

Immer wieder missverstanden Die Unterteilung von Arten in Rassen

WERNER KUNZ



Die im atlantischen Bereich über Nordost-Nordamerika und weite Teile Nord- bis Mittel-Europas verbreitete Rasse „carbo“ des Kormorans *Phalacrocorax carbo* (links) unterscheidet sich im Kopf- und Halsbereich sehr deutlich von der über West-, Ost- und Südafrika verbreiteten Rasse „lucidus“ (rechts).

Fotos: mit freundlicher Genehmigung von Angelika Nijhoff-Schlieter über Naturgucker.de (links), W. Kunz (rechts).

Kaum ein anderer biologischer Fachbegriff wird so oft falsch verstanden und für ideologische Weltanschauungen missbraucht wie der taxonomische Begriff der Rasse. Häufig werden Rassen mit Ethnien oder gar Religionen verwechselt. Rassen sind allein dadurch definiert, dass ganz bestimmte (oft wenige) genetische Merkmale, die in geografischer Distanz als Anpassung an unterschiedliche Lebensverhältnisse entstanden sind, nicht gleichmäßig über die Individuen einer Art verteilt, sondern miteinander kombiniert sind und dadurch die Individuen zu Gruppen vereinigen, die anhand dieser kombinierten Merkmale voneinander unterscheidbar sind. Es ist ein verbreitetes Missverständnis, Rassen für Gruppen zu halten, die genetisch voneinander sehr verschieden sind.

Der Begriff „Rasse“ bezeichnet eine Untergruppe der Art (Spezies) und wird in der Zoologie synonym mit dem Begriff „Subspezies“ verwendet. In der botanischen Literatur wird der Begriff viel seltener verwendet, da es unter den Pflanzen viele Hybride und Nachkommen vegetativer Fortpflanzung gibt, wodurch eine einheitliche Begriffsbildung erschwert wird [1]. Gegenwärtig ist das Wort „Rasse“ wegen des Missbrauchs in sozialen und politischen Ideologien zu einem sehr umstrittenen Begriff geworden, so dass die Gefahr aufkommt, dass soziale und politische Gebote die Weiterentwicklung naturwissenschaftlicher und humanmedizinischer Erkenntnisse behindern könnten [2]. Obwohl die Bezeichnung „Rasse“ in der Tierzucht, in der Völkerkunde und auch in der Biologie schon seit langer Zeit angewendet wurde, hat sich dieses Wort als taxonomischer Begriff erst gegen Ende des neunzehnten Jahrhunderts gefestigt, und zwar in der Zoologie. Darwin sah im Begriff Rasse keine eigene distinkte taxonomische Einheit. Er machte keinen wesentlichen Unterschied zwischen Arten, Rassen und Varietäten und war überzeugt, dass sich diese hierarchischen Ebenen nur im Ausmaß ihrer Merkmalsdifferenzen, aber nicht in der Qualität dieser Merkmale voneinander unterscheiden.

Der zoologische Rassebegriff und die trinäre Nomenklatur

Gegen Ende des neunzehnten Jahrhunderts, als die Fauna der tropischen Länder der Erde von Artensammlern erschlossen wurde, gelangte eine Fülle neuer Formen in die europäischen Museen, und in der Zoologie setzte sich der Begriff Rasse (Subspezies) als Taxon gegenüber Fachbegriffen wie „Varietäten“, „Formen“ und anderen Bezeichnungen durch [1]. In der späteren zweiten Hälfte des neunzehnten Jahrhunderts entstand die trinäre Nomenklatur in der Zoologie, die Benennung von Rassen durch einen dreiteiligen Namen: Gattung-Spezies-Rasse [1]. Diese Nomenklatur wurde zunächst von der „American Ornithologists' Union“ übernommen, von wo sie dann in England von Walter Rothschild eingeführt wurde, der seine riesige Sammlung an Vögeln und Schmetterlingen danach gliederte. Zum Personal, das die Rothschild'schen Sammlungen verwaltete und ordnete, gehörten der Ornithologe Ernst Hartert und der Entomologe Karl Jordan (beide Deutsche), die die Praxis

der trinären Nomenklatur nach Deutschland übertragen. Die trinäre Nomenklatur und der Begriff „subspecies“ wurden dann bald vom „International Code of Zoological Nomenclature“ (ICZN) übernommen (<http://www.iczn.org/>). Zum Beispiel sind die meisten der ca. 11.000 Vogelarten der Erde in mehrere Subspezies untergliedert, die sich größtenteils nur in sehr wenigen Merkmalen voneinander unterscheiden [3] (Abbildung 1).

In den zwanziger und dreißiger Jahren des vorigen Jahrhunderts waren es vor allem der Zoologe Bernhard Rensch, der Genetiker Theodosius Dobzhansky und der Taxonom Ernst Mayr, die die Definition für den Begriff Rasse formulierten. Dobzhansky definierte die Rasse sinngemäß folgendermaßen: „Eine subspezifische Gruppe, zusammengesetzt aus Individuen, die eine geografisch definierte Region bewohnen, und die charakteristische Phänotyp- oder Gen-Merkmale besitzen, die sie von ähnlichen Gruppen unterscheiden“ [4]. Ernst Mayr kam nach dem Studium Hunderter von Vogelrassen zu einer ähnlichen

Definition: „Eine Rasse ist die Zusammenfassung phänotypisch ähnlicher Populationen einer Art, die ein geografisches Teilgebiet des Areal der Art bewohnen und sich taxonomisch von anderen Populationen der Art unterscheiden“ [5]. Rensch erkannte, dass nahezu alle Arten in Rassen untergliedert sind, so dass der Begriff „Art“ folglich durch den neuen Begriff „Rassenkreis“ ersetzt werden sollte, um zum Ausdruck zu bringen, dass eine Art eine Summe von Rassen ist [6].

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 176 erklärt.

IN KÜRZE

- Eine Rasse ist die **Zusammenfassung merkmalsähnlicher Populationen einer Art**, die ein geografisches Teilgebiet des Areals der Art bewohnen und sich von anderen Populationen der Art durch bestimmte (meist wenige) Merkmale unterscheiden, die wiederum Anpassungen an die regionalen Lebensverhältnissen sind. Rassenunterschiede müssen von genetischer Natur sein.
- Da die Angehörigen verschiedener Rassen **reproduktiv miteinander kompatibel sind**, vermischen sie sich überall dort, wo sie aufeinandertreffen. Wenn eine Rasse in das Verbreitungsgebiet einer anderen Rasse eindringt, dann lösen sich die Rassenunterschiede allmählich auf, ein Prozess, der sehr lange dauern kann, weil es trotz reproduktiver Verträglichkeit der Rassen zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen oft Verpaarungseinschränkungen gibt.
- Rassen sind sich genetisch oft sehr ähnlich, und die meisten Allelvarianten sind über alle Rassen einer Art verbreitet. **Kombiniert man jedoch mehrere Gene miteinander (Gencluster)**, dann ist in vielen Fällen eine eindeutige Zuordnung der Organismen zu bestimmten Rassen möglich, und es wird deutlich, dass es unterscheidbare Gruppen gibt.
- Der amerikanische Populationsgenetiker Lewontin etablierte in den siebziger Jahren des vorigen Jahrhunderts einen neuen Rassebegriff, der von der Humangenetik übernommen wurde. Er erwartete, dass die Rasse eine Gruppe genetisch ähnlicher Individuen mit geringer Allelvarianz der einzelnen Gene sein müsse, während sich verschiedene Rassen dann durch größere Allelverschiedenheit voneinander unterscheiden sollten. Da dies beim Menschen nicht der Fall ist, schloss er daraus, dass es beim Menschen keine Rassen gibt. Dieser Rassebegriff entspricht jedoch nicht der klassischen zoologischen Definition der Rasse.
- Die Humanmedizin unterscheidet die Bewohner verschiedener geografischer Herkunft **nach den genetischen Risikofaktoren**, bestimmten Krankheiten zu erliegen und unterschiedlich auf Medikamente zu reagieren.



