzmaus *Neomys anomalus milleri* waren bis etwa 1950 nur einzelne Fundorte in der Schweiz, in Italien, Frankreich, Nord-Ungarn und Süddeutschland bekannt. Sie galt als sehr selten; man nahm an, daß ihre Verbreitung hauptsächlich auf Teile des Alpengebietes beschränkt sei (Miller 1912, Wolf 1938, G. Niethammer 1953). Verschiedene Veröffentlichungen aus der ersten Hälfte der fünfziger Jahre (Bauer 1951, Kahmann 1952, J. Niethammer 1953, G. Niethammer 1953, Richter 1953, Löhrl 1955) zeigen aber, daß die Art ein wesentlich größeres Verbreitungsgebiet besitzt, als ursprünglich angenommen wurde: Man fand sie im gesamten Alpengebiet, im württembergischen und bayerischen Alpenvorland, im Bayerischen Wald, in Mittelsachsen, im Fichtelgebirge, im Riesengebirge, im Altvatergebirge, in den Beskiden und auf der Hohen Tatra. Heute gilt die Art als eine Form, die in Mitteleuropa zwar an vielen Orten vorkommt, aber auf die mittleren Alpenlagen und die höheren Gipfel der Mittelgebirge beschränkt ist (J. Niethammer 1956). Diese Vorstellung hat ihren Niederschlag auch bei van den Brink (1957) gefunden. Fänge aus den letzten Jahren zeigen aber, daß die Art in Deutschland auch in tieferen Lagen vorkommt: In Stuttgart-Hohenheim (385 m über N. N.) wurden seit 1955 neun Exemplare gefangen. Von diesen sind zwei in der Sammlung des Stuttgarter Naturkundemuseums; eines gelangte lebend in die Hände von Frau Dr. H. Zippelius, Bonn, und sechs sind in meiner Sammlung. Im Herbst 1962 gelang es bei Schorndorf (N-Württemberg, 265 m über N. N.) in nur 170 Fallennächten 13 Stück (!) zu fangen; aus Nordrhein-Westfalen besitzt J. Niethammer (1961) den Balg eines Tieres, das nur 150 m über N. N. gefangen wurde, und das erste in Sachsen gefangene Stück wurde 220 m über N. N. erbeutet (Richter 1963, briefl.). Aus dem östlichen Teil Europas ist die Art als Bewohnerin des ausgesprochenen Flachlandes bekannt: In Polen reicht ihr Verbreitungsgebiet nach Dehnel (1951) bis nach Białowieza und Grodno, also fast bis in die Breiten Ostpreußens. In der Ukraine ist sie unter anderem im Dnjepr-Tal bei Tscherkassy nachgewiesen (G. Niethammer nach Kunze 1935). Im Burgenland fing sie K. Bauer am Neusiedler See, 115 m über N. N. (Bauer 1960). Je mehr die Nachweise sich häufen, desto offensichtlicher wird es, wie lückenhaft unsere Kenntnisse über

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

die Verbreitung von *Neomys a. milleri* waren, und es ist wahrscheinlich, daß die Art noch in weiteren Gebieten Deutschlands unentdeckt vorkommt.

2. Zur Methodik von Studien der Verbreitung von *Neomys anomalus milleri*

Für die lückenhaften Kenntnisse scheinen mir zwei Ursachen vorzuliegen: Erstens wurden die typischen Biotope des *anomalus* bisher von Kleinsäugetierfängern wenig berücksichtigt: Die Art braucht feuchte oder nasse Biotope, kann sie aber nur dort besiedeln, wo die kräftigere und stärker spezialisierte *Neomys fodiens* fehlt. So ist die Art am Neusiedler See nach K. Bauer (1960) auf die landeinwärts liegenden Teile der Verlandungszone beschränkt, in denen *Neomys fodiens* nicht vorkommt. Dort, wo *N. fodiens* ganz fehlt, wie in Spanien, findet man *N. anomalus* an Bächen, Teichen, Seen und Flüssen (J. Niethammer 1956). Bei uns in Mitteleuropa aber bestehen ihre Rückzugsbiotope vor allen aus sumpfigen Wiesen, kleineren Bächen und ähnlichem. Es ist bezeichnend, daß alle 19 Tiere, die ich bisher fangen konnte, sich an Bächen fingen, die weniger als 1 m breit sind. Gerade diese „Zwischenbiotope" werden aber im allgemeinen beim Fallenstellen wenig berücksichtigt, da sie weder land- noch forstwirtschaftlich bedeutsam sind und zunächst auch faunistisch wenig zu bieten scheinen. Wie weitgehend *N. anomalus milleri* auch trockenere Gebiete besiedelt, wieweit eine solche Besiedlung von Niederschlagsmenge und Luftfeuchtigkeit abhängt (Kahmann 1952, J. Niethammer 1953, Bauer 1951, 1960), ob sie vom Populationsdruck der *Sorex*- und *Crocidura*-Arten abhängt oder eine ethologische oder physiologische Differenzierung darstellt, die auf bestimmte Populationen beschränkt ist, ist noch ungeklärt.

Die zweite Ursache für die lückenhafte Kenntnis der Verbreitung von *Neomys anomalis milleri* liegt darin, daß die Schädelreste der beiden *Neomys*-Arten bis heute nicht sicher unterschieden werden konnten, so daß sich die Verbreitung bisher nicht durch Untersuchung von Gewöllen klären ließ: Weder die Schädellängen und -breiten, noch die oberen und unteren Zahnreihenlängen sind für eine Unterscheidung der beiden Arten geeignet. Gaffrey (1953) gibt zwar zwei Unterscheidungsmerkmale an (I^1 soll bei *fodiens* wesentlich länger sein als I^2, während diese beiden Zähne bei *milleri* etwa gleich lang sein sollen, und das Unteraugenhöhlenloch soll bei *N. fodiens* weiter vorne liegen als bei *N. anomalus milleri);* aber schon die Durchsicht von kleinen Schädelserien zeigt, daß keines der beiden Merkmale sich für eine sichere Bestimmung der Arten eignet. An 61 *N. f. fodiens*- und 45 *N. a. milleri*-Schädeln aus Mitteleuropa habe ich daraufhin nach anderen Merkmalen gesucht, die eine bessere Trennung ermöglichen sollten, aber ebenfalls ergebnislos. Die Häufigkeitsverteilungen einiger der untersuchten Merkmale sind aus Tabelle 1 bis 6 und Abb. 2 ersichtlich. Die beste Trennwirkung zeigt die Unterkieferasthöhe (x_2 auf Abb. 1 und 2), weil dieses Maß bei der kleineren Art dazuhin noch relativ klein ist. Eine vollständige Trennung wird aber auch durch dieses Merkmal nicht erreicht.

Wenn aber die Möglichkeit bestünde, die Schädel der beiden Arten sicher zu trennen, wäre die Unklarheit über die Verbreitung von *Neomys anomalus milleri* verhältnismäßig leicht zu klären, denn *Neomys*-Schädelreste aus Eulengewöllen liegen aus den verschiedensten Gegenden Mitteleuropas vor, und weiteres Material ist von Brut- und Schlafplätzen vor allem der Schleiereule relativ mühelos zu erhalten. Es war deshalb sehr naheliegend, die Trennung der beiden Arten durch eine Diskriminanzanalyse mehrerer Schädelmerkmale zu versuchen.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

III. Die Trennung von *Neomys f. fodiens*- und *N. anomalus milleri*-Schädeln mit Hilfe der Fisherschen Diskriminanzanalyse (D. A.)

Im folgenden wurden präparierte und trockene Schädel von in Fallen gefangenen Tieren untersucht. Ein Teil der untersuchten Stücke wurde mir von den Herren Dr. C. König, Ludwigsburg, und J. Niethammer, Bonn, zur Verfügung gestellt, denen ich an dieser Stelle meinen Dank aussprechen möchte.

1. Auswahl der verwendeten Merkmale

Als erstes ergibt sich die Frage, wie die Merkmale beschaffen sein müssen, die für eine Fishersche D. A. herangezogen werden können. Grundsätzlich können sie von verschiedenster Art sein, wenn sie sich nur numerisch erfassen lassen. Wenn man sich z. B. nicht auf den Schädel beschränkt, könnte man also Hinterfußlänge (in mm), Körpergewicht (in g), irgendwelche Winkelmaße des Schädels, Zahl der Schwanzwirbel und Chromosomenzahl in einer D. A. zusammenfassen, wenn sinnvolle Gründe dafür vorliegen sollten. Aus dieser Tatsache läßt sich erkennen, daß das Komplexmerkmal, das sich durch die D. A. aus den Einzelmerkmalen ergeben wird, im physikalischen Sinne dimensionslos sein muß, also mit keiner Dimensionsbezeichnung wie cm oder mm versehen sein darf; exakt läßt sich diese Tatsache durch eine Dimensionsprobe zeigen (Weber 1957). Da aber die Längenmessung die einfachste Weise darstellt, durch die sich am Soricidenschädel Unterscheidungsmerkmale quantitativ erfassen lassen, haben wir uns auf einfache Längenmaße beschränkt. Diese Maße müssen zwei Forderungen erfüllen: Erstens müssen sie eindeutig meßbar sein. Zweitens: Jedes Merkmal muß an jedem fraglichen Individuum feststellbar sein. Sonst ist eine Bestimmung mit Hilfe der zu errechnenden Formel nicht gewährleistet.

Daraus ergibt sich für unseren Fall, daß wir auf an und für sich brauchbare Merkmale verzichten müssen, die an manchen defekten Schädeln nicht feststellbar sind, und daß wir uns entweder auf Mandibel-Merkmale oder auf Merkmale des Oberschädels beschränken müssen (da Mandibel und Oberschädel aus Gewöllen sich oft nicht mehr einander zuordnen lassen). Aus zwei Gründen ist in unserem Fall die Mandibel vorzuziehen: Sie ist im allgemeinen besser erhalten als der Oberschädel, und die Unterkieferasthöhe ist — wie oben erwähnt — das Einzelmerkmal des ganzen Schädels, das die größte Trennwirkung aufweist (siehe x_2 auf Abb. 2). Außer diesem Merkmal wurden noch fünf weitere Merkmale des Unterkiefers für die D. A. herangezogen. Ihre Meßweisen sind aus der Abb. 1 ersichtlich. Merkmal x_1 ist die Mandibellänge. Wie dieses Maß bei den Soriciden zu messen ist, war bisher ungeklärt: Miller (1912) hat leider seine Meßweise nicht angegeben. Der Einfachheit halber wird vielfach von der Spitze des ersten Incisivus bis zum caudalen Ende des Gelenkfortsatzes (Proc. condylicus) gemessen (Gaffrey 1953). Diese Meßweise ist aber für taxonomische Zwecke ungeeignet, weil die Länge des I_1 je nach dem Grad der Zahnabnützung stark variiert. Die zweite mögliche Meßweise wäre die bei Säugetieren allgemein übliche, bei der vorne vom vordersten Punkt des Randes der Incisiv-Alveolen ab gemessen wird (Duerst 1926). Da dieser Punkt aber bei den Soriciden oft in der Rinne der Innenseite des ersten Incisivus verborgen ist, ist diese Meßweise praktisch nicht durchführbar. Es wurde deshalb wie in der Beschreibung der neuen Wasserspitzmausform eine dritte Meßweise gewählt: vorderer Meßpunkt ist das schräg nach unten und vorne zeigende Eck des Alveolarrandes von I_1; hinterer Meßpunkt ist der vom vorderen entfernteste Punkt des Gelenkfortsatzes (Bühler 1963). Die Meßweise des Merkmales x_2, der Unterkieferasthöhe (Coronoidhöhe) ist eindeutig aus Abb. 1 ersichtlich. Merkmal x_3, die Unterkieferhöhe, wurde vom höchsten Punkt des Alveolarrandes zwischen dem ersten und zweiten Molar des Unterkiefers bis zum nächsten Punkt des

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

ventralen Kieferrandes gemessen. Merkmal x_4, die untere Zahnreihenlänge wurde von der hinteren Fläche des dritten Molars bis zum vorderen Meßpunkt von x_1 gemessen. Merkmal x_5 ist die kürzeste Entfernung von der oralen Kante des Unterkieferastes bis zur caudalen Kante zwischen Proc. condylicus und Proc. angularis, und Merkmal x_6 die kürzeste Entfernung von der ventralen Kante zwischen Proc. angularis und bezahntem Kieferteil und der dorsalen Kante zwischen Proc. condylicus und Proc. coronoideus.

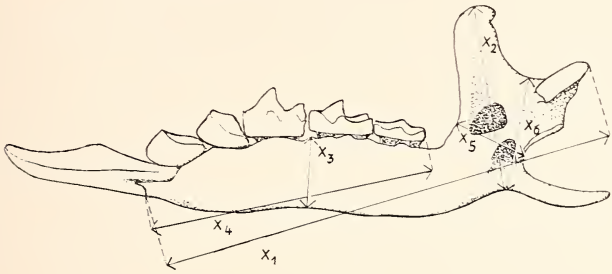

Abb. 1. Neomys-Unterkiefer, Profilansicht von innen, mit den untersuchten Unterkiefer-Maßen.

Von jedem Schädel wurden nur die Maße einer Unterkieferhälfte gemessen, und zwar regellos die der linken oder die der rechten. Die Fangorte der gemessenen Stücke, die Geschlechter, Zahnabnützung, Körpergröße und Jahreszeiten, in denen sie gefangen wurden, sind in Abschnitt IV, 3 zusammengestellt. Die an dem untersuchten Material festgestellten Verteilungen der Merkmale sind aus den Tabellen 1 bis 6 und aus Abbildung 2 ersichtlich.

