

Ulrich Kattmann, Oldenburg

# Die genetische Vielfalt der Menschen widerspricht der Einteilung der Menschen in „Rassen“

Mit der „Jenaer Erklärung zur Frage der Realität von Menschenrassen“ meldeten sich im September 2019 erstmals Vertreter der Deutschen Zoologischen Gesellschaft (DZG) zur Frage der Menschenrassen zu Wort. Vorangegangen waren entsprechende Stellungnahmen der Gesellschaft der Humangenetiker und der Anthropologen. Die drei Gesellschaften plädierten einhellig, wenn auch mit unterschiedlichen Akzenten, für die Abschaffung des Konzepts der Menschenrassen. Die Stellungnahmen sind vor dem Hintergrund der Geschichte der drei Disziplinen besonders wichtig. Von zoologischer Seite wurde jüngst der Jenaer Erklärung jedoch widersprochen. Aktuelle Lehrbücher halten ebenfalls an der Einteilung in Menschenrassen fest. Dies ist Anlass für den vorliegenden Beitrag, der die Frage nach der Existenz von Menschenrassen präzisiert. Sie lautet: Ist die Unterteilung von Arten in „Rassen“ oder Unterarten (Subspezies) im Fall der Art *Homo sapiens* geeignet, deren genetische Vielfalt adäquat zu erfassen? Dazu werden einschlägige Argumente und Aussagen einiger Zoologen zur Unterteilung von Arten in „Rassen“ analysiert, insbesondere die Annahme, dass es gleichermaßen bei Tierarten und beim Menschen „Rassen“ gebe. Die Diskussion um die Jenaer Erklärung zeigt, dass deren Aussagen nicht alle Zoologen teilen, vielleicht nicht einmal mehrheitlich. Wegen des gesellschaftlichen Interesses an zuverlässiger biologischer Information sollen die fachlichen Ungenauigkeiten, Fehler sowie unangemessenen Folgerungen in zoologischen Werken aufgedeckt und korrigiert werden

Besonders von zoologischer Seite wird der von der Deutschen Zoologischen Gesellschaft und anderen Fachgesellschaften propagierten Ablehnung, beim Menschen „Rassen“ zu unterscheiden [1-4], zuweilen Unverständnis und Widerstand entgegengebracht. Ein wesentlicher Grund hierfür dürfte die Orientierung an dem vor allem in der Zoologie gültigen Konzept der allopatrischen Speziation sein. Diesem zufolge bilden durch äußere Barrieren separierte Populationen einer ursprünglich einheitlichen Population über Generationen hinweg Unterschiede aus, die am Ende dazu führen können, dass die Populationen bei einem späteren Kontakt sich nicht mehr fruchtbar kreuzen können und sich wie zwei Arten verhalten. Ist hingegen „noch“ eine genetische Durchmischung möglich, so werden die vor allem phänotypisch unterscheidbaren Populationen unterschieden: Mit dem umgangssprachlichen, vor allem in der Tierzucht üblichen Wort „Rasse“ bzw. dem fachsprachlichen Begriff Unterart bzw. Subspezies (Textkasten).

Ein Zoologe widerspricht der Jenaer Erklärung: „Alle Kriterien, die zoologische Rassen definieren, sind auch auf menschliche Rassen anwendbar, so dass eine Zurückweisung des Rassenbegriffs beim Menschen auch viele Tierarten mit einbeziehen müsste“ [5].

## RASSE, UNTERART (SUBSPEZIES)

Das Wort „Rasse“ wurde früher (und wird manchmal noch heute [5]) gleichbedeutend mit dem Fachwort „Unterart“ (Subspezies) eingesetzt. Manche beharren auf diesem Terminus wohl deshalb, weil sie „Rasse“ für ein an sich neutrales zoologisches Fachwort halten. Gegen diesen unbedachten Gebrauch wird zu Recht eingewendet, dass das Wort „Rasse“ in Bezug auf den Menschen durch Kolonialismus und Nationalsozialismus ideologisch vergiftet und politisch belastet ist [11]. So erfüllt es mit Unbehagen, wenn beispielsweise der bekannte Zoologe Alfred Kühn „Erbkunde“ im Umfeld nationalsozialistischer Rassenideologie darstellte, womit er der Ideologie und der mit ihr verbundenen Politik einen wissenschaftlichen Anstrich gab [12]. Das Wort „Rasse“ kann heute (auch fachlich) nicht ohne die sich dabei einstellenden Assoziationen zu „Menschenrassen“ verwendet werden. Sein unreflektierter Gebrauch sollte daher vermieden und, wo es zutrifft, durch „Unterart“ (Subspezies) ersetzt werden. In diesem Beitrag wird das Wort „Rasse“, sofern es sich nicht um einen historischen Text handelt, in Anführungszeichen gesetzt, um seine fragwürdige Geschichte und den so bezeichneten Begriff als obsolet anzuzeigen.

Es ist jedoch nicht die Frage, ob man aus der zoologischen Perspektive prüfen dürfte, ob die Kriterien einer zoologischen Rassen- definition auf die Art *Homo sapiens* „anwendbar“ sind, sondern ob die Kriterien geeignet sind, die unzweifelhaft vorhandene gene- tische Vielfalt der Menschen zu erfassen. Die Meinung hierüber ist keineswegs einhellig, wie nicht allein die zitierte Reaktion auf die Jenaer Erklärung zeigt: Die Autoren eines wichtigen Lehrbuchs der Evolutionsbiologie bleiben auch in der letzten, 2013 erschienenen, Auflage bei der Einteilung der Menschheit in „Rassen“ [6].

Häufig meint man, dass die Ablehnung des Konzepts der Menschenrassen nicht durch naturwissenschaftliche, sondern allein durch ideologische Gründe motiviert sei. Mit dem Ras- senkonzept dagegen würde man das Banner und Panier der Bio- logie als unvoreingenommene Wissenschaft hochhalten. Der Autor gesteht, dass er selbst lange Zeit ebenso gedacht hat und es für hinreichend hielt, das typologische Rassenkonzept durch ein populationsgenetisches zu ersetzen [7]. Die genaue Analyse zeigt jedoch, dass keines der Argumente, am Menschenrassen- Konzept festzuhalten, biologisch stichhaltig ist [8].

Im Folgenden seien daher einige der gängigen Äußerungen zur Existenz von „Menschenrassen“ aufgegriffen und ihnen knapp entgegnet. Dann folgt eine eingehendere Analyse der Argumente.

### Haupteinwände gegen die Abschaffung des Rassenbegriffs

Die verbreitete Meinung, man könne die „Menschenrassen sehen“, klingt zunächst überzeugend: Alltäglich begegnen sich heute Men- schen aus vielen Teilen der Erde, die sich offensichtlich deutlich voneinander unterscheiden (Abb. 1).

Beim Zusammenleben in einer Bevölkerung stehen Merk- male, wie die Pigmentierung der Haut, die geographisch durch stufenlose Übergänge variieren, plötzlich kontrastreich neben- einander. Ohne den geographischen Zusammenhang mit sei- nen gleitenden Übergängen werden die Menschen dann nicht als Personen mit einzigartig individuellen Merkmalen, sondern leicht nur als Typen wahrgenommen, die durch eine vermeint- liche „Rasse“ charakterisiert sind. Diese Erfahrung hat auch die Geschichte geprägt, in der die Lehre von den Menschenrassen in Europa gebildet wurde. Individuen oder kleine Gruppen

wurden als exotisch angesehen und vielerorts im Rahmen einer „Völkerschau“ in Zoologischen Gärten und auf Märkten ausge- stellt. Die Wahrnehmung von Menschen als „Rassen“ beruht somit auf einer geographisch beschränkten Erfahrung (Abb. 1).

Eine verbreitete Meinung lautet: „Wenn es bei Tieren Rassen gibt, dann genauso beim Menschen.“ Und: „Wenn es Rassen bei Hun- den und Pferden gibt, weshalb soll man dann nicht auch beim Menschen von Rassen reden, wo Menschen doch genauso ver- schieden aussehen, wie die Rassen bei Hunden oder Pferden?“

Der Vergleich der Vielfalt der Menschen mit Zuchtrassen hinkt aus vielerlei Gründen. Haustierrassen sind enggezüch- tet, ihre genetische Variation ist daher innerhalb der Rassen klein, zwischen den Rassen groß [9]. Glücklicherweise wurden Menschen nie von Menschen gezüchtet, weshalb der Begriff der Zuchtrassen schon aus diesem Grunde nicht auf Men- schen anwendbar ist. Bei den Populationen des Menschen ist die Variation gerade umgekehrt zu der bei Zuchtrassen: Die genetischen Unterschiede innerhalb der Populationen ist beim Menschen groß, zwischen den Gruppen klein (Abb. 2, S. 289): Es gibt Rassehunde und Rassepferde, aber keine Rassemenschen.

Wer es ablehnt, von „Menschenrassen“ zu reden, der reklamiert für die biologische Art *Homo sapiens* eine Sonderstellung gegenüber den anderen Tierarten.

Die Frage, ob der Mensch eine Sonderstellung gegenüber anderen Arten hat oder nicht, hat mit der Frage einer möglichen Differenzierung in Unterarten nichts zu tun.

Für die Frage der Klassifikation von Unterarten ist generell ein- zig entscheidend, ob sie wissenschaftlich begründet werden kann und ob sie sinnvoll ist. In vielen Fällen muss man dies verneinen:

Es gibt eine Reihe von Tierarten, die nicht in Untergrup- pen zu unterteilen sind, weil beispielsweise eine genetisch bedingte Populationsdifferenzierung nicht festzustellen ist. Andere Populationen variieren durchgehend kontinuierlich, so dass eine Unterteilung nur vollkommen willkürlich möglich wäre. Der Mensch nimmt also keine Sonderrolle gegenüber allen anderen Tieren ein, wenn man keine Differenzierung in Subspezies vornimmt.



**Abb. 1.** Frauen aus Thailand, Deutschland, Kambodscha, Kenia und China (v.l.n.r.): Wenn Menschen aus verschiedenen Regionen der Erde in einer Bevölkerung zusammentreffen, fallen die Unterschiede besonders stark auf. Man tendiert dann dazu, die Menschen als Typen wahrzunehmen und ihre Merkmale gegeneinander zu kontrastieren. Tatsächlich aber variieren die Merkmale entlang der geographischen Entfernung kontinuierlich mit un- merklichen Übergängen (Kline). [Photos B. Dulitz und U. Kattmann]

Auch wenn man den Menschen aus „rein zoologischer Perspektive“ betrachtet, so ist nicht zu leugnen, dass er einige Besonderheiten aufweist. Wie jede andere Tierart hat auch er artspezifische Eigenschaften, die man am besten als seine *Eigenart* bezeichnet [10]. Keine Tierart ist wie die andere. Das gilt auch für den Menschen. Der Mensch ist deshalb kein Tier wie jedes andere, weil kein Tier wie das andere ist.

Es hieße die Jenaer Erklärung missverstehen, würde man sie als eine Art Dekret ansehen, eine Grundsatzfrage der Humanbiologie bzw. Anthropologie zu entscheiden. Vielmehr ist sie – genauso wie die von ihr hervorgerufene Gegenposition – Anstoß, den Argumenten nachzugehen, diese abzuwägen und zu diskutieren. Im Folgenden soll daher untersucht werden, wie man der innerartlichen Differenzierung von Arten und speziell des *Homo sapiens* gerecht werden kann.