ABB. 1 Schwanzmeisen (*Aegithalos caudatus*) sind über ganz Europa bis Ostasien verbreitet und sind in mehr als 15 Rassen unterteilt, die verschiedene geografische Regionen bewohnen. Die Rassen unterscheiden sich nur in ganz wenigen Merkmalen der Kopf- und Rückenzeichnung. Hier dargestellt sind (a) die über Skandinavien, Osteuropa und Asien am weitesten verbreitete Rasse „caudatus“ mit völlig weißem Kopf, (b) die mitteleuropäische Rasse „europaeus“ mit einer schwarzen Binde über den Kopf und (c) die südspanische Rasse „irbii“ mit einem grauen Rücken. Fotos mit freundlicher Genehmigung durch die Autoren: (a) Jutta und Peter Trentz, (b) Alexander Müller, (c) Yvonne Christ (alle Naturgucker.de).

Alle drei Autoren betonen, dass die Rasse-definierenden Merkmale nicht nach subjektivem Ermessen ausgewählt werden können. Stattdessen müssen es Merkmale sein, die Anpassungen an unterschiedliche Lebensformen in unterschiedlichen Klimaten und Umwelten sind. Es ist ein auf den amerikanischen Humangenetiker Lewontin zurückgehendes [7], auch heute noch verbreitetes Falschverständnis von Rasse, dass die Merkmale, die Rassen unterscheiden, wie etwa Hautfarbe, Augen- oder Lippenform, subjektiv oder gar willkürlich ausgewählt wären. Würde man andere Merkmale auswählen, käme man zu einer anderen Rasseneinteilung [8, 9]. Stattdessen wurden Rassen in der Zoologie von Anfang an nur nach Unterschiedsmerkmalen definiert, die als Adaption an die Lebensverhältnisse in geografischer Distanz entstanden sind. Solche Merkmale sind vom Taxonom nicht subjektiv aus Klassifizierungsbedürfnissen ausgewählt, sondern es sind empirisch zu beobachtende Merkmale, die Anpassungen an den geografischen Ort sind [10]. Die Zugehörigkeit von Individuen zu bestimmten Rassen beruht eben nicht auf weit verbreiteten Polymorphien, wodurch sich die Individuen ebenfalls unterscheiden, die aber kontinuierlich über das gesamte Vorkommensgebiet der Art verbreitet sind.

Verschiedene Rassen sind reproduktiv miteinander kompatibel, und die Individuen vermischen sich überall dort, wo sie aufeinandertreffen (in den sog. ► klinalen Überschneidungsbereichen). Deshalb können Rassen dauerhaft nur in geografisch voneinander entfernten Regionen leben. Wenn die Angehörigen verschiedener Rassen durch Wanderung die Rassengrenzen überwinden, dann wird das gesamte Verbreitungsgebiet der Art eine einzige klinale Übergangszone, und die Rassenunterschiede lösen sich allmählich auf – ein Prozess, der oft sehr lange dauert, weil es trotz reproduktiver Verträglichkeit der Rassen oft zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen Einschränkungen in der Verpaarung gibt. Vermischungen sind ein besonderes Problem für die Zuordnung von Individuen zu bestimmten Rassen und für die Definition des Rassebegriffs. Rassen sind keine stabilen Gruppen. Besonders durch die wechselnden Eiszeiten sind viele Tierarten aus weiten Teilen der Nordhalbkugel zurückgewichen und haben sich anschließend wieder nach Norden ausgebreitet. Dadurch ist es zu Vermischungen zwischen wandernden und ortsansässigen Populationen gekommen. Das hat viele Rassenabgrenzungen unscharf gemacht. Manche Rassen sind im Zustand des Verschwindens, ohne jedoch ganz verschwunden zu sein. Sind es noch Rassen oder nicht? Daher kommt es darauf an, mit welcher Treffsicherheit ausgewählte Individuen noch bestimmten Gruppen zugeordnet werden können. Das wird im Folgenden an Beispielen erläutert.

Der Begriff der Rasse ist ein biologischer und populationsgenetischer Fachbegriff. Die Verschiedenheiten

zwischen Rassen sind immer genetisch begründet und kennzeichnen eine gemeinsame Abstammung. Demgegenüber ist der Begriff Ethnie ein Fachwort der Sozialwissenschaften und bezeichnet Gruppen, die durch soziale und kulturelle Tradition voneinander unterschieden sind. Eine Ethnie ist oft keine gemeinsame Abstammungsgruppe, sondern eine Gruppe von Menschen, die durch gemeinsame Geschichte, Religion, Sprache, Wirtschaftsordnung oder andere Kriterien miteinander verbunden sind. Das sind Traditionen, die nicht in den Genen verankert sind.

Intrarassische versus interrassische Verteilung genetischer Polymorphismen

Die Individuen einer Art unterscheiden sich voneinander durch viele Millionen genetische Polymorphismen [11]. Jedes einzelne Merkmal könnte man willkürlich herausgreifen, um die Individuen einer Art in Subgruppen zu unterteilen. Um jedoch Subgruppen zu erkennen, die man als Rassen definieren kann, müssen solche Merkmale ausgewählt werden, die nur die Bewohner eines geografischen Teilgebiets des Areal der Art kennzeichnen oder die die Herkunft der Individuen aus einer anderen geografischen Region anzeigen.

Alle anderen Merkmale sind nicht geeignet, Individuen zu Rassen zu gruppieren. Wichtig ist vor allem, dass Rassen immer

NUR PHYLOGENETISCH RELEVANTE MERKMALE SIND GEEIGNET, EINE RASSE ZU DEFINIEREN

einen zeitweise unabhängig gelaufenen Evolutionsweg hinter sich haben und daher nur nach Merkmalen definiert werden können, die die Organismen als beginnenden eigenen phylogenetischen Zweig abgrenzen. Breitgestreute individuelle Polymorphismen charakterisieren keine Rassen. In der Annahme, die biologische Systematik würde eine breite Palette von unkontrollierten Merkmalen benutzen, um danach taxonomische Einheiten voneinander abzugrenzen, liegt eine der Ursachen für das Missverständnis von Rasse. Nur phylogenetisch relevante Merkmale sind geeignet, eine Rasse zu definieren.

Bei den meisten Arten, die ein gewisses evolutionäres Alter erreicht haben und die über ein größeres Areal verbreitet sind, kommt es mit der Zeit und der geografischen Entfernung mehr und mehr zu selektionskontrollierten lokalen genetischen Anpassungen an die verschiedenen Umwelten. Solche genetischen Unterschiede zwischen den Populationen verschiedener geografischer Regionen können allein wegen der Entfernung stabil erhalten bleiben. Die Entstehung von Rassen beruht nicht auf genetisch fundierten Paarungsbarrieren zwischen den Individuen, sondern es ist allein die Entfernung, die die Paarung verhindert, weil sich die Organismen nicht begegnen können. Reproduktive Verträglichkeit der Organismen miteinander verhindert nicht das Verschiedenwerden entfernter Gruppen [12]. Eine zusammenhängende Reproduktionsgemeinschaft ist oft in ein Mosaik distinkter geo-

grafischer Rassen unterteilt, die immer noch über Genaustausch miteinander verbunden sind, jedoch bereits begonnen haben, unabhängige Evolutionswege zu beschreiten. Dieses Phänomen wird „► isolation by distance“ genannt [13].