Verteilungstabellen der Merkmale x_1 bis x_6 bei 45 *N. a. milleri* und 61 *N. f. fodiens* aus Mitteleuropa

Tabelle 1

Verteilung von x_1 (Mandibellängenmessung)

Klassenmitten (in mm)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
10,075	2	—
10,275	11	—
10,475	21	—
10,675	10	4
10,875	1	5
11,075	—	5
11,275	—	13
11,475	—	18
11,675	—	11
11,875	—	3
12,075	—	2

Tabelle 2

Verteilung von x_2 (Unterkieferasthöhenmessung)

Klassenmitten (in mm)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
3,9	1	—
4,0	2	—
4,1	10	—
4,2	19	—
4,3	10	—
4,4	3	1
4,5	—	2
4,6	—	1
4,7	—	7
4,8	—	13
4,9	—	8
5,0	—	11
5,1	—	12
5,2	—	5
5,3	—	1

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Tabelle 3

Verteilung von x_3 (Mandibelhöhenmessung)

Klassenmitten (in mm)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
1,30	2	—
1,35	5	—
1,40	7	—
1,45	11	—
1,50	16	2
1,55	2	2
1,60	1	3
1,65	—	2
1,70	—	11
1,75	—	8
1,80	1	14
1,85	—	6
1,90	—	5
1,95	—	1
2,00	—	3
2,05	—	3
2,10	—	1

Tabelle 4

Verteilung von x_4 (Messung der unteren Zahnreihenlänge)

Klassenmitten (in mm)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
5,875	3	—
5,975	4	—
6,075	11	—
6,175	17	—
6,275	8	1
6,375	2	5
6,475	—	2
6,575	—	8
6,675	—	17
6,775	—	20
6,875	—	6
6,975	—	2

Tabelle 5

Verteilung von x_5 (siehe Abb. 1)

Klassenmitten (in mm)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
1,775	3	—
1,825	8	—
1,875	8	3
1,925	12	—
1,975	8	2
2,025	3	—
2,075	1	7
2,125	2	8
2,175	—	7
2,225	—	17
2,275	—	12
2,325	—	2
2,375	—	1
2,425	—	1
2,475	—	1

Tabelle 6

Verteilung von x_6 (siehe Abb. 1)

Klassenmitten (in mm)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
2,20	2	—
2,25	—	—
2,30	4	—
2,35	4	—
2,40	13	—
2,45	10	2
2,50	9	—
2,55	3	2
2,60	—	2
2,65	—	7
2,70	—	6
2,75	—	11
2,80	—	16
2,85	—	8
2,90	—	4
2,95	—	1
3,00	—	2

2. Meßgenauigkeit

Die Messungen wurden mit einer Nonius-Schublehre durchgeführt, die das Ablesen der zehntel Millimeter und das Schätzen der zwanzigstel Millimeter gestattete. Da einer der Meßpunkte des Merkmales x_2 und beide Meßpunkte der Merkmale x_5 und x_6 in Hohlkehlen liegen, müssen die Innenflächen der Meßbacken so schmal sein, daß sie nicht hohl aufliegen; das ist wegen der Kleinheit der untersuchten Objekte erst dann der Fall, wenn die Meßflächen nicht wesentlich breiter als ca. ein zehntel Milli-

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

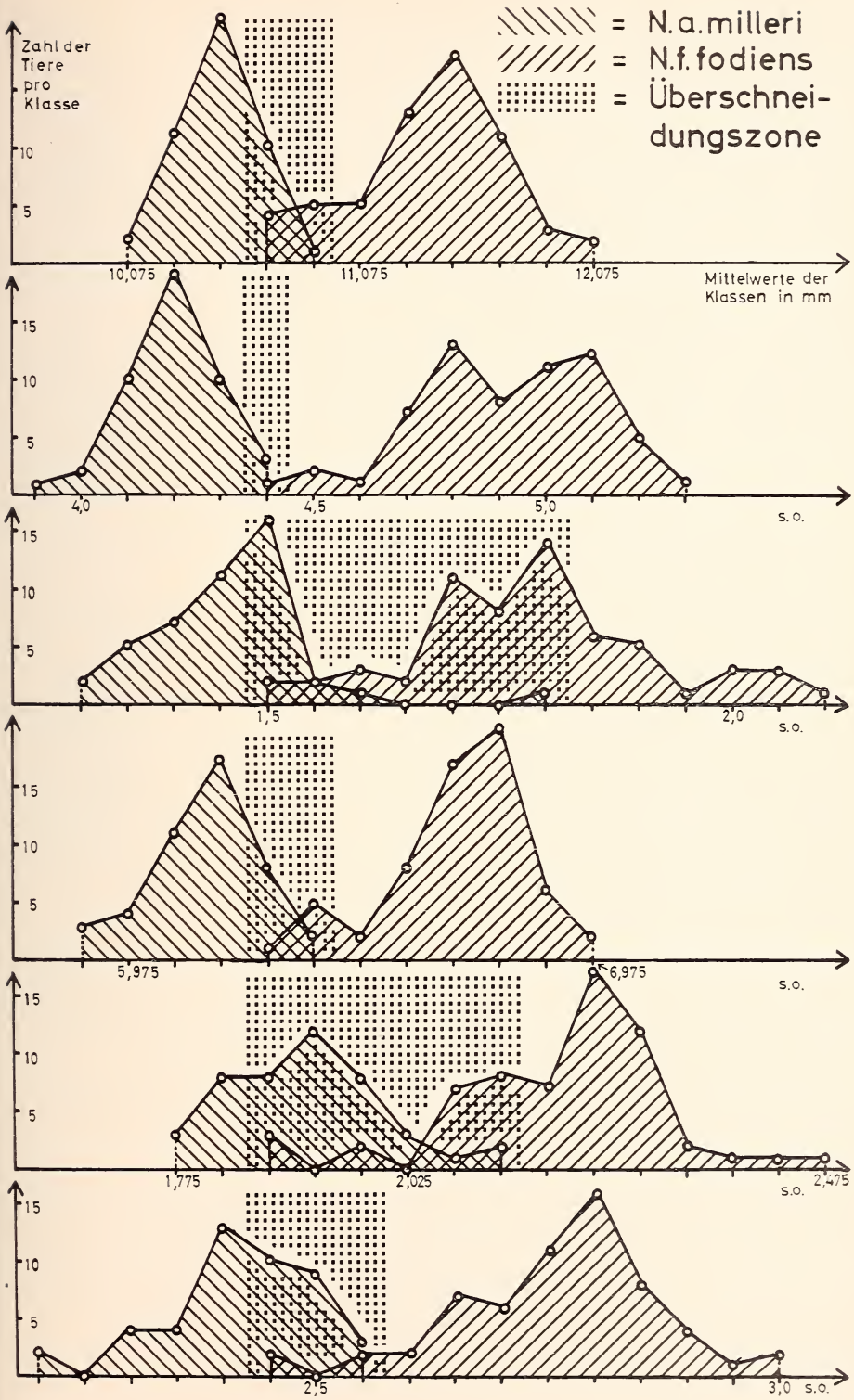

Abb. 2. Profildiagramme der Verteilungen der untersuchten Unterkiefer-Merkmale bei 61 *Neomys f. fodiens* und 45 *Neomys anomalus milleri* aus Mitteleuropa. Von oben nach unten x1 bis x6. Siehe Seite 68—69.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

meter sind. Auf der anderen Seite dürfen diese Flächen auch nicht wesentlich schmäler sein, weil sie sonst sehr leicht beim Zuschieben der Meßbacken Kerben an den Meßpunkten eindrücken. Es erwies sich als praktisch, die Messungen unter einem Stereomikroskop mit achtfacher Vergrößerung durchzuführen. Um den eigentlichen Aussagewert der Messungen richtig beurteilen zu können, muß aber (neben den Meßbedingungen) die Meßgenauigkeit selbst bekannt sein. Der Meßfehler muß bestimmt werden. Dazu läßt sich im allgemeinen eine Anzahl von Wiederholungen einer Messung verwenden, aus der sich dann die Standardabweichung der Messungen nach der Formel

$$s = \sqrt{\frac{\Sigma (x - \bar{x})^2}{n - 1}}$$

errechnen läßt (x = Einzelmessung, $\bar{x}$ = Mittelwert aller Messungen, n = Anzahl der Messungen, $n-1$ = Freiheitsgrad). Wenn man aber die gleiche Messung wiederholt durchführt, erzielt man durch die gleichmäßigere Handhabung eine Meßgenauigkeit, die man beim Messen von Serien nicht erreicht. Um die tatsächlich vorliegende Meßgenauigkeit zu ermitteln, wurden deshalb nacheinander alle sechs Merkmale an einem Unterkiefer zehnmal reihum gemessen. Dadurch wurde eine Meßweise gewährleistet, die der Serienmessung wirklich entspricht. Es ergaben sich so 60 Meßwerte, aus denen die Standardabweichung der Messungen nun durch die folgende Formel errechnet wurde:

$$s = \sqrt{\frac{\Sigma \left[(x_1 - \bar{x}_1)^2 + (x_2 - \bar{x}_2)^2 + (x_3 - \bar{x}_3)^2 + (x_4 - \bar{x}_4)^2 + (x_5 - \bar{x}_5)^2 + (x_6 - \bar{x}_6)^2 \right]}{n_1 + n_2 + n_3 + n_4 + n_5 + n_6 - 6}}$$

Sie beträgt $s = 0{,}0489$ mm. Aus einer t-Verteilungstabelle läßt sich unter Berücksichtigung der Freiheitsgrade, die $60-6 = 54$ betragen, feststellen, daß der Streuungsbereich bei einer Sicherheit von 95 % $\pm 2{,}009\,s = \pm 0{,}10$ mm beträgt und bei einer Sicherheit von 99 % $\pm 2{,}678\,s = 0{,}13$ mm (Linder 1960, Weber 1961, Documenta Geigy 1960). Mit anderen Worten: Bei 5 % der Messungen ist ein Meßfehler zu erwarten, der größer als 0,1 mm ist und bei 1 % ein Meßfehler, der größer als 0,13 mm ist.

3. Mathematische Grundlagen der D. A.

Verzeichnis der verwendeten Symbole (die im folgenden für die mathematische Herleitung verwendete Symbolik wurde so gewählt, daß sie einerseits eine möglichst übersichtliche Darstellung erlaubt und andererseits weitgehend der Symbolik entspricht, die Fisher in seinen Originalarbeiten verwendet hatte):

Die Indizes A und B beziehen sich auf die Gruppe A *(Neomys anomalus milleri)* und auf die Gruppe B *(Neomys f. fodiens)*; die Indizes 1, 2, 3, . . . , p beziehen sich auf die Merkmale $x_1, x_2, x_3, \ldots, x_p$ (ihre allgemeine Form kennzeichnen wir mit i oder j)

$n = n_A + n_B$ = Gesamtzahl der untersuchten Tiere

n_A = Anzahl der Tiere der Gruppe A *(N. a. milleri)*

n_B = Anzahl der Tiere der Gruppe B *(N. f. fodiens)*

p = Anzahl der Einzelmerkmale eines Komplexmerkmales

x ist das Symbol für Einzelmessung

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

x_1 = eine Messung des Merkmales x_1

x_{1A} = eine Messung des Merkmales x_1 bei einem Individum der Gruppe A

$\bar{x}_{1A}$ = Mittelwert aller Messungen des Merkmales x_1 der Gruppe A

X ist das Symbol für das Komplexmerkmal, das sich durch die D. A. aus den Einzelmerkmalen errechnen läßt

$\bar{X}_A$ = Mittelwert des Komplexmerkmales für alle Tiere der Gruppe A

d ist das Symbol für die Differenz der Mittelwerte der Gruppe A und der Gruppe B eines Merkmales

$d_1 = |\bar{x}_{1A} - \bar{x}_{1B}|$ = Betrag der Differenz der Mittelwerte der Gruppen A und B des Merkmales x_1

$d_X = |\bar{X}_A - \bar{X}_B|$ = Betrag der Differenz der Mittelwerte der Gruppen A und B des Komplexmerkmales X

$|a|$ ist das Symbol für den Absolutwert (Betrag) von a; wenn z. B. a = —3, ist $|a| = 3$

$b_1, b_2, b_3, \ldots, b_p$ sind die Faktoren, die durch die D. A. so bestimmt werden, daß $X = b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_3 + \ldots + b_px_p$ eine maximale Trennwirkung besitzt

s ist das Symbol für Standardabweichung (Streuung, standard deviation)

$$s_{1A} = \sqrt{\frac{\Sigma (x_{1A} - \bar{x}_{1A})^2}{n - 1}}$$ = Standardabweichung des Merkmales x_1 bei der Gruppe A

$$s_1 = \sqrt{\frac{\Sigma (x_{1A} - \bar{x}_{1A})^2 + \Sigma (x_{1B} - \bar{x}_{1B})^2}{n_A + n_B - 2}}$$ = gemeinsame Standardabweichung des Merkmales x1 bei Gruppe A und B (bezogen auf die zugehörigen Mittelwerte)

$$s_X = \sqrt{\frac{\Sigma (X_A - \bar{X}_A)^2 + \Sigma (X_B - \bar{X}_B)^2}{n_A + n_B - 2}}$$ = gemeinsame Standardabweichung des Komplexmerkmales X bei Gruppe A und B (bezogen auf die zugehörigen Mittelwerte)

Σ ist das Summierungssymbol (z. B.: Σx_1 = Summe aller Werte von x_1)

D = d/s ist das Symbol für die Trennwirkung (siehe Abschnitt III, 4)

$D_1 = d_1/s_1$ = Trennwirkung des Merkmals x_1

$D_X = d_X/s_X$ = Trennwirkung des Komplexmerkmales X

S_{ij} ist das Symbol für die Summe der Quadrate oder Produkte der Abweichungen der Messungen von ihren Mittelwerten (i = 1, 2, 3, . . . , p und j = 1, 2, 3, . . ., p), also

$$S_{11} = \Sigma (x_{1A} - \bar{x}_{1A})^2 + \Sigma (x_{1B} - \bar{x}_{1B})^2 = \Sigma (x_1 - \bar{x}_1)^2$$
$$S_{12} = \Sigma (x_{1A} - \bar{x}_{1A})(x_{2A} - \bar{x}_{2A}) + \Sigma (x_{1B} - \bar{x}_{1B})(x_{2B} - \bar{x}_{2B}) = \Sigma (x_1 - \bar{x}_1)(x_2 - \bar{x}_2)$$
$$S_{XX} = \Sigma (X_A - \bar{X}_A)^2 + \Sigma (X_B - \bar{X}_B)^2 = \Sigma (X - \bar{X})^2$$

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Wir kommen nun zur Frage, wie die Merkmale verknüpft werden müssen, damit sie gemeinsam eine möglichst große Trennwirkung ergeben. Dabei müssen wir noch eine zweite Forderung berücksichtigen: Der nötige Rechenaufwand muß im sinnvollen Verhältnis zur Verbesserung der Trennwirkung stehen. Diese beiden Forderungen werden weitgehendst durch die lineare Verknüpfung nach FISHER (1936) erfüllt. Man versieht dabei jedes Einzelmerkmal mit einem zunächst variablen Faktor b_i und addiert dann die Merkmale:

$$X = b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_3 + b_4x_4 \qquad (1).$$

Die Diskriminanzanalyse oder das Trennverfahren (wie LINDER die D. A. nennt) besteht nun darin, für b_1, b_2, b_3, b_4 Werte zu errechnen, die eine maximale Trennwirkung von X ergeben.

