



## Zweifel an der Out-of-Africa-Theorie

Daß der erste Hominide aus Afrika stammt, ist eine unter Anthropologen kaum mehr bestrittene Hypothese. Auch an der Tatsache, daß alle Menschen miteinander verwandt sind, zweifelt heute niemand mehr. Das mag einerseits damit zusammenhängen, daß häufig übersehen wird, daß unter dem modernen Menschen keineswegs der *Homo erectus* zu verstehen ist, der als erster Afrika verlassen hat, sondern der *Homo sapiens*, der gemeinsam mit dem Neandertaler aus dem *Homo erectus* hervorgegangen ist. Alle früheren Menschenarten, die durchaus aus Afrika stammen mögen, sind heute leider ausgestorben, zuletzt der Neandertaler vor ca. 28.000 Jahren. Insofern kann die Frage, wo sich der Mensch vom Affen abgespalten hat, anders zu beantworten sein als die, welche eine Antwort darauf zu geben sucht, wo auf dem Planeten der erste *Homo sapiens* aufgetaucht ist. Das muß nicht notwendig Afrika gewesen sein, denn die Entstehung des *Homo sapiens* liegt weit nach der Zeit, als der Mensch noch ausschließlich in Afrika lebte. Alle heute lebenden Menschen stammen nämlich von einem einzigen Ur-Adam und einer einzigen Ur-Eva ab, und somit reduziert sich die Frage, wo der Mensch entstanden sei, einzig und allein darauf, woher dieser Adam und diese Eva stammen.

Jeder von uns trägt in seinen Mitochondrien eine Erbinformation, die er nur von der Mutter bekommen hat, die sogenannte mitochondrische Eva. Allein der Mann verfügt auf seinem Y-Chromosom über ein Gen, welches die Frau nicht besitzt, den sogenannten Y-Adam, der stets vom Vater auf den Sohn übertragen wird. Hin und wieder können sich diese »Haplogruppen« durch Mutation auch ändern, wobei jedoch die neu entstandene Haplogruppe zeitlich auf die vorhergehende folgt, also stets jünger sein muß als ihre Vorgängerin. Auffallend ist, daß die älteste mitochondrische Haplogruppe deutlich älter ist als die älteste Y-Haplogruppe, daß also Ur-Adam und Ur-Eva kein zur gleichen Zeit lebendes Paar gewesen sind. Warum nun die patrilinearen Haplogruppen gegenüber den matrilinearen ein weitaus kürzeres Lebensalter erreichen, ist bislang nicht bekannt. Auch hinsichtlich ihres Entstehens gewähren Haplogruppen nicht gerade einen umfassenden Einblick. Nun deuten aber alle Indizien darauf hin, daß aufgrund des ausschließlichen Vorkommens der jeweils ältesten Haplogruppen *A* (Y-chromosomal) und *L* (mitochondrisch) in Afrika diese auch dort entstanden sein müssen. Doch diese Schlußfolgerung ist nicht richtig. Haplogruppen übersteigen nämlich ein gewisses Alter nicht, danach sterben sie aus. Die Gründe hierfür sind degenerativ bedingt, jedoch entstehen mit dem Aufkommen neuer Haplogruppen auch günstige Mutationen, so daß die älteren Haplogruppen, die in der Regel mit den ungünstigeren Mutationen belastet sind, von der Evolution verdrängt werden. Was speziell die älteste mitochondrische Haplogruppe *L* betrifft, so dürfte diese weit älter sein als das erste Auftreten der negriden Rasse, nicht allein, weil der Mensch das südliche Afrika erst sehr viel später besiedelt hat, sondern auch, weil diese Haplogruppe vor allem die ältesten Bewohner Afrikas, die Khoisaniden sowie die Bambutiden kennzeichnet. Letztere gehören aber der europiden Rasse an, während die Khoisaniden nicht nur aufgrund ihrer Mongolenfalte, sondern auch wegen ihrer für afrikanische Verhältnisse relativ hellen Hautfarbe mehr zu den Mongoliden tendieren als zu den Negriden. Es läßt sich daher aufgrund des heutigen Aussehens nichts darüber aussagen, wie die äußerliche Beschaffenheit dieser Ethnie vor 175.000 Jahren war. Dunkler wird die Komplexion aber wohl kaum