### Die Unterteilung von Arten in Unterarten

Anders als bei biologischen Arten, für deren Abgrenzung es bei rezenten Formen mit sich überschneidenden Verbreitungsgebieten objektivierbare Kriterien gibt (Fortpflanzungsisolierung) und deren Beschreibung und Benennung nach klaren Regeln zu erfolgen hat, ist die Beschreibung und Differenzierung von Unterarten oder noch feineren Kategorien jedem Taxonomen freigestellt.

Das zeigt sich unter anderem darin, dass verschiedene Autoritäten bei derselben Art, beispielsweise der Schwanzmeise, unterschiedlich viele Unterarten unterscheiden. Oder dass sich die geographische Differenzierung der Populationen oft komplexer darstellt, als es eine etwa nach morphologischen Merkmalen vorgenommene Einteilung in Unterarten erscheinen lässt. Mit dem Terminus Unterart können daher verschiedene Einheiten gemeint sein, z. B. ökologisch speziell angepasste lokale Gruppen, Mischpopulationen oder initiale Stadien eigenständiger evolutionärer Linien [13, 14].

Charles Darwin hat den Unterschied zwischen Varietäten (sie entsprechen Unterarten) und Arten als nur graduell angesehen. Von Ernst Mayr wurde eine Biologische Art als Fortpflanzungsgemeinschaft definiert (Biospezies), die gegen andere fortpflanzungsmäßig isoliert ist [15]. Jedes sich zweierleertlich fortpflanzende Lebewesen gehört danach zwingend einer Art an (und nur dieser). Genfluss zwischen natürlichen Populationen zweier verschiedener Arten (Artkreuzung) zeigt jedoch, dass Arten sich nicht immer als „gute“ Biospezies verhalten. Daher gibt es zahlreiche weitere Artdefinitionen, in denen seltene Artkreuzungen toleriert werden. Dann kann trotz gelegentlichem Genfluss zwischen ihnen von verschiedenen Arten gesprochen werden. Das ist der Fall, wenn der Genpool beider Arten annähernd konstant bleibt, dh. durch gelegentliche Kreuzungen nicht grundlegend geändert wird.

Doch die Unterschiede zwischen Arten und Unterarten sind fließend, wie jüngst die auf molekularbiologischen Untersuchungen basierende Aufteilung „der Giraffe“ in vier verschiedene Arten zeigt, die allerdings nicht im selben Gebiet koexistieren, sondern allenfalls in aneinandergrenzenden Verbreitungsgebieten vorkommen. Eine Abgrenzung durch fortpflanzungsmäßige Isolation (das Kriterium der Biospezies) ist hier also nicht endgültig möglich.

Trotz dieser Grenzfälle bleibt festzuhalten, dass sich rezente Arten in der Regel klar unterscheiden lassen. Im Unterschied

dazu lassen sich keine klaren, allgemein verbindlichen Kriterien für die Unterscheidung von Unterarten („Rassen“) nennen. Der Evolutionsbiologe Stephen Jay Gould beurteilte die Abgrenzung von Unterarten daher sehr kritisch [16]:

*„Die Kategorie Subspezies dient der Bequemlichkeit. Wir gebrauchen sie nur, wenn wir annehmen, unser Verständnis der Variabilität werde durch die Absonderung von geographisch begrenzten Päckchen innerhalb der Art erweitert. Viele Biologen meinen heute, es sei ... geradezu irreführend, den dynamischen Strukturen der Variabilität, denen wir in der Natur begegnen, eine formale Nomenklatur aufzuzwingen.“*

Die Unterteilung in Unterarten hat auch für den Zoologen Konrad Senglaub nur den Zweck, Individuen oder Stichproben einer geographischen Population zuzuordnen, die sich deutlich von angrenzenden unterscheidet. *„In diesen Rahmen gehört der Unterartbegriff, und mehr darf man von ihm nicht verlangen“* [13].

Die Entscheidung, ob eine Art in Unterarten zu unterteilen ist, ist taxonomisch nicht gefordert, sie kann aber durchaus zweckmäßig sein, um Exemplare einer Population einem geographischen Bereich zuzuordnen. Damit kann man Hypothesen generieren, weshalb die Unterscheidung von Unterarten einen heuristischen Wert haben kann, beispielsweise für ökologische, physiologische Fragestellungen und nicht zuletzt für biosystematische Studien. Man sollte sich dabei aber bewusst sein, dass es sich nur um einen Versuch handelt, die genetische Vielfalt zu erfassen.

### Kontinuierliche Variation (Kline)

Manche Arten variieren entlang der geographischen Distanz oder entlang eines ökologischen Gradienten kontinuierlich, so dass eine Abgrenzung verschiedener Subpopulationen als Unterarten willkürlich wäre. Kontinuierliche, genetisch bedingte Merkmalsgefälle heißen Kline [13, 14, 17]. Ursache dafür, dass Kline innerhalb von Populationen ausgebildet werden, ist die „Isolation durch Entfernung“ (*isolation by distance*) [17].

Sie beruht darauf, dass der Genfluss zwischen Teilen einer Population mit zunehmender Entfernung immer geringer wird. Da aber die weit entfernten Subpopulationen durch eine Reihe dazwischen liegender Subpopulationen verbunden sind, kommt es zu einer kontinuierlichen Variation.

Das Wort „Isolation“ in dem Fachterminus ist unglücklich gewählt, da es mit geographischen Barrieren des Genflusses (Separation) und damit der Bildung von Unterarten assoziiert werden kann. Dies kann zu Missverständnissen führen, wie das folgende Zitat belegt:

*„Eine zusammenhängende Reproduktionsgemeinschaft ist oft in ein Mosaik distinkter geografischer Rassen unterteilt, die immer noch über Genaustausch miteinander verbunden sind, jedoch bereits begonnen haben, unabhängige Evolutionswege zu beschreiben. Dieses Phänomen wird ‚isolation by distance‘ genannt“* [5].

Um das Missverständnis aufzulösen, ist es wichtig, zwei Sorten von Kline zu unterscheiden, die unterschiedliche Ursachen haben. Man kann sie an der Häufigkeitsverteilung der allelen Gene bzw. genetisch bedingter Merkmale unterscheiden [17]:

(1) Eine Sorte von Klinen tritt tatsächlich im Kontaktbereich zwischen verschiedenen differenzierten, als Unterarten klassifizierbaren Populationen auf. Verursacht durch die Mischung der Unterarten in den Übergangszonen (Bastardierungszonen) variieren die Merkmale (bzw. die allelen Gene) in diesem Fall alle in einem gleichgerichteten Gefälle (beispielsweise von Nord nach Süd). Entfernt man sich von der Übergangszone so zeigen sich in den Populationen der Unterarten keine Merkmalsgradienten, sondern nur ungerichtete individuelle Variation.

(2) In den Klinen, die durch Isolation durch Entfernung bewirkt werden, variieren die genetisch bedingten Merkmale (bzw. allelen Gene) unabhängig voneinander, d. h., sie sind nicht gleichgerichtet. Beispielsweise kann ein genetisch bedingtes Merkmal (bzw. alleles Gen) von Nord nach Süd, ein anderes von Ost nach West kinal variieren.

Durch *isolation by distance* entsteht also keine Abfolge von Unterarten, vielmehr gibt es überhaupt keine: Wegen der gleitenden genetischen Variation gibt es kein Kriterium, mit dem man diese Arten in Unterarten unterteilen könnte. Eine dennoch vorgenommene Klassifizierung der Subpopulationen würde die Grenzen völlig willkürlich ziehen und hätte daher keinen taxonomischen Wert.

Dies gilt, solange das Verbreitungsgebiet der Art lückenlos zusammenhängt. Nimmt man aber an, dass die weit voneinander entfernten Subpopulationen einer solchen Art wegen des Aussterbens der dazwischenliegenden Subpopulationen durch eine Lücke getrennt wären, so ließe sich eine abrupte Änderung der Merkmalsverteilung feststellen, und die übriggebliebenen Populationen könnten dann als Subspezies unterschieden werden.

Die Form der kinalen Variation, die durch *isolation by distance* bewirkt wird, ist für die Frage der Unterscheidung von „Menschenrassen“ zentral (s.u.).

### Wie definieren wir Unterarten?

Zur Unterscheidung subspezifischer Gruppierungen werden im Wesentlichen morphologische und genetische Kriterien herangezogen.

- *Typologische Definitionen von „Rasse“ nach Merkmalen*

Für eine traditionelle zoologische Definition, die zudem allgemeingültig sein soll, wird angegeben: „Es geht um einige (oft nur wenige) Merkmale, durch die die Rassen diagnostisch unterschieden und ontologisch definiert werden können“ [5].

Alfred Kühn, einer der seinerzeit renommiertesten Zoologen und Lehrbuchautoren unterbot diese Anforderung an „Rassen“, indem er den notwendigen „Rassenunterschied“ auf ein einziges reinerbiges Merkmal beschränkte:

„Voraussetzung für die Kennzeichnung einer Gruppe als Rasse innerhalb der Gesamtheit der Artangehörigen ist immer, dass jene Einzelwesen einen reinerbigen Unterschied im Erbgefüge gegenüber den anderen Angehörigen der Art gemeinsam haben“ [18].

Die zitierten Definitionen sind typologisch, da sie die „Rassen“ durch mindestens ein Merkmal charakterisieren. Die Definition greift nicht, wenn keines der allelen Gene in einer Population fixiert ist, mithin die Angehörigen kein einziges variierendes Merkmal reinerbig gemeinsam haben. Dann gibt

es keine „diagnostischen Merkmale“ [5] und auch keine „Rasse“ in dem definierten Sinn.

Wenn jedes Merkmal durchgehend kinal variiert, gibt es keine variierende Merkmale, in denen sich die Individuen gemeinsamen unterscheiden. Damit entfällt auch der Unterschied zwischen taxonomisch bedeutsamen „rassischen“ und nur individuell variierenden Merkmalen [5]. Die genetisch variierenden Merkmale sind bei diesen Arten vielmehr individuelle Merkmale, aber keine „Rassenmerkmale“. Die Populationen durchgehend kinal variierender Arten machen es unmöglich, „Rassen“ typologisch abzugrenzen, kurz: Die oben zitierte traditionelle zoologische Definition von „Rasse“ [5] trifft nicht zu. Die Merkmale sind individuell: Durchgehend kinal variierende Arten sind daher nicht polytypisch, sondern polymorph.

- *Populationsgenetische Definition von Unterarten anhand von Häufigkeitsverteilungen*

Populationsgenetiker und mit ihnen Anthropologen haben sich schon lange von einer typologischen Definition von „Rasse“ gelöst und sie stattdessen anhand der Häufigkeiten der in den Populationen auftretenden allelen Gene definiert [19]. Anthropologen sehen sich zu dieser Definition veranlasst, weil in menschlichen Populationen kein alleles Gen fixiert ist (s.u.). Da also das typologische Kriterium – der übereinstimmende Besitz wenigstens eines Merkmals – wegfällt, können „Rassen“ nicht an Individuen, sondern allenfalls am Genpool von Populationen unterschieden werden.

Entsprechend definierte der Doyen der Evolutionsbiologie Ernst Mayr „Rassen“ nicht bezogen auf Individuen, sondern auf Populationen: „Die Populationen einer Rasse sind einander ähnlicher als Rassen untereinander“ [20].