Beim Menschen liegt die größte Verschiedenheit zwischen den vier ursprünglich afrikanischen Gruppen vor: Mbuti und Biaka-Pygmäen, Buschmännern und Niger-Kordofanianern (wozu die Bantus gehören) [14]. Alle heute in den übrigen Kontinenten wohnenden Menschen sind vor ca. 100.000 Jahren aus Afrika ausge-

wandert und unterscheiden sich in geringerem Ausmaß voneinander als die Ureinwohner Afrikas. Die Unterschiede sind jedoch distinkt und spiegeln die Hauptwanderwege in die verschiedenen Kontinente wider [15, 16]. Die Identifizierung von Individuen nach ihren Herkunftsländern lässt sich anhand von ► Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) oder auch von ► Mikrosatelliten-DNA-Regionen durchführen. SNPs sind Variationen einzelner Basenpaare im Genom; Mikrosatelliten sind kurze DNA-Sequenzen, die im Genom oft wiederholt sind. An den allelen Verschiedenheiten dieser Merkmale kann man Individuen, aber auch ganze Populationen unterscheiden. Beim Menschen kommen nur wenige Mikrosatellitenallele nur in einer einzigen Population vor; die meisten sind weit über die verschiedenen Populationen verbreitet. Eine umfangreiche Untersuchung an 4199 Mikrosatellitenallelen ergab, dass nur 7 Prozent dieser Allele auf eine einzige geografische Region beschränkt waren (sog. „private alleles“); sie betrafen dort jedoch nicht alle Individuen der Population [16]. Diese sogenannten „private alleles“ sind fast durchweg die seltenen Mutanten dieser Loci, die man insgesamt in weniger als 2 Prozent aller Individuen der Art findet [17]. Es handelt sich meist um die Allele, die die jeweilige Gründerpopulation der Rasse gekennzeichnet haben. Demgegenüber sind die häufigen Allele fast immer weit verbreitet und finden sich in den meisten Gruppen. Viele der häufigen Allele sind weltweit verbreitet.

Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) und Mikrosatelliten-DNA-Regionen haben sich zwar als sehr erfolgreich erwiesen, die Herkunftsorte und die Wanderwege der heute existierenden Bevölkerungsgruppen herauszufinden, aber dabei handelt es sich fast durchweg um Allelvarianten von Loci, die genetisch neutral sind, also keine phänotypischen Produkte erzeugen, die von der Selektion erkannt werden. Gruppen mit gemeinsamen Mikrosatellitenmerkmalen können nicht als Rassen definiert werden, weil diese Merkmale keine durch die Selektion geförderten Adaptionen an bestimmte ökologische Nischen oder Klimate sind. Mutationen in neutraler DNA, die im Laufe der Zeit auftreten, charakterisieren nicht die Neuentstehung und Absonderung eines Taxons. Zur Entstehung

einer neuen Art oder Rasse gehören Merkmalsveränderungen, die neue und von der Stammgruppe abweichende Anpassungen an geänderte Umweltsverhältnissen sind [18].

Zu einer solchen Adaption gehört beim Menschen auch die Hautfarbe, obwohl dieses Merkmal komplex ist. Zwar geht der Unterschied dunkle Haut versus helle Haut

beim Menschen im Wesentlichen auf zwei Allele eines Gens zurück (SLC24A5), das die Bauanleitung für ein Eiweiß in den Melaninkörperchen der Pigmentzellen der Haut enthält, jedoch gibt es noch weitere

REPRODUKTIVE VERTRÄGLICHKEIT DER ORGANISMEN MITEINANDER VERHINDERT NICHT DAS VERSCHIEDENWERDEN ENTFERNTER GRUPPEN

Gene, die die Hautfarbe ebenfalls beeinflussen [19]. Beispielsweise ist die Hellhäutigkeit in Asien nach der Auswanderung der Menschen aus Afrika unabhängig von der Hellhäutigkeit der Europäer entstanden, nachdem sich beide Gruppen vorher voneinander getrennt hatten. Aber es handelt sich um ein eindeutiges Merkmal der Anpassung an geänderte und unterschiedliche Umweltverhältnisse. Die Tatsache, dass die meisten Allele der meisten Genloci (sowohl „klassische“ Allele wie die Blutgruppen als auch Mikrosatelliten) in allen Populationen vorhanden sind, hat zu einer folgenreichen Missinterpretation des Rassebegriffs geführt [7]. Anstatt die Rasse durch bestimmte (oft sehr wenige) adaptive Merkmalsgemeinsamkeiten zu definieren, wurde die Erwartung vertreten, Rassen müssten generell genetisch voneinander verschieden sein.

Was ist Allelvarianz?

Jedes Gen hat normalerweise mehrere Allele. Würden die Individuen in einer Population alle Allele eines Genlokus einigermaßen gleichhäufig tragen, so hätte diese Population eine hohe Allelvarianz. Dominiert jedoch ein einzelnes Allel gegenüber den anderen Allelen, so hat diese Population eine geringe Allelvarianz. Geringe Allelvarianz bedeutet, dass die Individuen einer Population für die einzelnen Loci überwiegend homozygot, also wenig variant sind. Hohe Allelvarianz bedeutet, dass die Individuen einer Population für die einzelnen Loci überwiegend heterozygot sind, weil im diploiden Satz überwiegend verschiedene Allele zusammenkommen. Die Individuen sind in dieser Population also sehr variant. Lewontin [7] ging nun von der Erwartung aus, dass die Individuen innerhalb einer jeweiligen Rasse einheitlich seien, also eine geringe Allelvarianz haben müssten. Das würde bedeuten, dass in einer bestimmten Rasse einzelne Gene überwiegend mit einem dominierenden Allel vertreten wären, das jedoch in einer anderen Rasse jeweils ein anderes wäre. Würde beispielsweise in einer Rasse die Blutgruppe A dominieren, so würde in einer anderen Rasse die Blutgruppe B dominieren. Würde dies stimmen, dann wären die Mittelwerte der Allelvarianzen in den jeweiligen einzelnen Rassen

gering. Wenn man dann jedoch den Mittelwert der Allelvarianzen verschiedener Loci für die Gesamtheit aller Rassen errechnet, dann müsste die Allelvarianz einen deutlich höheren Wert haben als die Allelvarianzen der jeweils einzelnen Rassen. Das sollte dann für die Allelvarianzen jedes einzelnen Genlocus gelten. Genau darin sah Lewontin den eigentlichen Rassenunterschied. Er hat seine Messungen (Einzelrassenvarianz gegenüber Gesamtvarianz) an 17 polymorphen Genloci durchgeführt. Zu seiner eigenen Überraschung entsprach das Ergebnis aber nicht der oben dargestellten Erwartung. Die Allelvarianz in den Individuen in der Gesamtheit aller gemessenen Rassen erwies sich als kaum größer als die Varianzen, die bereits in den Einzelrassen vorhanden waren. Eine hohe Allelvarianz bei den einzelnen Genloci besteht also bereits zwischen den Individuen innerhalb der Rasse und nimmt kaum zu, wenn die Rassen gemischt werden. Aber anstatt aus diesem Ergebnis den Schluss zu ziehen, dass der Berechnung ein falsches Verständnis vom Begriff der Rasse zugrunde lag, folgerte Lewontin daraus, es gäbe beim Menschen keine Rassen.

Lewontins Vergleich intrarassischer mit interrassischen Allelvarianzen

Lewontin hat die Allelhäufigkeitsverteilung ausgewählter Genloci (beginnend mit den Blutgruppenallelen) bei vielen Individuengruppen gemessen. Dann hat er einen Vergleich angestellt: Wie groß ist die Varianz der Allele ausgesuchter Gene innerhalb der Rasse („intrarassische Variation“) im Vergleich zur Varianz der Allele zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen („interrassische Variation“)? Das Ergebnis (das anschließend durch mehrere Autoren bestätigt wurde) war, dass der größte Teil der Allelvarianz (85 bis über 90%) bereits innerhalb der Rassen vorhanden ist, während nur ein geringer zusätzlicher Prozentsatz an Varianzunterschieden auf Differenzen zwischen den verschiedenen Rassen zurückzuführen ist [7, 16]. Demnach geht also ein hoher Prozentsatz der genetischen Diversität der Menschen auf die individuelle Verschiedenheit der Menschen innerhalb ihrer Population zurück, während auf zusätzliche „rassebedingte“ Unterschiede nur ein geringer weiterer Prozentsatz an Verschiedenheit entfällt. Rassen sind also nicht das, wovon Lewontin ausgegangen war, nämlich genetisch relativ einheitliche Individuen. Ein Europäer und ein Bewohner Ostasiens unterscheiden sich in der Gesamtheit ihrer genetischen Unterschiede kaum mehr voneinander als ein Europäer von irgendeinem anderen Europäer. Daraus wurde von Lewontin und danach auch von anderen Autoren [8] der Schluss gezogen, dass Rassenunterschiede keine genetische Basis hätten.

