



Erläuterung des Verfahrens der Blutgruppen-Rassenzuordnung

Es ist im allgemeinen schwierig, den Frequenzverlauf verschiedener Allele genau anzugeben. Dies hat verschiedene Gründe. Erstens sind die Allele unterschiedlich alt, d.h. zu verschiedenen Zeitpunkten durch Mutation entstanden; zum zweiten kann auch der Ort ihres Entstehens differieren. Man ist daher von Anfang an auf Näherungen angewiesen. Es gibt verschiedene Möglichkeiten, wie man vorgehen kann, um wenigstens einen quantitativen Verlauf zu bekommen. Als Referenzpunkte wählen wir daher den Schwerpunkt der Minima bzw. Maxima der einzelnen Haplotypen. Man sieht sofort, ob ein Allel radial um den postulierten Entstehungsort ab- oder zunimmt. Allele, die einen selektiven Vorteil besitzen, nehmen im allgemeinen radial nach außen zu, während die selektiv benachteiligten Allele in ihrer Häufigkeit abnehmen. Bei nur zwei Allelen ist das Verfahren noch relativ einfach, denn dort, wo das eine sein Maximum besitzt, weist das andere sein Minimum auf. Die zweite Schwierigkeit ergibt sich daraus, daß am postulierten Entstehungsort die Allele in verschiedenen Häufigkeiten vorkommen. Liegt diese Häufigkeit nicht bei Null, ist man genötigt anzunehmen, daß der *Homo sapiens* diese Merkmalsausprägung schon besessen haben muß, bevor er als neue Art in Erscheinung trat. Allele, die in Südostasien nicht in der Gegend von Null liegen, müssen wir daher dem Präsapiens zurechnen, während solche mit niedrigen Frequenzen erst während der hominiden Phase entstanden sein können. Aber ganz sicher ist auch das nicht. Liegen aus verschiedenen Erdteilen unterschiedliche Frequenzen vor, so sind diese an rassenspezifische Besonderheiten gekoppelt. Man kann daraus schließen, daß jede Rasse einen anderen Entwicklungsverlauf genommen hat, da es rein statistisch keinen Grund gibt, warum sich die Frequenzen unterscheiden sollten, es seien denn zufällige Gründe. Durch Vererbung findet stets Phänotypenselektion statt, auch ganz ohne Evolution. Verschiedene Phänotypen reagieren auf ihre Umwelt unterschiedlich, so daß dabei meist auch Selektion stattfindet. Häufig ist es einer der Homozygoten, welcher einen selektiven Nachteil in Kauf nehmen muß, in anderen Fällen geht die Auswahl zu Lasten der Heterozygoten, wie etwa beim Rhesusfaktor. Phänotypenselektion findet bereits durch vermehrte Generationenabfolge statt, d.h. wenn sich etwa die Älteren stets abseparieren und auf Wanderschaft begeben, während die Jüngeren immer zu Hause bleiben, entstehen Unterschiede im Rassenalter. Ältere Rassen unterscheiden sich von jüngeren in der Regel durch höhere Anteile in bezug auf das von der Natur bevorzugte Allel. Prominentestes Beispiel dafür ist der Faktor Rhesus-negativ, der unter den Europäern seine höchsten Anteile hat, und zwar um so höhere, je weiter diese im Westen leben. Diese sind zugleich die ältesten Bewohner unseres Planeten. Gesetzt den Fall, der moderne Mensch stammt aus Südostasien, genauer gesagt liegt seine Herkunft irgendwo zwischen Ost- und Südasiens, leiten wir nachfolgend ein theoretisches Modell für beliebiges polymorphes Gen ab, welches wir durch die experimentellen Ergebnisse der Blutgruppenuntersuchungen bestätigen wollen. Selektionsfaktoren anderer Natur als beschleunigter Fortpflanzung mit der Folge eines höheren Generationenalters werden wir dabei nicht berücksichtigen, da diese für alle Populationen im Mittel gleich verlaufen, wenngleich man in Malariagegenden dabei eini-



ge Abstriche machen muß. Dort, wo die Wanderungsbewegung des *Homo sapiens* ihren Ausgang nahm, blicken wir also in die jüngste Vergangenheit des Menschen zurück. Es verhält sich im übrigen genauso wie mit der speziellen Relativitätstheorie. Für diejenigen, die sich bewegten, d.h. die sich von Südostasien entfernten, verlief Zeit der Zurückgebliebenen sehr viel langsamer, sie sehen den Menschen in Südostasien kaum gealtert, nämlich so wie er war, ehe er sein heutiges europäisches Aussehen annahm.

Polymorphismus mit 2 Allelen

Seien x und y zwei verschiedene Allele eines Gens. Die Summe sämtlicher Allele ist stets gleich Eins. Im Falle, daß der Polymorphismus nur aus diesen zwei Allelen besteht, gilt also:

$$x + y = 1$$

Wir parametrisieren die beiden Allelfrequenzen mit der Zeit t , wobei gelte: $t \in [0,1]$. $t = 0$ sei die Zeit, die vergangen ist, seit der *Homo sapiens* Südostasien verließ. Die Zeit t gibt also die heutigen Häufigkeiten außerhalb Südasiens wieder.

Damit gehorchen die beiden Allelfrequenzen einer Funktion der Zeit:

$$\begin{aligned} x &= x(t) = a + \alpha \cdot t \\ y &= y(t) = b - \beta \cdot t \end{aligned}$$

wobei a und b die Anfangswerte darstellen, d.h. diejenigen Allelhäufigkeiten, die zu Beginn der Wanderungsbewegung des *Homo sapiens* vorgelegen haben.

Aus der Relation $y = 1 - x$ folgen dann die beiden Bestimmungsgleichungen

$$\begin{aligned} a + b &= 1 \\ \alpha &= \beta \end{aligned}$$

d.h. in dem Maße, wie die Häufigkeit des einen Allels anwächst, nimmt die des anderen ab. Die Anfangsfrequenzen nehmen im Intervall $[0,1]$ für x von a auf $a + \alpha$ zu, während das Allel y in seiner Frequenz von b auf $b - \beta$ abnimmt.

Polymorphismus mit 3 Allelen

Haben wir einen Polymorphismus aus drei Allelen vorliegen, so gilt:

$$x + y + z = 1$$

Unsere parametrisierten Gleichungen lauten dann:



$$x = x(t) = a + \alpha \cdot t$$

$$y = y(t) = b \pm \beta \cdot t$$

$$z = z(t) = c - \gamma \cdot t$$

wobei wir fordern müssen, daß mindestens ein Allel vom Präsaapiens herrührt und wenigstens eines Altschichtcharakter aufweist, d.h. einen positiven Frequenzanstieg aufweist. Das dritte sei hinsichtlich seines Verlaufs frei wählbar. Wir formen anhand der Relation $z = 1 - x - y$ wieder um und erhalten nach Einsetzen die Bestimmungsgleichungen:

$$a + b + c = 1$$

$$\gamma = \alpha \pm \beta$$

Nehmen zwei Allele von Südostasien ausgehend in irgendeiner Richtung zu, so gilt das positive Vorzeichen, ist hingegen nur ein Allel den beiden anderen selektiv überlegen, so haben wir zwei negative Vorzeichen.