Mit anderen Worten: Die Unterschiede zwischen den Populationen einer „Rasse“ müssen innerhalb einer „Rasse“ kleiner sein die zwischen den „Rassen“. Wenn die Unterschiede innerhalb einer vermeintlichen Unterart größer sind als die zu anderen, dann sind die Unterschiede der als Unterarten klassifizierten Gruppen nicht von Belang. Nach der Definition von Mayr handelt es sich dann nicht um Unterarten.

### Artgerechtes Erfassen der genetischen Vielfalt von *Homo sapiens*

Die Frage nach der Existenz von „Menschenrassen“ lautet präzise: Ist die Unterteilung von Arten in Unterarten (Subspezies) im Fall der Art *Homo sapiens* geeignet, deren genetische Vielfalt adäquat zu erfassen?

Charles Darwin erörterte 1871 in seinem Buch Die Abstammung des Menschen die Frage, ob beim Menschen verschiedene Arten unterschieden werden können. Dies war damals eine viel diskutierte wissenschaftliche Frage. In Deutschland hat Ernst Haeckel beispielsweise 1868 die Menschheit in acht „Arten“ mit zusammen 36 „Rassen“ unterteilt. Darwin ging in seiner ihm eigenen Weise auch bei dieser Frage vorurteilsfrei und gründlich vor, indem er alle Argumente pro und contra zusammentrug. Er merkte an, „dass die Unterscheidungsmerkmale aller Rassen in hohem Maße variabel sind. ... Aber das gewichtigste aller Argumente gegen

die Betrachtung der Rassen des Menschen als *distincter Species* ist, dass sie *gradweise ineinander übergehen, und zwar, soweit wir dies beurteilen können, in vielen Fällen ganz unabhängig davon, ob sie sich miteinander gekreuzt haben oder nicht*“ [21].

Darwin verneinte also die Existenz mehrerer Menschenarten, und er nannte als entscheidendes Kriterium die große Variation und die gleitenden Übergänge zwischen verschiedenen Gruppen von Menschen. Sein Argument lässt sich somit ganz entsprechend auf die Unterscheidung von „Menschenrassen“ übertragen, was heute durch molekulargenetische Argumente untermauert wird [2].

• Ungültige Großgruppen

Da die Vielfalt der Menschen unübersehbar ist, hat man sich in der europäischen Geistesgeschichte einschließlich Philosophie und Naturwissenschaften darauf verlegt, große Gruppen zu unterscheiden: *Drei* „Großrassen“, die der Breslauer Rassenkundler Egon von Eickstedt 1934 mit wissenschaftlich klingenden Namen versah („Europide“, „Negride“, „Mongolide“); *vier* „Varietäten“ („europaeus“, „americanus“, „asiaticus“ und „afer“), denen der Vater der biologischen Systematik, der Schwede Carl von Linné, 1740 Hautfarben, Körpersäfte, Temperamente und Gewohnheiten zuordnete; *fünf* „Rassen“, die der Göttinger Anthropologe Johann Friedrich Blumenbach 1795 nach Schädelformen ermittelte und mit den „Hautfarben“ „weiß“, „gelb“, „schwarz“, „rot“ und „braun“ und versah. All dies sind Bemühungen der Vergangenheit, die modernen, vor allem molekulargenetischen Kenntnissen nicht standhalten [2, 22].

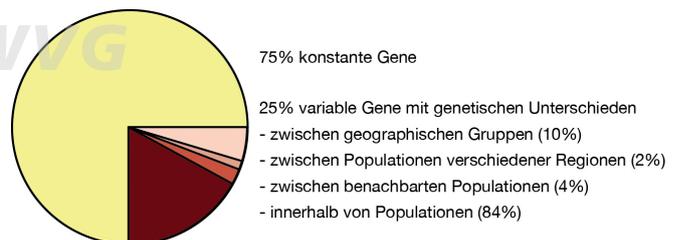
Deshalb ist es befremdlich, dass in einem federführend von Zoologen verfassten Lehrbuch der Evolutionsbiologie aus dem Jahre 2013 die heutigen Menschen weiterhin „*grob folgenden großen Gruppen (Ethnien, Rassen, Populationen)*“ zugeordnet werden [6]: „den Schwarzafricanern (Negriden), den Pygmäen Zentralafrikas, den Khoisan = Khoi und Sanoi Süd- und Südwestafrikas, den Kaukasiern (Europiden, ‚Weißen‘), den Ost- und Südasiaten (Mongoliden) und den australischen Ureinwohnern (Australoiden).“ Als einziger Beleg für diese Aussage ist im Lehrbuch das populärwissenschaftliche Sachbuch *Arm und Reich* des Evolutionsbiologen und Geographen Jared Diamond angegeben [23]. Diamond behandelt in dem betreffenden Kapitel die Geschichte Afrikas. Er nennt die in Afrika vorkommenden „*fünf Hauptgruppen unserer Spezies*“, die „*von Nichtwissenschaftlern gemeinhin als Schwarze, Weiße, afrikanische Pygmäen, Khoisan und als Asiaten bezeichnet* (werden).“ Er betont, dass er die fünf Gruppen nicht als rassische Stereotypen verstanden wissen möchte und nennt die Hauptgründe, die wissenschaftlich gegen diese Einteilung sprechen: große Unterschiede innerhalb der Gruppen und Übergänge innerhalb und zwischen den Gruppen.

Diamond begründet, weshalb er die großen Gruppen trotz seiner eigenen Einwände verwendet: „*die genannten Hauptgruppen (sind) für das Verständnis der Geschichte aber dennoch von so großem Nutzen, dass ich nicht darauf verzichten möchte, sie zu verwenden. Ich tue das im vollen Bewusstsein ihrer Unzulänglichkeit*“ [23].

An anderer Stelle hat sich Diamond gegen die Klassifikation der Menschen in „Rassen“ ausgesprochen [24]. Er versteht die Gruppen auch in der vom Lehrbuch angegebenen Quelle nicht als biologisch-genetische, sondern als *historische Einheiten*, mit deren Hilfe er die Geschichte Afrikas erklärt [23]. Dass diese von Diamond als historische Einheiten verstandenen Gruppen in einem führenden Hochschullehrbuch als wissenschaftlicher Beleg für die biologische Unterteilung in „Rassen“ aufgeführt werden, ist ein bemerkenswerter Fehlgriff.

• Genetische Unterschiede in und zwischen den Populationen des Menschen

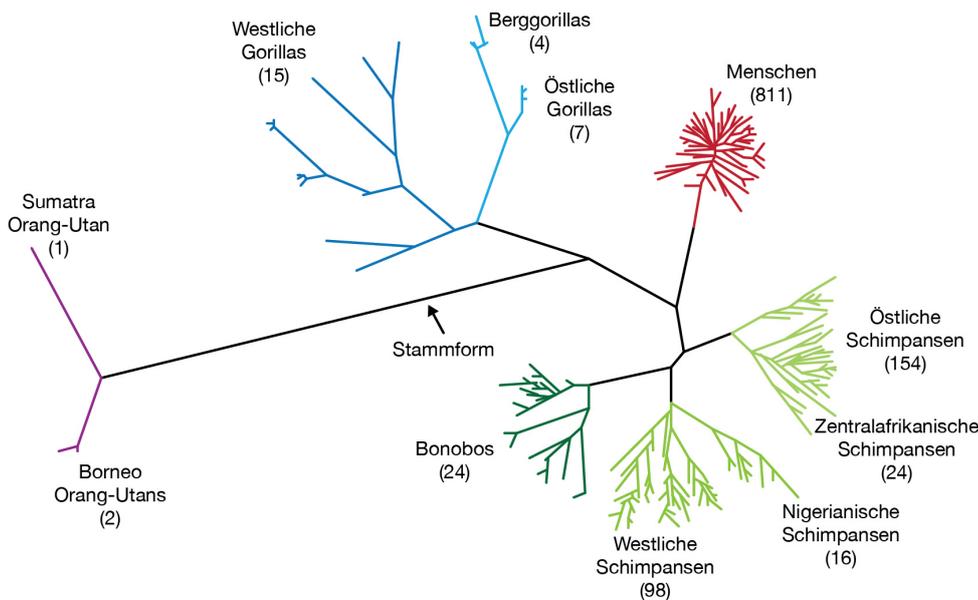
Um zu prüfen, ob sich die verschiedenen Gruppen der Menschen, die herkömmlich als „Rassen“ klassifiziert wurden, genetisch unterscheiden lassen, hat der US-amerikanische Populationsgenetiker Richard Lewontin die genetisch bedingten Unterschiede innerhalb und zwischen Populationen des Menschen verglichen [25]. Maßgebend für die Bewertung war die oben erwähnte Definition von Mayr, dass die genetischen Unterschiede innerhalb einer „Rasse“ kleiner sein müssen als die zwischen verschiedenen „Rassen“. Lewontin kam 1972 zu dem Ergebnis, dass die Unterscheidung von „Rassen“ beim Menschen keine genetische Basis hat, was sich in späteren Untersuchungen anderer Autoren bestätigen sollte (Abb. 2) [25-28]. Lewontins Schlussfolgerungen stießen allerdings Jahrzehnte später auf Kritik. Insbesondere die Zurückweisung des britischen Populationsgenetikers



**Abb. 2.** Unterschiede der genetischen Variation in benachbarten und entfernten Populationen. Etwa ¾ der Gene kommen in allen Populationen nur in ein und derselben Version vor („konstante Gene“); etwa ¼ der Gene ist variabel, d. h. sie kommen in mehreren Versionen vor (allele Gene). Die allelen Gene sind in den Populationen verschieden häufig. Die stärksten genetischen Unterschiede gibt es innerhalb von Populationen, durch geographische Gruppen („Rassen“) kommen nur 10% der genetischen Unterschiede hinzu. Nach [25-28]

und Statistikers Anthony W. F. Edwards [29] ist viel beachtet worden (vgl. [5]). Tatsächlich hat er die Annahme widerlegt, dass Populationen wegen der von Lewontin festgestellten Verteilung der Unterschiede genetisch nicht unterschieden werden könnten und diese Aussage als „*Lewontin's fallacy*“ bezeichnet. Seine Kritik: Lewontin hat jeweils nur die Variation eines Merkmals bzw. alleler Gens betrachtet. Wenn man die Variation vieler Merkmale bzw. alleler Gene erfasst, ist lässt sich eine Unterscheidung von Subpopulationen aufgrund genetischer Unterschiede statistisch absichern. [29].

Sein Einwand ist berechtigt, jedoch für die Klassifikation in Unterarten nicht relevant. Es geht nämlich nicht um die Frage, ob Gruppen mit feinen statistischen Verfahren überhaupt genetisch unterschieden werden können, sondern ob solche Unterschiede für die Klassifikation von Unterarten ausreichen, also



**Abb. 3.** Dendrogramm der nächsten genetischen Ähnlichkeit von Menschenaffen (einschließlich Mensch) aufgestellt nach Mitochondriensequenzen. Jeder Strich gibt ein Individuum der jeweiligen Art bzw. Unterart an. Die große genetische Ähnlichkeit der Menschen aus allen geographischen Regionen zeigt sich im „Flaschenbürstenmuster“, während die größere genetische Distanz von Menschenaffen derselben Population zu einer buschartigen Verzweigung führt. Nach [35]

zu eindeutigen Ergebnissen führen. Und das ist gerade nicht der Fall: Cluster, die anhand vieler genetischer Marker statistisch ermittelt werden, führen zu sehr unterschiedlichen Ergebnissen, sie sind nicht gleichbedeutend mit Unterarten [14, 30, 31].

