



Die Evolution der Hautfarbe

Am Blutgruppensystem der *Group specific component* läßt sich ablesen, wie es in der Evolution zu den heutigen Hautfarben gekommen ist. Die *Group specific component*, kurz GC-System genannt, wird auch als vitamin-D-bindendes Protein (VDBP) bezeichnet, das im Körper für den Transport des Vitamins D und seiner Derivate zuständig ist. Der GC-Polymorphismus ist phylogenetisch alt und dürfte auch schon bei früheren Hominidenformen vorhanden gewesen sein. Er besteht aus den drei Phänotypen GC 1, GC 2-1 und GC 2, die durch die beiden autosomalen kodominanten Allele *GC*1* und *GC*2* festgelegt werden. Die Verteilung der beiden Allele ist graphisch in Abbildung 1 dargestellt.

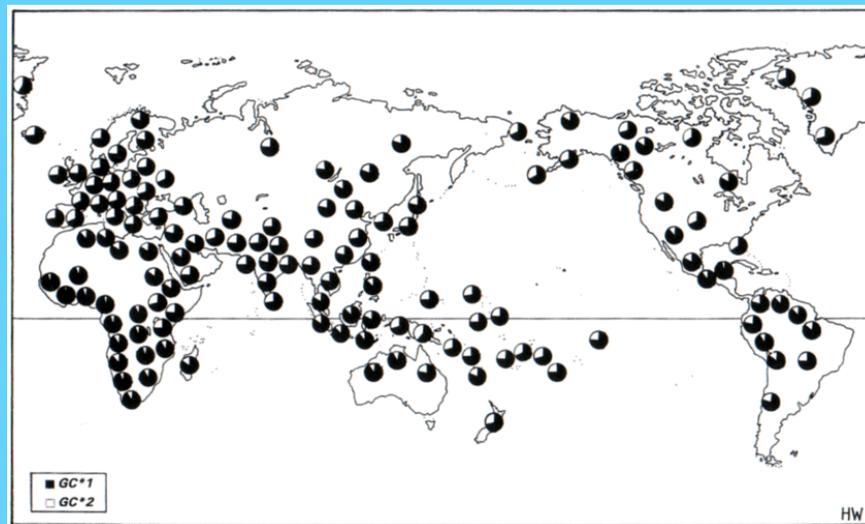


Abbildung 1: Geographische Verteilung der Allele *GC*1* und *GC*2* [1]

Die Frequenzen in den einzelnen Regionen der Erde sind in Tabelle 1 zusammengefaßt. In der rechten Spalte wurde die Mischungsentropie

$$\Delta S = -k(x_1 \ln x_1 + x_2 \ln x_2)$$

aus den relativen Häufigkeiten x_1 und x_2 der beiden Allele berechnet. Ihnen sind die Wahrscheinlichkeiten p_1^2 und p_2^2 zugeordnet. Die Wahrscheinlichkeit, mit der es zu einer Vermischung der beiden Allele kommt, wird durch den Term $2p_1p_2$ ausgedrückt.

Aus Tabelle 1 ersehen wir, daß das Allel *GC*1* zweifellos das ältere ist, weil es bei den australischen Aborigines am häufigsten vorkommt und bei den phylogenetisch alten Basken sein Minimum erreicht. Dieses Minimum ist durch die Evolution des Allels *GC*2* bedingt, wel-