Aus der Abb. 3 ersieht man, daß die Trennwirkung einmal von der Differenz der Mittelwerte abhängt (d_X in Abb. 3) und zweitens von den Breiten der Verteilungskurven, die durch die Standardabweichungen s_{XA} und s_{XB} charakterisiert werden.[2]

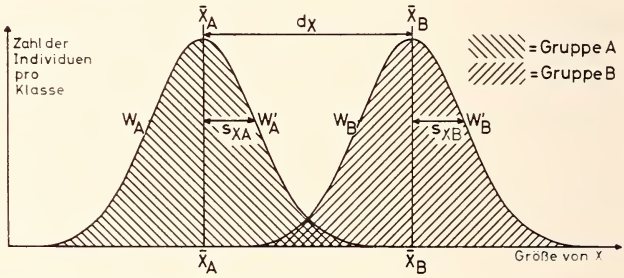

Abb. 3. Verteilung eines Komplexmerkmales bei zwei verschiedenen Gesamtheiten. Siehe Seite 74.

[2] Zur Bedeutung der Standardabweichung: Die Variation der Merkmale steht im Vordergrund des Interesses der modernen Taxonomie. Zu ihrer Erfassung gibt es mehrere Möglichkeiten. Erstens die sogenannte *Variationsbreite,* die Spanne zwischen größtem und kleinstem gemessenen Wert. Diese Größe ergibt sich aus nur zwei Messungen, deren Erfassung weitgehend vom Zufall abhängig ist. Sie besitzt deshalb nur geringen wissenschaftlichen Aussagewert. Da es trotzdem in der Systematik der Säugetiere noch vielfach üblich ist, von an und für sich wertvollen Meßserien außer Mittelwert und Anzahl der untersuchten Tiere nur die Variationsbreite anzugeben, soll hier kurz auf die Möglichkeiten, die die Biometrie bietet, hingewiesen werden: Die *mittlere Abweichung* $m = (\Sigma\ [x-\bar{x}])/n$ ist eine Größe, durch die nicht nur die beiden Extremmessungen, sondern alle gemessenen Werte berücksichtigt werden; sie hat aber den Nachteil, daß in ihr die stärker abweichenden Werte, die naturgemäß seltener sind als die Werte um den Mittelpunkt, zu wenig zur Geltung kommen. Dieser Nachteil läßt sich ausschalten, wenn die Abweichungen quadriert werden. Dies ist bei der *Standardabweichung* der Fall, die die beste Möglichkeit zur Erfassung einer Variabilität darstellt:

$$s = \sqrt{\left[\Sigma\ (x-\bar{x})^2\right]/n}$$

(Zur Berechnung der Standardabweichung bei $n < 200$ verwendet man die korrigierte Formel

$$s = \sqrt{\left[\Sigma\ (x-\bar{x})^2\right]/(n-1)}\ ).$$

Der große Vorteil der Standardabweichung für die Taxonomie besteht darin, daß sie eine genaue Aussage über den Variationsbereich eines Merkmals erlaubt, und zwar auch dann, wenn eine untersuchte Serie zufällig keine extremen Individuen enthält. Die Standardabweichung ermöglicht es also, festzustellen, von welcher Größe und in welcher Häufigkeit Extremfälle zu erwarten sind, ohne daß dazu Serien untersucht werden müssen, die so groß sind, daß sie auf jeden Fall Extremfälle enthalten (wie das früher gefordert wurde). Die graphische Darstellung der Standardabweichung ist durch die Entfernung zwischen Mittelwert und einem der Wendepunkte (W_A, W'_A, W_B, W'_B in Abb. 3) der Normalverteilungskurve gegeben.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Eine möglichst gute Trennung durch das Komplexmerkmal X wird also erreicht, wenn d_X möglichst groß und s_{XA} und s_{XB} möglichst klein werden. Da s_{XA} und s_{XB} sich als s_X zusammenfassen lassen, wird eine maximale Trennung durch X erreicht, wenn d_X/s_X = Maximum. Da

$$s_X = \sqrt{\frac{\Sigma (X_A - \bar{X}_A)^2 + \Sigma (X_B - \bar{X}_B)^2}{n_A + n_B - 2}}$$

gilt entsprechend

$$\frac{d_X}{\sqrt{\frac{\Sigma (X_A - \bar{X}_A)^2 + \Sigma (X_B - \bar{X}_B)^2}{n_A + n_B - 2}}} = \text{Maximum}$$

bzw. wenn wir diese Gleichung quadrieren:

$$\frac{(n_A + n_B - 2) \cdot d_X^2}{\Sigma (X_A - \bar{X}_A)^2 + \Sigma (X_B - \bar{X}_B)^2} = \text{Maximum.}$$

$(n_A + n_B - 2)$ hat als konstanter Faktor keinen Einfluß auf die Trennwirkung von X; wir können deshalb den Inhalt dieser Klammer fallen lassen. Den Nenner des Bruches schreiben wir in seiner abgekürzten Form S_{XX}. Dadurch können wir dann die Bedingungen, die erfüllt werden müssen, damit die Trennung maximal wird, im folgenden Ausdruck zusammenfassen:

$$d_X^2/S_{XX} = \text{Maximum} \qquad (2).$$

Maxima einer beliebigen Funktion befinden sich an den Punkten der Funktionskurve, in denen waagerechte Tangenten die Kurven berühren, oder anders ausgedrückt, an den Punkten, in denen die Steigung der Kurve gleich Null ist. Die Steigung einer Kurve in einem bestimmten Punkt läßt sich aber als Ableitung der zugehörigen Funktionsgleichung berechnen. Die gesuchten b-Werte, die eine maximale Trennung bewirken sollen, lassen sich also bestimmen, indem man den Quotienten d_X^2/S_{XX} ableitet und gleich Null setzt (und zwar nacheinander nach b_1 b_2 b_3 b_4). Man erhält dann durch Umformungen (die ich hier nicht aufgeführt habe, weil sie für unsere Überlegungen unwichtig sind) folgende vier Gleichungen:

$$\begin{aligned} b_1S_{11} + b_2S_{12} + b_3S_{13} + b_4S_{14} &= d_1 \\ b_1S_{12} + b_2S_{22} + b_3S_{23} + b_4S_{24} &= d_2 \\ b_1S_{13} + b_2S_{23} + b_3S_{33} + b_4S_{34} &= d_3 \\ b_1S_{14} + b_2S_{24} + b_3S_{34} + b_4S_{44} &= d_4 \end{aligned} \qquad (3).$$

Die darin vorkommenden „S_{ij}-Werte" sind die Summen der Produkte bzw. Quadrate der Abweichungen der Einzelmessungen von den zugehörigen Mittelwerten. Also $S_{11} = \Sigma (x_1 - \bar{x}_1)^2$; $S_{12} = \Sigma (x_1 - \bar{x}_1)(x_2 - \bar{x}_2)$ usw.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Theoretisch könnten wir nun die b-Werte aus dem Gleichungssystem (3) berechnen, indem wir das System nach b_1, b_2, b_3, b_4 auflösen. In der Praxis wird man das nicht tun, da das Auflösen solcher Gleichungssysteme ziemlich langwierig ist. Man wird entweder die S_{ij}-Werte mit einer Tischrechenmaschine berechnen und dann mit diesen Werten nach einem Rechenschema, wie es auch für die multiple Regression verwendet wird, die b-Werte bestimmen (siehe LINDER 1960, p. 196 und 336), oder wenn ein elektronisches Rechengerät zur Verfügung steht, die Meßwerte direkt auf Lochkarten übertragen und von dem Elektronenrechner mit einem Diskriminanz-Programm die ganze Analyse durchrechnen lassen. Sehr geeignet ist das D. A.-Programm von HURST und WISER (Utah, 1962), das den großen Vorteil hat, daß es nach dem „Stepwise"-Prinzip arbeitet.[3]

Was damit gemeint ist, soll kurz angedeutet werden: Wenn zwei Gruppen mit Hilfe von z. B. vier Merkmalen (x_1, x_2, x_3, x_4) getrennt werden sollen, dann gibt es außer der Kombination x_1, x_2, x_3, x_4 noch 14 weitere Kombinationsmöglichkeiten (wenn man die Einzelmerkmale mitrechnet); man kann also durch 15 verschiedene Analysen 15 verschiedene Komplexmerkmale errechnen, und zwar aus

x_1, x_2, x_3, x_4	x_1, x_2, x_3	x_1, x_2	x_1
	x_1, x_2, x_4	x_1, x_3	x_2
	x_1, x_3, x_4	x_1, x_4	x_3
	x_2, x_3, x_4	x_2, x_3	x_4
		x_2, x_4	
		x_3, x_4	

Von diesen 15 interessieren vier: Dasjenige aus allen vier Einzelmerkmalen, das best trennende Komplexmerkmal aus drei und das aus zwei Einzelmerkmalen und das best trennende Einzelmerkmal. Denn durch den Vergleich der Trennwirkungen dieser vier Komplexmerkmale kann man feststellen, ob es sich lohnt, alle vier Merkmale in das gesuchte optimale Komplexmerkmal eingehen zu lassen, oder ob es sinnvoll ist, eines oder einige der Einzelmerkmale fallen zu lassen, weil ihr Beitrag zur Gesamttrennwirkung so gering ist, daß er einen Mehraufwand an Arbeit nicht lohnt. Der große Vorteil des „Stepwise"-Programmes besteht nun darin, daß es gerade diese gesuchten Kombinationsmöglichkeiten ermittelt und die zugehörigen Komplexmerkmale errechnet (und das alles innerhalb weniger Minuten).

Wenn die Berechnungen mit einer Tischrechenmaschine durchgeführt werden sollen, dann gibt es vier Möglichkeiten, die gesuchten Komplexmerkmale zu ermitteln: Erste Methode: Man berechnet alle möglichen Komplexmerkmale und die zugehörigen Trennwirkungen (über Trennwirkung siehe den folgenden Abschnitt 4). Dann bestimmt man das best trennende Komplexmerkmal, das aus einem bzw. zwei bzw. drei usw. Einzelmerkmalen besteht, indem man jeweils die Trennwirkungen der Komplexmerkmale vergleicht, die aus einem bzw. zwei bzw. drei usw. Einzelmerkmalen hervorgegangen sind. Diese Methode ist mathematisch einwandfrei, aber sehr zeitraubend. Zweite Methode: Man beginnt mit dem Komplexmerkmal aus allen Einzelmerkmalen, in unserem obigen Modellfall z. B. mit dem Komplexmerkmal, das aus allen vier Einzelmerkmalen hervorgegangen war und das natürlich auch das best trennende Komplexmerkmal aus vier Einzelmerkmalen ist. Nun bestimmt man das best trennende Komplexmerkmal aus drei Merkmalen, indem man die vier möglichen Komplexmerk-

[3] Der Firma IBM sei an dieser Stelle dafür gedankt, daß sie mir die Möglichkeit bot, das Stepwise-D.-A.-Programm von HURST und WISER in ihrem Elektronenrechenzentrum in Böblingen zu testen.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

male aus drei Einzelmerkmalen berechnet, deren Trennwirkungen berechnet und vergleicht. Aus den drei Einzelmerkmalen des so bestimmten Komplexmerkmales lassen sich drei Komplexmerkmale berechnen, die aus jeweils zwei Einzelmerkmalen bestehen. Durch den Vergleich deren Trennwirkungen bestimmt man das besttrennende Komplexmerkmal aus zwei Einzelmerkmalen usw. Dritte Methode: Man bestimmt, welches Einzelmerkmal die beste Trennwirkung besitzt, errechnet dann nacheinander die Trennfunktionen aus diesem und einem der übrigen Merkmale und bestimmt die entsprechenden Werte der Trennwirkung. Durch den Vergleich der Werte der Trennwirkungen stellt man fest, welches Komplexmerkmal aus zwei Einzelmerkmalen am besten trennt. Dann bestimmt man die entsprechende Trennfunktion aus drei Merkmalen, indem man nacheinander die Funktionen aus den beiden schon bestimmten Merkmalen und einem der übrigen errechnet. Aus den zugehörigen Trennwirkungen ergibt sich dann, welche Funktion aus drei Einzelmerkmalen am besten trennt, usw. Die zweite und dritte Methode sind annähernd exakt und verursachen wesentlich weniger Arbeit als die erste (wobei die dritte wiederum weniger Arbeit erfordert als die zweite). Die Rangfolge der Beiträge der Einzelmerkmale zur Gesamttrennwirkung (und damit die Stufenleiter der besttrennenden Komplexmerkmale) kann aber dann durch die zweite und dritte Methode falsch bestimmt werden, wenn zwischen den beiden zu trennenden Serien stark trennende Proportionsunterschiede vorliegen, die sich aus Einzelmerkmalen ergeben, die für sich allein relativ geringe Trennwirkungen aufweisen. Vierte Methode (nach LINDER 1960): Da das für das Auflösen des Gleichungssystemes (3) verwendbare Rechenschema (s. o.) bei der Errechnung einer Trennfunktion aus den Einzelmerkmalen a, b, c, d auch die Trennfunktionen aus a, b, c und aus a, b und aus a liefert (wenn die S_{ij}-Werte entsprechend der Reihenfolge a-b-c-d geordnet in das Schema eingesetzt werden), könnte man alle gesuchten Trennfunktionen beim Durchrechnen eines einzigen Schemas erhalten, wenn die entsprechende Reihenfolge für a, b, c, d bekannt wäre. Diese entspricht aber im allgemeinen der Reihenfolge, die sich ergibt, wenn man die Einzelmerkmale nach der Größe ihrer Trennwirkungen anordnet (siehe Tabelle 7 und Tabelle 8), und man kann deshalb die S_{ij}-Werte entsprechend in das Schema einsetzen. Abweichungen von dieser Reihenfolge können sich dann ergeben, wenn zwei oder mehrere Merkmale untereinander wesentlich strenger korreliert sind, als mit den übrigen Merkmalen. (Diese Bedeutung der Merkmalskorrelation für die Gesamttrennwirkung wird sofort klar, wenn man sich vorstellt, daß man ein gut trennendes Einzelmerkmal zweimal in ein Komplexmerkmal eingehen läßt; das Merkmal wird dann nämlich bei der zweiten Hereinnahme, obwohl seine Trennwirkung als Einzelmerkmal gleich gut geblieben ist, keine Verbesserung der Trennwirkung mehr bewirken, eben weil es mit sich selbst streng korreliert ist.) Außerdem können Abweichungen von der Reihenfolge noch durch stark trennende Proportionsunterschiede verursacht werden, die sich aus Einzelmerkmalen mit geringen Einzeltrennwirkungen ergeben haben. Die vierte Methode ist deshalb nicht so exakt wie die drei ersten; da sie aber wesentlich weniger Arbeit verursacht, und da etwaige durch sie verursachte Fehler nachträglich durch einen Vergleich der Trennwirkungen der gefundenen jeweils besttrennenden Komplexmerkmale aufgedeckt werden können, wird man sie bei der Berechnung mit mechanischen Rechengeräten im allgemeinen vorziehen.