Polymorphismus mit 4 Allelen

In dem seltenen Fall von vier konkurrierenden Allelen erweitern wir die obige Relation um eine Variable u :

$$x + y + z + u = 1$$

Wie gehabt stellen wir die Frequenzverläufe auf und nehmen wiederum an, daß mindestens 1 Allel vom Präsaapienstyp sei und mindestens ein anderes Altschichtcharakter aufweise:

$$x = x(t) = a + \alpha \cdot t$$

$$y = y(t) = b \pm \beta \cdot t$$

$$z = z(t) = c \pm \gamma \cdot t$$

$$u = u(t) = d - \delta \cdot t$$

Nunmehr besteht für zwei Allele eine beliebige Vorzeichenfreiheit, die schwer zu beurteilen ist, wenn man die Selektionsfaktoren nicht kennt. Wir nehmen wieder an, daß die Relation $u = 1 - x - y - z$ gelten möge und erhalten dann die beiden Bestimmungsgleichungen

$$a + b + c + d = 1$$

$$\gamma = \alpha \pm \beta \pm \delta$$

Die Vorzeichenwahl treffen wir durch Vergleich der Haplotypfrequenzen für Südostasien und den jeweils entfernten Regionen Europa, Afrika und Amerika. Unser Modell testen wir so gleich an einem relativ komplexen Beispiel, nämlich dem Rhesus-System. Die Zahlenwerte



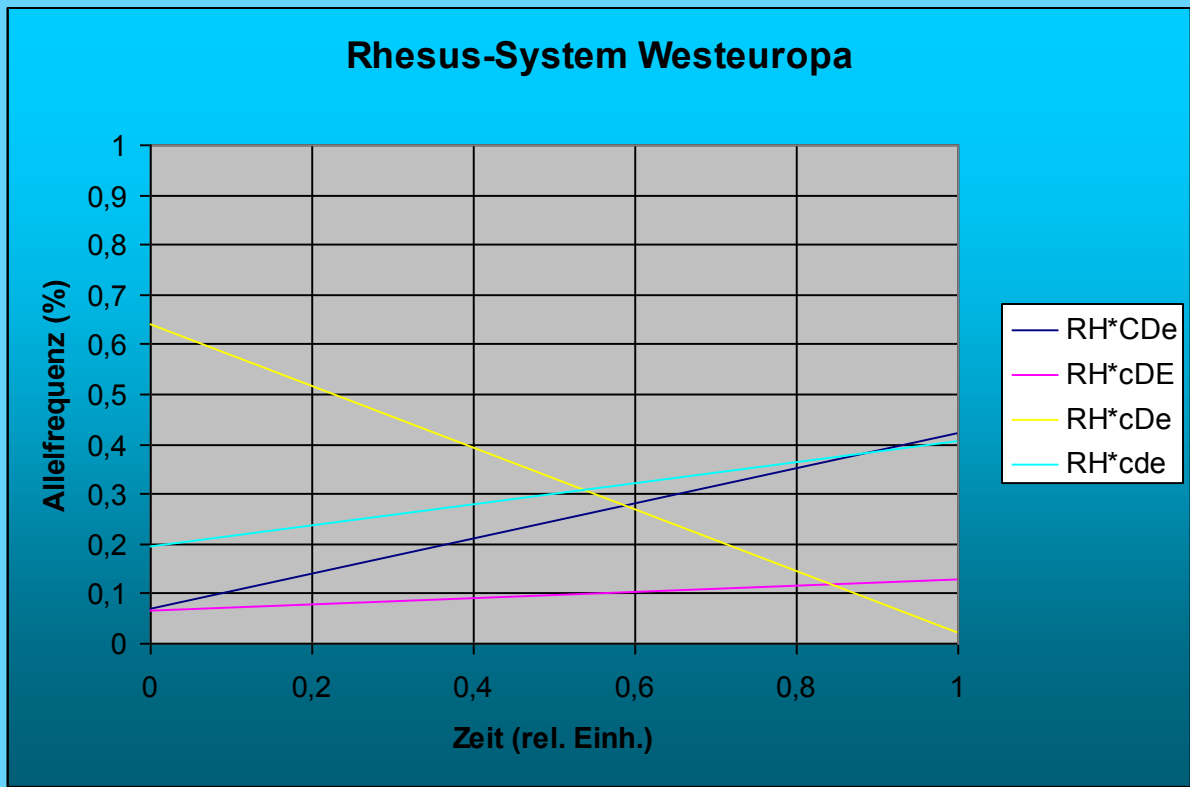
entnehmen wir den in der Literatur angegebenen Tabellen. Aus den gefundenen Steigungen der Kurven können wir dann Rückschlüsse auf das Alter des jeweiligen Phänotyps ziehen, wobei wir nichts anderes als Phänotypenselektion voraussetzen brauchen.

Beispiel: Das Rhesus-System mit 4 Haplotypen

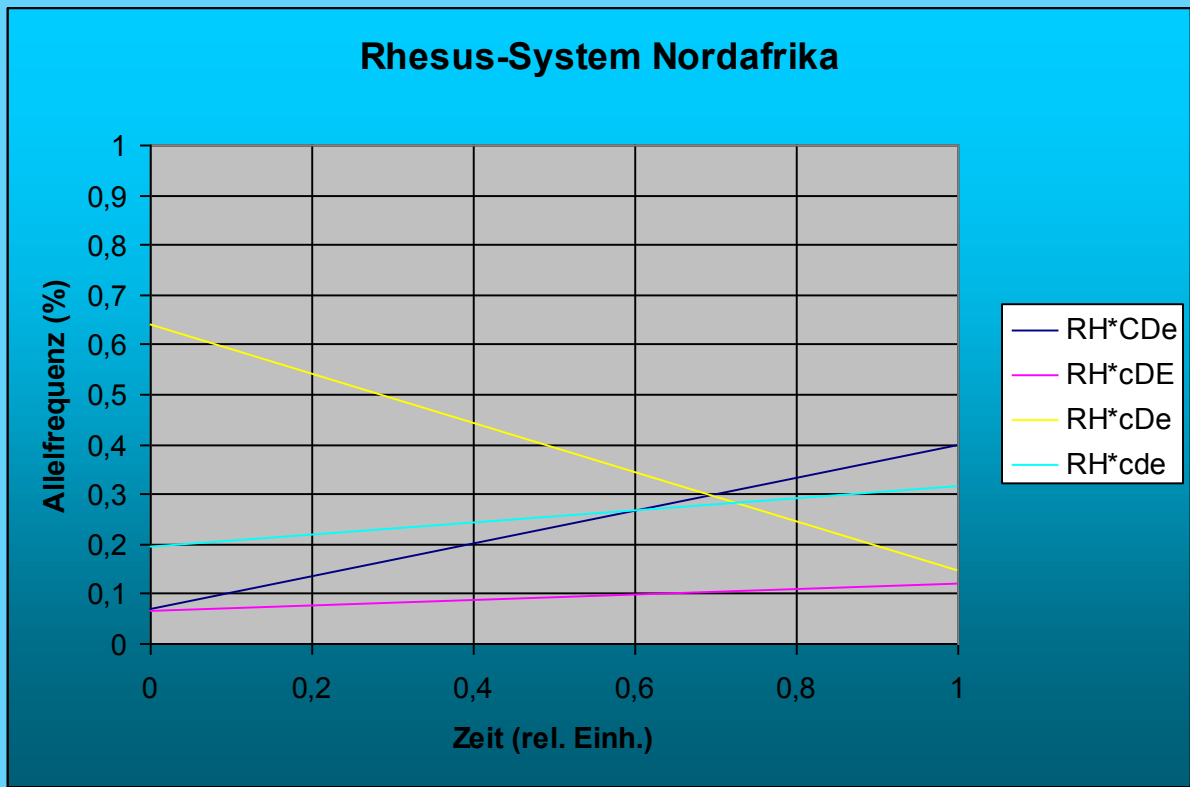
Rhesus	Allel	Subsahara	Westeuropa	Nordafrika	Südamerika	Australien
a	CDe	0,07				
b	cDE	0,068				
c	cDe	0,641				
d	cde	0,195				
a+alpha	CDe		0,423	0,398	0,562	0,651
b+beta	cDE		0,13	0,12	0,315	0,2
c+gamma	cDe		0,023	0,15	0,03	0,086
d+delta	cde		0,405	0,317	0,017	0
alpha	CDe		0,353	0,328	0,492	0,581
beta	cDE		0,062	0,052	0,247	0,132
gamma	cDe		-0,618	-0,491	-0,611	-0,555
delta	cde		0,21	0,122	-0,178	-0,195

Beim Rhesus-System liegt das Maximum des Haplotyps RH^*CDe in Neu-Guinea, während der Haplotyp RH^*cDE sein Maximum im Süden Asiens annimmt. Der Haplotyp RH^*cDe kommt wiederum in besonders geringer Häufigkeit in Nord- und Ostasien vor, und der Haplotyp RH^*cde nimmt seine kleinsten Werte ebenfalls in Südostasien an, wenn man von den zufallsbedingt geringeren Werten in Nordasien einmal absieht. Beginnen wir unsere Untersuchung in Westeuropa. Europa unterscheidet sich hinsichtlich des Rhesus-Systems deutlich von der restlichen Welt, weil es keine andere Region der Erde gibt, in der Rhesus-negativ so häufig vorkommt.