ches umgekehrt bei den Basken sein Maximum besitzt, bei den australischen Ureinwohnern hingegen seinen niedrigsten Wert aufweist. Dieses Verhalten ist weitgehend identisch mit dem des *Glyoxalase-1-Polymorphismus*, bei dem die Träger des bevorzugten Allels, die in der phylogenetisch älteren Gruppe der Basken stärker vertreten sind, ganz allgemein von der Evolution stärker profitiert haben. Das drückt sich populationsgenetisch im genetischen Abstand zu den Australiden aus, der bei den Basken am größten ist. Das Allel *GC*2* scheint in sonnenscheinarmen Gegenden einen gewissen Selektionsvorteil besessen zu haben und hat insofern die weiße Rasse begünstigt, da seine Produkte, die Phänotypen GC 2 und GC 2-1, eine höhere Bindungsfähigkeit für Vitamin D besitzen und somit einen besseren Schutz vor Vitamin-D-Mangelkrankheiten bieten. Es wäre aber ein Irrtum zu glauben, daß sich hinter dem Allel *GC*1* nur farbige Hauttypen verbergen. Zumindest muß auf dessen Subtypisierung zurückgegriffen werden. Das Allel *GC*1* besteht nämlich aus den beiden Subtypen *GC*1F* und *GC*1S*, die hinsichtlich ihrer Verteilung in Abbildung 2 kartographisch erfaßt und in Tabelle 2 aufgelistet sind. Die zugehörigen Phänotypen liegen in homozygoter (GC 1F und GC 1S) oder in heterozygoter Form (GC 1F-1S, GC 2-1F und GC 2-1S) vor. Ihnen sind nachfolgend die insgesamt 10 Wahrscheinlichkeiten zugeordnet:

GC 1F	p_1^2	GC 21F	$2p_1p_3$
GC 1S	p_2^2	GC 1FVar	$2p_1p_4$
GC 2	p_3^2	GC 21S	$2p_2p_3$
GC Var	p_4^2	GC 1SVar	$2p_2p_4$
GC 1F1S	$2p_1p_2$	GC 2Var	$2p_3p_4$

Die nach Rassen gegliederten Ergebnisse aus Tabelle 2 wurden in aufsteigenden Wahrscheinlichkeiten bezüglich des Phänotyps GC 2 sortiert, um die Unterschiede der beiden Subtypen besser zu verdeutlichen. Dabei zeigt sich, daß das Allel *GC*2* in den heißen Zonen überhaupt keine Chance gehabt hat, sich durchzusetzen. Es nimmt in dem Maße ab, wie das Allel *GC*1F* zunimmt, und steht für indogermanisch-polynesische Haut. Auffallend ist sein hoher Anteil im polynesischen Raum und auf Neu-Guinea.

Gerade unter Alteuropiden ist andererseits das Allel *GC*1S* besonders stark vertreten. Es kommt des weiteren in Europa, Südamerika und Westasien recht häufig vor, und seine Frequenzen liegen in Australien nur um etwa 10 % unter denen Europas. Das Maximum findet sich in Nordeuropa, südlich der Sahara wiederum liegt das Minimum, gefolgt von Neu-Guinea sowie Ost- und Südostasien. Lediglich Mittelamerika stellt aufgrund seines hohen Anteils an polynesischen Genen eine gewisse Ausnahme dar. Der Phänotyp GC 1S ist demnach charakteristisch für mongolide weiße Haut, auch innerhalb der europiden Altschicht. Das Allel *GC*1F* ist typisch für negride und austronesisch-dunkle Haut. Es setzte sich südlich der Sahara fast ausschließlich durch, während es in Europa nahezu ausstarb. Dafür legte das Allel *GC*1S* in Europa, West- und Südasiens sowie in Nordafrika, Nord- und Südamerika auf über 50 % zu. Würde man in diesen Regionen nur die beiden Allele *GC*1F* und *GC*1S* miteinander vergleichen, gäbe es auch dort eine nur sehr geringe Entropie. Des weiteren erreichte das Allel *GC*2* hauptsächlich in Ost- und Westeuropa sowie in Polynisien ansehnliche Werte