DER „KLASSISCHE“ ZOOLOGISCHE RASSE-BEGRIFF GEHT NICHT DAVON AUS, DASS SICH DIE ANGEHÖRIGEN ZWEIER VERSCHIEDENER RASSEN STÄRKER VONEINANDER UNTERSCHIEDEN MÜSSTEN ALS DIE INDIVIDUEN IN EIN UND DERSELBEN RASSE

Der „klassische“ (und auch heute noch gültige) zoologische Rassebegriff geht, wie anfangs ausgeführt, nicht davon aus, dass sich die Angehörigen zweier verschiedener Rassen stärker voneinander unterscheiden müssten als die Individuen in ein und derselben Rasse. Stattdessen geht es um einige (oft nur wenige) Merkmale, durch die die Rassen diagnostisch unterschieden und ontologisch definiert werden können [4-6]. In einer vagen Analogie ist das vergleichbar mit der Möglichkeit, holländische Autos an ihrem gelben Nummernschild mit nur geringer Fehlerquote von deutschen Autos unterscheiden zu können, obwohl die holländischen Autos untereinander im

Vergleich zu deutschen Autos insgesamt keineswegs einen größeren Verschiedenheitsgrad haben als sie innerhalb ihrer jeweiligen Nation bereits haben.

Im Grunde hat Lewontin eine neuartige Rassedefinition eingeführt, nämlich dass Rassen sich durch

eine Zunahme der Verschiedenheit der ihr angehörenden Individuen gegenüber dem bereits vorhandenen rasseinternen Verschiedenheitsgrad auszeichnen müssten. Allein daraus hat er den Schluss gezogen, dass Rassen beim Menschen nicht vorhanden seien. Diese Neudefinition der Rasse wurde von vielen Humangenetikern übernommen [8], obwohl sie von der klassischen zoologischen Definition abweicht. Es ist ein bemerkenswertes wissenschaftshistorisches Phänomen, dass in Humangenetik und Zoologie zwei verschiedene Rassebegriffe parallel nebeneinander verwendet wurden und noch werden. Es befremdet in der Rückschau, dass die damals führenden Evolutionsbiologen (z. B. Rensch oder Mayr, die den zoologischen Rassebegriff vertreten haben) der Lewontinschen Schlussfolgerung nicht deutlicher widersprochen haben. Dabei ist allerdings zu bedenken, dass die Lewontinsche populationsgenetische Statistik sehr schwer zu verstehen ist. Die folgeschwere Arbeit ist sehr kurz abgefasst [7].

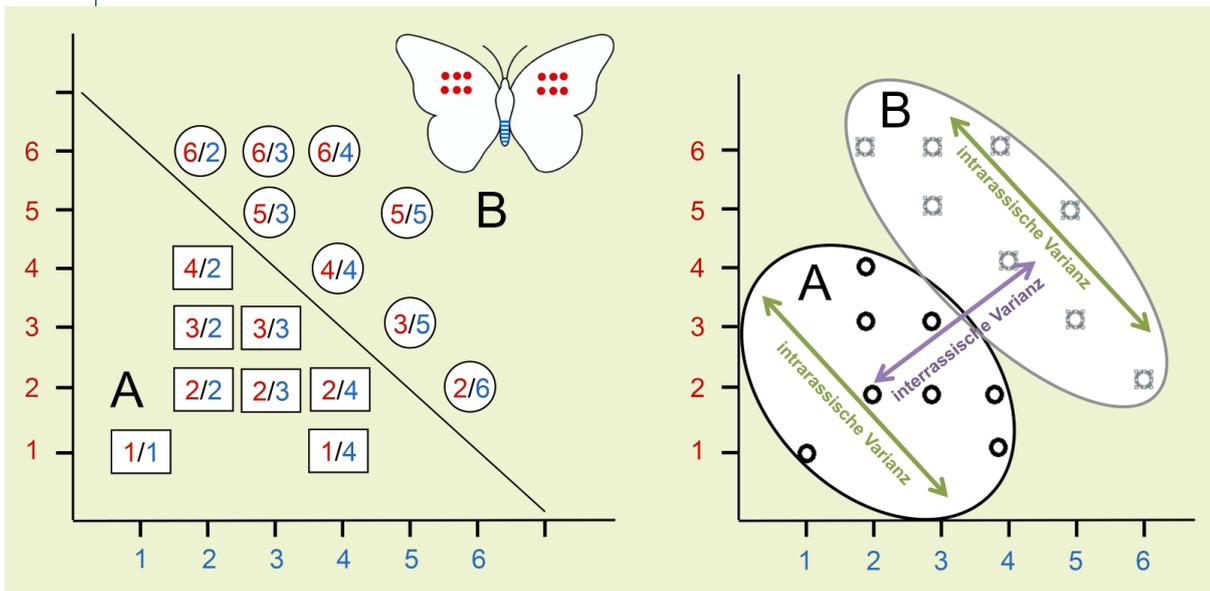
In vielen Ländern der Erde und weit in die Geschichte zurückgehend ist es immer wieder zur Diskriminierung von Angehörigen anderer Rassen gekommen, weil diese vermeintlich Anlagen hätten, die minderwertig seien. Dieser gefährlichen Auffassung lag ein Falschverständnis des Rassebegriffs zugrunde, dass Rassen in ihrer genetischen Ausstattung etwas sehr Verschiedenes seien. In Wirklichkeit aber unterscheiden sich die Angehörigen verschiedener Rassen nur durch einige Anpassungen an andersartige Umweltverhältnisse. In den wahren Rasseunterschieden (z. B. der Hautfarbe) liegt keinerlei Zündstoff für eine Diskriminierung. Eine Aufgabe für Biologen und Soziologen ist es daher, den zoologischen Rassebegriff richtig zu stellen [20]. Aber anstatt den Rassebegriff zu präzisieren und deutlich von dem mit ideologischer Zielsetzung [2, 21]

falsch verstandenen Rassebegriff abzusetzen, wurde und wird die Existenz von Rassen beim Menschen fortgesetzt abgestritten [8, 9]. Zumindest befremdet es, die Existenz von Rassen bei einer bestimmten ausgewählten Spezies (*Homo sapiens*) zu negieren, ohne dabei die Kenner anderer Tiergruppen zu Rate zu ziehen, um für das Reich der Tiere eine einheitliche taxonomische Lösung zu finden. Es trifft zu, dass Schimpansen in unterschiedlichen Arealen deutlich verschiedener sind als sich Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft voneinander unterscheiden [8]. Es gibt aber keine logische Rechtfertigung dafür, deswegen den Rassebegriff beim Menschen zu streichen und beim Schimpansen weiter daran festzuhalten. Wenn sich zwei Dinge stark voneinander unterscheiden, dann sind es zwei stark voneinander verschiedene Dinge. Wenn sich zwei Dinge wenig voneinander unterscheiden, dann sind es zwei wenig voneinander verschiedene Dinge. Aber es sind dann immer noch zwei verschiedene Dinge.