Mit statistischen Verfahren der Clusteranalyse (wie beispielsweise dem Programm „Structure“) kann man nämlich bei genügend großer Anzahl von berücksichtigten Merkmalen oder allelen Genen jede sehr große, weniger große, kleine oder ganz kleine, also jede beliebige Gruppe als Cluster unterscheiden. Damit wäre die Aufstellung von Unterarten reine Deutung, denn die Clusteranalyse beantwortet nicht, welche Unterschiede überhaupt relevant sind. Bei solchen Untersuchungen wurde nebenbei erneut bestätigt, dass genetische Variation innerhalb der Populationen bis über 90% der gesamten Variation umfasst [32-34] (Abb. 2).

Clusteranalysen können eine Rassenklassifikation ohne weitere Kriterien also nicht rechtfertigen: Welche der großen oder kleinen Gruppen man für eine Clusteranalyse wählt und welche Anzahl von Clustern man rechnen lässt, ist in höchstem Maße willkürlich und führt zu zahlreichen, sich zum Teil widersprechenden oder auch irrelevanten Ergebnissen. Beispielsweise kann man auch die Einwohnerschaft der Städte Köln und Düsseldorf als genetisch verschiedene Cluster unterscheiden. Die Ergebnisse von an statistischen Clustern orientierten Klassifikationen für „Rassen“ zu halten, würde die Systeme anthropologischer Rassenkundler, die in der Vergangenheit von 3 bis zu 200 „Menschenrassen“ unterschieden haben, noch weit übertreffen. Wollte man jedes Cluster als Unterart („Rasse“) ansehen, so stiege deren Anzahl ins Unermessliche

#### • Genetische Ähnlichkeit der Menschen

Zur Betrachtung der genetischen Vielfalt des Menschen gehört es nicht nur, die Unterschiede, sondern auch die Gemeinsamkeiten zu betrachten. Derartige Untersuchungen zeigen, dass

die genetische Distanz zwischen Menschen trotz großer phänotypischer Unterschiede viel geringer ist als bei den phänotypisch viel einförmigeren Arten der Menschenaffen [35] (Abb. 3).

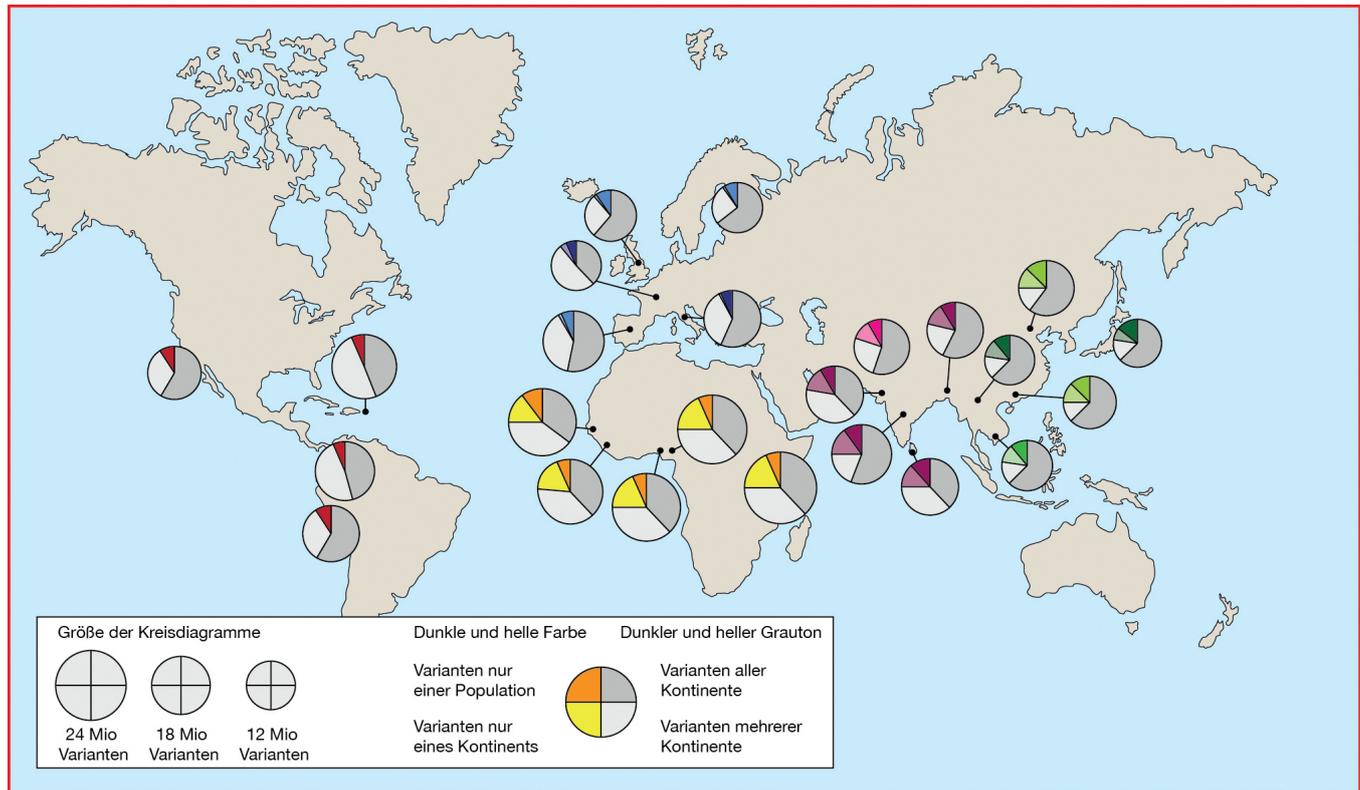
Die genetische Ähnlichkeit der Menschen ist wahrscheinlich neben dem vorherrschenden Genfluss zwischen und in den Populationen auf genetische Flaschenhälse zurückzuführen, in denen die Bevölkerungsgröße auf eine geringe Anzahl von Individuen reduziert war und sich anschließend stark vermehrte. Die gegenwärtige Menschheit von etwa acht Milliarden Individuen hat daher nach Schätzungen nur eine genetische Variation, die etwa einer Bevölkerung von 100 000 entspricht.

Der genetischen Ähnlichkeit widerspricht erstaunlicherweise nicht die Tatsache, dass Individuen anhand vieler genetischer Sequenzen oder aller Gene sehr sicher bestimmten geographischen Regionen zugeordnet werden können. Vielmehr sind beide Tatsachen (genetische Ähnlichkeit und Möglichkeit, Individuen geographisch nach genetischen Markern zuzuordnen) aus der genetischen Variation innerhalb und zwischen Populationen ableitbar [33]. Die örtliche Zuordnung von Individuen heißt also nicht, dass diese verschiedenen „Rassen“ angehören.

#### • Klinale Variation beim Menschen

Der Mensch gehört seit Jahrtausenden zu den kosmopolitischen Arten, die sich an unterschiedliche Klimazonen angepasst haben. Entsprechend weist er viele Merkmale auf, die kinal variieren. In Unkenntnis dessen hat man früher versucht, die Bevölkerungen Europas und Asiens in zwei „Großrassen“ aufzuteilen: „Europide“ und „Mongolide“. Genetische Untersuchungen zeigten jedoch, dass es hierfür keine Grundlage gibt. Der Humangenetiker Lluís Quintana-Murci resümierte: „(Es) besteht auch keine scharfe Grenze zwischen Europäern und Asiaten. Nirgends zwischen Irland und Japan tritt eine klare genetische Trennlinie auf, hinter der etwas plötzlich anders ist“ (zitiert nach [36]).

Die Art *Homo sapiens* variiert nicht nur in Eurasien, sondern auch über die Kontinente der Erde hinweg kinal. Die Klassifikation in Unterarten („Rassen“) ist daher willkürlich. Darüber hinaus ist sie irreführend: Sie gaukelt gravierende Unterschiede zwischen den Populationen der Kontinente vor, die es nicht gibt [17, 30, 37-39]. (Vgl. hierzu auch die Jenaer Erklärung und Ergänzungen dazu [1, 41, 42].) Mit der kinalen Variation über die ganze Erde stimmt das Vorkommen der genetischen Varianten von DNA-Sequenzen (Haplotypen) in den Populationen verschiedener Kontinente überein [37-39, 43] (Abb. 4).



**Abb. 4.** Vorkommen der genetischen Varianten innerhalb der erfassten Populationen. Die Kreisdiagramme sind in drei bis vier Sektoren aufgeteilt: dunkle Farbe: Varianten, die nur in einer Population vorkommen; helle Farbe: Varianten, die in Populationen einer Region eines einzigen Kontinents vorkommen; helles Grau: Varianten, die in Populationen mehrerer Regionen eines Kontinents vorkommen; dunkles Grau: Varianten, die in Populationen aller Kontinente vorkommen. Größe der Kreisdiagramme: Anzahl der erfassten Varianten (in Millionen). Man beachte, dass in allen Populationen die grauen Anteile überwiegen, in der Mehrheit auch die dunkelgrauen. Verändert, nach [43]

### Isolation durch Entfernung anstelle von geographischen Barrieren

Von den beiden Sorten kinaler Verteilung (s.o.) trifft beim Menschen im Wesentlichen die Form zu, die durch *isolation by distance* bewirkt wird. Beim Schimpansen hat man dagegen in detaillierten Untersuchungen kinalen Übergänge zwischen den Unterarten gefunden [44]. Die Unterarten des Schimpansen entstanden in isolierten Rückzugsgebieten, die kinalen Verteilung entstanden später durch sekundären Kontakt der Unterarten.

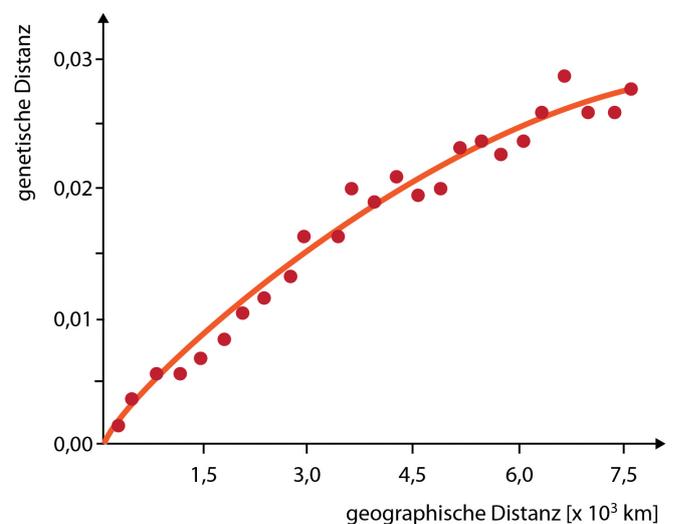
In menschlichen Populationen entstanden Gradienten bei der Besiedlung der Kontinente durch „Isolation durch Entfernung“. Entgegen verbreiteter Anschauung entstanden die Übergänge der Merkmalsverteilung nicht sekundär durch Genfluss (Mischung) zwischen „Rassen“ [17, 45, 46]: Die Häufigkeitsverteilung der allelen Gene verläuft in unterschiedlichen Gefällen (s. o.). Unterarten („Rassen“) sind diesem Befund zufolge beim Menschen auch historisch nicht nachweisbar.