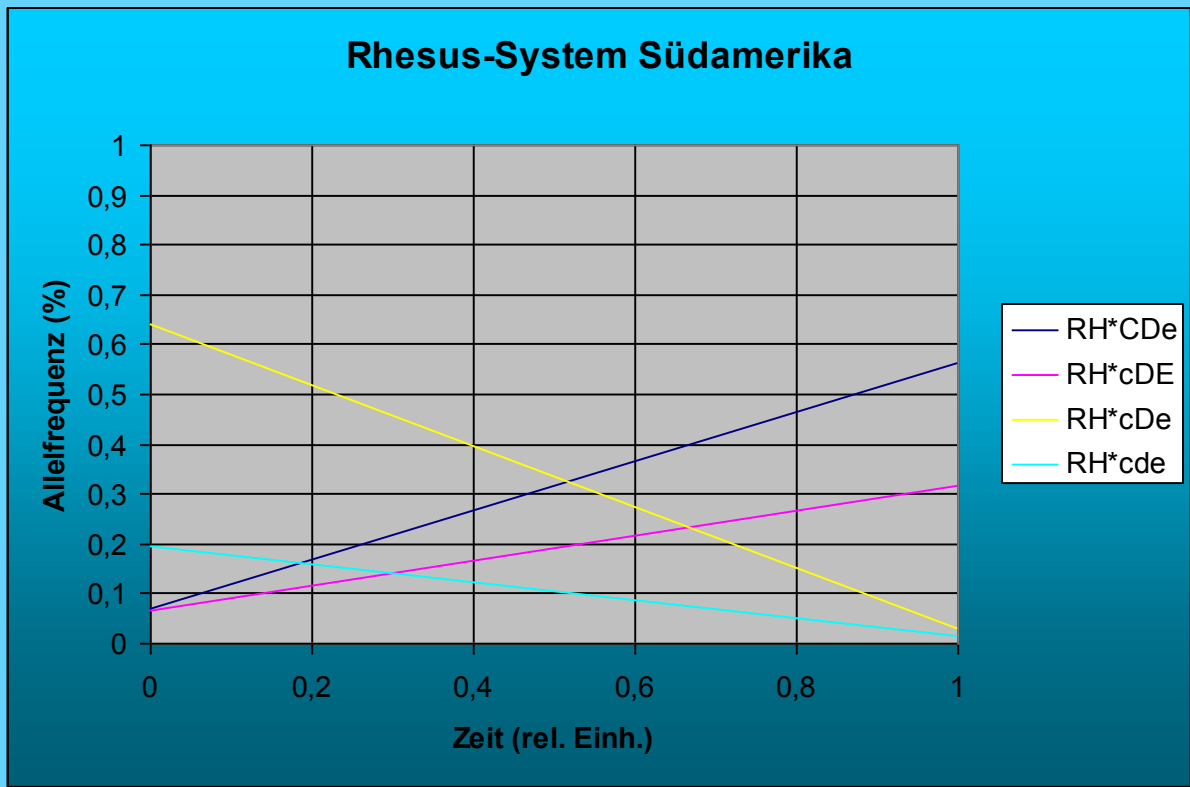
ANTHROPOLOGIE



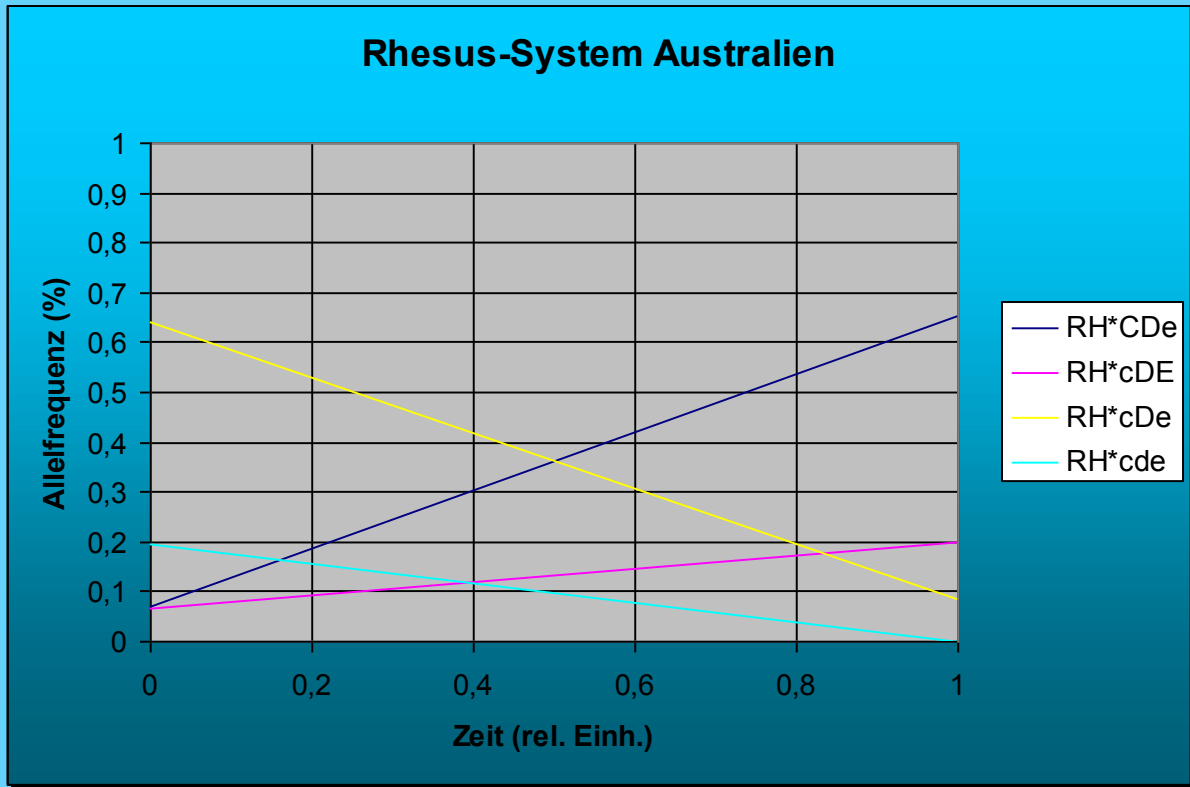
In Westeuropa ist Rhesus-negativ mit dem weltweit häufigsten Haplotyp RH^*CDe , dem austronesischen, der dem Präsapiens zuzuordnen ist, fast gleichauf, wohingegen der afroasiatische Haplotyp RH^*cDe sich in Europa überhaupt nicht durchsetzen konnte. Daraus kann nur der Schluß gezogen werden, daß Europide und Negride sich schon frühzeitig getrennt haben. Der etwas jüngere austronesische Rhesusfaktor ist in Europa schon beinahe ausgestorben, sein absolutes Minimum liegt bei den Basken, der nachweislich ältesten europäischen Bevölkerung. Der rhesus-negative europide Mensch ist wohl nur sporadisch bis Südamerika gelangt, und auch in Australien und Ozeanien scheint es ihn nie gegeben zu haben, mit einer Ausnahme vielleicht, das sind die Maori auf Neu-Seeland.



Schwarzafrika unterscheidet sich von Europa im wesentlichen dadurch, daß der afroasiatische Rhesusfaktor *RH*cDe* auf dem ganzen Kontinent am weitaus häufigsten vorkommt. Nicht überall konnte die Selektion durch Rhesus-negativ daran offenbar etwas ändern. *RH*cDe* ist der wohl älteste Rhesusfaktor, d.h. dieser Haplotyp scheint schon in der Präsapiensphase der Menschheitsentwicklung vorhanden gewesen zu sein, zumal seine Frequenzen in Asien am niedrigsten sind. Beide Altschicht-Rhesusfaktoren, der australische wie der austronesische, besitzen in Schwarzafrika ihr absolutes Minimum. Afrika, vor allem Nordafrika, das genetisch zu Europa zählt, ist die einzige Region, in der sich der indogermanische Rhesusfaktor stärker entfalten konnte.



Auffallende Kennzeichen der südamerikanischen Verhältnisse sind der hohe prozentuale Anteil des austronesischen Rhesusfaktors RH^*cDE , während der indogermanische und afroasiatische Rhesusfaktor so gut wie nicht ins Gewicht fallen. Das bedeutet, daß in südamerikanischen Populationen der afroasiatische durch den indogermanischen Rhesusfaktor verdrängt wurde und letzterer wiederum durch den austronesischen und australischen. Dementsprechend hoch sind daher die Altschichtanteile. Der Subkontinent zeigt deutlich, wie das Allelverhältnis ausgesehen haben muß, als der moderne Mensch von Afrika seinen Ausgang nahm. Es gab praktisch nur die beiden Prä sapiens-Haplotypen RH^*cDe und RH^*cde , während die beiden Sapiens-Haplotypen RH^*cDE und RH^*CDe noch kaum vorhanden waren. Insofern besitzt der jüngere austronesische Rhesusfaktor gegenüber dem älteren australischen Altschichtcharakter. Man erkennt außerdem, daß zu Beginn der Menschheitsgeschichte der austronesische Rhesusfaktor RH^*cDE noch nicht vorhanden gewesen sein kann, da seine Frequenzen in Afrika fast ganz verschwinden. Letzterer dürfte somit der zweitälteste Sapiens-Haplotyp des Rhesus-Systems sein.