Lewontins Fehler in der Auswertung seiner statistischen Analyse

Abgesehen vom Falschverständnis des Begriffs Rasse hat Lewontin noch zusätzlich bei der Schlussfolgerung aus seinen statistischen Ergebnissen einen Fehler gemacht, der nachträglich von mehreren Autoren entdeckt wurde [14, 16, 22]. Er hat alle Gedankenschlüsse aus seinen statistischen Analysen immer nur auf jeweils einen Genlokus bezogen. Er hat niemals die verschiedenen Loci miteinander zu „Clustern“ kombiniert und dann nach Unterschieden zwischen den Rassen gesucht. Nur aufgrund dieses Fehlers kam er zu dem Schluss, dass Menschen basierend auf ihren Allelvarianzen keinen Gruppen sicher zugeordnet werden können. Lewontin hat immer nur einen Locus-zu-Lokus-Vergleich zwischen den einzelnen Rassen gemacht. Berücksichtigt man dagegen den in der Biologie gegebenen Zusammenhalt verschiedener Gene miteinander, dann lassen sich die Individuen sehr wohl bestimmten Gruppen zuordnen. Dieser Fehler in den Lewontinschen

ABB. 2 | DARSTELLUNG ZUR GRUPPENTRENNUNG BEI INTRA- UND INTERRASSISCHER VARIANZ ZWEIER KORRELIERTER GENE



Eine fiktive Insektenart besitzt am Hinterleib eine variierende Anzahl von 1–6 blauen Ringen und gleichzeitig auf den Vorderflügeln eine variierende Anzahl von 1–6 roten Punkten. Für den Genlokus „blauer Ring“ gibt es 6 Allelvarianten, die auf der Abszisse aufgetragen sind. Desgleichen gibt es für den Locus „roter Punkt“ auch 6 Allelvarianten, die auf der Ordinate aufgetragen sind. In der Grafik sind 16 Individuen zu zwei Rassen A und B dargestellt. Die 8 Individuen der Rasse A variieren in der Zahl ihrer Hinterleibsringe von 1–4 (blau), während die 8 Individuen der Rasse B in der Zahl ihrer Hinterleibsringe von 2–6 (blau) variieren. Der Unterschied zwischen den beiden Rassen A und B besteht also lediglich darin, dass B im Schnitt eine etwas höhere Anzahl an Ringen hat als A. Weil sich die Allelvarianten aber weitgehend überschneiden, kann man ein Individuum nur mit sehr hoher Fehlerquote einer der beiden Rassen A und B zuordnen. Es ist aber möglich, durch die Hinzunahme einer zweiten Variablen eine klare Trennung der beiden Rassen A und B zu erreichen. Die zweite Variable sind 1–6 rote Punkte auf den Vorderflügeln; das sind die verschiedenen Allele des zweiten Genlokus, die auf der Ordinate aufgetragen sind. Auch hier besteht der Unterschied zwischen den beiden Rassen A und B wieder nur darin, dass B im Schnitt lediglich eine etwas höhere Anzahl an Punkten hat als A, so dass bei Betrachtung nur einer Dimension wiederum eine Trennung zwischen den Rassen A und B stark fehlerbehaftet ist. Die zweidimensionale korrelative Darstellung zeigt jedoch, dass die 16 Individuen eindeutig den zwei Rassen A und B zuzuordnen sind, die sich klar voneinander abgrenzen lassen, obwohl die Allelvarianz der zwei ausgewählten Genloci (blau und rot) innerhalb jeder Rasse fast ebenso stark variiert wie zwischen den Rassen. Abb. nach [2], stark verändert; entsprechend den wertvollen Hinweisen eines anonymen Gutachters weiter verändert.

Schlussfolgerungen wurde zuerst von dem Statistiker Anthony Edwards entdeckt, der die Unterschiede in den Allelvarianzen berechnete, indem er die Allelvarianzen mehrerer Gene miteinander kombinierte [22]. Dabei stellte sich heraus, dass das angebliche Ergebnis Lewontins, man könne zufällig ausgewählte Individuen nur mit einer hohen Fehlerquote bestimmten Rassen zuordnen, falsch ist. Bei der Berücksichtigung mehrerer Genloci ist eine Zuordnung der Individuen zu bestimmten Rassen möglich, und zwar mit steigender Sicherheit, je mehr Loci in die Berechnung einbezogen werden (das ist ausführlich in Abbildung 2 erläutert). Jeder einzeln betrachtete Genlocus liefert nur eine geringe Information über die Zugehörigkeit zu einer bestimmten Gruppe. Aber wenn die Information mehrerer Loci kombiniert wird, dann können trotz aller Rassenvermischungen auch heute noch viele Individuen nach ihrer Herkunft bestimmten Gruppen zugeordnet werden [23].

Vor allem die umfangreichen Untersuchungen der Rosenberg-Gruppe an 4199 Allelen führten zu dem empirischen Nachweis, dass sich durch Kopplung bestimmter Genloci (den sog. „Rosenberg-Clustern“) heute noch viele Menschen bestimmten Gruppen zuordnen lassen, deren Herkunft in Afrika, Eurasien, Ostasien, Ozeanien oder im vorkolumbianischen Amerika liegt. Die Widerlegung der Lewontinschen Schlussfolgerung erschien 2015 sogar in der Presse (Frankfurter Allgemeine Zeitung FAZ-online). Der Artikel trug den bezeichnenden Titel: „Lewontins Fehlschluss: Die Einteilung der Menschen in Rassen hat keine biologische Grundlage, heißt es oft. Leider stimmt das so nicht“ (<http://www.faz.net/aktuell/wissen/leben-gene/gibt-es-menschliche-rassen-13917542.html>; Zugriff 21.4.2020). Als der Unternehmer Craig Venter im Juni 2000 auf der Pressekonferenz im Weißen Haus die erfolgreiche Sequenzierung des menschlichen Genoms verkündete, fügte er hinzu: „Der Begriff Rasse hat keine genetische oder wissenschaftliche Basis“ [2]. Nur vier Jahre später sagte Francis Collins (der das rivalisierende Team zur Sequenzierung des menschlichen Genoms leitete): „Genetische Unterschiede erlauben die Vorhersage der geografischen Herkunft einzelner Individuen.“

Für den „klassischen Taxonomen“ ist es nichts Neues, bei der Abgrenzung von Taxa (Rasse, Art) niemals nur ein einziges Merkmal zu benutzen, sondern immer nur die Kombination mehrerer Merkmale. Es ist nun einmal eine biologische Tatsache, dass das Leben der Organismen immer nur dann funktioniert, wenn mehrere Merkmale miteinander kombiniert sind. Daher besteht der entscheidende Unterschied zwischen verschiedenen taxonomischen Gruppen nicht in Einzelmerkmalen, sondern in Merkmalsbündeln. Dies ist die Basis für die Existenz von Rassen,

nicht der Einzelmerkmalsunterschied. Lewontin stellt die Frage: „Wie groß muss der Unterschied in der Häufigkeit der einzelnen ABO-Blutgruppenallele eigentlich sein, damit man zwei lokale Populationen als separate Rassen bezeichnen kann?“. Dies ist von vornherein die falsche Frage, weil man biologische Taxa nicht nach Unterschieden in einem einzigen Genlocus definieren kann [2].

Biologische Taxa sind keine Klassen im Sinne von „► natural kinds“, die durch ein einziges essentielles gemeinsames Merkmal definierbar wären [24]. Auch die Zugehörigkeit eines Individuums zu einer bestimmten Art kann nicht nach einem einzigen (Bestimmungs-)Merkmal ermittelt werden. Eine auf Merkmalen beruhende Taxonomie ist nur möglich, wenn sie die Koppelung mehrerer Merkmale in Betracht zieht, weil Einzelmerkmale immer die Zuordnung zu falschen Taxa möglich machen. Je mehr verschiedene Merkmale miteinander kombiniert werden, umso sicherer wird die Artbestimmung. Der evolutionäre Vorteil bestimmter Einzelmerkmale ergibt sich oft nur durch das Zusammenwirken mehrerer Merkmale. Das ist eine der Hauptursachen, warum es in der Natur Gruppen

gibt; die Biodiversität ist kein Kontinuum variierender Merkmale. Wäre sie das, dann gäbe es keine Taxonomie; denn die Taxonomie ist die Wissenschaft, die nach dem Wesen der Gruppen sucht. Das kann

man mit Fahrzeugen vergleichen: Lastwagen, Personenwagen und Motorräder unterscheiden sich nicht so sehr in ausgesuchten Einzelmerkmalen, sondern der Unterschied zwischen den Fahrzeugtypen liegt in der Kombination bestimmter Merkmale [12]. Würde man Motorräder und Fahrräder allein nach Details in der Sitzpolsterung unterscheiden wollen, dann würde man diese beiden Fahrzeugtypen kaum voneinander abgrenzen können.