und kommt damit bei den Völkern mit der hellsten Haut am häufigsten vor. Vor allem aber besitzt Europa aufgrund seiner starken Vermischung die weitaus größte Vielfalt an Hauttypen, und dabei haben keineswegs alle Menschen, bei denen das Allel $GC*IF$ auftritt, dunkelpigmentierte Haut. Vielmehr zeigt es sich, daß der Hauttyp primär von der Haplogruppe abhängt. Somit weisen im System der mitochondrialen Eva die Haplogruppen L und M , also Negride und Austronesier, überwiegend das Allel $GC*IF$ auf, während sämtliche Haplogruppen der europiden Haupthaplogruppe N zumeist das Allel $GC*IS$ besitzen. Etwa ab der Haplogruppe R der Weddiden tritt verstärkt das Allel $GC*2$ hinzu, welches hauptsächlich unter Indogermanen und Polynesiern aufscheint. Im System des Adam des Y -Chromosoms sind die Haplogruppen A bis E stark durch das Allel $GC*IF$ beeinflusst, während die Haplogruppe F und alle, die sich davon ableiten, der Haplogruppe $GC*IS$ angehören. Etwa ab der Haplogruppe K der Papua ist das Allel $GC*2$ häufiger vertreten.

	GC*1	GC*2	p1 ²	p2 ²	2p1p2	ΔS
Basken	0,650	0,350	0,42250	0,12250	0,45500	0,64745
Osteuropa	0,683	0,317	0,46649	0,10049	0,43302	0,62459
Westeuropa	0,713	0,287	0,50837	0,08237	0,40926	0,59944
Südeuropa	0,719	0,281	0,51696	0,07896	0,40408	0,59390
Mittleuropa	0,719	0,281	0,51696	0,07896	0,40408	0,59390
Westasien	0,728	0,272	0,52998	0,07398	0,39603	0,58524
Südasien	0,747	0,253	0,55801	0,06401	0,37798	0,56561
Nordeuropa	0,752	0,248	0,56550	0,06150	0,37299	0,56013
Sarden	0,767	0,233	0,58829	0,05429	0,35742	0,54288
Südostasien	0,830	0,170	0,68890	0,02890	0,28220	0,45589
Nordostafrika	0,857	0,143	0,73445	0,02045	0,24510	0,41037
Nordafrika	0,870	0,130	0,75690	0,01690	0,22620	0,38639
Subsahara	0,904	0,096	0,81722	0,00922	0,17357	0,31620
Neu-Guinea	0,696	0,304	0,48442	0,09242	0,42317	0,61422
Neu-Seeland	0,702	0,298	0,49280	0,08880	0,41839	0,60916
Polynesien	0,702	0,298	0,49280	0,08880	0,41839	0,60916
Mikronesien	0,745	0,255	0,55503	0,06503	0,37995	0,56776
Melanesien	0,748	0,252	0,55950	0,06350	0,37699	0,56452
Ostasien	0,753	0,247	0,56701	0,06101	0,37198	0,55902
Saami	0,808	0,192	0,65286	0,03686	0,31027	0,48911
Kanada	0,660	0,340	0,43560	0,11560	0,44880	0,64104
Grönland	0,667	0,333	0,44489	0,11089	0,44422	0,63628
Alaska	0,782	0,218	0,61152	0,04752	0,34095	0,52436
Nordasien	0,785	0,215	0,61623	0,04623	0,33755	0,52051
Südamerika	0,816	0,184	0,66586	0,03386	0,30029	0,47740
Nordamerika	0,830	0,170	0,68890	0,02890	0,28220	0,45589
Mittelamerika	0,872	0,128	0,76038	0,01638	0,22323	0,38257
Australien	0,879	0,121	0,77264	0,01464	0,21272	0,36891

Tabelle 1: Geographische Verteilung der GC-Allelfrequenzen [1]

Obwohl nun Pigmentierung besser vor UV-Strahlung schützt, haben dunkelhäutige Menschen dennoch eine höhere Anfälligkeit für Rachitis. Es könnte also durchaus sein, daß das $GC*IF$ -Allel im Laufe der Evolution, dadurch daß es Vitamin D von der Haut besser zu den