Australien wiederum zeigt eine deutlich spätere Phase: Der älteste Haplotyp RH^*cDe war offenbar fast ausgestorben, also wirkte bereits eine Selektion durch Rhesus-negativ. Australien muß also abgeschnitten worden sein, noch bevor der indogermanische Haplotyp entstand, womit die Altersreihenfolge eindeutig determiniert wäre. Man sieht deutlich, daß die Bevölkerung Australiens offenbar älter ist als die Südamerikas. Die ältesten Bevölkerungen weisen keinen oder kaum afroasiatischen Rhesusfaktor auf, in Australien ist auch der Anteil des australianischen Rhesusfaktors deutlich niedriger als in Südamerika. Das zeigt, daß die Indianiden in Teilen älter sein müssen als die Mongoliden.

Beispiel 2: Das A1A2B0-System mit 4 Allelen

Kommen wir nun zu unserem zweiten Beispiel, dem A1A2B0-Blutgruppensystem, kurz AB0-System genannt. Im folgenden rechnen wir die Frequenzverteilungen zurück, die bei der Auswanderung des *Homo sapiens* in die verschiedenen Erdteile vorgeherrscht haben. Wie müssen dazu einige vereinfachende Annahmen treffen. Wir nehmen an, die jüngste Rasse sei die indianide und ihre Allelfrequenzen seien trotz ihrer Wanderungsbewegung mit denen in Ostasien immer noch identisch. Zweitens nehmen wir an, für alle Rassen seien die Fre-

ANTHROPOLOGIE

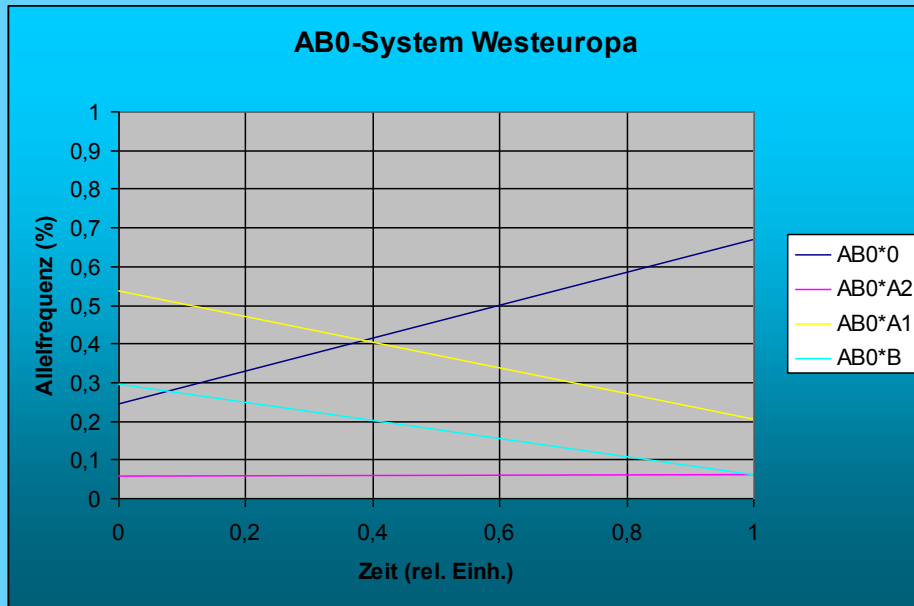


quenzänderungen als Funktion der Zeit dieselben. Diese Annahme ist durchaus gerechtfertigt, weil es keinen Grund gibt, warum sich bei der einen Rasse die Frequenzen stärker oder schwächer ändern sollten als bei einer anderen. Die dritte Annahme ist, daß die Zeit für das Erreichen der heutigen Siedlungsgebiete von Südostasien aus bei allen Rassen etwa die gleiche Zeit in Anspruch genommen hat. Lediglich der Zeitpunkt, zu dem die Wanderung begonnen hat, sein individuell bei jeder Rasse verschieden gewesen. Folglich müssen zu Beginn der Auswanderung aus Südostasien dort bereits andere Frequenzen in den Allelverteilungen vorherrscht haben. Das ist beim AB0-System durchaus gerechtfertigt, weil bei diesem Blutgruppensystem aufgrund der Mutter-Kind-Unverträglichkeit selektive Faktoren gewirkt haben. Wir berechnen also zunächst für die indianide Rasse die Zuwächse der Häufigkeitsverteilungen für alle Allele. Die gefundenen Werte sollen nun für alle anderen Rassen in gleicher Weise gelten, d.h. wir können mit Hilfe dieser Steigungen und der heutigen Allelfrequenzen die ursprünglichen Allelfrequenzen, wie sie damals in Südostasien geherrscht haben, zurückrechnen. Die Ergebnisse sind in der nachfolgenden Tabelle im Überblick zusammengefaßt.

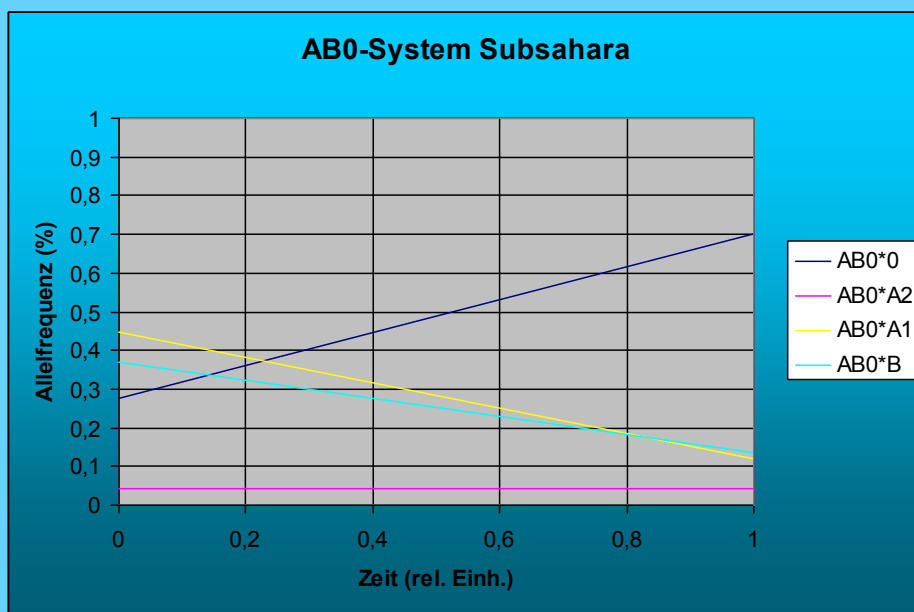
A1A2B0	Allel	Ostasien	Westeuropa	Subsahara	Südamerika	Australien
a+alpha	0	0,564	0,669	0,701	0,989	0,779
b+beta	A2	0	0,061	0,043	0,001	0
c+gamma	A1	0,336	0,207	0,119	0,007	0,204
d+delta	B	0,234	0,063	0,137	0,003	0,017
alpha	0	0	0,425	0,425	0,425	0,425
beta	A2	0	0,001	0,001	0,001	0,001
gamma	A1	0	-0,329	-0,329	-0,329	-0,329
delta	B	0	-0,231	-0,231	-0,231	-0,231
a	0	0,564	0,244	0,276	0,564	0,354
b	A2	0	0,06	0,042	0	-0,001
c	A1	0,336	0,536	0,448	0,336	0,533
d	B	0,234	0,294	0,368	0,234	0,248

Für Westeuropa gibt die nachfolgende Abbildung das Ergebnis graphisch wieder. Erwartungsgemäß liegen bei der ältesten Rasse, der europiden, die Präsapiensallele ABO^*A1 und ABO^*B mit Abstand am höchsten unter sämtlichen Populationen, wobei das Allel ABO^*B schon deutlich zurückgedrängt wurde. Das Allel ABO^*0 hatte damals erst Frequenzen von 24,4 % erreicht, während sie heute bei 66,9 % liegen. Das Allel ABO^*A2 hingegen hat seither in Westeuropa kaum zugenommen, erreicht aber dennoch mit Abstand die höchsten Frequenzen weltweit.