Die Bedeutung der Rasse für Medizin und Pharmazie

Trotz der gegenwärtigen Vermischung der ursprünglich getrennten geografischen Rassen kann man auch heute noch die Herkunft der meisten Menschen aus verschiedenen Kontinenten anhand von Markerallelen zurückverfolgen. Aus medizinischen und pharmazeutischen Gründen ist es wichtig, die genetischen Unterschiede zwischen den Bewohnern unterschiedlicher Herkunft in Betracht zu ziehen. 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 [15]. So führt z.B. eine Mutante des Gerinnungsfaktors V-Leiden zu einer Förderung der Blutgerinnung und dadurch zu einer erhöhten Anfälligkeit

DER VERZICHT AUF RASSEN- UNTERSCHIEDUNGEN HÄTTE FOLGEN FÜR DIE ERHALTUNG DER GESUNDHEIT UND FÜR DEN BIOMEDIZINISCHEN FORTSCHRITT

gegen Thrombose. Das Allel, das diese Mutante trägt, ist in 5 Prozent der weißen Bevölkerung vorhanden, fehlt aber fast vollständig in Ostasiaten und Afrikanern. Weiße sind daher in signifikant höherem Maße dem Risiko ausgesetzt, von Thromboembolie befallen zu werden als Ostasiaten und Afrikaner [17].

Auch eine umfangreiche prospektive klinische Studie im Zeitraum von 1996 und 2006 an Diabetes-Erkrankten in den USA hat deutliche Unterschiede zwischen den Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft ergeben [25]. Untersucht wurden fast 65.000 in den USA lebende Diabetes-Patienten verschiedener Abstammung: Weiße, Schwarzafrikaner, Latinos, Philipinos, Chinesen, Japaner, Pazifikinsulaner und Süd-

asiaten. Die Ergebnisse wurden nach äußeren und inneren Umständen justiert und einander angeglichen, um Unterschiede im Alter, Geschlecht, Bildungsgrad, Erziehung, Sportbetätigung, Alkohol- und Zigarettenkonsum und diversen medizinischen Vorbelastungen gegeneinander auszugleichen. Die Folgen der Diabetes-Erkrankung waren bei den Menschen unterschiedlicher Herkunft deutlich verschieden. Beispielsweise trat Nierenerkrankung im Endstadium am geringsten bei Menschen europäischer Herkunft auf, Myokardinfarkt hatte die größte Häufigkeit bei Pazifikinsulanern; bei an Diabetes erkrankten Asiaten musste mit nur geringer Häufigkeit eine Amputation der unteren Extremitäten vorgenommen werden. Dagegen traten vaskuläre Komplikationen (Herzinsuffizienz, Schlaganfall) bei Diabetikern verschiedener Herkunft mit etwa gleicher Wahrscheinlichkeit auf. Das bedeutet, dass die ▶ ätiologische Forschung und die Überwachung der öffentlichen Gesundheit die genetischen Differenzen zwischen Patienten unterschiedlicher geografischer Herkunft zu beachten haben. Menschen unterschiedlicher Herkunft reagieren auch unterschiedlich auf verschiedene Medikamente [26]. Dazu gehört BiDil, ein Medikament, das den Blutdruck verringert. 1999

wurde nachgewiesen, dass die Sterblichkeit afroamerikanischer Patienten mit BiDil um 27 Prozent verringert werden konnte, während das Mittel bei weißen Patienten unwirksam war [27]. Damit wurde BiDil zum ersten Patent für ein Medikament, das die amerikanische Behörde für Lebens- und Arzneimittel (Food and Drug Administration, FDA) ausschließlich für schwarze Patienten zugelassen hat.

Die Eliminierung des Begriffs „Rasse“ als Variable aus der medizinischen Forschung würde die Wirksamkeit therapeutischer Maßnahmen untergraben. Dennoch wollte Arbor Pharmaceuticals im Januar 2017, dass Fachartikel

DIE ELIMINIERUNG DES BEGRIFFS „RASSE“ ALS VARIABLE AUS DER MEDIZINISCHEN FORSCHUNG WÜRDIE DIE WIRKSAMKEIT THERAPEUTISCHER MASSNAHMEN UNTERGRABEN

zu unterschiedlichen Risikofaktoren zwischen afroamerikanischen und weißen Patienten von der Website des amerikanischen Bundesamts für Gesundheitsforschung und Qualität (AHRQ) entfernt werden. In Kalifornien gab es vor ca. 20 Jahren eine Initiative, ein Gesetz zu erlassen, das es jeder öffentlichen Institution verbietet, Daten zu Rasseunterschieden zu erheben und zu sammeln. Das hätte für die medizinische Forschung zur Folge gehabt, dass alle Daten im Gesundheitssystem, die Aussagen über Unterschiede in den Risikofaktoren gegenüber Krank-

heiten zwischen Menschen unterschiedlicher Herkunft enthalten, aus den öffentlichen Datenbanken hätten gelöscht werden müssen [17]. Würden die Fakten über Rasseunterschiede ignoriert und nicht weiter

erforscht, so würde das z. B. in den USA vor allem der nicht-weißen Bevölkerung schaden, weil die derzeit vorliegenden Informationen über das Risikofaktorprofil überwiegend an der weißen Bevölkerung erhoben wurden, und einige dieser Daten für Nicht-Weiße eine andere Gültigkeit haben.

Sind Arten und Rassen „natural kinds“?

Die erkenntnistheoretischen Grundlagen der Gruppierung von Organismen werden in taxonomischen Publikationen oft wenig berücksichtigt [18, 28]. Dabei geht es in der Taxonomie nicht nur um Abstammung und Verwandtschaft (Was ist wie nahe mit wem verwandt?), sondern wesentlich auch um Klassenbildung (Welche Faktoren halten eine Gruppe zusammen?) [18]. Das betrifft auch die Frage, ob Gruppen in der Natur reale Dinge sind, oder ob Gruppen lediglich Konstrukte des menschlichen Geistes sind. Was Rassen betrifft, so widersprechen sich die Meinungen in der philosophischen Literatur direkt, indem Rassen von einigen Autoren als real existierende Einheiten

verstanden werden [29], von anderen dagegen als nicht-existent bezeichnet werden [30]. Trotz aller Schwierigkeiten, Taxa wie Spezies oder Rassen zu de-

finieren, ist es irgendwie kontrainduktiv, Rassen und Arten für nicht-existent zu halten. Das Problem der Realität von taxonomischen Gruppen liegt irgendwo in der Mitte zwischen der Annahme, Taxa seien rein instrumentale Einheiten (konstruiert vom Menschen für sein Bedürfnis, Dinge mit gleichen Eigenschaften und gleicher Abstammung zusammenzufassen) und der Annahme, Gruppen würden in der Natur außerhalb des menschlichen Geistes genauso existieren, wie wir sie zur Kenntnis nehmen und mit ihnen arbeiten [31]. Beide Extreme können widerlegt werden. Ein Taxon wie „Kohlmeise“ existiert nicht als Ding in der Natur, so wie man es sich im Alltag vorstellt.

ARTEN UND RASSEN EXISTIEREN JEDOCH; NUR SIND ES EBEN KEINE „NATURAL KINDS“

Aber es ist auch kein bloßes Konstrukt des menschlichen Geistes, denn es ist ein Faktum, dass die Organismen in der Natur durch real existierende Faktoren zu Gruppen zusammengehalten und von Nachbargruppen abgegrenzt werden. Welche Faktoren das sind, ist Gegenstand der taxonomischen Forschung. Die Gruppen spielen eine zentrale Rolle in der Evolutionstheorie. Ohne die Akzeptanz solcher Gruppen gäbe es keine Roten Listen. Auch die Bestimmungsbücher für Pflanzen und Tiere gehen von der Annahme aus, dass es Gruppen in der Natur gibt, die der denkende Mensch nicht erfunden hat, sondern die empirisch wahrnehmbar sind.