ANTHROPOLOGIE



Gewebe transportiert, bei Dunkelhäutigen zu einem Selektionsvorteil geführt hat. Dadurch ist die Wahrscheinlichkeit p_2^2 , das Allel $GC*IF$ anzutreffen, in heißen Ländern bedeutend höher als in nördlichen Breiten. Gemäß Tabelle 2 ist diese in Europa bei den Samen am größten, in Asien im südostasiatischen Raum, in Afrika südlich der Sahara und in der Neuen Welt in Zentralamerika, während sie in Ozeanien ihren Maximalwert in Mikronesien annimmt. Gleichzeitig besitzt die Wahrscheinlichkeit p_1^2 dort jeweils ihren niedrigsten Wert, das Maximum der Vermischung $2p_1p_2$ wird ebenfalls in den heißen Zonen erreicht. Lediglich Melanesien bildet aufgrund des hohen Anteils an Australiden eine gewisse Ausnahme innerhalb Austronesiens.

Natürlich ist die Hautfärbung nicht allein vom GC-Blutgruppensystem abhängig, sondern es wirken mehrere Gene an ihrem Zustandekommen mit. Jedoch ist es mit Hilfe der *Group-specific-component* möglich, die Evolution der Hautpigmentierung nachzuvollziehen, und zwar, weil die australischen Aborigines die jüngste Rasse auf dem Planeten sind, mit den zugleich ältesten Genen (mtDNA-Haplogruppe *N*), und die Basken, die alle früheren Haplogruppen bereits durchlaufen haben, die älteste Rasse mit den jüngsten Genen (Y-DNA-Haplogruppe *R1b*). Diese zeitliche Differenz definiert den sogenannten genetischen Abstand, besser gesagt den Unterschied im Rassenalter. Die heutigen Aborigines sind quasi die letzten ihrer Haplogruppe und haben ihr Äußeres bis in die jüngste Zeit bewahrt; sie begegnen uns so, wie der Mensch vor etwa 175000 Jahren ausgesehen hat.

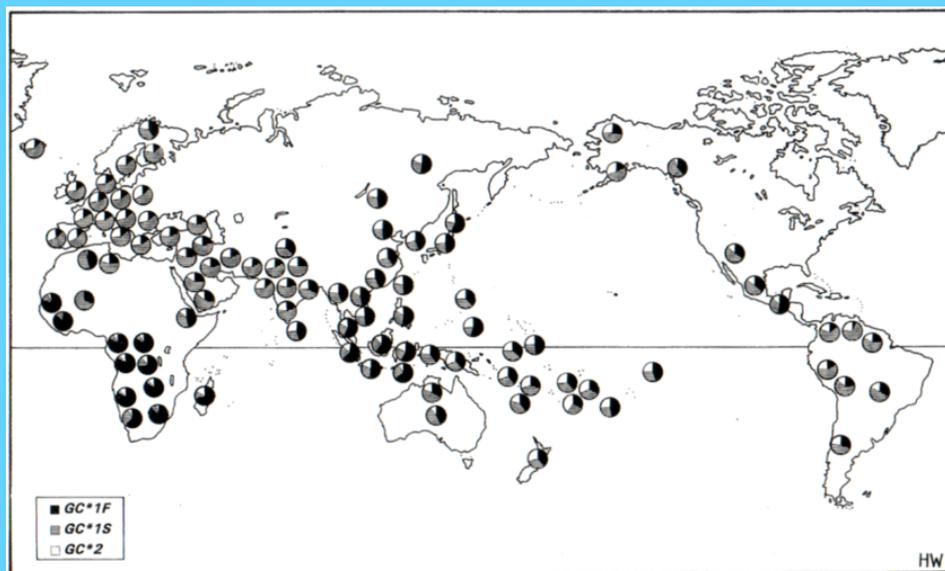


Abbildung 2: Geographische Verteilung der GC-Subtyp-Allelfrequenzen [1]