ANTHROPOLOGIE



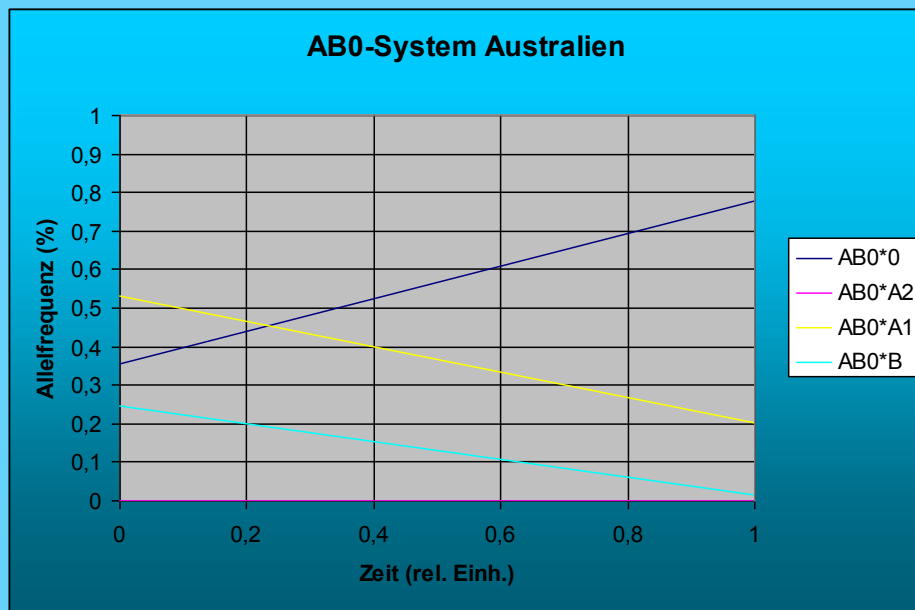
Die nächstjüngere Rasse ist die negride. Bei ihr waren die ABO^*0 -Frequenzen nur geringfügig stärker angestiegen als bei der europiden, weil sie später aufbrach, die beiden älteren Präsapiensallele lagen hinsichtlich ihrer Frequenzen erwartungsgemäß unter denen Europas. Die Überschneidung zeigt aber auch, daß selektive Faktoren in Afrika scheinbar die Blutgruppe B begünstigten, weil ihre Frequenzen heute dort höher liegen als die des ABO^*A1 -Allels. Die Zunahme der Blutgruppe AB zeigt aber auch für Afrika keine signifikante Tendenz.



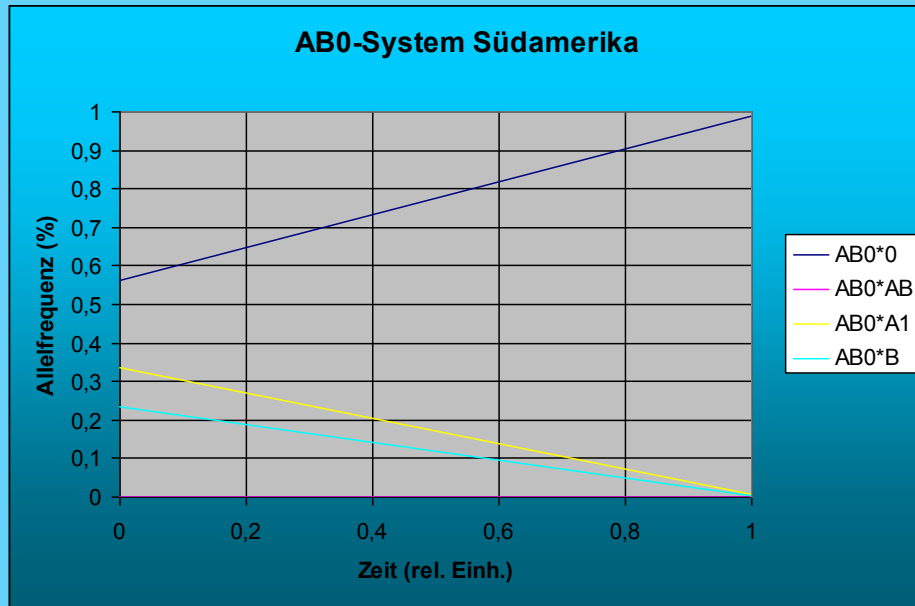
ANTHROPOLOGIE



Für Australien waren die Bedingungen noch günstiger. Die Allelfrequenz des Allels ABO^*0 war damals noch weiter angestiegen, dementsprechend niedriger lagen die Anfangsfrequenzen für die Allele ABO^*A1 und ABO^*B . In Australien ist die Blutgruppe B schon nahezu ausgestorben, und auch die Blutgruppe AB hat es dort offenbar nie gegeben.



Südamerika schließlich zeigt die Blutgruppe 0 bereits in der Sättigung, auch A ist neben B nahezu ausgestorben. Das heißt nicht, daß es sie in der Vergangenheit nicht auch einmal dort gegeben hat. Die Ausgangsbedingungen bei Losziehen der Indianiden waren in Südostasien bereits derart günstig, daß sich quasi ein Blutgruppenmonomorphismus herausbilden konnte. Die Nachteile der Mutter-Kind-Unverträglichkeit des ABO-Blutgruppensystems bestehen in Südamerika heute nicht mehr. Auf allen anderen Kontinenten wird dies wohl noch lange Zeit in Anspruch nehmen. Die jüngeren Rassen haben also in diesem Punkt von der Evolution am meisten profitiert, ein Lohn der Spätgeborenen.



In der folgenden Tabelle sind für das A1A2B0-Blutgruppensystem die Allelfrequenzen angegeben, und zwar wurde nach vier Räumen gegliedert:

1. europäischer Raum einschließlich Nordafrika
2. afrikanischer Raum außer Nordafrika und Asien
3. amerikanischer Raum einschließlich Inuit
4. pazifischer Raum

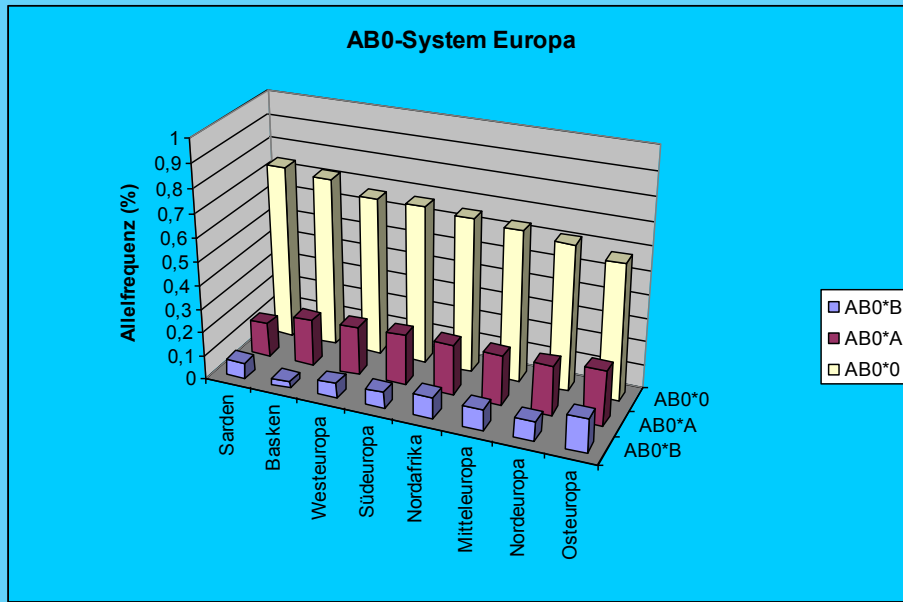
Bei diesem System gibt es insgesamt 3 Präsapiensallele, $AB0*0$ ist überall das häufigste. Es folgt, außer in Mittelamerika, in Süd- und Südostasien sowie in Afrika und bei den Samen, wo selektive Faktoren gewirkt haben mögen, an zweiter Stelle das $AB0*A1$ -Allel. Das älteste Präsapiensallele $AB0*B$ steht heute meist an dritter Stelle, außer bei den Samen, den Basken und in Nordeuropa sowie den bisher genannten, und an letzter Stelle folgt das jüngste Allel $AB0*A2$, das seinen Ausgang wohl in Südostasien genommen hat. Trägt man nun die jeweils vier Bereiche über einer phylogenetischen Abstandsachse auf, so zeigt sich, daß sich die Mutter-Kind-Unverträglichkeit bei den älteren Rassen bereits deutlich stärker ausgewirkt hat als bei den jüngeren, was in einem erniedrigten Frequenzanteil der Allele $AB0*A1$ und $AB0*B$ zutage tritt. Somit dürfte sich eine schlüssige Erklärung enger an den Wanderbewegungen des *Homo sapiens* anlehnen als an irgendeiner anderen Selektionsfaktoren, mit Ausnahme von Afrika vielleicht, wo man die Malaria als Selektionsmechanismus gelten lassen muß.