Die Wirkung der durch räumliche Distanz hervorgerufenen Isolation zeigt sich u. a. in der kontinuierlichen Zunahme der genetischen Distanz mit der Entfernung der Populationen voneinander (Abb. 5).

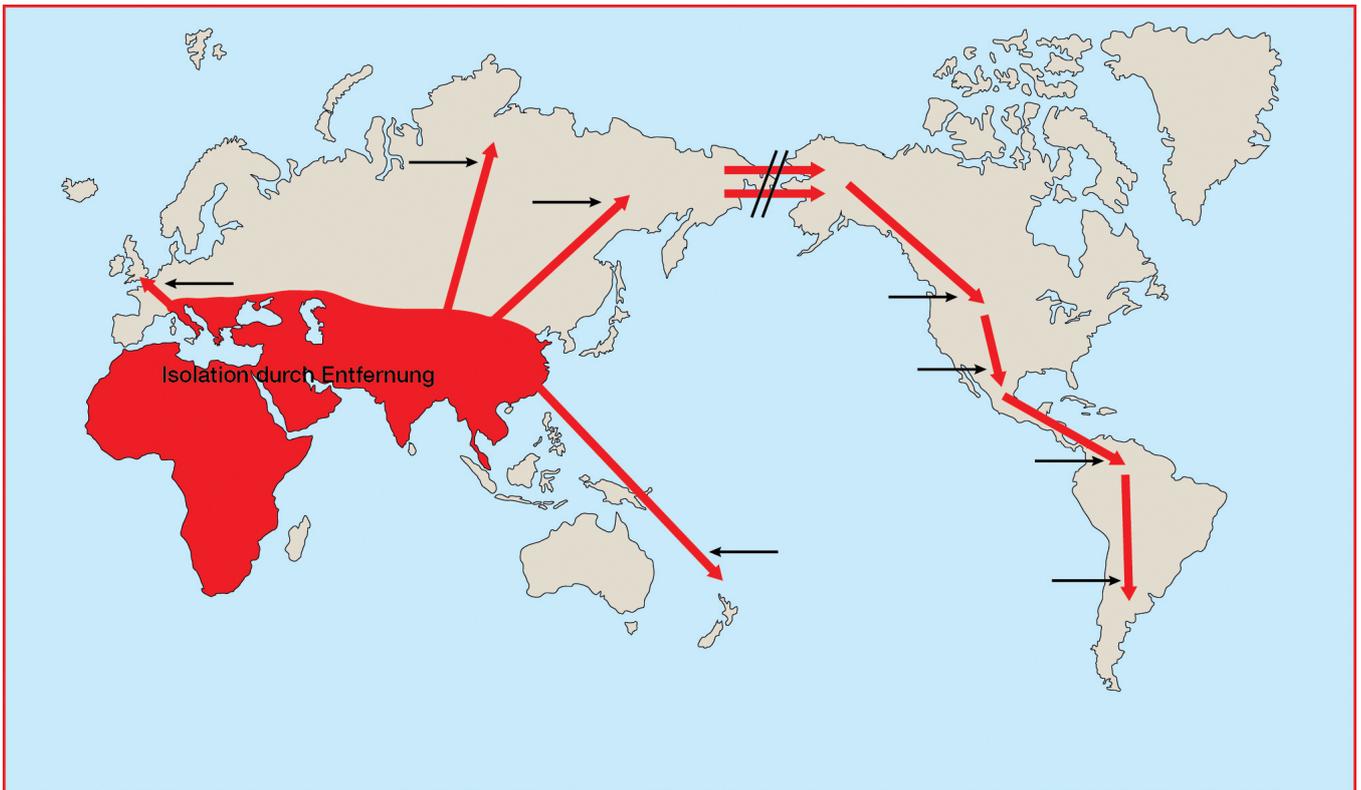
Die dominierende Wirkung der Isolation durch Entfernung bedeutet nicht, dass es beim Menschen nicht zeitlich begrenzte Isolate und regional begrenzten Genfluss gegeben hat. Für die generelle Interpretation der genetischen Variation des Menschen sind sie jedoch von untergeordneter Bedeutung. Insbesondere

sind genetische Kontinuitäten (Gradienten) der Variation primär durch Entfernungsisolation entstanden und somit nicht auf Mischung zwischen vorher (historisch) existierenden „Rassen“ zurückzuführen. Die Wanderaktivität der Menschen begann nicht erst mit den neuzeitlichen Verkehrsmitteln (Abb. 6 und 8).

Die Separation durch geographische Barrieren stand in Zoologie und Anthropologie als Faktor der Arten- und Rassenbildung

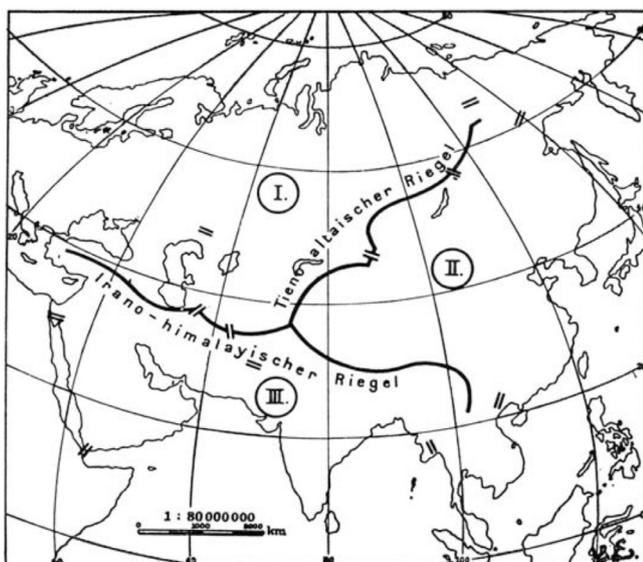


**Abb. 5.** „Isolation durch Entfernung“ bewirkt eine kontinuierliche Zunahme der genetischen Distanzen mit der geographischen Entfernung. Die Punkte entsprechen menschlichen Populationen bzw. den zu ihnen erhobenen Daten, aus denen die Kurve interpoliert wurde. Nach [17]



**Abb. 6.** Rolle der „Isolation durch Entfernung“ auf den Kontinenten. Rote Flächen: frühe Besiedelung, rote Pfeile: Ausbreitung vorwiegend ab 70 000 Jahren vor unserer Zeit (v.u.Z.), Einwanderung nach Amerika (ab etwa 18 000 Jahren v.u.Z.) in mehreren Wanderwellen. Die zwei roten Pfeile mit dünnen Querstrichen zeigen an, dass der Genfluss von Asien nach Amerika zeitweise unterbrochen war; die dünnen schwarzen Pfeile zeigen Genfluss auch über große Entfernungen an. Nach [17]

lange Zeit im Vordergrund der Betrachtung. Ernst Mayr hat (wenigstens bei Vögeln und Säugetieren) nur allopatrische Artenbildung als überhaupt möglich angesehen. Mit einer solchen auf Separation beschränkten Sichtweise hat der Rassenkundler Egon von Eickstedt 1934 die Ansicht vertreten, dass sich drei „Großrassen“ des Menschen in drei geographisch isolierten Gebieten



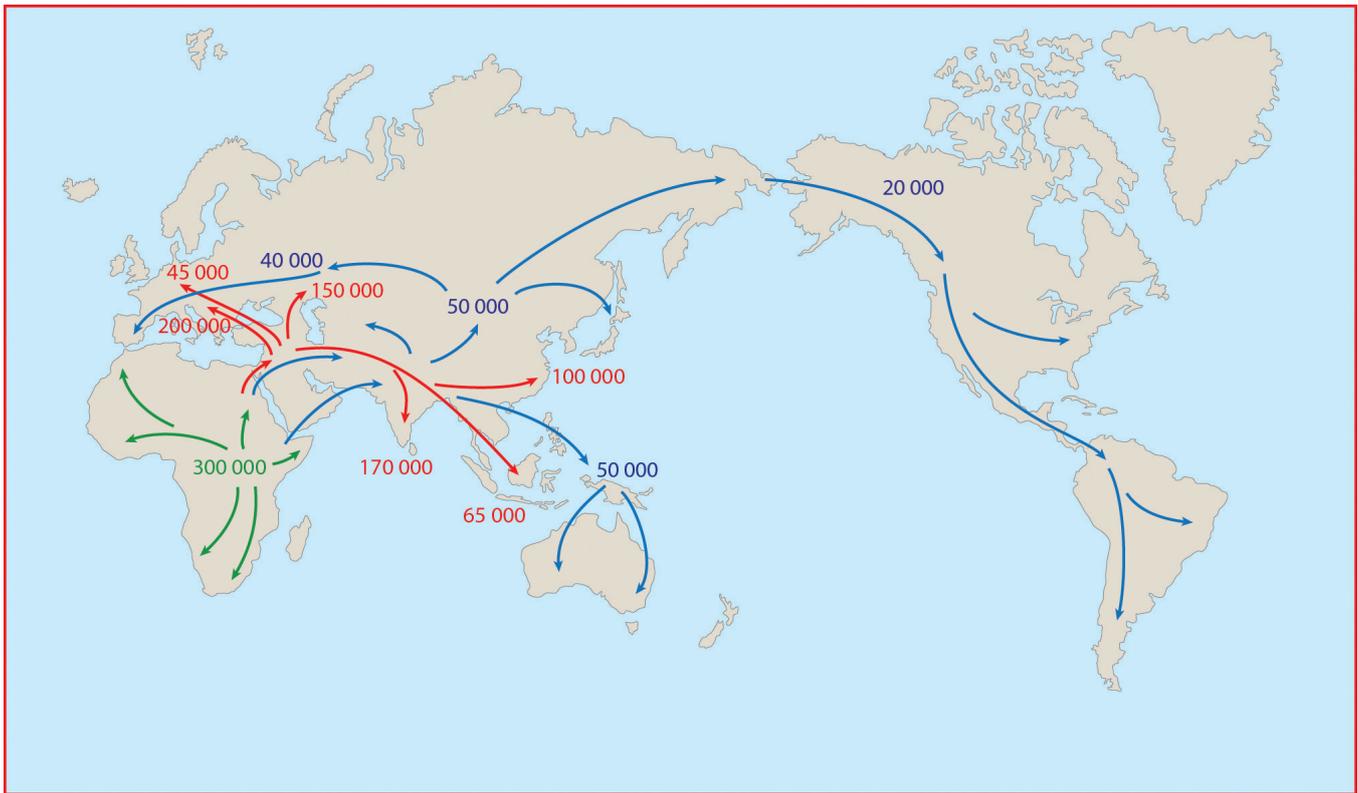
**Abb. 7.** Frühere Vorstellung der Entstehung der drei angenommenen „Großrassen“ (I „Europide“, II „Mongolide“, III „Negride“) in drei isolierten („Differenzierungsräumen“), die durch eiszeitliche Barrieren (vor 11 500 - 11 000 Jahren) getrennt waren und von dort in heutige Siedlungsgebiete gewandert sind. Aus [47]

(sogenannten „Differenzierungsräumen“) entwickelt haben [47] (Abb. 7). Diese Annahmen entsprechen der Anschauung der Rassen- und Artenbildung durch geographische Separation. Die Annahmen treffen jedoch nicht zu, auch wenn von Eickstedt seine Spekulationen als „grundlegende rassenhistorische Tatsachen“ bezeichnete und diese samt den (genetisch gegenstandslosen) rassenkundlichen Termini für „Großrassen“ bis heute in führenden Lehrbüchern der Humangenetik reproduziert werden [49, 50]. Vielmehr beruht die genetische Variation der Populationen des Menschen auf der Wanderaktivität unserer Art: Die genetische Variation lässt sich allein durch die Besiedlung der Kontinente erklären [45]. Gegenüber den Wanderungen und der Isolation durch Entfernung spielt längere Separation durch geographische Barrieren in der Populationsgeschichte des Menschen nur eine geringe Rolle (Abb. 6 und 8).