Bei den Ureinwohnern des fünften Kontinents sind alle drei Allele annähernd gleichmäßig vertreten, und dazu noch ein weiteres, das Allel $GC*IA1$, welches im Laufe der Evolution bei den älteren Rassen längst ausgestorben ist. Jedoch ist bei ihnen das phylogenetisch jüngste Allel $GC*2$ längst nicht in Frequenzen zu finden wie bei Europäern und das ebenfalls junge Allel $GC*IF$ bei weitem nicht so häufig wie unter Afrikanern. Von Australien aus hat sich



das Allel *GC*1F* einmal in Richtung Pazifik, zum andern über Nordasien oder den Großen Ozean bis nach Mittelamerika und auf noch anderem Wege über Südostasien und Nordostafrika in die Subsahara immer mehr verstärkt, während andererseits das Allel *GC*2* über Nord- und Westasien bis nach Europa und über Ostasien bis nach Alaska gelangt ist und somit einen immer größeren genetischen Abstand relativ zu Australien gewonnen hat. Die Ausbreitung des Menschen hat also abhängig von der Hautfarbe auf einer Nord- und einer Südroute zwei völlig verschiedene Wege genommen, einmal in Richtung zunehmender Dunkelfärbung auf der besagten Südroute nach Afrika und zum zweiten in Richtung zunehmender Aufhellung auf der entsprechenden Nordroute über Nordasien nach Amerika bzw. über Ostasien nach Europa. Schwarze und Weiße sind also im Hinblick auf ihre Hautfarbe zwei gänzlich unterschiedlichen Lösungsansätzen gefolgt. Es ist daher nur allzu logisch, daß das *GC*1A1*-Allel, welches nicht nur in Australien und auf Neu-Guinea beobachtet wurde, sondern auch in Afrika, insbesondere bei der dortigen Urbevölkerung, den zentralafrikanischen Pygmäen und den namibischen San, nur von der einen in die andere Richtung transportiert werden konnte, und nicht umgekehrt – es sei denn, man nimmt an, daß es auf beiden Kontinenten unabhängig voneinander entstanden ist. Da aber nachweislich für die meisten Blutgruppensysteme die Entropie in Australien und Neu-Guinea wesentlich geringer ist als in Afrika, ist es wahrscheinlicher, daß der Mensch von Südostasien nach Afrika eingewandert ist. Dieser Befund widerspricht zugleich den Thesen der [Out-of-Africa-Theorie](#).

Wie kein anderes äußerlich sichtbares Merkmal gibt die Hautfarbe Aufschluß über die Rassenzugehörigkeit. Der Grad der Pigmentierung setzt sich zusammen aus einer gewissen Grundtönung, dem sogenannten Hauttyp, und mehr oder weniger starkem Eindringen der Bräune, je nachdem, welcher Intensität an UV-Strahlung die Haut exponiert war. Generell, so jedenfalls die gängige Lehrmeinung, soll uns die Pigmentanreicherung vor Verbrennungen schützen, auch wenn mit der Dunkelfärbung der Haut ein höherer Absorptionskoeffizient einhergeht, der das körpereigene Kühlsystem stärker beansprucht, indem es ihm zur Aufrechterhaltung der Körpertemperatur mehr Kühlleistung abverlangt. In Gebieten mit wenig Sonnenschein ist dunkle Haut kein Vorteil, so daß die Natur den jeweiligen Erfordernissen durch mehrere Allele Rechnung getragen hat. Ob unsere Hautfärbung hell oder dunkel ist, wird im wesentlichen durch Mutationen des *MATP*-Gens festgelegt, welches bei Weißen und Asiaten für die Hellfärbung der Haut sorgt, bei Farbigen hingegen für deren Dunkelfärbung. Über 90 % der Europäer besitzen das Allel 374F, während Japaner und Bewohner von Neu-Guinea beispielsweise das Allel 272K aufweisen. Durch die Hautfarbe allein lassen sich jedoch noch keine direkten populationsgenetischen Zusammenhänge ableiten. Es gibt zwar Grund zu der Annahme, daß der Hominide in seinen Anfängen aus Afrika stammt, aber wie nun die Hautfarbe unserer Vor- und Frühmenschen beschaffen war, darüber lassen sich bislang keine gesicherten Erkenntnisse gewinnen. Einiges spricht aber dafür, daß der Mensch, sowie er zum Savannenbewohner wurde und den schützenden Wald verließ, eine pigmentierte Haut entwickelt hat. Doch dürfte er diesen Schritt erst relativ spät vollzogen haben, da er als Mensch über keinerlei natürliche Verteidigungswaffen verfügt und wilden Tieren somit schutzlos preisgegeben war. Zumindest die Fähigkeit, sich mit gezielten Steinwürfen zu wehren und sich als Gruppe zusammenzuschließen, muß jedoch vorhanden gewesen sein. Wahrscheinlich wird sich der frühe Mensch aber nicht in die Savanne hinausgewagt haben, ehe er nicht das Feuer für seine Zwecke zu nutzen wußte. Vielmehr wird er sich als Fluchttier in schützenden Höh-