Außer der einfachen linearen Trennfunktion von FISHER sind schon verschiedene andere Funktionen auf ihre Brauchbarkeit für Trennanalysen untersucht und mit der FISCHERschen verglichen worden. Sie zeigten aber entweder eine geringere Trennwirkung als die FISHERsche (wie z. B. die „verküzte D. A." von PENROSE [BAUER 1954]) oder sie wiesen eine geringe Verbesserung der Trennwirkung auf, die aber mit einem m. E. zu hohen Arbeitsaufwand bezahlt werden mußte („quadratische D. A." nach WELCH [BAUER 1954]; „verkürzte quadratische D. A." nach Smith [BAUER

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

1954]). Wenn die einzelnen Merkmale bei den zwei zu trennenden Serien wesentlich verschiedene Standardabweichungen ergeben, läßt sich eine Verbesserung der Trennwirkung der linearen Funktion auch dadurch erreichen, daß die Standardabweichungen durch logarithmische Transformationen einander angeglichen werden; hierfür müssen die Meßwerte durch Addition eines an Hand des Materials bestimmbaren Wertes k_i vortransformiert werden (BÜHLER, unveröffentlicht). Die entsprechende Trennfunktion lautet

$$X = b_1 \lg (x_1 + k_1) + b_2 \lg (x_2 + k_2) + b_3 \lg (x_3 + k_3) + b_4 \lg (x_4 + k_4)$$

Allerdings ist auch bei dieser Methode der zusätzliche Informationsgewinn gegenüber der einfach-linearen so gering, daß er im allgemeinen den zusätzlichen Arbeitsaufwand nicht lohnt.

4. Die numerische Erfassung der Trennwirkung

Um die Trennwirkungen der verschiedenen Kombinationsmöglichkeiten vergleichen, aber auch um ganz allgemein das Ergebnis einer D. A. objektiv beurteilen zu können, muß man die Trennwirkung numerisch erfassen, d. h. errechnen können. LINDER (1960) tut das, indem er $d_X = \bar{X}_A - \bar{X}_B = b_1 d_1 + b_2 d_2 + b_3 d_3 + \ldots + b_p d_p$ errechnet. Dieser Wert hat aber den Nachteil, daß er von der Zahl der untersuchten Individuen abhängig ist, so daß zwei d_X-Werte nur verglichen werden können, wenn die Zahl der untersuchten Individuen in beiden Fällen gleich ist. Der Wert von d_X erlaubt deshalb nur eine relative Aussage über die Trennwirkung, stellt aber kein Maß für das Ausmaß der Trennung dar. Dieser Nachteil fällt weg, wenn wir statt d_X den Quotienten d_X/s_X verwenden: Bei der Herleitung der linearen Trennfunktion FISHERS haben wir gesehen, daß die Trennung zweier Verteilungen proportional der Differenz der Mittelwerte (d_X in Abb. 3) und umgekehrt proportional ihrer gemeinsamen Standardabweichung s_X ist. Der Quotient d/s ist deshalb eine geeignete Größe, um das Ausmaß der Trennung zweier Verteilungen (die nicht wesentlich von Normalverteilungen abweichen) zu charakterisieren. Wir definieren deshalb D = d/s als Trennwirkung. Graphisch läßt sich die Bedeutung eines D-Wertes durch zwei Normalverteilungen darstellen, deren Standardabweichungen gleich eins sind und deren Differenz der Mittelwerte gleich D ist (Abb. 4).

Die Berechnung der Trennwirkung eines Einzelmerkmals x_1 erfolgt nach

$$D_1 = d_1/s_1 = \sqrt{d_1^2 (n_A + n_B - 2)/S_{11}} \; .$$

Die Berechnung der Trennwirkung eines Komplexmerkmales nach

$$D_X = \sqrt{d_X (n_A + n_B - 2)} \; .$$

Die Herleitung dieser relativ einfachen Formel erfolgte aus

$$D_X = d_X/s_X = d_X / \sqrt{S_{XX}/(n_A + n_B - 2)} \, .$$

Durch Multiplikation des Gleichungssystems (3) mit b_i (also $\ldots = d_1$ mit b_1; $\ldots = d_2$ mit b_2; usw.) und anschließender Addition der rechten Gleichungshälften und der linken Gleichungshälften läßt sich nämlich zeigen, daß $S_{XX} = d_X$, denn $d_X = b_1 d_1 + b_2 d_2 + b_3 d_3 + b_4 d_4$. Daraus ergibt sich, daß

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

$$D_X = \sqrt{d_X^2 (n_A + n_B - 2)/S_{XX}} = \sqrt{d_X (n_A + n_B - 2)} \; .$$

Das Quadrat der Trennwirkung eines Komplexmerkmales, also D_X^2 entspricht dem „Generalized Distance", das der indische Statistiker MAHALANOBIS (1927) eingeführt hatte, um eine Klassifizierung des indischen Völkergemisches zu ermöglichen.

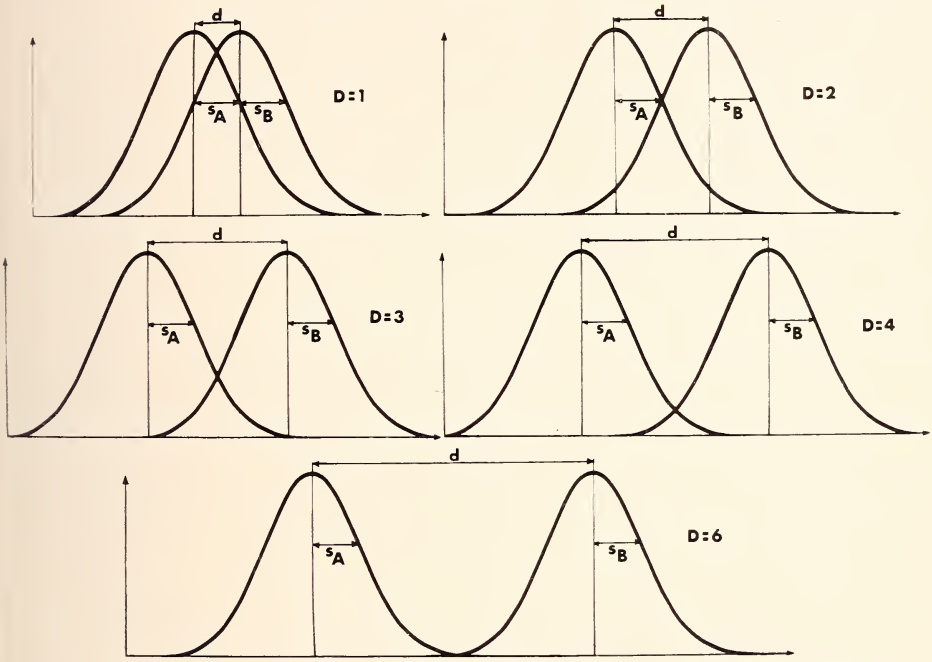

Abb. 4. Graphische Veranschaulichung einiger D-Werte. Siehe Seite 78.

5. Ergebnisse

In den beiden folgenden Tabellen sind die für unser *Neomys*-Material errechneten Trennwerte zusammengestellt: In der Tabelle 7 die D-Werte der Einzelmerkmale, nach Größe angeordnet (vergl. dazu Abb. 2); in der Tabelle 8 die (nach dem Stepwise-Prinzip errechneten) D-Werte des für jede Stufe best trennenden Komplexmerkmales.

Tabelle 7

Merkmal	Trennwirkung
X2	4,48
X4	3,93
X1	3,46
X6	3,40
X3	2,91
X5	2,70

Tabelle 8

Merkmale	Trennwirkung
X2	4,48
X2 X4	4,95
X2 X4 X1	5,18
X2 X4 X1 X6	5,24
X2 X4 X1 X6 X3	5,24
X2 X4 X1 X6 X3 X5	5,25

Demzufolge gehen die Einzelmerkmale in der Reihenfolge in das Komplexmerkmal ein, die der Größenordnung ihrer D-Werte entspricht. Das muß, wie oben erwähnt, nicht so sein, sondern zeigt, daß die Einzelmerkmale in diesem speziellen Fall unter-

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

einander im wesentlichen gleich streng korreliert sind (wir hätten also die gleichen Ergebnisse erhalten, wenn wir das abgekürzte Verfahren angewandt hätten, das LINDNER empfiehlt). Außerdem zeigt die Tabelle 8, daß x_2 durch x_4 und x_1 eine wesentliche Verbesserung der Trennwirkung erfährt, während x_6, x_3 und x_5 keinen wesentlichen Beitrag mehr liefern. Es ist deshalb sinnvoll, diese letzten Merkmale fallen zu lassen und als Trennformel $X = b_1x_1 + b_2x_2 + b_4x_4$ zu verwenden. Mit den errechneten Werten lautet sie

$$X = -0{,}104108x_1 + 0{,}268989x_2 + 0{,}289392x_4.$$

Die Trennwirkung dieser Trennfunktion hängt nur vom Verhältnis der b-Werte untereinander ab. Wir können deshalb die Formel für den öfteren Gebrauch vereinfachen, indem wir die b-Werte durch $-b_1 = 0{,}104108$ dividieren. Da die Einzelmessungen mit Meßfehlern behaftet sind, deren Standardabweichung etwa 0,05 mm beträgt (siehe Abschnitt III, 2) ist es außerdem sinnlos, die Faktoren der Merkmale wesentlich genauer als auf $^1/_{100}$ anzugeben. Wir können also zusätzlich noch die Faktoren auf zwei Stellen hinterm Komma auf- und abrunden und erhalten das gesuchte Komplexmerkmal als

$$X = -x_1 + 2{,}58x_2 + 2{,}78x_4.$$

Die Verteilung dieses Komplexmerkmales für das untersuchte Material ist aus der Tabelle 9 und der Abbildung 5 ersichtlich. Offensichtlich ist die Trennung durch das Komplexmerkmal wesentlich besser als durch die Einzelmerkmale der Abb. 2, aus denen das Komplexmerkmal hervorgegangen ist. Die Tabelle 9 und die Abb. 5 zeigen außerdem, daß die Verteilung des Komplexmerkmales aus x_1, x_2 und x_4 tatsächlich der Erwartung entspricht, die sich aus den D-Werten der Tabelle 8 ergibt, und damit, daß der Wert der Trennwirkung eine praktisch brauchbare Größe darstellt.