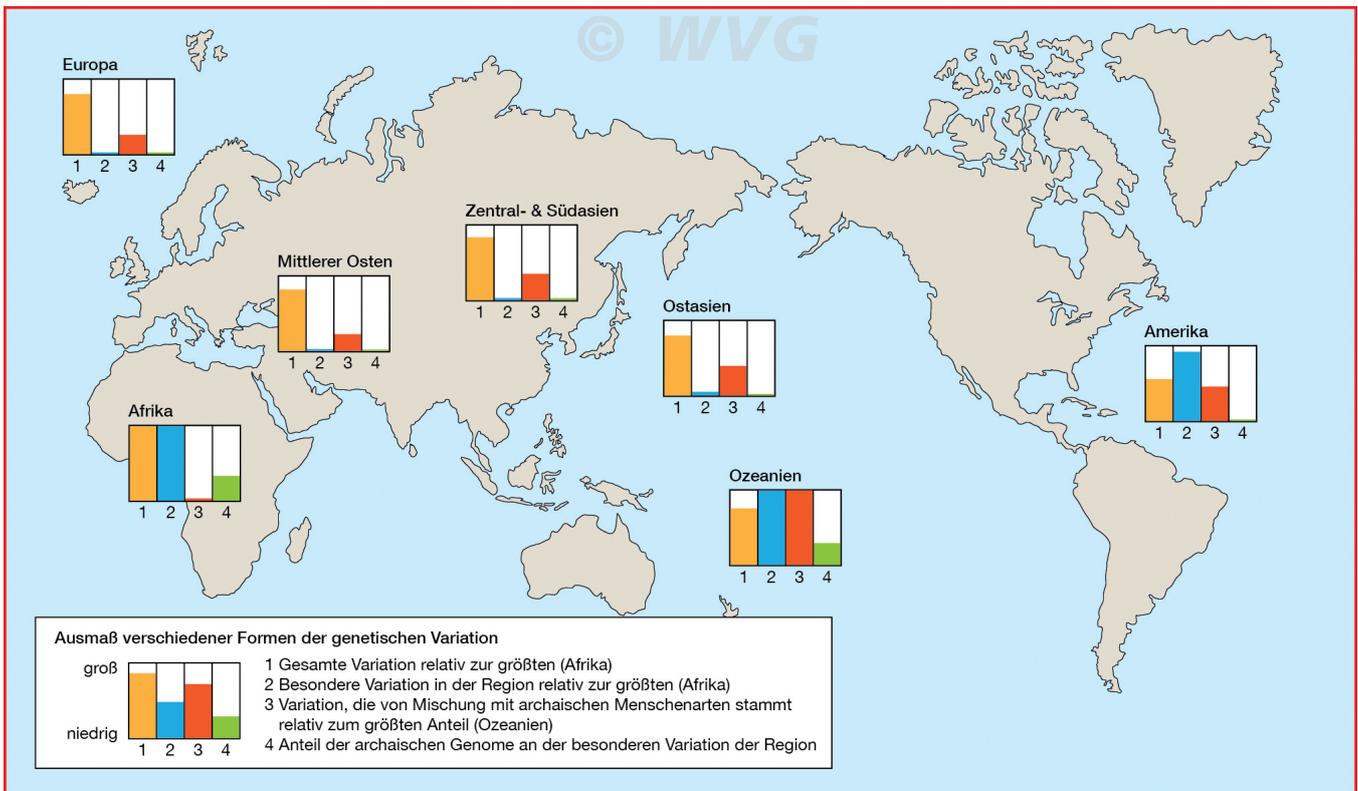
Auch wenn ein alleles Gen in bestimmten Populationen des Menschen häufig ist und im extremen Fall in anderen Populationen nicht vorkommt, besitzen nicht alle Individuen der betreffenden Population dieses alleles Gen: Kein alleles Gen ist in einer der Populationen des Menschen fixiert. *Homo sapiens* ist keine polytypische, sondern eine kinal variierende polymorphe Art [28, 51].

**Zusammenspiel mehrerer Faktoren**

Isolation durch Entfernung ist der dominante Faktor für die beschriebene kontinuierliche (klinale) Populationsdifferenzierung beim Menschen. Es darf jedoch nicht unerwähnt bleiben, dass einige Untersuchungen differenzierte Variation zwischen



**Abb. 8.** Besiedlung der Erde durch *Homo sapiens* in drei Hauptwanderschüben: **1** (grüne Pfeile) ab etwa 300 000 v.u.Z.: Besiedlung von Afrika; **2** (rote Pfeile) ab etwa 200 000 Jahren v.u.Z.: erste Besiedlung von Teilen Europas und Südasiens; **3** (blaue Pfeile) etwa ab 100 000 Jahren v.u.Z.: Besiedlung aller Kontinente. Die Darstellung beruht auf Fossilfunden und molekulargenetischen Untersuchungen. Verändert nach [40,48]



**Abb. 9.** Vergleich der Variation von Genomen in verschiedenen Regionen. Die Balkendiagramme geben jeweils relative Anteile zur Region mit den größten Anteilen an: die gesamte Variation (am höchsten in Afrika) und welche Teile für Regionen bzw. Kontinente spezifisch sind (ebenfalls am höchsten in Afrika). Darüber hinaus wird der Anteil der Variation angegeben, der aus Mischung mit archaischen Menschenarten stammt: In Eurasien vom Neandertaler und Denisova-Menschen, in Afrika von unbekannt archaischen Arten. Man beachte das gleichartige Muster von Europa bis Ostasien, während Amerika und Ozeanien (durch Begrenzung des Genflusses) der Anteil spezifischer Varianten größer ist. Die größte Beimischung archaischer Gene ist in Ozeanien zu verzeichnen; sie beruht auf Mischungen der Vorfahren mit dem Denisova-Menschen, möglicherweise auch auf einem Flaschenhalseffekt bei der Zuwanderung aus Südostasien. Nach [51], alle Graphiken (Abb. 2-6, 8, 9): Alexander Maier

Populationen verschiedener Kontinente feststellen. So berücksichtigten A. Bergström et al. anders als die Autoren der referierten Untersuchungen neben der Isolation durch Entfernung weitere Faktoren (Abb. 9, [51]) und fanden Hinweise, dass auch diese zur genetischen Differenzierung beitragen.

Die heutige biogeographische Variation des Menschen entstand außer durch die Wirkung der Isolation durch Entfernung sowie alte und neue Wanderungen (Abb. 8) auch durch zeitlich begrenzte geographische Isolation (Separation), genetische Drift (Zufallswirkung z. B. durch genetische Flaschenhalseffekte), natürliche und sexuelle Selektion, epigenetische Veränderungen, Coevolution mit Haustieren (u. a. Selektion gegen Zoonosen) und Kultur (u.a. beschränkter Genfluss zwischen Bevölkerungsgruppen aufgrund sozialer Barrieren, z. B. Heiratsregeln; Selektionsvorteil von heller Haut bei Vitamin-D-armer Ernährung in ackerbauenden Populationen der nördlichen Breiten; Laktose-Verträglichkeit in Frischmilch trinkenden Gesellschaften; Selektion gegen Krankheitserreger aufgrund von Hygieneregeln). Im Rahmen des 1000-Genom-Projekts [43] fand man zwar eine Reihe von seltenen (und in der Regel sehr jungen) allelen Genen oder genetischen Sequenzen, die geographisch beschränkt waren (besondere Variation in Abb. 9), doch die Mehrheit der häufigen Varianten sind über mehrere Kontinente hinweg zu finden (Abb. 4).

Darüber hinaus besitzen nicht alle Angehörigen der jeweiligen Populationen diese Varianten: Auch die genannten Untersuchungen bestätigen also, dass kein einziges Allel, nicht einmal eine einzige variable genetische Sequenz (Haplotyp), in menschlichen Populationen fixiert ist [43, 51]. Keine der modernen menschlichen Populationen ist jemals über viele Generationen hinweg vollständig und lange genug reproduktiv isoliert gewesen, um eine genetische Fixierung auch nur eines einzigen allelen Gens oder einer einzigen genetischen Sequenz zu bewirken. In den Populationen lassen sich jedoch unterschiedliche Mischungen mit archaischen Menschen nachweisen (Neandertaler in Europa, Denisova-Mensch in Asien sowie unbekannte archaische Arten in Afrika (Abb. 9) [52-55]).

Trotz der statistisch ermittelten genetischen Unterschiede der Populationen halten A. Bergström et al. eine „Rassenklassifikation“ nicht für sinnvoll und sehen dafür keinen Bedarf [51].

Wollte man dies dennoch versuchen, ergäbe sich folgendes Bild: In Afrika bestehen die größten genetischen Unterschiede zwischen Populationen. Anhand der größten (wenn auch immer noch geringen) Unterschiede kann man zwei Populationen von Pygmäen (Baki und MButi), die Khoisan (Nama und „Buschleute“) und eine Gruppe, zu der die Bantus gehören, unterscheiden [32]. Diese vorwiegend kleinen Gruppen (die man zum Teil nur als „Stämme“ bezeichnet hat) bekämen bei einer „Rassenklassifikation“ den Status von „Großrassen“, alle Populationen außerhalb Afrikas wären dagegen als eine einzige nicht-afrikanische, eurasisch-amerikanisch-australisch-ozeanische „Rasse“ zu klassifizieren.

Die ehemals als „Großrassen“ bezeichneten Gruppen („Negride“, „Mongolide“, „Europide“) hätten dann nicht einmal den taxonomischen Rang einer einfachen „Rasse“ (ein Rang, den im Lehrbuch [56] und Arbeitsbuch [7] früher beispielsweise Bevölkerungsgruppen im Norden bzw. Süden Europas zuge-

sprochen wurde: „Nordide“ bzw. „Mediterranide“). Vielmehr wären Gruppen aus verschiedenen „Großrassen“ zu vereinen (z. B. Europäer und Ostasiaten) oder ehemalige „Großrassen“ wären aufzuteilen (z. B. in Zentralasien und Südostasien). Verständlicherweise ist eine solche Taxonomie bisher nicht ernsthaft vorgeschlagen worden.

Die genetische Vielfalt des Menschen ist nicht mit einer Taxonomie von Unterarten zu verstehen. Die genetische Differenzierung der Populationen beruht vielmehr hauptsächlich auf der schrittweise erfolgenden Besiedlung der Kontinente. Populationsgenetische Unterschiede sind daher nicht statisch als Ergebnis von geographischer Isolation, sondern dynamisch als Ergebnis von Wanderungen zu verstehen. Somit spiegeln sie die Geschichte der menschlichen Populationen wider, die anhand der (geringen) populationsgenetischen Unterschiede zu erschließen ist [22, 32, 40, 46]. Die populationsgeschichtliche Deutung ist als dynamische Interpretation der Wanderungen grundsätzlich von einer statischen, rassischen Klassifikation zu unterscheiden. Mit ihr werden den Menschengruppen im Gegensatz zu den postulierten „Rassen“ keine unterschiedlichen Wesenseigenschaften zugeschrieben. Solche lassen sich aus den feststellbaren genetischen Distanzen zwischen den Populationen auch gar nicht herleiten.