ANTHROPOLOGIE



len aufgehalten haben, aus denen er wilde Tiere erst einmal vertreiben mußte, was ihm überhaupt nicht vor Erfindung von Pfeil und Bogen gelingen konnte. Ohne Kenntnis des Feldbaus und der Jagd war er an den Wald gefesselt, und in diesem mangelte es ihm wiederum an Licht, so daß der Mensch ähnlich dem Schimpansen lange Zeit eine helle Hautfarbe besessen haben dürfte. Das änderte sich schlagartig, als der *Homo sapiens* ins Stadium des Ackerbauern eintrat und zunehmend der Sonne ausgesetzt war.

	GC*1S	GC*1F	GC*2	GC*Var	p1 ²	p2 ²	p3 ²	p4 ²	2p1p2	2p1p3	2p1p4	2p2p3	2p2p4	2p3p4
Basken	0,564	0,088	0,348	0,000	0,318	0,008	0,121	0,000	0,099	0,393	0,000	0,061	0,000	0,000
Osteuropa	0,574	0,117	0,308	0,001	0,329	0,014	0,095	0,000	0,134	0,354	0,001	0,072	0,000	0,001
Südeuropa	0,574	0,136	0,289	0,001	0,329	0,018	0,084	0,000	0,156	0,332	0,001	0,079	0,000	0,001
Nordeuropa	0,604	0,143	0,253	0,000	0,365	0,020	0,064	0,000	0,173	0,306	0,000	0,072	0,000	0,000
Mitteleuropa	0,574	0,146	0,279	0,001	0,329	0,021	0,078	0,000	0,168	0,320	0,001	0,081	0,000	0,001
Westeuropa	0,544	0,150	0,303	0,003	0,296	0,023	0,092	0,000	0,163	0,330	0,003	0,091	0,001	0,002
Sarden	0,551	0,185	0,261	0,003	0,304	0,034	0,068	0,000	0,204	0,288	0,003	0,097	0,001	0,002
Westasien	0,588	0,202	0,208	0,002	0,346	0,041	0,043	0,000	0,238	0,245	0,002	0,084	0,001	0,001
Südasien	0,519	0,226	0,254	0,001	0,269	0,051	0,065	0,000	0,235	0,264	0,001	0,115	0,000	0,001
Südostasien	0,280	0,553	0,162	0,005	0,078	0,306	0,026	0,000	0,310	0,091	0,003	0,179	0,006	0,002
Nordostafrika	0,378	0,468	0,144	0,010	0,143	0,219	0,021	0,000	0,354	0,109	0,008	0,135	0,009	0,003
Nordafrika	0,521	0,348	0,122	0,009	0,271	0,121	0,015	0,000	0,363	0,127	0,009	0,085	0,006	0,002
Subsahara	0,133	0,760	0,074	0,033	0,018	0,578	0,005	0,001	0,202	0,020	0,009	0,112	0,050	0,005
Polynesien	0,305	0,379	0,314	0,002	0,093	0,144	0,099	0,000	0,231	0,192	0,001	0,238	0,002	0,001
Neu-Seeland	0,323	0,380	0,297	0,000	0,104	0,144	0,088	0,000	0,245	0,192	0,000	0,226	0,000	0,000
Neu-Guinea	0,277	0,345	0,279	0,099	0,077	0,119	0,078	0,010	0,191	0,155	0,055	0,193	0,068	0,055
Melanesien	0,357	0,351	0,267	0,025	0,127	0,123	0,071	0,001	0,251	0,191	0,018	0,187	0,018	0,013