Tabelle 9

Verteilung des Komplexmerkmales aus x_1, x_2 und x_4 bei den Tieren, die den Tabellen 1 bis 6 zugrunde liegen

Klassenmitten (dimensionslos)	*N. a. milleri*	*N. f. fodiens*
16,50	1	—
16,75	1	—
17,00	10	—
17,25	9	—
17,50	8	—
17,75	13	—
18,00	3	—
18,25	—	1
18,50	—	1
18,75	—	1
19,00	—	1
19,25	—	6
19,50	—	9
19,75	—	10
20,00	—	9
20,25	—	12
20,50	—	7
20,75	—	4

IV. Diskussion und Präzisierung der Ergebnisse

1. Grenzziehung; Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung

Um die gefundene Trennformel für die Unterscheidung der beiden Arten anwenden zu können, braucht man eine Grenze, einen Scheidewert zwischen den Verteilungen der beiden Arten. Dieser Scheidewert muß so bestimmt werden, daß die Wahrscheinlichkeit von Fehlbestimmungen möglichst klein wird. Das ist einfach, wenn beide Verteilungen in gleicher Weise symmetrisch sind und gleiche Standardabweichungen besitzen (vergleiche Abb. 3). Die gesuchte Grenze liegt dann genau in der Mitte zwischen den Mittelwerten; der Scheidewert, den wir mit K symbolisieren wollen, beträgt dann $K_X = (\bar{X}_A + \bar{X}_B) / 2$ oder allgemein: $K = (\bar{x}_A + \bar{x}_B)/2$. Schwieriger wird das Problem, wenn die beiden Standardabweichungen ungleich sind (Abb. 6). Nach ERNST WEBER (1957) soll es in diesem Fall sogar unmöglich sein, einen Scheidewert eindeutig zu bestimmen. Diese Ansicht ist

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

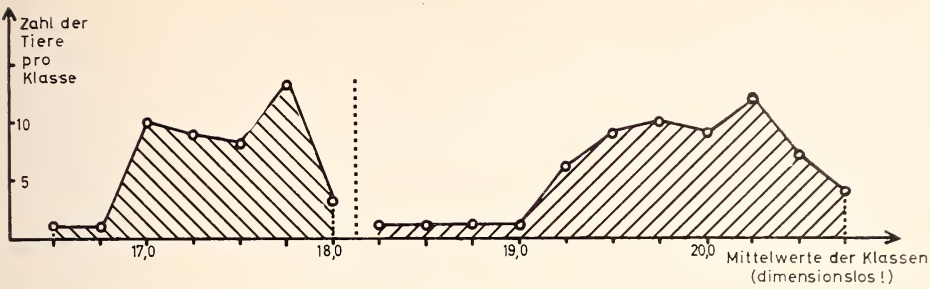

Abb. 5. Profildiagramm der Verteilung des Komplexmerkmales X aus x_1, x_2 und x_4 bei den Tieren, die der Abb. 2 zugrunde liegen. Die Trennung ist wesentlich besser als die durch die Einzelmerkmale.

nicht richtig: Es ist möglich, zwei Normalverteilungen mit ungleichen Standardabweichungen eindeutig zu klassifizieren, wenn man berücksichtigt, daß es zwei alternative Forderungen gibt, nach denen klassifiziert werden kann. Entweder soll der Scheidewert die Verteilungen so trennen, daß der Gesamtanteil falsch bestimmter Individuen möglichst klein wird (K' in Abb. 6), oder der Scheidewert soll die beiden Verteilungen so trennen, daß der falsch bestimmte Anteil der einen Gruppe gleich dem falsch bestimmten Anteil der anderen Gruppe ist (K in Abb. 6).

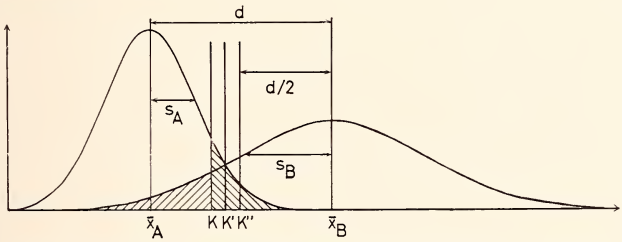

Abb. 6. Zwei Normalverteilungen mit ungleichen Standardabweichungen. Siehe Seite 81.

Die beiden Forderungen ergeben zwei verschiedene Werte. Welcher der beiden Werte ist geeigneter? Der Scheidewert K' ergibt zwar (wie man aus Abb. 6 ersehen kann) einen kleineren Anteil falsch bestimmter Tiere als K; K hat aber den Vorteil, daß die Wahrscheinlichkeit, daß ein Tier der einen Art falsch bestimmt wird, genau so groß ist wie die entsprechende Wahrscheinlichkeit bei der anderen Art. Daraus ergibt sich, daß bei Bestimmung einer größeren Zahl von Tieren die Fehlbestimmungen auf beiden Seiten sich aufheben, so daß das festgestellte Zahlenverhältnis zwischen den beiden Arten nicht durch Fehlbestimmungen verfälscht wird. Der Wert K (in Abb. 6) ist deshalb dem Wert K' vorzuziehen. Wie läßt sich der Wert für dieses K berechnen?

Auf der Abb. 6 entsprechen die Flächen zwischen der einen Kurve und der Abszisse und der anderen Kurve und der Abszisse zwei Gesamtheiten. Wir können deshalb diese beiden Flächen je gleich eins setzen. Der Flächenteil von $-\infty$ bis K der rechten Kurve (also der Gesamtheit B) soll dann gleich dem Flächenanteil von K bis $+\infty$ der linken Kurve (Gesamtheit A) sein. Diese Forderung, in Integralen ausgedrückt, ergibt folgende Gleichung:

$$\int_{-\infty}^{K} f(\bar{x}_B, s_B, x)\,dx = \int_{K}^{+\infty} f(\bar{x}_A, s_A, x)\,dx$$

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Nun kann man das Integral von $-\infty$ bis zu einem beliebigen Wert z einer standardisierten Normalverteilung mit $\Phi(z)$ symbolisieren[4]. Durch eine Maßstabstransformation kann man jede beliebige Normalverteilung in eine standardisierte überführen, indem man von den Einzelwerten den Mittelwert subtrahiert und den Rest durch die Standardabweichung dividiert: $x' = (x - \bar{x})/s$. Wir können (indem wir unsere beiden Verteilungen standardisieren) die obige Integralgleichung zur folgenden umformen:

$$\Phi\left(\frac{K - \bar{x}_B}{s_B}\right) = \Phi\left(\frac{-K + \bar{x}_A}{s_A}\right).$$

Aus dieser Gleichung läßt sich dann entnehmen, daß

$$\frac{K - \bar{x}_B}{s_B} = \frac{-K + \bar{x}_A}{s_A},$$

und daß die Formel, nach der K zu berechnen ist,

$$K = \frac{s_B \cdot \bar{x}_A + s_A \cdot \bar{x}_B}{s_A + s_B} \tag{4}$$

lautet. Man sieht, daß die am Anfang des Abschnittes angeführte Formel $K = (\bar{x}_A + \bar{x}_B)/2$ nur ein Spezialfall für $s_A = s_B$ der allgemeingültigen Formel für K darstellt.

Bevor wir aber den Scheidewert K_X für X berechnen, müssen wir noch überprüfen, ob das X bei beiden Arten normal verteilt ist, denn das ist die Voraussetzung für die Gültigkeit der Gleichung (4). Dazu verwenden wir den „Zeichen-Test" (Documenta Geigy, Wissenschaftliche Tabellen 1960), mit dessen Hilfe eine Prüfung auf Asymmetrie einer beliebigen Verteilung möglich ist. (Die Tatsache, daß sich für eine Verteilung keine reale Asymmetrie nachweisen läßt, ist zwar im mathematischen Sinne noch kein Beweis für Normalität einer Verteilung, aber für unseren Fall ergibt sich aus ihr die Berechtigung, die Bedingung der Normalität als erfüllt zu betrachten.) Beim Zeichen-Test wird die Anzahl der Individuen, die größer als der Mittelwert sind, und die Zahl derer, die kleiner sind, unter Berücksichtigung der Gesamtzahl der untersuchten Tiere mit einer Tabelle für die Vertrauensgrenzen des Zeichen-Tests (p. 105 in „Wissenschaftliche Tabellen") verglichen.

Bei der *N. a. milleri*-Serie ist bei 22 Tieren $X < \bar{X}_A$ und bei 23 Tieren $X > \bar{X}_A$. Aus der Tabelle läßt sich entnehmen: wenn eine Asymmetrie als schwach signifikant nachweisbar sein sollte (also mit einer Wahrscheinlichkeit von 95 %), dann müßten die Zahlen der Tiere, deren X kleiner bzw. größer als $\bar{X}_A$ sind, kleiner bzw. größer als 15 und 30 sein. Dies ist nicht der Fall, und wir dürfen deshalb voraussetzen, daß die Verteilung symmetrisch ist und damit einer Normalverteilung entspricht. Entsprechendes gilt für die Verteilung von X bei *N. f. fodiens:* Hier beträgt die Zahl der Individuen für $X < \bar{X}_B$ 29 und für $X > \bar{X}_B$ 32 und die entsprechenden Vertrauensgrenzen 22 und 39. Wir dürfen nun die entsprechenden Standardabweichungen und Mittelwerte in die Gleichung (4) einsetzen: Aus

$$\bar{X}_A = 17{,}393;\ s_{XA} = 0{,}384;$$

$$\bar{X}_B = 19{,}868;\ s_{XB} = 0{,}536$$

erhalten wir $K_X = 18{,}43$ (dimensionslos). Und damit können wir das Komplexmerkmal X zur Unterscheidung der beiden *Neomys*-Arten verwenden. Einen Schädel,

[4] Eine standardisierte Normalverteilung ist eine Normalverteilung, deren Mittelwert gleich Null und deren Standardabweichung gleich eins ist.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

dessen Komplexmerkmal X kleiner als 18,43 ist, können wir zu *N. a. milleri* rechnen, einen Schädel, dessen X größer ist als 18,43 zu *N. f. fodiens*.

Auf die entsprechende Weise lassen sich zwei beliebige systematische Einheiten auch ohne eine diskriminanzanalytische Behandlung, also durch ein Einzelmerkmal, exakt klassifizieren. Eine Tatsache, die, wenn sie berücksichtigt wird, eine Präzisierung der meisten quantitativen Angaben in Bestimmungsschlüsseln ermöglichen würde, und zwar ohne daß dafür Untersuchungen besonders großer Serien nötig wären!

Wie wir bei der Herleitung der Formel für K gesehen haben, stellt der Scheidewert keine absolute Grenze zwischen den beiden Gesamtheiten dar. Es besteht deshalb bei der Verwendung von X als Bestimmungsmerkmal die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung. Die Größe dieser Wahrscheinlichkeit läßt sich durch einen einseitigen t-Test mit Hilfe der folgenden Gleichung bestimmen:

$$t_{XA} = |\bar{X}_A - K| / s_{XA};$$

sie beträgt $t_{XA} = 2{,}708$. Diesen Wert vergleichen wir unter Berücksichtigung der Freiheitsgrade $FG_A = n_A - 1 = 44$ mit einer Verteilungstabelle einseitiger t-Werte: wir entnehmen der Tabelle, daß die Wahrscheinlichkeit $P_{XA} < 0{,}005$. P ist das Symbol für die Wahrscheinlichkeit, daß ein Ereignis eintritt (wenn P = 1, dann ist es sicher, daß das Ereignis eintritt; wenn P = 0, dann ist es sicher, daß es nicht eintritt). Zur Probe führen wir den entsprechenden Test für die *N. f. fodiens*-Serie durch:

$$t_{XB} = |\bar{X}_B - K| / s_{XB} = 2{,}687;\ FG_B = n_B - 1 = 60.$$

Aus der Tabelle entnehmen wir, daß diese beiden Werte ebenfalls einem P-Wert entsprechen, der kleiner ist als 0,005 ($P_{XB} < 0{,}005$). Mit anderen Worten: Die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung durch das Komplexmerkmal X ist nach beiden Seiten kleiner als 0,5 %; d. h. bei der Überprüfung von 200 Stücken ist weniger als eine Fehlbestimmung zu erwarten. Daß die Werte von P_{XA} und P_{XB} im wesentlichen gleich sind, zeigt, daß der Scheidewert K tatsächlich die geforderte Bedingung erfüllt.

In entsprechender Weise bestimmen wir nun den Scheidewert und die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung für x_2, dem besttrennenden Einzelmerkmal. Aus

$$\bar{x}_{2A} = 4{,}18 \text{ mm};\ s_{2A} = 0{,}11 \text{ mm};$$

$$\bar{x}_{2B} = 4{,}90 \text{ mm};\ s_{2B} = 0{,}19 \text{ mm}$$

erhalten wir $K_2 = 4{,}44$ mm und aus den Werten

$$t_{2A} = 2{,}364 \quad (FG_A = 44)$$

$$t_{2B} = 2{,}947 \quad (FG_B = 60)$$

$$P_{2A} < 0{,}0125 \text{ und } P_{2B} < 0{,}0125.$$

Die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung durch x_2 ist also kleiner als 1,25 %, d. h. bei der Untersuchung von 80 Individuen ist weniger als eine Fehlbestimmung zu erwarten.

2. Bestimmung von Überschneidungsbereichen

Aus einem Vergleich der P-Werte für x_2 und X ergibt sich, daß die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung durch x_2 mehr als doppelt so groß ist wie die entsprechende Wahrscheinlichkeit für X. Die Fehlbestimmungen sind aber praktisch nur für Stücke zu erwarten, die in einem Überschneidungsbereich zwischen den Verteilungen der

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

beiden Arten liegen. Außerhalb dieses Bereiches ist auch mit x_2 eine sichere Bestimmung möglich. Da aber die Bestimmung durch ein einzelnes Merkmal weniger Mühe macht als durch ein Komplexmerkmal, lohnt es sich, den Überschneidungsbereich für x_2 zu bestimmen. Dazu muß man sich zunächst darüber klar werden, daß es eigentlich einen Bereich, auf den die Überschneidung beschränkt wäre, nicht gibt. Es ist vielmehr so, daß die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung vom Scheidewert K aus sehr rasch gegen $-\infty$ und gegen $+\infty$ abnimmt. Es bleibt also nur einen Bereich zu bestimmen, in dem die Wahrscheinlichkeit einer Fehlbestimmung einen bestimmten Wert überschreitet. Dieser Wert kann aber so klein gewählt werden, daß außerhalb des Bereiches eine Fehlbestimmung durch x_2 praktisch nicht vorkommt. Das ist gewährleistet, wenn die Wahrscheinlichkeit kleiner als 0,25 % ist ($P < 0{,}0025$).

Zur Bestimmung der Grenzen verwenden wir wiederum eine Verteilungstabelle einseitiger t-Werte. Für $P < 0{,}0025$ und $FG_A = 44$ entnimmt man aus der Tabelle, daß $t = 2{,}9556$. Diesen t-Wert müssen wir gemäß seiner Bedeutung mit der Standardabweichung $s_{2A} = 0{,}11$ mm multiplizieren und dann den so erhaltenen Wert auf der Abszisse vom Mittelwert $\bar{x}_{2A} = 4{,}18$ mm aus gegen K abgreifen. Wir erhalten dadurch die gesuchte Sicherheitsgrenze für *N. a. milleri* gegen *N. f. fodiens:*

$$\text{Grenze A} = \bar{x}_{2A} + t.s_{2A} = 4{,}51 \text{ mm}$$

und entsprechend für *N. f. fodiens* gegen *N. a. milleri* aus $P < 0{,}0025$ und $FG_B = 60$ und damit aus $t = 2{,}9146$ und aus $s_{2B} = 0{,}19$ mm und $\bar{x}_{2B} = 4{,}90$ mm:

$$\text{Grenze B} = \bar{x}_{2B} - t.s_{2B} = 4{,}35 \text{ mm.}$$

Der „Überschneidungsbereich" für x_2 liegt also zwischen 4,3 mm und 4,6 mm. Die *Neomys*schädel, deren Messungen außerhalb dieses Bereiches fallen, sind mit ausreichender Sicherheit durch x_2 bestimmbar. Die Stücke, deren Messung in den Unsicherheitsbereich fallen, werden durch die Berechnung des Komplexmerkmales bestimmt.