In vordarwinistischer Zeit hielten die Taxonomen am aristotelischen Glauben fest, Arten müssten sich essentiell unterscheiden. Diese Grundannahme wurde auch von Linné vertreten. Es ist schon mehrfach kritisiert worden [2], dass manche Autoren auch heute noch an der Vorstellung festhalten, Arten und Rassen müssten „natural kinds“ [24] sein, und weil sie das nicht sind, wird daraus geschlossen, Arten und Rassen würden nicht existieren. Arten und Ras-

sen existieren jedoch; nur sind es eben keine „natural kinds“. „Natural kinds“ sind durch mindestens ein essentielles Merkmal definiert. Jedes Mitglied einer „natural kind“ muss dieses Merkmal besitzen, und kein Angehöriger einer anderen „natural kind“ darf dieses Merkmal haben. Jedes Mitglied, das dieses Merkmal verliert, kann nicht mehr zu dieser „natural kind“ gehören. Ein Beispiel für „natural kinds“ sind die chemischen Elemente. So ist z. B. Platin durch die Protonenzahl 78 definiert. Verliert Platin ein Proton, dann ist es kein Platin mehr. Das unterscheidet die chemischen Elemente grundsätzlich von biologischen Arten und Rassen. Ein adultes Rotkehlchen besitzt eine rote Kehle. Dieses Merkmal ist jedoch nicht essentiell, denn wenn ein Rotkehlchen die rote Kehle durch eine Mutation verliert, dann gehört dieses mutierte Individuum immer noch zur Gruppe der Rotkehlchen.

Da sich prinzipiell alle Merkmale von Individuen, die bestimmten Arten oder Rassen angehören, jeden Augenblick durch eine Mutation verändern können, die betroffenen Individuen dadurch aber nicht die Mitgliedschaft zu ihrer Art oder Rasse verlieren, sind Arten und Rassen (im Gegensatz zu den chemischen Elementen) keine „natural kinds“. Dies würde der Evolutionstheorie widersprechen. „Natural kinds“ sind universal, d. h. sie sind (in unserem gegenwärtigen Weltall) weder an eine Zeit noch an einen Raum gebunden. Arten und Rassen existieren dagegen einmalig zu bestimmten Zeiten an bestimmten Orten [32]. Eine „natural kind“ kann nicht aussterben. Arten und Rassen dagegen können aussterben. Sie sind einmal entstanden, und sie werden einmal wieder aussterben und können auch deswegen keine „natural kinds“ sein.

GLOSSAR

Ätiologie: Ursachenforschung über die Entstehung von Krankheiten.

Ethnie: Der Begriff Ethnie ist kein biologischer und auch kein populationsgenetischer Begriff, sondern ein Fachwort der Sozialwissenschaften. Unter Ethnie wird keine gemeinsame Abstammungsgruppe verstanden, sondern eine Gruppe von Menschen, die durch soziale und kulturelle Tradition (hauptsächlich auch durch gemeinsame Religion, Sprache und Wirtschaftsordnung) miteinander verbunden sind.

Isolation by distance (Isolation durch Entfernung): Wenn eine Art geografisch über einen weiten Raum verbreitet ist und die einzelnen Populationen noch lückelos über sexuellen Genaustausch miteinander verbunden sind, dann verlieren die geografisch weit voneinander entfernten Populationen ihre gegenseitige Fruchtbarkeit, obwohl sie noch zur selben Reproduktionsgemeinschaft gehören. Dieser Vorgang heißt „isolation by distance“. Zerreißt die Reproduktionsgemeinschaft, indem Verbreitungslücken entstehen, dann ist das „allopatrische“ Verbreitung.

Klinaler Überschneidungsbereich: Ein klinaler Bereich ist eine geografische Region, in der Rassen zusammentreffen und sich vermischen, weil es keine Reproduktionsbarrieren zwischen den Angehörigen verschiedener Rassen gibt.

Mikrosatelliten: Kurze, meist nicht-kodierende DNA-Sequenzen von zwei bis sechs Basenpaaren Länge, die im Genom eines Individuums oft wiederholt sind. In der Zahl der Wiederholungen unterscheiden sich sowohl Individuen als auch ganze Populationen voneinander.

„Natural kind“: Eine „natural kind“ (in der Natur vorkommende Gruppe) ist eine Klasse aus Dingen, die alle mindestens ein essentielles Merkmal gemeinsam haben, das diese Klasse definiert, so dass jedes Ding, das dieses Merkmal nicht hat, nicht zu dieser Klasse gehören kann. Dieses essentielle Merkmal muss eine Naturgesetzlichkeit beinhalten. Das ist der Fall bei der Protonenzahl eines chemischen Elements, nicht aber bei den Merkmalen einer Tierart. Die „natural kind“ ist (in unserem gegenwärtigen Weltall) weder an eine Zeit noch an einen Raum gebunden. Weil Arten und Rassen keine essentiellen Merkmale besitzen und weil Arten und Rassen zeit- und raumgebunden sind, also einmal entstanden sind und einmal wieder aussterben werden, sind es keine „natural kinds“.

Single Nucleotide Polymorphism (SNP): Variation eines einzelnen Basenpaares im Genom. SNPs können sowohl Individuen als auch ganze Populationen voneinander unterscheiden.

Ausblick

Die Unterteilung der Arten in Rassen ist seit langer Zeit ein fester Bestandteil der zoologischen Taxonomie, die mit Rassen in zweistelliger Millionenzahl arbeitet. Rassen kommen bei fast allen Tierarten vor. Es gibt kaum Ausnahmen. Nur Arten, die auf einen ganz kleinen Raum beschränkt sind (Endemismen), oder Arten, die evolutionär neu entstanden sind, oder Arten, die nicht sesshaft und sehr mobil sind, haben keine Rassen. Rassen unterscheiden sich definitionsgemäß nicht durch eine Vielzahl von genetischen Unterschieden voneinander (dieses Missverständnis gilt es zu beseitigen), sondern sie unterscheiden sich oft nur in wenigen bestimmten Merkmalskombinationen, die die geografische Herkunft anzeigen. Beim Menschen dominiert in weiten Kreisen ein falsch verstandener Rassebegriff, der ein fatales Unheil anrichtet. Was hier zu Diskriminierung und Rassenhass führt, ist jedoch eine Vorstellung von einem Rassebegriff, den es überhaupt nicht gibt. Um der Gefahr der Diskriminierung bestimmter Gruppen entgegenzutreten, muss die Bevölkerung aufgeklärt werden, wie sich eine Rasse überhaupt von einer anderen unterscheidet und wie gering diese Unterschiede sind. Es ist der falsche Weg, dieser Aufklärung auszuweichen und die Existenz von Rassenunterschieden abzustrei-

ten. Für die humanmedizinische Forschung und die ärztliche Behandlung ist es wichtig, die Angehörigen verschiedener geografischer Herkunft zu unterscheiden, weil sie unterschiedliche genetisch fundierte Risikofaktoren gegenüber bestimmten Krankheiten haben und weil sie auf Medikamente unterschiedlich reagieren.

Zusammenfassung

Würden sich alle Individuen einer Art rein zufällig miteinander paaren, so gäbe es innerhalb der Art keine genetisch verschiedenen Subgruppen, weil jedes Allel eines Gens gleichmäßig über das geografische Verbreitungsgebiet der Art verteilt wäre. Dies ist jedoch bei den meisten Tierarten nicht der Fall. Rassen sind durch Absonderung von Teilgruppen aus der Stammgruppe entstanden und unterscheiden sich daher in den meisten Genen kaum voneinander. Sie weichen nur in wenigen Rasse-charakterisierenden Merkmalen voneinander ab, die als Folge der selektiven Aussonderung in geografischer Distanz entstanden sind. Aus diesen Merkmalen kann die geografische Herkunft der Angehörigen einer Rasse hergeleitet werden. Die Rasse-unterscheidenden Merkmale sind also nicht subjektiv oder gar willkürlich ausgewählt, sondern es sind Adaptationen an die unterschiedlichen Lebensverhältnisse in unterschiedlichen geografischen Regionen. An der Kombination mehrerer solcher Merkmale sind Rassen zu erkennen und gegeneinander abzugrenzen. Da die Individuen verschiedener Rassen sich miteinander reproduzieren können, sind Rassen auf die Dauer nicht stabil und verschwinden allmählich, wenn sie die geografischen Grenzen überschreiten und in das Areal anderer Rassen einwandern. Beim Menschen ist der Rassebegriff umstritten, weil die Rassenunterschiede gering sind und als Folge der Globalisierung verschwinden. Populationsgenetische Untersuchungen haben aber ergeben, dass Menschen unterschiedlicher geografischer Herkunft auch heute noch Merkmalsgemeinsamkeiten haben, die eine Gruppenzuordnung möglich machen. Für die humanmedizinische Forschung und die Patientenbehandlung ist es wichtig, die unterschiedlichen genetisch fundierten Risikofaktoren in der Anfälligkeit für bestimmte Krankheiten zu berücksichtigen und Menschen mit unterschiedlicher geografischer Herkunft zu unterscheiden. Alle Kriterien, die zoologische Rassen definieren, sind auch auf menschliche Rassen anwendbar, so dass eine Zurückweisung des Rassebegriffs beim Menschen auch viele Tierarten mit einbeziehen müsste.