**Rasse und race - zwei grundverschiedene Begriffe**

Im angelsächsischen Bereich wurde die genetisch begründete Einteilung in „Rassen“, wie sie in Mitteleuropa herrschend war,

**9. What is Person 1's race?**  
 Mark  one or more boxes AND print origins.

White – Print, for example, German, Irish, English, Italian, Lebanese, Egyptian, etc. ✓  
 \_\_\_\_\_

Black or African Am. – Print, for example, African American, Jamaican, Haitian, Nigerian, Ethiopian, Somali, etc. ✓  
 \_\_\_\_\_

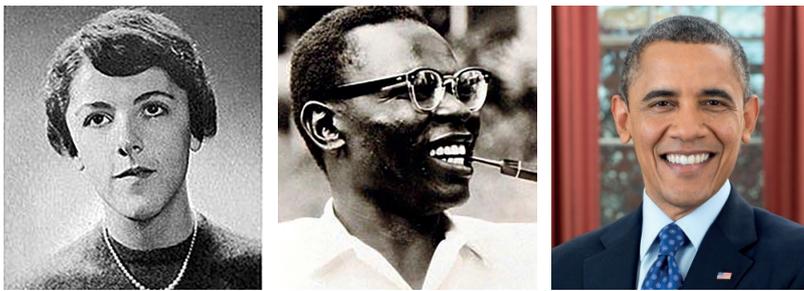
American Indian or Alaska Native – Print name of enrolled or principal tribe(s), for example, Navajo Nation, Blackfeet Tribe, Mayan, Aztec, Native Village of Barrow Inupiat Traditional Government, Nome Eskimo Community, etc. ✓  
 \_\_\_\_\_

<input type="checkbox"/> Chinese	<input type="checkbox"/> Vietnamese	<input type="checkbox"/> Native Hawaiian
<input type="checkbox"/> Filipino	<input type="checkbox"/> Korean	<input type="checkbox"/> Samoan
<input type="checkbox"/> Asian Indian	<input type="checkbox"/> Japanese	<input type="checkbox"/> Chamorro
<input type="checkbox"/> Other Asian – Print, for example, Pakistani, Cambodian, Hmong, etc. ✓	<input type="checkbox"/> Other Pacific Islander – Print, for example, Tongan, Fijian, Marshallese, etc. ✓	

\_\_\_\_\_

Some other race – Print race or origin. ✓  
 \_\_\_\_\_

**Abb. 10.** Fragebogen zur Erhebung der „Rassenzugehörigkeiten“ (race) in den USA, 2018. Man beachte die Namen der races und die Möglichkeit, mehrere races anzugeben.



**Abb. 11.** „Logik der *rac*es“ in den USA: „Weiß“ + „Schwarz“ = „Schwarz“. Barack Obama ist Sohn einer Euroamerikanerin und eines Kenianers. Abstammungsmäßig (genetisch) könnte er ebenso gut Euroamerikaner sein wie Afroamerikaner. Aufgrund der sozialen Kategorisierung versteht er sich jedoch zwingend als Afroamerikaner. [Photo a: NN, Wikimedia PD-US-no notice; b: NN | Wikimedia CC BY-SA 4.0. c: Pete Souza/Official White House Photo, PD]

nie in gleich dominierender Weise vorgenommen. In den USA werden mit „*race*“ soziale Gruppen bezeichnet, die sich von anderen Menschengruppen in irgendeiner Hinsicht unterscheiden. Selbst Arme können als *race* apostrophiert werden. Diese unterschiedliche Wertigkeit der Begriffe muss man im Blick haben, wenn man bestimmte Gepflogenheiten in den USA betrachtet. So wird in den aktuellen US-amerikanischen Bestimmungen zur Volkszählung die Zugehörigkeit zu einer oder mehreren *rac*es nach eigener Einschätzung der Personen festgestellt und kann dabei auch mehrere Gruppen umfassen (Abb. 10). Es wird ausdrücklich betont, dass die Zuteilung zu einer der Gruppen nicht als „*clear-cut definitions of biological stocks*“ erfolgt, sondern nach ethnischer oder nationaler Herkunft.

Da „Rasse“ in Europa vorwiegend als biologisch bestimmte Kategorie verstanden wird, ist die Klassifizierung von *rac*es als soziale Gruppen hierzulande nicht allgemein bekannt und wird selbst von Biologen oft nicht beachtet. So bezeichnete beispielsweise der Anthropologe Rainer Knußmann in seinem Lehrbuch die soziale Gruppe der Afroamerikaner fälschlich mit dem (außerdem genetisch nicht haltbaren) rassenkundlichen Terminus „Negride“ [56].

Das Wort *race* sollte man daher keinesfalls mit dem biologisch-genetisch assoziierten Wort „Rasse“ übersetzen, sondern am ehesten mit dem völkerkundlich sozial geprägten Terminus „Ethnie“.

Wenn nun aber diese US-amerikanische Praxis, unreflektiert übernommen und die soziale Bestimmung des Begriffs *race* ignoriert wird, so kommt man zu „rassischen“ Kategorien, wie auch das Argument zeigt, die taxonomische Unterscheidung von „Rassen“ sei für die Medizin notwendig: „*Der Verzicht auf Rassenunterscheidungen hätte Folgen für die Erhaltung der Gesundheit und für den biomedizinischen Fortschritt, weil es zwischen den Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft signifikante genetische Unterschiede in der Anfälligkeit für bestimmte Krankheiten und in der Reaktion auf bestimmte Medikamente gibt*“ [5].

In der (sachlich zutreffenden) Begründung der vorangestellten Behauptung werden „Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft“ mit Unterarten („Rassen“) gleichgesetzt. Aber sowohl die vom Verfasser taxonomisch verstandene Kategorie „Rasse“ als auch die Kategorie der sozialen Gruppe *race* sind für die ärztliche Diagnose viel zu grob, da mit ihnen die Unterschiede innerhalb der gemeinten Gruppe sowie die Überschneidung der Variation mit anderen Gruppen vernachlässigt werden. Das Argument, dass die taxonomische Kategorie „Rasse“ für ärztliche Diagnosen nötig sei [5], trifft daher nicht zu.

Die entscheidenden Kriterien für eine ärztliche Diagnose liefert die Anamnese, die individuell auf den Kranken ausgerichtet ist. Dazu gehören selbstverständlich auch dessen Herkunft und die soziale Situation [24]. So erklärt das Editorial der Fachzeitschrift *Nature Genetics* rassische Kategorien in der Medizin für fehl am Platz [57]. Später wurde in einem Artikel in derselben Zeitschrift bekräftigt: „*One must be wary of racial profiling and ignorance of the continuous nature of genetic variation and high levels of admixture in modern populations, which can result in misclassification and misdiagnosis*“ [58].

Wie unsinnig es ist, wenn man die US-amerikanische Verwendung des Begriffs *race* als biologisch-taxonomische Klassifikation auffasst, illustriert sehr schön das Beispiel von Barack Obama (Abb. 11). Die in der Bevölkerungsstatistik angewandte „Logik“ ist genetisch völlig abwegig und wird bei historischer Betrachtung noch abstruser: Bis etwa 1960 bestimmten die Anweisungen des US-Bundesamtes für Volkszählungen: „*Eine Person, die weißes und Negerblut hat, wird als Neger betrachtet, ganz gleich wie gering der Prozentsatz des Negerblutes ist. Schwarze und Mulatten sind ohne Unterschied als Neger zu betrachten. ... Mischungen unter nicht weißen Rassen werden nach der Rasse des Vaters beurteilt, außer wenn es Mischungen mit Negern sind, die durchweg als Neger betrachtet werden müssen*“ (zitiert nach [59]).

Tatsächlich sind viele Afroamerikaner ihren euroamerikanischen Landsleuten genetisch ähnlicher als anderen Afroamerikanern. Da die genetischen Unterschiede unter den Bevölkerungen Afrikas im Vergleich zu denen anderer Kontinente am größten sind (Abb. 9), können Menschen afrikanischer Abstammung ohnehin nicht als Angehörige einer einzigen, wie auch immer genetisch zu charakterisierenden Gruppe betrachtet werden.

### Die genetische Ähnlichkeit der Menschen ist ein Glücksfall der Evolution

Die Klassifikation der Menschheit in „Rassen“ ist in der Geschichte und aktuell mit rassistischen Ideologien und gesellschaftlicher Herabsetzung verbunden. Wären ethische Entscheidungen anders zu treffen, wenn Menschen in „Rassen“ oder gar in verschiedene Arten klassifiziert werden müssten?

Stephen Jay Gould hat dazu herausgestellt, dass die genetische Ähnlichkeit der menschlichen Populationen ein kontingentes (zufallsbedingtes) Ergebnis der Evolution ist. Bei anderen Bedingungen hätte es auch anders ausfallen können. *Homo sapiens* hätte sich in Unterarten oder gar Arten aufspalten können. An den ethischen Grundsätzen zugunsten der Gleichbehandlung

aller Menschen würde dies nichts ändern [16]. Dasselbe würde gelten, wenn der Neandertaler nicht nur in einem kleinen Bruchteil unserer Genome, sondern als Art überlebt hätte. Dann hätten wir den humanen Umgang nicht nur mit Menschen verschiedener geographischer Herkunft („Rassen“), sondern auch mit Angehörigen einer anderen Menschenart lernen müssen.

Aber die genetische Ähnlichkeit der heute lebenden Menschen ist dennoch nicht gleichgültig: Sie ist ein Glücksfall, weil sie die ethischen Entscheidungen zwar nicht begründet, aber einfacher macht. Sie ist geeignet, der Neigung der Menschen entgegenzuwirken, Individuen nach ihrer Gruppenzugehörigkeit zu beurteilen. Sie kann ein Stoppschild sein, den Gruppen unterschiedliche Wesenseigenschaften zuzuschreiben und die Individuen nach der Gruppenzugehörigkeit zu beurteilen (genau dies geschieht in rassistischen Ideologien). Wissenschaftler sind nicht nur verantwortlich für ihre Ergebnisse, sondern auch für die Vorstellungen, die sie mit ihnen vermitteln. Mit angeblich wissenschaftlichen Klassifikationen können rassistische Vorstellungen provoziert oder verstärkt werden. Glücklicherweise sind diese Klassifikationen wissenschaftlich nicht haltbar:

Die genetische Ähnlichkeit der Menschen und die biologische Einzigartigkeit jedes Individuums sind Glücksfälle. Deshalb sollten wir sie akzeptieren, uns an ihnen erfreuen und nicht künstliche Barrieren gegen vermeintlich genetisch fremde Gruppen aufbauen.