Ostasien	0,279	0,452	0,257	0,012	0,078	0,204	0,066	0,000	0,252	0,143	0,007	0,232	0,011	0,006
Mikronesien	0,295	0,451	0,251	0,003	0,087	0,203	0,063	0,000	0,266	0,148	0,002	0,226	0,003	0,002
Saami	0,367	0,412	0,221	0,000	0,135	0,170	0,049	0,000	0,302	0,162	0,000	0,182	0,000	0,000
Nordasien	0,306	0,487	0,207	0,000	0,094	0,237	0,043	0,000	0,298	0,127	0,000	0,202	0,000	0,000
Alaska	0,463	0,240	0,274	0,023	0,214	0,058	0,075	0,001	0,222	0,254	0,021	0,132	0,011	0,013
Südamerika	0,525	0,286	0,186	0,003	0,276	0,082	0,035	0,000	0,300	0,195	0,003	0,106	0,002	0,001
Nordamerika	0,516	0,337	0,142	0,005	0,266	0,114	0,020	0,000	0,348	0,147	0,005	0,096	0,003	0,001
Mittelamerika	0,385	0,473	0,139	0,003	0,148	0,224	0,019	0,000	0,364	0,107	0,002	0,131	0,003	0,001
Australien	0,433	0,344	0,132	0,091	0,187	0,118	0,017	0,008	0,298	0,114	0,079	0,091	0,063	0,024

Tabelle 2: Geographische Verteilung der GC-Subtyp-Allelfrequenzen [1]

Da uns die direkten Hautgene für eine Untersuchung nicht zur Verfügung standen, mußten wir auf ein Blutgruppensystem ausweichen, welches indirekt mit der Hautfarbe zu tun hat, besagte *Group specific component*, anhand derer wir feststellen konnten, daß Menschen mit einem stark pigmentierten (schwarzen) oder gelblichen Hauttyp eine vergleichsweise höhere Frequenz des *GC*1F*-Allels aufweisen als solche, die weißen Bevölkerungen angehören. Dem kann allerdings entgegengehalten werden, daß die *GC*1F*-Allelfrequenz in Südasien, wo Menschen mit extrem dunkler Hautfarbe leben, derjenigen auf Sardinien schon recht nahe kommt und damit ihrem Hauttyp entsprechend viel zu niedrig ist. Umgekehrt haben die Samen, bei denen die *GC*1F*-Allelfrequenz etwa so hoch ist wie in Neu-Seeland, im Verhältnis zu ihrer Hautfarbe einen viel zu hohen Wert, wodurch sich möglicherweise ihre höhere Anfälligkeit für Rachitis erklären läßt, wohingegen es sich in Indien trotz der erhöhten Gefahr durch Sonnenbrand gerade entgegengesetzt verhält. Die gegenwärtig am klarsten ausgebildete



und makelloseste Haut findet man jedoch in Europa, mit dem weltweit höchsten Anteil am Allel $GC*2$, wofür die Evolution auch die meiste Zeit benötigt hat.