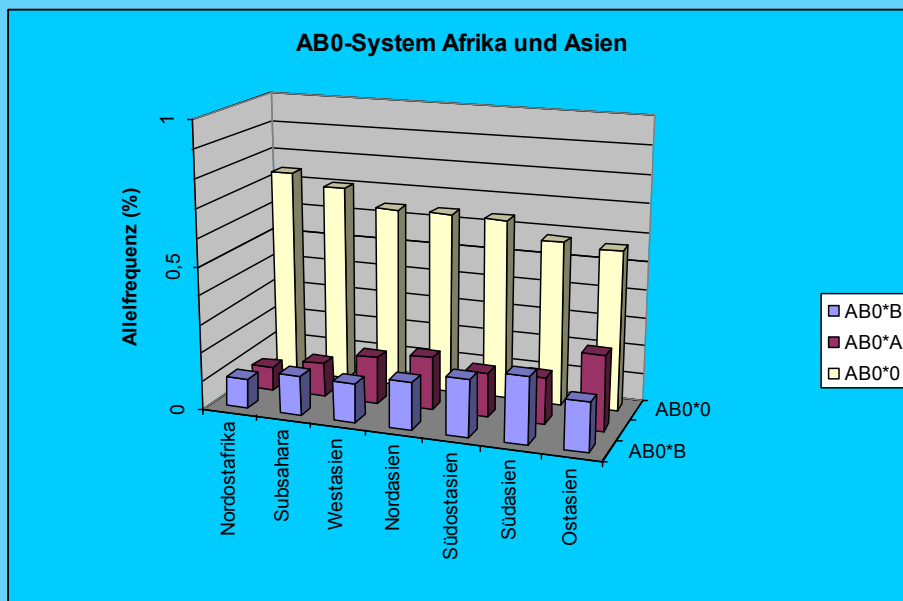
	*A1	*A2	*B	*0
Sarden	0,144	0,05	0,066	0,74
Basken	0,197	0,055	0,027	0,721
Westeuropa	0,207	0,061	0,063	0,669
Südeuropa	0,215	0,043	0,07	0,672
Nordafrika	0,213	0,038	0,093	0,656
Mitteleuropa	0,21	0,065	0,087	0,638
Nordeuropa	0,21	0,09	0,084	0,616
Osteuropa	0,231	0,051	0,14	0,578
Nordostafrika	0,083	0,071	0,105	0,741
Subsahara	0,119	0,043	0,137	0,701
Westasien	0,165	0,057	0,137	0,641
Nordasien	0,187	0,007	0,165	0,641
Südostasien	0,155	0,01	0,199	0,636
Südasien	0,162	0,027	0,234	0,577
Ostasien	0,263	0,001	0,172	0,564
Südamerika	0,007	0,001	0,003	0,989
Mittelamerika	0,022	0,009	0,024	0,945
Nordamerika	0,116	0,007	0,013	0,864
Kanadainuit	0,306	0,007	0,047	0,64
Alaskainuit	0,258	0,022	0,09	0,63
Grönlandinuit	0,299	0,014	0,074	0,613
Saami	0,137	0,266	0,091	0,506
Melanesien	0,156	0	0,135	0,709
Australien	0,204	0	0,017	0,779
Neu-Guinea	0,215	0	0,128	0,657
Mikronesien	0,25	0,001	0,108	0,641
Neuseeland	0,294	0,015	0,021	0,67
Polynesien	0,336	0	0,042	0,622
	Präsapiens	mongolid	Präsapiens	Präsapiens

Der relative Anteil der drei Präsapiensallele über dem phylogenetischen Abstand ist für die vier Bereiche in den nachfolgenden Abbildungen dargestellt. Die Auftragung längs der Abszisse erfolgt dabei in abnehmendem Abstand zu Ostasien. Dementsprechend sind die Sarden und Basken als Randgruppen genetisch die am weitesten Entfernten, während Osteuropa und die Samen zu den Südasiern am nächsten Gelegenen zählen, da sie aufgrund ihrer niedrigen Anteile am *ABO*0*-Allel genetisch wesentlich jünger sind als die Erstgenannten, die weitere Wege zu ihren heutigen Heimatorten zurücklegen mußten und dafür auch länger brauchten. In Europa können wir folglich nicht bis zur Entstehung der mongoliden Rasse zurückblicken, während wir diese Zeit in Südamerika sehr gut vor Augen haben. In die Zeit davor können wir von keinem Land der Erde aus zurückschauen. Hierfür sind wir auf Vergleiche mit den non-humanen Primaten angewiesen.

ANTHROPOLOGIE



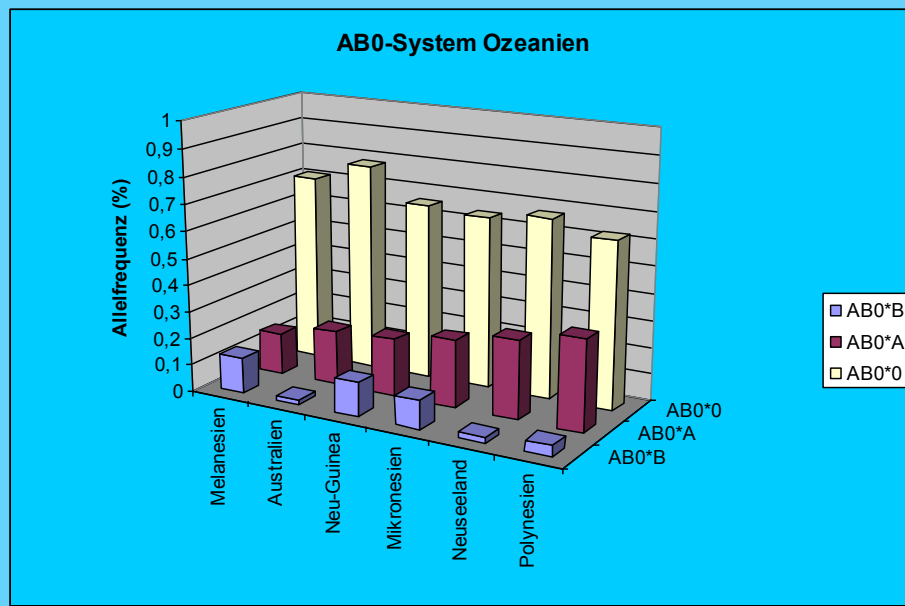
In Europa ist der älteste B-Haplotyp bei den Basken schon fast auf Null abgeklungen, während die Sarden aufgrund ihres noch niedrigeren A-Anteils noch älter zu sein scheinen. Dazu passend hat sich das ABO^*0 -Allel im Westen Europas im Laufe der Evolution am stärksten durchgesetzt. In Osteuropa messen wir höhere Anteile des ABO^*A1 - und ABO^*B -Allels, dafür sinkt der ABO^*0 -Anteil signifikant ab. Dieser Trend setzt sich nach Asien hin fort.