## Fazit

Die Analyse ergibt, dass kein Kriterium der zitierten zoologischen Definitionen zur Aufteilung von Arten in „Rassen“ für die Art *Homo sapiens* zutrifft:

- Da die heute lebenden Populationen überwiegend klonal variieren, gibt es keine Kriterien, an denen Unterarten klar unterschieden werden können.
- Dass derartige Versuche scheitern, zeigen die unzähligen verschiedenen Klassifikationen mit unterschiedlicher Anzahl von „Rassen“ (von 3 bis 200) und ihnen (ebenfalls in unterschiedlicher Anzahl) an die Seite gestellten „Sondergruppen“.
- Da keines der variierenden Gene in einer Population fixiert ist, kann eine taxonomische Unterscheidung der Populationen an gemeinsamen Merkmalen der Angehörigen nicht getroffen werden. Die zoologische Rassendefinition lässt sich auf Menschen nicht anwenden.
- Isolation durch Entfernung (*isolation by distance*) führt nicht zur Bildung von Unterarten: „Rassen“ hat es beim Menschen wahrscheinlich nie gegeben.
- Keine menschliche Gruppe bildet eine selbstständige evolutionäre Einheit oder ist auf dem Weg dahin.
- Das Argument, dass die Unterscheidung von „Rassen“ beim Menschen für medizinische Diagnosen nötig sei, ist gegenstandslos, denn „rassistische“ Kategorien sind für die ärztliche Diagnose viel zu grob ist. Auch die in den USA hierfür herangezogenen *racess*, die soziale Gruppen meinen und nicht mit „Rassen“ gleichzusetzen sind, sind hierfür ungeeignet.

Die genetische Vielfalt der Menschen lässt sich nicht durch eine Aufteilung in Subspezies wiedergeben.

## Danksagung

Sven Gemballa (Tübingen), Ludwig Huber (Wien) Günther Pass (Wien) und Holger Preuschhof (Bochum) danke ich für zahlreiche Hinweise und Vorschläge, die diesen Beitrag wesentlich verbessert haben. Alexander Maier, Tübingen, danke ich für die Anfertigung der Graphiken.

## Literatur

- [1] M. S. Fischer, U. Hoßfeld, J. Krause, S. Richter: Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung. *Biol. Unserer Zeit* **49**, 399 (2019). – [2] UNESCO-Workshop: Stellungnahme zur Rassenfrage (1995). (Verfügbar unter: [https://uol.de/f/5/inst/biologie/ag/didaktik/Ulrich/Res\\_deutsch.pdf](https://uol.de/f/5/inst/biologie/ag/didaktik/Ulrich/Res_deutsch.pdf)). – [3] American Association of Physical Anthropologists: AAPA Statement on biological aspects of race. *American Journal of Physical Anthropology* **101**, 569 (1996). (aktualisiert AAPA Statement on Race and Racism (2019)). – [4] C. Niemitz, K. Kreuz, H. Walter, *Anthropologischer Anzeiger* **64** 463 (2006). – [5] W. Kunz, *Biol. Unserer Zeit* **51**, 168 (2021). – [6] V. Storch, U. Welsch, M. Wink: *Evolutionsbiologie*. Springer-Verlag. Berlin, Heidelberg 2013. – [7] U. Kattmann (Hrsg.): *Rassen. Bilder vom Menschen*. Jugenddienst. Wuppertal 1973. – [8] U. Kattmann: *Menschenrassen*. Lexikon der Biologie. Bd. 9. Spektrum Akademischer Verlag. Heidelberg 2002. – [9] H. L. Norton et al.: Human races are not like dog breeds: refuting a racist analogy. *Evolution: Education and Outreach* **12**: 17 (2019). – [10] U. Kattmann, *Praxis der Naturwissenschaften – Biologie* **23**, 253 (1974). – [11] M. A. Patten, *Nature* **457**, 147 (2009). – [12] A. Kühn: *Erbkunde*. In: H. Woltereck (Hrsg.): *Erbkunde, Rassenpflege Bevölkerungspolitik. Schicksalsfragen des deutschen Volkes*. Quelle & Meyer. Leipzig 1943. – [13] K. Senglaub: *Sie sind veränderlich. Eine Einführung in die Fortpflanzungs- und Evolutionsbiologie der Tiere*. Aulis. Köln 1982. – [14] M. Kopec, *Philosophy of Science* **81**, 1053 (2014). – [15] E. Mayr: *Artbegriff und Evolution*. Paul Parey. Hamburg, Berlin 1967. – [16] S. J. Gould: Warum wir menschliche Rassen nicht benennen sollten – eine biologische Betrachtung. In: *Darwin nach Darwin*. Ullstein. Frankfurt a.M, Berlin 1984. – [17] A. R. Templeton, *American Anthropologist* **3**, 632 (1999). – [18] A. Kühn: *Grundriss der Vererbungslehre*. Quelle & Meyer. Heidelberg 1961. – [19] T. Dobzhansky, *American Journal of Physical Anthropology* **2**, 251 (1944). – [20] E. Mayr: *Das ist Biologie*. Spektrum Akademischer Verlag. Heidelberg, Berlin 1998. – [21] C. Darwin: *The descent of man and selection in relation to sex*. Murray: London 1871 (zitiert nach der deutschen Übersetzung der 2. Auflage von Victor Carus: *Die Abstammung des Menschen*. Weiss. Dreieich 1992. – [22] L. L. Cavalli-Sforza, P. Menozzi, A. Piazza (Hrsg.): *The history and geography of human genes*. Princeton University Press. Princeton NJ/ USA 1996. – [23] J. Diamond: *Arm und Reich. Das Schicksal menschlicher Gesellschaften*. S. Fischer. Frankfurt a.M. 1998. – [24] J. Diamond, *Discover* **15** (11), 83 (1994). – [25] R. C. Lewontin: *The apportionment of human diversity*. In: T. Dobzhansky, M. K. Hecht, W. C. Steere (Hrsg.): *Evolutionary Biology*. Vol. 6. Springer. New York 1972. – [26] N. Ryman, R. Chakraborty, M. Nei, *Human Heredity* **33**, 93(1983). – [27] M. Nei, A. K. Roychoudhury, *Mol. Biol. Evol.* **10**, 927 (1993). – [28] G. Barbujani et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **94**, 4516 (1997). – [29] A. W. F. Edwards, *Bioassay* **25**, 798 (2003). – [30] J. H. Fujimura et al., *Sociological Theory* **32**, 208 (2014). – [31] M. Marks: *Ten facts about human variation*. In: M. P. Muehlenbein (Hrsg.): *Human evolutionary biology*. Cambridge University Press. Cambridge, UK 2010. – [32] M.-C. King, A. G. Motulsky, *Science* **298**, 2342 (2002). – [33] D. Witherspoon et al., *Genetics* **176**, 351 (2007). – [34] R. G. Winther: *The genetic reification of „race“: A story of two mathematical methods*. In: R. G. Winther (Hrsg.): *Phylogenetic inference, selection theory, and history of Science: selected papers of A.W.F. Edwards with Commentaries*. Cambridge University Press. Cambridge, UK 2018. – [35] P. Gagneux et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **96**, 5077 (1999). – [36] G. Stix, *Spektrum der Wissenschaft*, Heft 9/2009, S. 58. – [37] F. D. Livingstone, *Current Anthropology* **3**, 279 (1962). – [38] M. Jakobsson et al., *Nature* **451**, 998 (2008). – [39] K. L. Hunley, E. H. Meghan, J. C. Long, *American Journal of Physical Anthropology* **139**, 35 (2009). – [40] L. L. Cavalli-

## Kattmann: Die genetische Vielfalt der Menschen widerspricht der Einteilung der Menschen in „Rassen“

Nur zum persönlichen Gebrauch © Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft Stuttgart

Sforza, M. W. Feldman, *Nature Genetics* **33**, 266 (2003). – [41] M. S. Fischer et al.: Jena, Haeckel und die Frage nach den Menschenrassen oder der Rassismus macht Rassen. *Zoologie* 2020. Mitteilungen der Deutschen Zoologischen Gesellschaft. Basiliken-Presse. Verlag Natur &Text. Rangsdorf 2020. – [42] S. Richter, T. Göpel, *Biol. Unserer Zeit* **51**, 179 (2021). – [43] The 1000 Genomes Project Consortium, *Nature* **526**, 68 (2015). – [44] J. D. Lester et al., *Communications Biology* **4**: 283 (2021). – [45] R. Kanitz et al., *PLoS ONE* **13** (2): e0192460 (2018). – [46] J. Marks: Human biodiversity. Genes, race, and history. Aldine de Gruyter. New York 1994. – [47] E. von Eickstedt: Rassenkunde und Rassengeschichte der Menschheit. Enke. Stuttgart 1934. – [48] G. Lawton, *New Scientist*, 4. April, 34-43 (2019). – [49] F. Vogel, A. G. Motulsky: *Human Genetics*. Springer. Berlin, Heidelberg, New York 1997. – [50] W. Buselmaier, G. Tariverdian: *Humangenetik*. Springer Medizin. Heidelberg 2007. – [51] A. Bergström et al., *Science* **367**, eaay5012 (2020). – [52] C. N. Simonti et al., *Science* **351**, 737 (2016). – [53] M. Dannemann, J. Kelso, *Am. J. Hum. Genet.* **101**, 578 (2017). – [54] A. Durvasula, S. Sankararaman, *Science Advances* **6**: eaax5097 (2020). – [55] F. Racimo et al., *Nature Review Genetics* **16**, 359 (2015). – [56] R. Knußmann: *Vergleichende Biologie des Menschen*. Gustav Fischer. Stuttgart 1980. – [57] Editorial *Nature Genetics*: Genes, drugs and race. *Nature Genetics* **29**, 239 (2001). – [58] A. A. Tishkoff, K. K. Kidd, *Nature Genetics* **36**, S21 (2004). – [59] B. Lee: *Amerikaner zweiter Klasse*. Kossodo Verlag. Genf, Hamburg 1967.



Prof. Dr. **Ulrich Kattmann** (Jahrgang 1941) studierte Biologie, Chemie und ev. Theologie in Göttingen und Tübingen (Staatsexamen 1968) sowie Anthropologie und Pädagogik in Kiel (Promotion 1977). Von 1970 bis 1982 war er Wissenschaftlicher Mitarbeiter am heutigen Leibniz-Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und Mathematik (IPN) an der Universität Kiel, Abt. Didaktik der Biologie. 1982 Ruf auf die Professur für Didaktik der

Biologie mit dem Schwerpunkt Humanbiologie der Carl von Ossietzky Universität Oldenburg. Seit 2004 im Ruhestand. Zahlreiche fachinhaltliche und fachdidaktische Publikationen, insbesondere zu Evolution und Genetik sowie Anthropologie, „Rassen“ und Rassismus.

Von 1988 bis 1992 Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats der Gesellschaft für Anthropologie und Humangenetik.

E-Mail: [ulrich.kattmann@uol.de](mailto:ulrich.kattmann@uol.de), Homepage: <https://uol.de/ulrich-kattmann>

© WVG

## Rund um die Uhr für Sie da

► [deutscher-apotheker-verlag.de](https://deutscher-apotheker-verlag.de)

**Shop** Deutscher Apotheker Verlag

Alle Titel, Autor, Stichwort, ISBN **Suche**

Pharmazie Medizin Weitere Fachgebiete Sachbuch Software Verlag Anmelden Warenkorb

Alle Fachinformationen jederzeit bestellen!

- Große Auswahl an Fachmedien, Sachbüchern und Romanen
- 24 Stunden täglich schnell und einfach bestellen
- Versandkostenfreie Lieferung innerhalb Deutschlands

► [deutscher-apotheker-verlag.de](https://deutscher-apotheker-verlag.de)

Kein Nachdruck, keine Veröffentlichung im Internet oder einem Intranet ohne Zustimmung des Verlags!