3. Zur Repräsentativität des untersuchten Materials

In der vorliegenden Untersuchung wurde für Serien von *N. a. milleri* und *N. f. fodiens* Berechnungen durchgeführt, die eine optimale Trennung der beiden Serien ermöglichten. Diese Berechnungen sind aber nur dann für die Taxonomie verwendbar, wenn sie verallgemeinert werden dürfen. Es muß also überprüft werden, ob das untersuchte Material als repräsentativ für die mitteleuropäischen Populationen der beiden Arten angesehen werden darf. Dies kann dann bejaht werden, wenn die untersuchten Serien bezüglich Alter, Geschlecht, Herkunft und Körpergröße nicht einseitig zusammengesetzt sind. Um zu zeigen, wie weit das der Fall ist, sind in den Tabellen 10 bis 15 die Verteilungen der Kopf-Rumpf-Schwanz-Länge, der Zahnabnutzung, der Geschlechter, der Fangorte, der Höhe über N. N. der Fangorte und die Verteilung des Fangdatums auf die vier Jahreszeiten zusammengestellt. Die Tabellen 10, 11 und 15 erlauben die Verteilung der Altersstufen zu beurteilen, die Tabelle 10 die Körpergröße, die Tabellen 13 und 14 die geographische Verteilung der Fangorte und Tabelle 12 die Verteilung der Geschlechter.

Auf Grund dieser Verteilung halte ich eine Verallgemeinerung der gefundenen Ergebnisse für Mitteleuropa für gerechtfertigt. An dieser Stelle soll darauf hingewiesen werden, daß zur Unterscheidung von ostpolnischen *N. a. milleri*- und *N. f. fodiens*-Schädeln die Unterkieferasthöhe nach Buchalczyk & Raczynski (1961) alleine ausreicht (siehe Abb. 7). Offensichtlich nimmt die Unterkieferasthöhe nach Nord-Osten

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Tabelle 10

Verteilung der Kopf-Rumpf-Schwanz-Länge der untersuchten Serien

N. a. milleri		*N. f. fodiens*	
Klassengrenzen (in mm)	Anzahl pro Klasse	Klassengrenzen (in mm)	Anzahl pro Klasse
125—130	7	120—130	2
115—120	14	130—140	12
120—125	12	140—150	39
125—130	7	150—160	4
130—135	1	160—170	1
ohne Maßangaben	2	ohne Maßangaben	3

hin bei *milleri* ab und bei *fodiens* zu (vergleiche Abb. 2, x_2). Ob auch die Gesamtgröße der beiden Formen sich in dieser Weise verändert, oder ob Proportionsverschiebungen vorliegen, vermag ich, da mir noch keine polnischen Tiere zur Verfügung standen, nicht zu beurteilen.

Zur Anwendbarkeit der Ergebnisse auf Jungtiere: Da die untersuchten Individuen mit be-

Tabelle 11

Verteilung der Zahnabnutzung

	N. a. milleri	*N. f. fodiens*
wenig abgenützt	6	10
abgenützt	35	33
stark abgenützt	4	18

Tabelle 12

Verteilung der Geschlechter

	N. a. milleri	*N. f. fodiens*
♂	16	34
♀	17	20
unbest.	12	7

köderten Fallen gefangen wurden, liegen den ermittelten Werten nur Tiere zugrunde, die schon selbständig auf Nahrungssuche gehen konnten. Die gefundenen Werte lassen deshalb keine Schlüsse auf die Verhältnisse bei Nestlingen zu. Da aber im allgemeinen nur Spitzmäuse, die schon selbständig sind, von Eulen erbeutet werden, hat dies keinen negativen Einfluß auf die Anwendung der Ergebnisse bei Untersuchungen von Gewöllmaterial.

Tabelle 13

Geographische Verteilung

	N. a. milleri	*N. f. fodiens*
Niederlande	—	1
Nordrhein-Westfalen	3	5
Hessen und Unterfranken	—	31
Baden-Württemberg	23	7
Oberbayern und Bayrischer Wald	18	4
Österreich	—	9
Tschechoslowakei	1	3
Thüringen	—	1

V. Bestimmungsschlüssel mitteleuropäischer *Neomys*schädel (Anwendung der Ergebnisse)

1. Bestimmung der Gattung

In den gängigen Bestimmungstabellen für Säugetierschädel werden die drei einheimi-

Tabelle 14

Höhenverteilung der Fangorte

m über N. N.	0—200	200—400	400—600	600—800	800—1000	1000—1200	1200—1400	1400—1600
N. a. milleri	1	23	1	5	15	—	—	—
N. f. fodiens	37	7	3	3	2	4	2	3

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

Tabelle 15

Verteilung der Fangdaten auf die Jahreszeiten

	N. a. milleri	*N. f. fodiens*
Winter	4	9
Frühjahr	1	19
Sommer	10	26
Herbst	30	7

schen Soricidengattungen durch die Zahnfärbung, durch die Zahl der Zähne im Oberkiefer und, zur Trennung der „Rotzahnspitzmausgattungen", durch die Zahl der Höcker auf dem ersten Schneidezahn des Unterkiefers gekennzeichnet (Brohmer 1953, Gaffrey 1953, Haltenorth 1955, Zimmermann 1955). Diese Merkmale reichen aber nicht immer für eine sichere Bestimmung aus: Von der Rotfärbung der Zahnspitzen ist bei einzelnen Stücken der Gattung *Neomys* und *Sorex* auch mit Lupe nichts mehr zu erkennen (dieses Fehlen der Rotfärbung kommt nicht nur bei sehr alten Tieren mit abgenutzten Zähnen vor, sondern sehr vereinzelt auch an Schädeln relativ junger Tiere). Auch die Zahl der Zähne stellt kein sicheres Bestimmungsmerkmal dar, da bei Soriciden sowohl Zahnreduktionen als auch Polyodontien vorkommen; und die Zahl der Höcker am I_1 ist nur dann brauchbar, wenn dieser Zahn nicht ausgefallen oder nicht so stark abgenützt ist, daß von Erhebungen auf der Schneide nichts mehr zu erkennen ist. Aus diesen Gründen kam es bisher immer wieder zu einzelnen Fehlbestimmungen. Da aber die Art nur sicher bestimmt werden kann, wenn die Gattung eindeutig bekannt ist, wird hier dem Abschnitt über die Artbestimmung eine Tabelle zum Bestimmen der Gattungszugehörigkeit unserer Soriciden vorangestellt, die es erlaubt, auch defekte und anomal bezahnte Schädel und solche, denen Zähne fehlen, sicher anzusprechen. Die neuen darin verwendeten Merkmale sind mir beim Durchsehen von Gewöllschädeln aufgefallen und an Serien von Schädeln, deren Artzugehörigkeit bekannt war, überprüft worden.

Schädel ohne Unterkiefer

1. Gattung *Crocidura:* 1. Zähne weiß. 2. Im Oberkiefer zwischen dem zweispitzigen Vorderzahn und dem ersten mehrspitzigen Backenzahn drei einspitzige Zähne (Abb. 8a). 3. Die mehrspitzigen Backenzähne des Oberkiefers bilden zusammen mit einem Teil der Gaumenplatte eine annähernd kreisförmige Figur (Abb. 8a, b). 4. Der Processus zygomaticus maxillaris (der vor allem bei *C. leucodon*[5] besonders klein ausgebildet ist, reicht nicht über die Grenze zwischen vorletztem und letztem Backenzahn nach hinten (Abb. 8a). 5. Nahtstelle zwischen Parietalia und Frontalia ohne Foramina (Abb. 8e).
2. und 3. Gattung *Neomys* und Gattung *Sorex:* 1. Zähne mit rotbraunen Spitzen. 2. Im Oberkiefer beiderseits vier oder fünf einspitzige Zähne, von denen aber

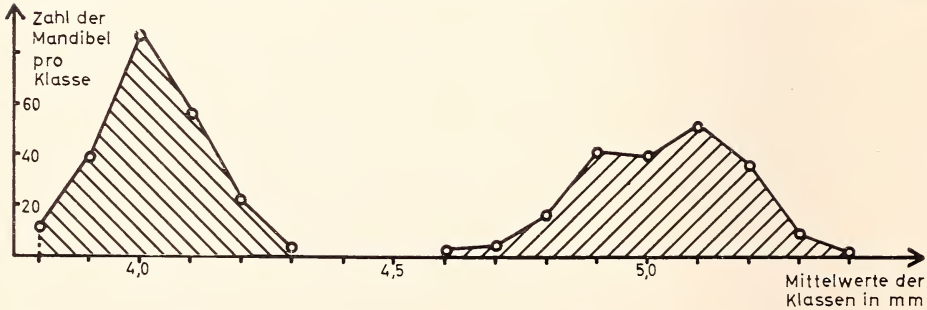

Abb. 7. Profildiagramm der Häufigheitsverteilungen der Unterkieferasthöhle bei 123 *Neomys anomalus milleri* und 102 *Neomys f. fodiens* aus dem Białowiezaer Nationalpark in Ostpolen. Gezeichnet nach Angaben von Buchalczyk & Radczynski (1961). Siehe Seite 84.

[5] Zur Unterscheidung der *Crocidura*-Arten siehe Richter 1963.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

einzelne vollständig reduziert sein können (Abb. 8d, 9d, e). 3. Die Gaumenplatte im Bereich der mehrspitzigen Backenzähne bildet eine annähernd trapezförmige Figur (Abb. 8c, d). 4. Der Processus zygomaticus maxillaris reicht bis in den Bereich des letzten Backenzahnes und ist ziemlich lang (Abb. 8d). Dieses Merkmal ist besonders typisch für *Neomys* (wo es im allgemeinen noch deutlicher ausgebildet ist, als die Abb. 8d zeigt); bei *Sorex* ist es im allgemeinen auch ausgeprägt, aber bei einzelnen Stücken ist der Fortsatz so klein und sitzt so weit vorne, daß er nur bis an oder knapp über die Grenze zwischen M^2 und M^3 reicht. Dafür läßt sich aber *Sorex* sicher von *Crocidura* an dem spitzig zulaufenden Praemaxillare unterscheiden (Abb. 9e), das bei *Crocidura* etwa die gleiche Form hat wie bei *Neomys* (Abb. 9d). 5. An den vorderen Spitzen der Parietalia sind zwei kleine Foramina parietalia ausgebildet (Abb. 8f). Häufig sind diese Foramina nicht spiegelsymmetrisch ausgebildet, sondern das eine Foramen sitzt weiter vorne oder ist größer ausgebildet als das andere. (Diese Asymmetrie kann so stark ausgeprägt sein, daß eines der Foramina doppelt so groß wie normal ausgebildet ist, während das zweite nicht

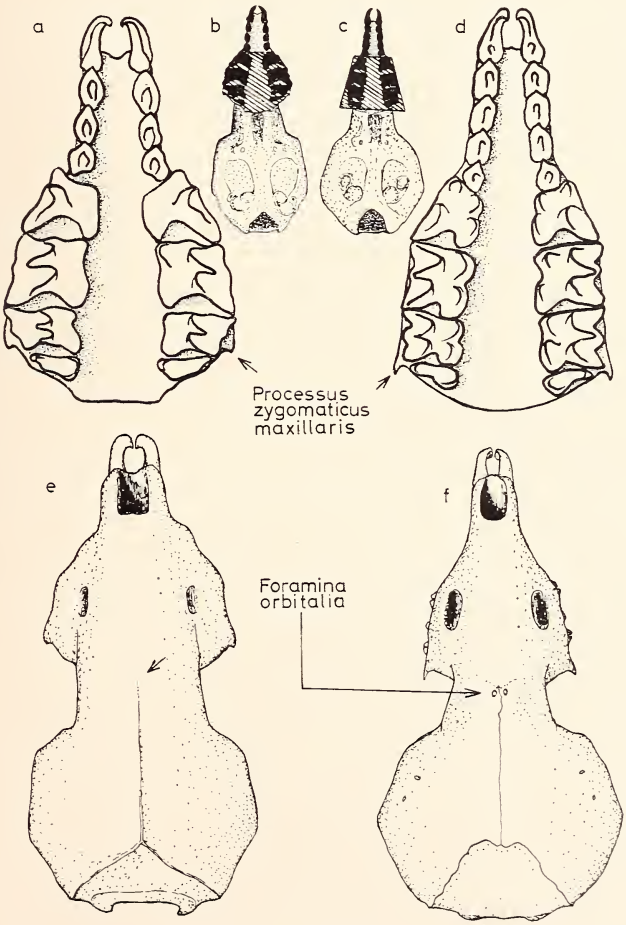

Abb. 8. a. *Crocidura,* bezahnter Teil des Schädels, basal. — b. *Crocidura,* Oberschädel, basal. — c. *Neomys,* Oberschädel, basal. — d. *Neomys,* bezahnter Teil des Schädels, basal. — e. *Crocidura,* Schädel, dorsal. — f. *Neomys,* Schädel, dorsal.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

erkennbar ist. (Diese Anomalie habe ich bisher nur bei *N. fodiens* festgestellt, und zwar bei zwei von 77 Tieren.)