ANTHROPOLOGIE

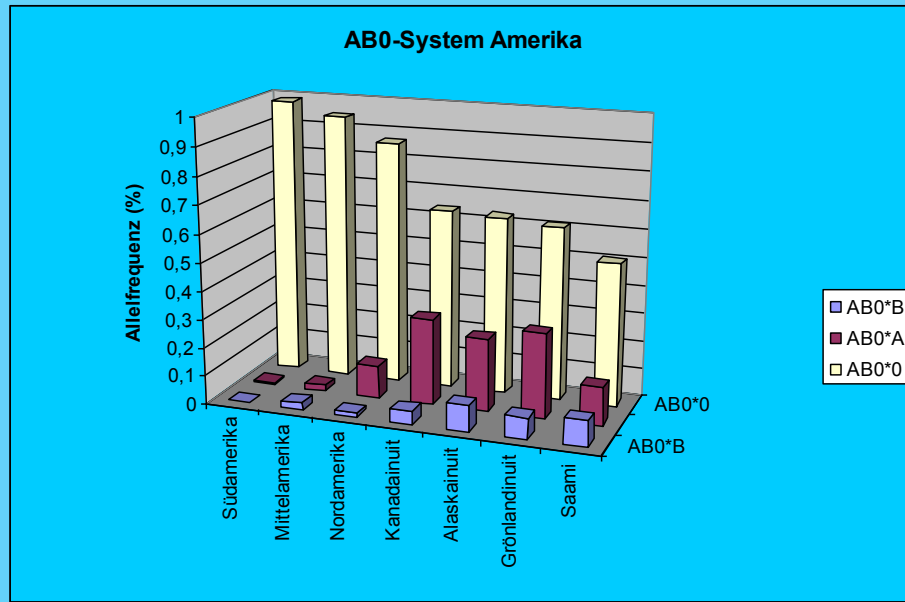


Nordostafrika ist in Afrika und Asien die phylogenetisch älteste Region, während sich in Südasien ein Maximum der Blutgruppe B abzuzeichnen scheint. Das Allel ABO^*A1 hingegen tritt in Ostasien mit einem Maximum in Erscheinung, welcher Trend sich noch bis Polynesien hinein fortsetzt.



Polynesien zeigt heute diejenige ABO^*A1 -Allelfrequenz, die einmal in Asien zu verzeichnen war. Es liegt daher Ostasien genetisch näher, obwohl das für Melanesien geographisch der Fall ist. Betrachtet man allerdings das Verhalten der Blutgruppe B, so ist dieses genau umgekehrt. Hiernach wäre Polynesien genetisch eindeutig älter als Melanesien. Der Anstieg des Allels ABO^*0 hingegen zeigt uns, daß die Melanesier und Australier doch die deutlich älteren Populationen stellen müssen. Nun zeigt es sich, daß die Vorfahren der Polynesier es sind, und nicht die Asiaten, bei denen die Blutgruppe A ihren Ausgang genommen hat.

ANTHROPOLOGIE



In Südamerika sind die Allele ABO^*A1 und ABO^*B längst ausgestorben, was wiederum aber nicht anderes heißt, als daß sie, als die Wanderungen von Asien nach Amerika ihren Anfang nahmen, schon dort nicht mehr sehr häufig gewesen sein können. In Südamerika hat die Evolution ihr Ziel erreicht, die Blutgruppe 0 ist fast die alleinig vorkommende. Bei den Samen, die aus Zentralasien stammen, scheint die Blutgruppe A nur deswegen niedriger zu sein als in Asien, weil sie auf ihrem Zug nach Westen eine höhere Generationenzahl erreicht haben.

In der folgenden Tabelle sind für das Rhesus-System die Haplotypfrequenzen angegeben, und zwar wurde nach drei Bereichen gegliedert:

1. europäisch-afrikanischer Raum einschließlich Süd- und Westasien
2. amerikanischer Raum einschließlich Nord-, Ost- und Südostasien
3. pazifischer Raum

Die Teilbereiche wurden nach steigenden Frequenzen des zweithäufigsten Allels angeordnet. Umgekehrt verhält sich das Präsaapiensallel, es nimmt entsprechend ab. Man erkennt, daß die Basken im europäischen Raum die älteste Bevölkerungsgruppe sein müssen, gefolgt von den West- und Mitteleuropäern. Entsprechend jung sind Afrika und Südasiens. Im amerikanischen Raum stellen die Inuit mit ihren europideren Zügen die älteste Bevölkerungsgruppe, die mittelamerikanischen Indianer mit ihren deutlich mongolideren Zügen sind die jüngste Population auf dem Doppelkontinent. Allerdings ist Ostasien noch jünger, und das absolute Minimum liegt in Südostasien, wo die Altschicht entstanden ist. Im australo-melanesischen Raum sind die Maori die älteste Gruppe, gefolgt von den ebenfalls noch stark europid wirkenden Polyne-



siern. Es folgen die australischen Aborigines und als jüngste Population die Papua auf Neu-Guinea. In jedem Fall harmonieren die Zahlenwerte perfekt mit den theoretischen Aussagen. Es handelt sich somit bei den Westeuropäern, speziell den Basken, untrüglich um den ältesten Menschheitsstamm des Planeten. Addiert man nämlich den afrikanischen Rhesusfaktor zum Präsapiensanteil, so ergibt sich in Summe ein deutlich höherer Wert als im Baskenland.

	*CDe	*cDE	*cDe	*cde
Basken	0,396	0,071	0,028	0,467
Westeuropa	0,423	0,13	0,023	0,405
Mitteleuropa	0,422	0,138	0,021	0,397
Osteuropa	0,428	0,135	0,028	0,384
Nordeuropa	0,429	0,165	0,02	0,372
Südeuropa	0,452	0,114	0,037	0,364
Nordafrika	0,398	0,12	0,15	0,317
Westasien	0,479	0,134	0,098	0,266
Saami	0,594	0,163	0,048	0,193
Südasien	0,635	0,097	0,055	0,174
Sarden	0,653	0,081	0,016	0,224
Nordostafrika	0,172	0,076	0,505	0,213
Subsahara	0,07	0,068	0,641	0,195
Kanadainuit	0,497	0,492	0,011	0
Nordamerika	0,465	0,384	0,051	0,044
Nordasien	0,569	0,38	0,031	0,018
Alaskainuit	0,549	0,325	0,045	0,071
Südamerika	0,562	0,315	0,03	0,017
Grönlandinuit	0,605	0,31	0,007	0,062
Mittelamerika	0,583	0,298	0,059	0,014
Ostasien	0,673	0,209	0,035	0,032
Südostasien	0,772	0,134	0,056	0,021
Neuseeland	0,469	0,392	0,025	0,082
Polynesien	0,554	0,372	0,057	0
Australien	0,651	0,2	0,086	0
Melanesien	0,851	0,11	0,021	0,001
Mikronesien	0,838	0,102	0,048	0,007
Neu-Guinea	0,908	0,065	0,025	0
	Präsapiens	indianid	negrid	europid

Beispiel 3: Das MNSs-System mit 4 Haplotypen

Unter der Annahme, daß die Allelverhältnisse in Südostasien sich seit der Ausbreitung des *Homo sapiens* nicht wesentlich verändert haben, ist nachfolgend eine Rückdatierung für die Haplotypen des MNSs-Blutgruppensystems versucht worden. Es ergeben sich die in der fol-

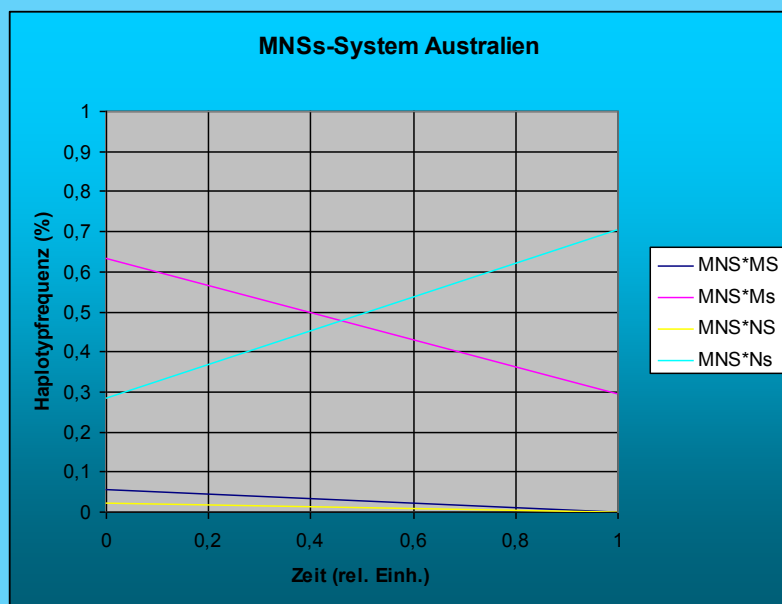
ANTHROPOLOGIE



genden Tabelle errechneten Steigungen, die Rückschlüsse auf das Alter des jeweiligen Haplotyps erlauben.