Betrachtet man nun die Verhältnisse in Australien oder besser noch auf Neu-Guinea, den Ursprungsregionen des modernen Menschen, so zeigt sich, daß dort sämtliche der drei Hauptallele bereits vorliegen und genetische Varianten, die andernorts längst ausgestorben sind, in diesen Regionen immer noch existieren. In bezug auf die Entropie erreicht diese auf Papua-Neuguinea sogar ein lokales Maximum, anstatt wie sonst bei Blutgruppensystemen üblich dort ihren niedrigsten Wert anzunehmen. Dies läßt nur eine schlüssige Interpretation zu: Der GC -Polymorphismus ist phylogenetisch alt und war auch beim *Homo erectus* schon vorhanden. Daraus können wir schließen, daß es in Sundaland, als dieses noch eine große zusammenhängende Landmasse bildete, schon verschiedene Abstufungen der Hautfarbe gegeben haben muß. Wenn nämlich mehrere konkurrierende Allele die maximale Entropie erreicht haben, kann diese im weiteren Verlauf nur durch einen Selektionsprozeß wieder abnehmen, bis sich das eine oder andere Allel als Sieger herausgeschält hat. Nachdem sich aber die anfangs eine Rasse bildenden Menschen nach verschiedenen Kontinenten auf den Weg machten, setzte sich je nach den klimatischen Verhältnissen in ihrer heutigen Heimat einmal das eine, einmal das andere Allel durch. Nach Erreichen des jeweiligen Rückzugsgebiets bildeten sich die Anteile der dort nicht vorteilhaften Allele zurück, und die Entropie nahm ab, anstatt zu. Das erklärt auch, warum Afrika gemessen an Australien eine vergleichsweise geringe Entropie aufweist. Durch Selektion muß sich nämlich die Entropie zwangsläufig wieder erniedrigen. In der Regel kehrt sie jedoch nicht wieder zu ihrem alten Wert zurück, da nie ganz austerbende ältere Allele stets zurückbleiben.

Es konnte also mit Hilfe von Entropieüberlegungen gezeigt werden, daß der mongolide Hauptzweig des *Homo sapiens*, von dem später die Europiden abzweigen – für die das Allel $GC*2$ charakteristisch ist (welches der *Homo sapiens* möglicherweise vom Neandertaler übernommen hat) –, Träger des Allels $GC*1S$ ist. Es muß schon existiert haben, noch ehe die Europiden von den Negriden der Haplogruppe L abzweigten, die sich für dasselbe $GC*1F$ -Allel entschieden haben. Bis zur Sesshaftwerdung des Menschen konnte dessen Wanderbewegung – und diese läßt sich anhand der Blutmerkmale gut nachverfolgen – nur längs der Hochgebirgsketten erfolgt sein, die sich vom östlichen Himalaja über den Hindukusch, den Kaukasus und das Taurusgebirge zum Balkan und weiter bis zu den Alpen erstrecken. Jene, die an der Nordseite der Gebirge entlangwanderten, durch die Urfansenke, entwickelten eine Aufhellung ihrer Komplexion, während die südlich davon sich Fortbewegenden ihre Dunkelpigmentierung noch steigerten. Etwa im Schwarzmeergebiet, nördlich des Kaukasus, aber schon westlich des Urals, trennte sich die aufgehellte Komplexion von der abgedunkelten, womit die heutigen Rassen entstanden. Dies geschah aber 60000 Jahre vor unserer Zeitrechnung, wesentlich älter ist der neandertaloide *Homo sapiens* nicht. Zudem vollzog sich die Evolution unter der heißen Sonne der Tropen offenbar langsamer als in den Nebelwäldern des Nordens, da das Microcephalin-Gen, welches für die Größe des Gehirns verantwortlich ist, in der afrikanischen Bevölkerung südlich der Sahara wie auch in der indigenen Bevölkerung Amerikas nicht vorkommt.



Quellen:

- [1] Hubert Walter, *Populationsgenetik der Blutgruppensysteme des Menschen*, E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Stuttgart, 1998.