2. Gattung *Sorex:* 1. Im Oberkiefer beiderseits fünf einspitzige Zähne (Abb. 9e); nach G. H. W. Stein, Berlin (mndl.) fehlt bei etwa 1 bis 2 % einer dieser Zähne und sehr vereinzelt sogar zwei, so daß dann nur vier einspitzige wie bei *Neomys* oder drei wie bei *Crocidura* vorhanden sind. 2. Der Rand der Nasenhöhle besitzt an der Nahtstelle der beiden Nasalia eine Spitze (Abb. 9g). 3. Die Oberkante der Intermaxillaren verläuft — von der Seite gesehen — in einem sanften Bogen in die Oberkante des I^1 hinüber (Abb. 9e). Dadurch erhält der Schädel eine spitz zulaufende Form.
3. Gattung *Neomys:* 1. Im Oberkiefer beiderseits vier einspitzige Zähne (Abb. 8d, 9d). Bei einem *fodiens*-Schädel (aus einer Gewöllaufsammlung aus Weiler, 30 km östlich von Stuttgart) ist linksseitig ein fünfter einspitziger Zahn ausgebildet, der sagittalwärts von C^1 und P^1 wurzelt. Zahnreduktionen sind, nach dem, was bei *Sorex* bekannt ist, vereinzelt zu erwarten. 2. Der Rand der Nasenhöhle verläuft an der Nahtstelle der Nasalia gerade oder leicht konkav; es ist also keine Spitze ausgebildet (Abb. 9f). 3. Die Oberkante des Intermaxillaren zeigt — von der Seite gesehen — über I^2 einen charakteristischen Knick, von dem aus sie steil und ziemlich geradlinig bis zum ersten Schneidezahn verläuft (Abb. 9d). Dadurch wirkt der Vorderteil des Schädels klobig. Dieses Merkmal ist bei *Neomys* und *Crocidura* ähnlich ausgebildet.

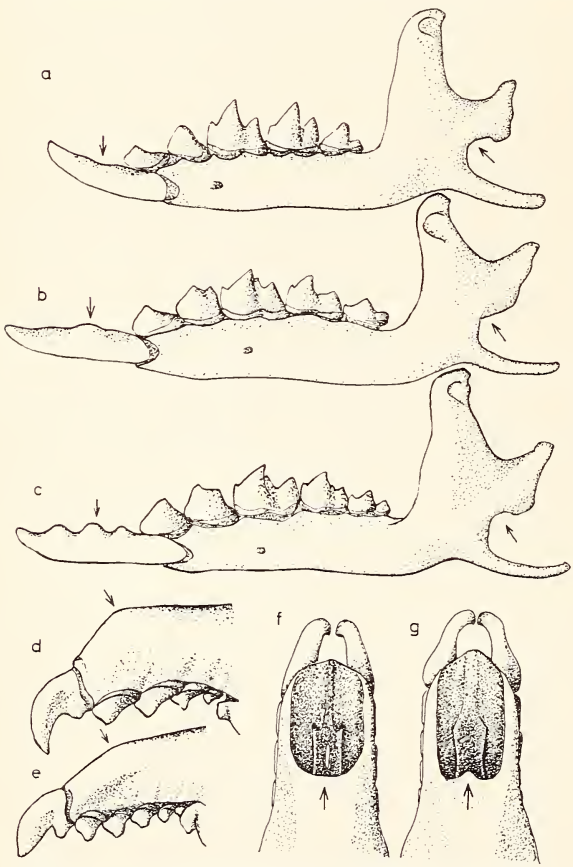

Abb. 9. a. *Crocidura,* Mandibel, Profilansicht von außen. — b. *Neomys,* Mandibel, Profilansicht von außen. — c. *Sorex,* Mandibel, Profilansicht von außen. — d. *Neomys,* rostraler Schädelteil von der Seite. — e. *Sorex,* rostraler Schädelteil von der Seite. — f. *Neomys,* rostraler Schädelteil, dorsal. — g. *Sorex,* rostraler Schädelteil, dorsal.

Unterkiefer

1. Gattung *Crocidura:* 1. Zähne weiß. 2. Die Bucht der caudalen Kante des Mandibels unter dem Gelenkfortsatz ist relativ tief; der Gelenkfortsatz (von der Außenseite her gesehen) ragt deutlich über diese Bucht über (Abb. 9a). 3. Keine Höcker auf der Schneide von I_1 (Abb. 9a).
2. Gattung *Neomys:* 1. Zahnspitzen rot. 2. Die Bucht der caudalen Mandibelkante unter dem Gelenkfortsatz ist (von der Außenseite her gesehen) relativ flach; der Gelenkfortsatz ragt wenig über (Abb. 9b). 3. Auf der Schneide von I_1 nur eine leichte Erhöhung, aber keine Höcker (Abb. 9b).

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

3. Gattung *Sorex:* 1. Zahnspitzen rot. 2. Die Bucht unter dem Gelenkfortsatz relativ tief und eng (ähnlich wie bei *Crocidura),* so daß der Gelenkfortsatz (von der Außenseite her gesehen) über diese Bucht überragt (Abb. 9c). 3. Auf der Schneide von I_1 drei Höcker (Abb. 9c).

2. Bestimmung der Art

Die in diesem Abschnitt dargestellte Methode der Artunterscheidung ist der Extrakt aus den Ergebnissen dieser Arbeit. Ihre Zuverlässigkeit ist nachträglich an sicher bestimmten Fallenfängen (20 *fodiens,* 6 *anomalus),* die nicht für die Berechnungen verwendet worden waren, überprüft worden. Alle Stücke wurden dabei durch die Methode richtig bestimmt. Auch bei einer Untersuchung von wüttembergischen Schädelserien aus Gewöllen war eine sichere Artbestimmung aller Stücke möglich (Bühler 1964). Die Unterscheidung erfolgt an Hand der Unterkiefermaße. Über deren Meßweise siehe Abschnitt III, 1.

1a. Unterkieferasthöhe größer als 4,6 mm oder kleiner als 4,3 mm 2
1b. Unterkieferasthöhe fällt in den Bereich von 4,3 mm bis 4,6 mm 3
2a. Unterkieferasthöhe größer als 4,6 mm . . . . . *N. f. fodiens*
2b. Unterkieferasthöhe kleiner als 4,3 mm . . . . . *N. anomalus milleri*
3. Miß Mandibellänge (x_1), Unterkieferasthöhe (x_2) und untere Zahnreihenlänge (x_4) und setze sie in die Formel des Komplexmerkmales X ein:

$$X = -x_1 + 2{,}58x_2 + 2{,}78x_4$$

3a. X kleiner als 18,43 . . . . . *N. anomalus milleri*
3b. X größer als 18,43 . . . . . *N. f. fodiens*

VI. Anwendungsmöglichkeiten der Diskriminanzanalyse

Die ersten Berechnungen mit Hilfe der D. A. wurden auf anthropocraniometrischem Gebiet durchgeführt (Barnard 1935, Fisher 1936, 1956), und seither ist die Anthropometrie das bevorzugte Anwendungsgebiet der D. A. geblieben. Weitere Beispiele liegen aus der Medizin vor, wo sie u. a. in der Diagnostik Bedeutung erlangt hat, aus der Gerichtsmedizin, wo sie zur Vaterschaftsbestimmung herangezogen worden ist und aus der Psychologie, wo sie für die Auswertung von psychologischen Tests eingesetzt wird; außerdem liegen Anwendungsbeispiele aus der Genetik und aus Tier- und Pflanzenzüchtung vor. Übersichten über diese Anwendungsbeispiele finden sich bei R. K. Bauer (1954) und Ernst Weber (1957). Hier sollen einige Anwendungsmöglichkeiten für den Zoologen und speziell für den Mammalogen aufgezeichnet werden:

1. Die Trennung naher verwandter Formen, bei denen sich die Verteilungen der Einzelmerkmale überschneiden. Das Ziel dieses Verfahrens ist, zwei Verteilungen zu erhalten, die so weit auseinanderliegen, daß eine ausreichend sichere Bestimmung der Individuen möglich ist. Dieses Problem weist zwei Varianten auf: Es kann die Zugehörigkeit der für die Berechnung zur Verfügung stehenden Individuen zu ihren Gesamtheiten bekannt sein, wie das bei der Trennung unserer *Neomys*-Schädel der Fall war; dann können alle vorliegenden Stücke für die D. A. verwendet werden. (Ein weiteres Beispiel hierfür wäre die noch ausstehende Trennung von *Apodemus sylvaticus*- und *flavicollis*-Schädeln, bei der eine D. A. mit den Schädeln sicher bestimmter Fallenfänge durchzuführen wäre.) Oder es kann ein Material vorliegen, das nur durch eine reale Zweigipfligkeit der Verteilung eines Merkmals er-

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

kennen läßt, daß die Individuen von zwei verschiedenen Gesamtheiten stammen. In diesem Fall wird man den Überschneidungsbereich (siehe Abschnitt IV, 2) berechnen und nur Stücke, die nicht in diesen Bereich fallen, für die D. A. verwenden. Das auf diese Weise gefundene Komplexmerkmal läßt sich dann nachträglich auch zur Bestimmung der Tiere des Überschneidungsbereiches verwenden.

2. Die Trennung irgendwelcher anderer natürlicher Gruppen: So wie die D. A. zur Trennung zweier systematischer Einheiten verwendet wird, kann sie z. B. auch zur Geschlechtsbestimmung bei Arten verwendet werden, die wenig ausgeprägte Geschlechtsmerkmale aufweisen, oder für die Geschlechtsbestimmung von Skeletteilen (so wurde die D. A. in der Anthropometrie schon zur Geschlechtsbestimmung von menschlichen Schädelfragmenten verwendet, die durch Ausgrabungen zutage gefördert worden waren).
3. Die Klärung von Verwandtschaftsverhältnissen nah verwandter Arten. Bekanntlich unterscheiden sich die Formen einer Gattung im allgemeinen nur durch geringfügige und vor allem nur durch sehr einfache Merkmale. Da die Homologiekriterien, wenn nur wenige Formen zu vergleichen sind, bei einfachen und geringfügigen Merkmalen versagen (Remane 1952), ist eine Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse nah verwandter Formen nicht mit ausreichender Sicherheit in der üblichen Weise der Homologisierung möglich. Dagegen lassen sich die Verwandtschaftsverhältnisse von Unterarten im allgemeinen aus der geographischen Verteilung, aus der Breite des Variationsbereiches und aus der klinalen Variabilität der Merkmale erschließen. Übrig bleiben die nah verwandten Arten, die somit bei der Einordnung ins natürliche System besondere Schwierigkeiten machen. Bei ihnen läßt sich nun die Sicherheit der Homologisierung dadurch steigern, daß die Merkmalskomplexität durch eine trennanalytische Zusammenfassung der Einzelmerkmale erhöht wird. Dabei werden die Einzelmerkmale nach ihrem Beitrag zur Gesamttrennwirkung gewichtet (also nach dem Ausmaß der zwischenartlichen Verschiedenheit der Merkmale), was m. E. die sinnvollste Bewertungsweise für Einzelmerkmale darstellt, wenn sich für diese die üblichen Homologiekriterien nicht anwenden lassen.

Ein Beispiel für ein solches phylogenetisches Problem stellt *Crocidura sicula* aus Sizilien dar, bei der bisher noch nicht eindeutig geklärt werden konnte, ob sie zu *Crocidura russula* oder zu *Crocidura leucodon* zu stellen ist (Niethammer 1962). Die Schemafrage dieses Problems lautet: Steht eine Form A *(C. sicula)* näher einer Form B1 *(C. russula)* oder einer Form B2 *(C. leucodon)*? Zur Klärung dieser Frage führt man eine D. A. zwischen einer Serie der Form B1 und einer der Form B2 durch. Man erhält auf diese Weise für die beiden Serien zwei Verteilungen des Komplexmerkmales X. Die Lage der dritten Verteilungskurve, die einer Serie der Form A, ermöglicht dann eine relativ sichere Aussage über die Verwandtschaftsverhältnisse. Da bei diesem Verfahren die Merkmale ins rein Numerische übertragen werden und das Anschauliche verlorengeht, sind Fehler, die sich mit den Merkmalen einschleichen, nachträglich nicht mehr zu fassen. Deshalb müssen die Merkmale bei dieser Anwendung der D. A. (ganz im Gegensatz zu ihrer Verwendung beim normalen Trennverfahren) sorgfältig und mit systematischem Feingefühl ausgewählt werden: Merkmale, deren Häufigkeitsverteilungen einer Population mehrere getrennte Häufigkeitsgipfel aufweisen, wie das z. B. bei den verschiedenen Farbaberrationen der Fall ist, also Merkmale, die durch den Begriff „qualitative Unterschiede" gekennzeichnet werden, müssen ausgeschieden werden; die Verteilungen der Merkmale müssen also vorher auf Normalität geprüft werden. Untransformierte Längenmaße und Proportionen dürfen nur dann verwendet werden, wenn die Körpergrößen der Form B1 und der Form B2 im wesentlichen gleich sind, weil sonst größenbedingte Proportionen das Ergebnis verfälschen können. Weiterhin sollten die Vergleichsserien (zumindest der Art B1 und B2) sym-

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

patrischen Populationen entstammen, damit Verfälschungen durch junge geographisch bedingte Selektionswirkungen und geographisch bedingte Modifikationen ausgeschaltet werden. Und schließlich ist noch darauf zu achten, daß die Serien, die für solche statistisch-systematische Untersuchungen verwendet werden, die Populationen, denen sie entstammen, ausreichend repräsentieren und aus gleichgeschlechtigen Tieren oder gleichen Anteilen der beiden Geschlechter und entsprechend aus gleichen Entwicklungsstadien oder aus gleichen Anteilen verschiedener Entwicklungsstadien bestehen.

Wenn aber diese Maßregeln eingehalten werden, bietet sich in dem trennanalytischen Verfahren eine phylogenetische Methode an, die im interspezifischen Bereich, in dem sowohl die Verwandtschaftskriterien der höheren Einheiten als auch die der Unterarten versagen, noch relativ sichere Ergebnisse ermöglicht.