Summary

Again and again misunderstood – The subdivision of species into races

If all individuals of a species would mate with one another purely by chance, there would be no genetically different subgroups within the species, because each allele of a gene would be evenly distributed over the geographical distribution area of the species. However, this is not the case with most animal species. Races originated by separating sub-

groups from the core group and therefore hardly differ from each other in most genes. They differ from each other only in a few race-characterizing features that arose as a result of the selective separation in geographical distance. The geographic ancestry of the members of a race can be traced from these characteristics. The race-distinguishing features are therefore not chosen subjectively or even arbitrarily, but are adaptations to the different environmental conditions in different geographical regions. Races can be recognized by the combination of such characteristics and differentiated from one another. Since the individuals of different races can reproduce with each other, races are not stable in the long run and gradually disappear when they cross the geographical boundaries and migrate into the area of other races. The concept of race is controversial in humans because race differences are small and disappear as a result of globalization. However, population genetic studies have shown that people of different geographical origins still have features in common that make group recognition possible. For human medicine research and patient treatment, it is important to take into account the different genetically based risk factors in the susceptibility to certain diseases and to differentiate between people with different geographical origins. All criteria that define zoological races can also be applied to human races, so that rejecting the concept of race in humans would also have to include many animal species.

Schlagerworte:

Taxonomie, Begriff der Rasse, Zoologie, Humangenetik, Medizin.

Literatur

- [1] J. Mallet (2001). Subspecies, semispecies, superspecies, in: S. Levin (Ed.), Encyclopedia of biodiversity, Academic Press, London, 523–526.
- [2] N. Sesardic (2010). Race: a social destruction of a biological concept, *Biology and Philosophy*, 25, 143–162.
- [3] J. del Hoyo et al., Handbook of the birds of the world, Vol. 1–16, Lynx Edicions, Barcelona, 1992–2011.
- [4] L. Gannett (2013). Theodosius Dobzhansky and the genetic race concept, *Studies in History and Philosophy of Science. Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* 44, 250–261.
- [5] E. Mayr, P. D. Ashlock (1991). Principles of systematic zoology, McGraw Hill, New York.
- [6] B. Rensch (1995). Geographic races in zoology, *International Social Science Journal* 17, 128–130.
- [7] R. C. Lewontin (1972). The apportionment of human diversity, *Evolutionary Biology* 6, 381–398.
- [8] A. Templeton (2013). Biological races in humans, *Stud. Hist. Philos. Biol. Biomed. Sci.* 44, 262–271.
- [9] M. Fischer et al. (2019). Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung, *Biologie in unserer Zeit* 6, 399–402.
- [10] M. Pigliucci, J. Kaplan (2003). On the concept of biological race and its applicability to humans, *Philosophy of Science* 70, 1161–1172.
- [11] F. Calafell et al. (1998). Short tandem repeat polymorphism evolution in humans, *European Journal of Human Genetics* 6, 38–49.

- [12] N. H. Barton (1993). Hybrid zones: Why species and subspecies, *Current Biology* 3, 797–799.
- [13] T. B. Smith et al. (2001). Refugial isolation versus ecological gradients, *Genetica* 112–113, 383–398.
- [14] M.-C. King, A. G. Motulsky (2002). Mapping Human History, *Science* 298, 2342–2343.
- [15] N. Risch et al. (2002). Categorization of humans in biomedical research: genes, race and disease, *Genome Biology* 3.
- [16] N. A. Rosenberg et al. (2002). Genetic structure of human populations, *Science* 298, 2381–2385.
- [17] E. G. Burchard et al. (2003). The importance of race and ethnic background in biomedical research and clinical practice, *New England Journal Of Medicine* 348, 1170–1175.
- [18] W. Kunz (2018). Die Kunst, Organismen in Arten einzuteilen – Wohin steuert die Taxonomie?, *Biologie in unserer Zeit* 3, 170–178.
- [19] R. L. Lamason et al. (2005). SLC24A5, a putative cation exchanger, affects pigmentation in zebrafish and humans, *Science* 310, 1782–1786.
- [20] W. Kunz (2020). Rasse und Rassismus, *Novo Argumente für den Fortschritt*, 20.02.2020, 1–6.
- [21] A. Vonderach (2020). Die Dekonstruktion der Rasse. Sozialwissenschaften gegen die Biologie. Ares Verlag, Graz.
- [22] A. W. F. Edwards (2003). Human genetic diversity: Lewontin's fallacy, *BioEssays* 25, 798–801.
- [23] M. D. Edge, N. A. Rosenberg (2015). Implications of the apportionment of human genetic diversity for the apportionment of human phenotypic diversity, *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 52, 32–45.
- [24] P. E. Griffiths (1999). Squaring the Circle: Natural Kinds with Historical Essences, in: R. A. Wilson (Ed.), *Species: new interdisciplinary essays*, MIT Press, Cambridge, Massachusetts, 209–228.
- [25] A. M. Kanaya et al. (2011). Heterogeneity of diabetes outcomes among Asians and Pacific Islanders in the U.S. – The Diabetes Study of Northern California, *Diabetes Care* 34, 930–937.
- [26] J. F. Wilson et al. (2001). Population genetic structure of variable drug response, *Nature Genet.* 29, 265–269.
- [27] P. Carson et al. (1999). Racial differences in response to therapy for heart failure: analysis of the vasodilator-heart failure trials – Vasodilator-Heart Failure Trial Study Group, *Journal of Cardiac Failure* 5, 178–187.
- [28] W. Kunz (2012). *Do species exist? - Principles of taxonomic classification*, Wiley-VCH/Blackwell, Weinheim.
- [29] Q. Spencer (2014). A radical solution to the race problem, *Philosophy of Science* 81, 1025–1038.
- [30] J. Dupre (2008). What genes are, and why there are no genes for race, in: B. König, S. Lee, S. Richardson (Eds.), *Revisiting race in a genomic age*, Rutgers University Press, New Brunswick, NJ, 39–55.
- [31] T. A. C. Reydon, W. Kunz (2019). Species as natural entities, instrumental units and ranked taxa: new perspectives on the grouping and ranking problems, *Biological Journal of the Linnean Society*, 126, 623–636.
- [32] M. Ghiselin (1997). *Metaphysics and the origin of species*. State University of New York Press, New York.

Der Autor



Werner Kunz (www.kunz.hhu.de/) studierte in Münster Biologie, Chemie und Physik. Er begann sein Studium unter Anleitung von Bernhard Rensch und beschäftigte sich mit Rassenkreisen. Er promovierte dann über Chromosomen bei Insekten. Nach zwei Jahren als Gastwissenschaftler an der Yale-University in New Haven/USA arbeitete er als Professor für Allgemeine Biologie am Institut für Genetik an der Universität Düsseldorf über *Drosophila* und den Humanparasiten *Schistosoma*. Seit mehr als 10 Jahren befasst er sich wissenschaftstheoretisch mit dem umstrittenen Artbegriff in der Biologie und mit den theoretischen Grundlagen des Natur- und Artenschutzes. Er ist Autor mehrerer Bücher und Fachartikel und hat als Tierfotograf alle Erdteile bereist.

Korrespondenz:

Prof. Dr. Werner Kunz
Institut für Genetik
Heinrich-Heine-Universität
Universitätsstr. 1
D-40225 Düsseldorf

NACHTRAG

Nachtrag zum Übersichtsartikel „**Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald**“, erschienen in *BiuZ* 1/2021: Die Karte in Abb. 3 wurde in der online-Version des Artikels aktualisiert. Sie können das entsprechende PDF unter www.biuZ.de herunterladen.