MNSs	Allel	Südostasien	Westeuropa	Subsahara	Südamerika	Australien
a+alpha	*MS	0,058	0,249	0,139	0,209	0
b+beta	*Ms	0,633	0,305	0,407	0,51	0,295
c+gamma	*NS	0,024	0,06	0,098	0,051	0
d+delta	*Ns	0,285	0,386	0,356	0,23	0,705
alpha	*MS	0	0,191	0,081	0,151	-0,058
beta	*Ms	0	-0,328	-0,226	-0,123	-0,338
gamma	*NS	0	0,036	0,074	0,027	-0,024
delta	*Ns	0	0,101	0,071	-0,055	0,42
a	*MS	0,058	0,058	0,058	0,058	0,058
b	*Ms	0,633	0,633	0,633	0,633	0,633
c	*NS	0,024	0,024	0,024	0,024	0,024
d	*Ns	0,285	0,285	0,285	0,285	0,285

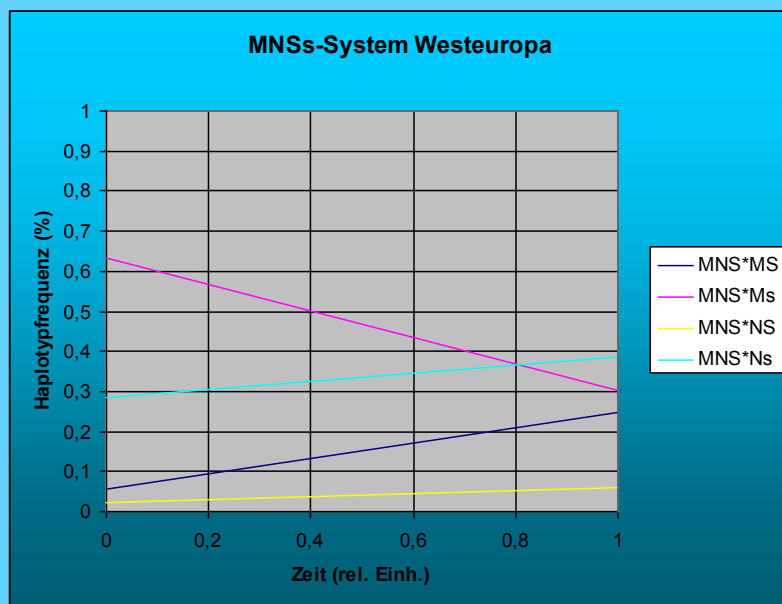
Wir beginnen unsere Betrachtung mit Australien, wobei wir versucht haben, die Inkonsistenz der Abhandlung in bezug auf die Zahlenangaben und deren Eintragung in die entsprechenden Allelkarten auf die einzig uns sinnvoll erscheinende Weise zu berichtigen.



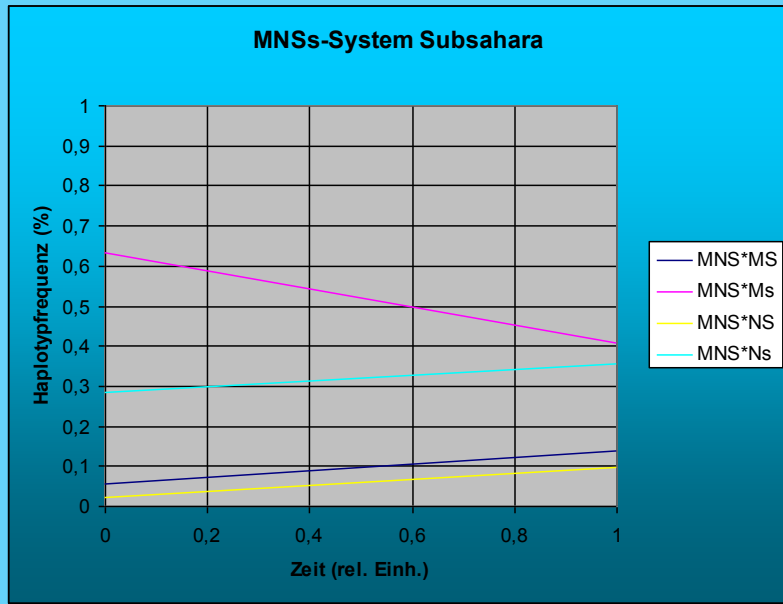
ANTHROPOLOGIE



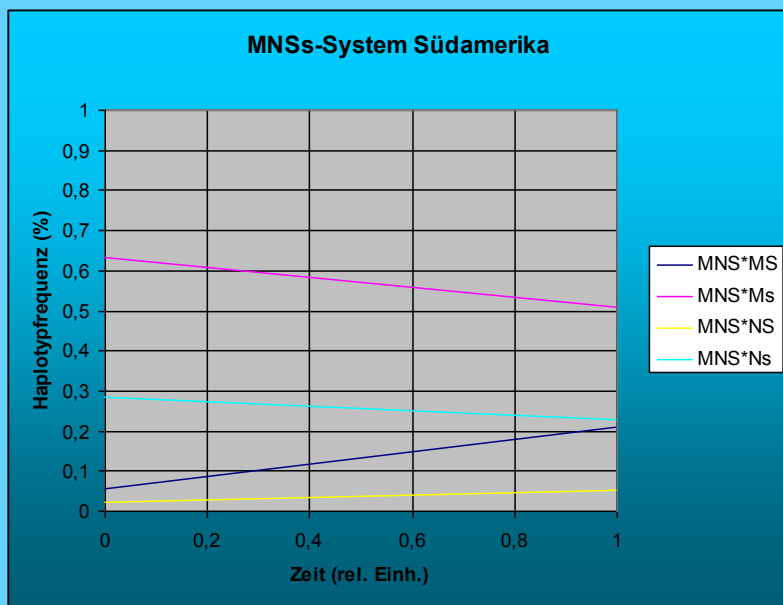
In Australien fehlt augenscheinlich das S-Allel völlig, woraus wir den Schluß ziehen müssen, daß das s-Allel das ältere der beiden ist und die Besiedlung Australiens abgeschlossen war, ehe das S-Allel entstand. Die Häufigkeit des *MNS*Ms*-Haplotyps unterscheidet sich nicht wesentlich von der Europas, an der abnehmenden Frequenz erkennt man, daß das M-Allel das ältere der beiden ist und der *MNS*Ns*-Haplotyp einen signifikanten Vorteil gegenüber dem älteren *MNS*Ms*-Haplotyp gehabt haben muß. Das änderte sich, als das S-Allel durch Mutation entstand.



In Westeuropa sind die Verhältnisse insofern anders als in Australien, als hier das S-Allel zu zwei weiteren Haplotypen geführt hat, von denen der *MNS*MS*-Haplotyp der erfolgreichere gewesen zu sein scheint, da dieser hinsichtlich seiner Frequenz deutlich gegenüber seinem Konkurrenten *MNS*NS* einen deutlichen Vorsprung erzielt hat. Die beiden neuen Haplotypen gehen aber primär zu Lasten des *MNS*Ns*-Haplotyps, der in Europa deutlich seltener auftritt als in Australien. Beide neuen Haplotypen haben Altschichtcharakter, d.h. sie nehmen von Südostasien ausgehend in alle Richtungen zu.



Im südlichen Afrika ist der *MNS*Ms*-Haplotyp noch nicht soweit abgesunken wie in Europa, Afrika ist also etwas jünger, während sich der *MNS*MS*-Haplotyp umgekehrt noch nicht ganz so gut durchsetzen konnte. Die Frequenz des *MNS*Ns*-Haplotyps ist noch nicht soweit angestiegen wie in Europa, aber qualitativ liegen die Verhältnisse ganz ähnlich.





Südamerika hat eindeutig die höchste $MNS*Ms$ -Haplotypfrequenz, seine Bevölkerung ist bedeutend jünger als die in Europa und Afrika. Der Altschicht-Haplotyp $MNS*MS$ konnte hinsichtlich seiner Frequenz sogar noch zulegen, was zu Lasten des $MNS*Ns$ -Haplotyps geht, der sich offenbar erst dann wieder durchsetzen kann, wenn der Präsapienshaplotyp $MNS*Ms$ an Schwung verloren hat. Insgesamt ließ sich zeigen, daß das N-Allel jünger als das M-Allel ist, wobei beides Präsapiensallele sind, und daß das s-Allel erst im Laufe der eigentlichen Homidenevolution entstanden sein kann.