4. Die Überprüfung von komplexen Versuchsergebnissen. Dazu ein Beispiel: Es werden bei Laborratten die Reaktionen verschiedener Organe auf Injektionen eines bestimmten Hormons an Hand von Gewichts-, Organgrößen- und Zellkerngrößenveränderungen dieser Organe untersucht. Dabei ist es möglich, daß eine Gesamtwirkung auf den Organismus vorliegt, obwohl die Einzelreaktionen so schwach sind, daß sie nicht als signifikant nachgewiesen werden können. Diese „verborgene" Gesamtwirkung kann nun dadurch nachgewiesen werden, daß man die einzelnen Reaktionsmerkmale durch eine D. A. zu einem Komplexmerkmal zusammenfaßt.

Diese Beispiele sollten zeigen, daß die D. A. in vielfältiger Weise eingesetzt werden kann; die Vorteile, die sie bietet, sind offensichtlich. Diese Vorteile mußten aber bisher mit einem relativ hohen Arbeitsaufwand bezahlt werden. Dadurch aber, daß heute an immer mehr Orten elektronische Rechengeräte der Forschung zugänglich gemacht werden, fällt dieses Hindernis weg; die D. A. wird zu einem allgemein zugänglichen Hilfsmittel, das — auch auf dem Gebiet der Mammalogie — Untersuchungsergebnisse ermöglicht, welche Einblicke in komplexe Zusammenhänge gewähren, die bisher nicht exakt erfaßbar waren.

Zusammenfassung

1. Die Verbreitung von *Neomys anomalus milleri* Mottaz, 1907, wird im Zusammenhang mit neueren Nachweisen aufgezeigt.
2. Die Variabilität von Schädelmerkmalen wurde an 45 *Neomys anomalus milleri* und 61 *Neomys f. fodiens* aus Mitteleuropa untersucht. Durch keines der einzelnen Merkmale ließen sich die beiden Arten vollständig trennen. Die stärkste Trennwirkung zeigt die Unterkieferasthöhe (Coronoidhöhe).
3. Mit Hilfe der Fisherschen Diskriminanzanalyse werden drei Schädelmerkmale zu einem Komplexmerkmal zusammengefaßt, das eine sichere Unterscheidung von *Neomys anomalus milleri* und *Neomys f. fodiens* ermöglicht, und damit wird die Grundlage für eine gewöllanalytische Untersuchung der Verbreitung von *N. anomalus milleri* geschaffen.
4. Am Beispiel von *N. f. fodiens* und *N. anomalus milleri* wird gezeigt, wie sich numerisch erfassen läßt, ob ein Einzel- oder Komplexmerkmal zwei systematische Einheiten besser oder schlechter auseinanderhält.
5. Am Beispiel von *Neomys f. fodiens* und *Neomys anomalus milleri* wird gezeigt, daß es (im Gegensatz zu den Angaben von E. Weber 1957) auch dann möglich ist, eine eindeutige Klassifizierung zweier systematischer Einheiten durchzuführen, wenn die Verteilungen dieser beiden Einheiten ungleiche Standardabweichungen besitzen. Eine Tatsache, die ganz allgemein (also auch wenn ohne D. A. gearbeitet wird) für das Aufstellen von zuverlässigen Bestimmungstabellen von Bedeutung ist.
6. Es werden Merkmale beschrieben, die eine sichere Gattungsbestimmung von Schädeln mitteleuropäischer Soriciden ermöglichen.
7. Es wird an Beispielen gezeigt, welche Möglichkeiten die Diskriminanzanalyse (in Verbindung mit elektronischen Rechengeräten) heute der Biologie und speziell der Mammalogie bietet.

Summary

1. The geographical distribution of *Neomys anomalus milleri* Mottaz, 1907, with special reference to recent reports, is reviewed.

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

2. Variability of skull characteristics has been studied on 45 *Neomys anomalus milleri* and 61 *Neomys f. fodiens* from Central Europe. Exact differentiation of the two species by any one of the characteristics studied was not feasible. The height of the coronoid process of the mandible proved to be the best distinguishing single skull characteristic.
3. By means of Fishers discriminant analysis three single skull characteristics were combined. This yielded a complex characteristic which can be used as a reliable basis for the differentation between *Neomys anomalus milleri* and *Neomys f. fodiens,* so that the geographical distribution of *Neomys anomalus milleri* now can be studied by analysis of pellets of owls.
4. Using the data gathered from *Neomys f. fodiens* and *Neomys anomalus milleri* it is demonstrated how the separation of two taxonomic units by a single or complex characteristic can be numerically comprehended.
5. By means of the same data it is also shown that exact classification of two taxonomic units is possible — contrary to the statement of E. Weber, 1957 — even if the distribution of both units have different standard deviations. This fact is of general importance for the etablishment of reliable taxonomic tables.
6. Characteristics permitting the classification of the genera of Central European Soricidae by means of their skulls are described.
7. Some possibilities offered by the utilization of discriminant analysis — together with the use of electronic computers — in the study of biological and, especially, mammalogical problems are exemplified.

Literatur

Barnard, R. K. (1935): The secular variations of skull characters in four series of Egyptian skulls; Annals of Eugenics 6, p. 352–371. — Bauer, R. K. (1954): Diskriminanzanalyse; Allgemeines Statistisches Archiv 38, p. 203–216. — Bauer, K. (1951): Zur Verbreitung und Ökologie von Millers Wasserspitzmaus *(Neomys milleri* Mottaz); Zool. Inform. (Wien) 5, p. 3–4. — Bauer, K. (1960): Säugetiere des Neusiedlersee-Gebietes (Österreich); Bonner Zoologische Beiträge 11, p. 141–336. — Brink, F. H. v. d. (1957): Die Säugetiere Europas; 225 pp. Hamburg. — Brohmer, P. (1953): Fauna von Deutschland; 592 pp. Heidelberg. — Buchalczyk, T., & Raczynski, J. (1961): Taxonomischer Wert einiger Schädelmessungen inländischer Vertreter der Gattung *Sorex* L. 1758 und *Neomys* Kaup 1829; Acta Theriologica 5, p. 115–124. — Bühler, P. 1963: *Neomys fodiens niethammeri* ssp. n., eine neue Wasserspitzmausform aus Nord-Spanien; Bonn. Zool. Beitr. 14, p. 165–170. — Bühler, P. (1964): Zur Verbreitung und Ökologie der Sumpfspitzmaus *(Neomys anomalus milleri)* in Württemberg; Veröffentlichung der Landesstelle für Naturschutz Baden-Württemberg 31 (im Druck). — Dehnel, A. (1950): Badania nad rodzajem *Neomys* Kaup; Ann. Univ. M. Curie-Sklodowska, Lublin, Sect. C. 5, p. 1–63. — Duerst, J. U. (1926): Vergleichende Untersuchungsmethoden am Skelett bei Säugern; Handbuch der biologischen Arbeitsmethoden Abt. VII, Teil 1, p. 125–530. — Fisher, R. A. (1936): The use of multiple measurements in taxonomic problems; Annals of Eugenics 7, p. 179–188. — Fisher, R. A. (1938): The statistical utilization of multiple measurements; Annals of Eugenics 8, p. 376–386. — Fisher, R. (1940): The precision of discriminant functions; Annals of Eugenics 10, p. 422–429. — Fisher, R. (1956): Statistische Methoden für die Wissenschaft (ins Deutsche übertragen von D. Lucka); 359 pp. London. — Gaffrey, G. (1953): Die Schädel der mitteleuropäischen Säugetiere; 123 pp. Dresden. — Documenta Geigy (1960): Wissenschaftliche Tabellen, 6. Aufl. 742 pp.; Basel. — Herre, W. (1961): Kleine Bemerkungen zu systematischen Fragen; Zeitschrift für Säugetierkunde 26, p. 188–191. — Hurst, R. L., & Wiser, G. (1962): Discriminant Function Analysis (Stepwise); 1620 General Programm Library, 6.0.076, 19 pp. — Haltenorth, T. (1955): Mammalia; In Döderlin, L.: Bestimmungsbuch für deutsche Land- und Süßwassertiere 304 pp.; München. — Kahmann, H. (1952): Beiträge zur Kenntnis der Säugetierfauna in Bayern; Ber. Naturforsch. Ges. Augsburg 5, p. 147–170. — Linder, A. (1960): Statistische Methoden; 3. Aufl., 484 pp. Basel. — Löhrl, H. (1955): Die Kleine Wasserspitzmaus *(Neomys anomalus milleri)* in Württemberg; Jahreshefte des Vereins für vaterländische Naturkunde in Württemberg 9, p. 271–272. — Miller, G. S. (1912): Catalogue of the Mammals of western Europe; 1019 pp. London. — Mahalanobis, P. C. (1927): Analysis of race mixture in Bengal; J. Asiat. Soc. Beng. 23, p. 301–333. — Niethammer, G. (1953): Zur Verbreitung der Rundschwänzigen Wasserspitzmaus, *N. a. milleri;* Natur und Heimat (Münster, Westf.) 13, p. 39 bis 42. — Niethammer, J. (1953): Die Rundschwänzige Wasserspitzmaus *Neomys anomalus milleri* Mottaz in der Eifel; Natur und Heimat (Münster, Westf.) 13, p. 36–39. — Niethammer, J. (1956): Insektenfresser und Nager Spaniens; Bonner Zoologische Beiträge 7, p. 249–295. — Niethammer, J. (1961): Verzeichnis der Säugetiere des mittleren Westdeutschlands; Decheniana 114, p. 75–98. — Niethammer, J. (1962): Die Säugetiere von Korfu; Bonner Zoologische Beiträge 13, p. 3–49. — Remane, A. (1952): Die Grundlagen des natürli-

© Biodiversity Heritage Library, http://www.biodiversitylibrary.org/

chen Systems, der vergleichenden Anatomie und der Phylogenetik I. 400 pp. Leipzig. — Rensch, B. (1929): Das Prinzip geographischer Rassenkreise und das Problem der Artbildung; 206 pp. Berlin. — Richter, H. (1953): Zur Kenntnis mittelsächsischer Soriciden; Zeitschrift für Säugetierkunde 18, p. 170–181. — Richter, H. (1963): Zur Unterscheidung von *Crocidura r. russula* und *Crocidura leucodon* nach Schädelmerkmalen, Gebiß und Hüftknochen; Zool. Abhandl. u. Ber. Mus. Dresden 26, p. 123–133. — Waerden, B. L. v. d. (1957): Mathematische Statistik; 360 pp. Berlin. — Weber, Erna (1961): Grundriß der biologischen Statistik; 4. Aufl. 566 pp. Jena. — Weber, Ernst (1957): Betrachtung zur Diskriminanzanalyse; Zeitschrift für Pflanzenzüchtung 38, p. 1–36. — Wolf, H. (1938): Ein neuer Fundort von *Neomys milleri* Mottaz; Zeitschrift für Säugetierkunde 12, p. 326–327. — Zimmermann, K. (1955): Säugetiere; In Stresemann, E.: Exkursionsfauna von Deutschland, Wirbeltiere. 340 pp. Berlin.

Anschrift des Verfassers: Paul Bühler, 7 Stuttgart-Hohenheim, Zoologisches Institut

Zur Nomenklatur und Systematik der Quastenstachler, Gattung *Atherurus* F. Cuvier, 1829

Von Erna Mohr

Eingang des Ms. 1. 8. 1963

Für die Quastenstachler trifft dasselbe zu wie für alle anderen Stachelschweine: sie sind äußerlich sehr schwer zu unterscheiden, etwas leichter nach dem Skelett. Aber auch hier ist die Benutzung der Zähne schwierig, denn das Schmelzschlingen-Muster verändert sich zeitlebens in einem derartigen Ausmaß, daß man Zähne von adulten und älteren Tieren für die zweier verschiedener Gattungen halten müßte, wenn man sie einzeln fände. Das beeinträchtigt auch erheblich die Zuordnung der wenigen bisher gemachten Fossilfunde von Stachelschweinen.

Heute bewohnt eine Gruppe von Quastenstachlern das tropische Afrika von Fernando Po und der Elfenbeinküste bis hinüber zum ägyptischen Sudan, eine andere Asien von Assam, Burma, Thailand, Cambodja, Vietnam bis Tonking und Hainan, Tenasserim, Malakka und eine größere Zahl der kleinen um den Südteil der Malayischen Halbinsel gelegenen Inseln. — Manche der Meldungen, auch solche von Sumatra, erwiesen sich als Verwechslungen mit *Trichys fasciculata* L., 1758.

Die beiden geographisch weit getrennten Gruppen haben einiges gemeinsam, zunächst den Habitus und den größten Teil der Körperbedeckung. Nase und Gesicht sind bis unter die Augen und bis eben hinter den Scheitel von starren kurzen Haarborsten besetzt. Von dort nach hinten ist der Rumpf bedeckt mit den Stilett-Stacheln[1], das sind bis 65 mm lange abgeflachte Stacheln, die an der Außenseite eine flache, bis 2 mm breite Furche, an der Innenseite eine bis 1/2 mm breite, flache Rinne haben, so daß der Querschnitt grobnierenförmig ist. Die Schmalkante ist mit distalwärts gerichteten Härchen besetzt, die bei den Afrikanern sehr lang und dicht sind, bei den Asiaten viel spärlicher und manchmal ganz fehlen — vielleicht abgenutzt sind bei solchen Stilett-Stacheln, die kurz vor dem Ausfall in der Mauser stehen? Am Mittel- und Hinterrücken entspringen zwischen den Stilett-Stacheln lange biegsame Stachelborsten, bei den Afrikanern untermischt mit dicken, starren Spießen, die im englischen Schrifttum „Quills" genannt werden. Die asiatischen Quastenstachler haben keine Quills. Doch trifft man solche auch nicht stets bei allen Afrikanern an, da ein voll-

[1] Über die Terminologie der einzelnen Elemente des Stachelschweinkleides siehe Mohr (1964).

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Mammalian Biology (früher Zeitschrift für Säugetierkunde)

Jahr/Year: 1964

Band/Volume: 29

Autor(en)/Author(s): Bühler Paul

Artikel/Article: Zur Gattungs- und Artbestmimung von Neomys-Schädln - Gleichzeitig eine Einführung in die Methodik der optimalen Trennung zweier systematischer Einheiten mit Hilfe mehrerer Merkmale 65-93