gewesen sein, weil sich die dunkle Hautfarbe erst mit dem Aufkeimen des Ackerbaus durchgesetzt haben kann, in dessen Ausübung die Menschen länger der Sonne ausgesetzt waren, als wenn sie nur der Jagd nachgingen, die tagsüber ruhte. In der großen Mittagshitze läuft es sich schlecht, zum anderen kommen die Tiere morgens und abends zur Tränke. Aber auch von der körperlichen Statur her sind die Khoisaniden und Bambutiden den Asiaten ähnlicher, zumal alle drei die Eigenschaften von Rassenzwerge aufweisen. Die häufig recht hochwüchsigen Negriden hingegen heben sich von letzteren deutlich ab. Wenn also auf dem asiatischen Kontinent die Haplogruppe *L* heute nicht mehr vorkommt, so heißt das noch lange nicht, daß es sie dort niemals gegeben hat. Da der afrikanische Kontinent rassisch jünger ist als der Mutterkontinent Asien, ist mehr als wahrscheinlich, daß die Haplogruppe *L* auch dort einmal existiert haben muß, zwischenzeitlich jedoch ausgestorben ist. Denn wie kann es angehen, daß sich eine kleine Gruppe Menschen auf den Weg nach Asien begibt, in der nicht ein Individuum mit einer originär afrikanischen Haplogruppe vorgekommen wäre? Es ist also so gut wie ausgeschlossen, daß der Mensch in Afrika so lange verweilte, bis die Haplogruppe *N* geboren war, ehe er sich aufmachte, den Rest der Welt zu erkunden. Andererseits kann man trotz des Vorkommens der Haplogruppe *N* in Nordostafrika nicht zwingend daraus schließen, daß sie schon immer dort beheimatet war bzw. auch dort entstanden sein muß. Ist sie außerhalb Afrikas entstanden, muß es die Haplogruppe *L* aber auch in Asien einmal gegeben haben.

Ähnlich verhält es sich mit den Haplogruppen des Y-Chromosoms. Insbesondere die Haplogruppe *B*, welche für die Bambutiden charakteristisch ist, weist deutlich europide Züge auf, wohingegen die älteste Haplogruppe *A* erneut für die Khoisaniden steht, bei denen wir die nicht negriden Merkmale bereits festgestellt haben. Die Haplogruppe *C* indessen fehlt in Afrika völlig, sie charakterisiert ausschließlich die australide bzw. mongolide Rasse. Wäre nunmehr *C* in Asien entstanden, müßte die Vorgänger-Haplogruppe *B* auch außerhalb Afrikas existiert haben, und sie muß dann dort ebenfalls ausgestorben sein. Darüber hinaus kommt eine weitere außerhalb Afrikas vorkommende Haplogruppe, die Haplogruppe *D*, nur noch in Tibet und Japan signifikant vor, und auch sie kann schlecht in Afrika entstanden sein. Die Haplogruppe *E* schließlich, der väterlicherseits die Negriden entspringen, kommt auch außerhalb des afrikanischen Kontinents, etwa in Europa und im Nahen Osten, nennenswert vor, wenn auch in wesentlich geringeren Frequenzen. Das mag daran liegen, daß sie in Europa schon stärker im Aussterben begriffen ist. In Afrika leben ihre letzten Angehörigen, die damit rassisch jünger sein müssen als ihre europäischen Verwandten und die genetisch einfach noch nicht alt genug sind, als daß sie bereits hätten aussterben können. *D* und *E* können sich nur in Eurasien voneinander abgespalten haben.

Die Lebensdauer einer Haplogruppe zieht sich über einen langen Zeitraum hin, und die älteren Träger sind stets auch die am stärksten mutierten und zugleich diejenigen, die Afrika am frühesten verlassen haben. Von einer Rückwanderung in den Schwarzen Kontinent kann mit einer Ausnahme, der Haplogruppe *R*, gleichwohl nicht ausgegangen werden, da die zunehmend sich ausbreitende Sahara Wanderungen dieser Art wohl grundsätzlich unterbunden haben dürfte. Die Ausbreitung des Menschen läßt sich anhand der genetischen Marker recht gut zurückverfolgen. Ein solcher genetischer Marker ist das Rhesus-Blutgruppensystem.

# ANTHROPOLOGIE



	<i>RH*CDe</i>	<i>RH*cDE</i>	<i>RH*cDe</i>	<i>RH*cde</i>	andere	<i>D</i>	<i>d</i>	<i>D</i> <sup>2</sup>	<i>d</i> <sup>2</sup>	<i>2Dd</i>
Basken	0,396	0,071	0,028	<b>0,467</b>	0,038	0,514	0,486	0,264	0,236	<b>0,500</b>
Westeuropa	0,423	0,130	0,023	<b>0,405</b>	0,019	0,586	0,415	0,343	0,172	<b>0,485</b>
Mitteleuropa	0,422	0,138	0,021	<b>0,397</b>	0,022	0,592	0,408	0,350	0,166	<b>0,483</b>
Osteuropa	0,428	0,135	0,028	<b>0,384</b>	0,025	0,604	0,397	0,364	0,157	<b>0,479</b>
Nordeuropa	0,429	0,165	0,020	<b>0,372</b>	0,014	0,621	0,379	0,386	0,144	<b>0,471</b>
Südeuropa	0,452	0,114	0,037	<b>0,364</b>	0,033	0,620	0,381	0,384	0,145	<b>0,471</b>
Nordafrika	0,398	0,120	0,150	<b>0,317</b>	0,015	0,676	0,325	0,456	0,105	<b>0,438</b>
Westasien	0,479	0,134	0,098	<b>0,266</b>	0,023	0,723	0,278	0,522	0,077	<b>0,401</b>
Sarden	0,653	0,081	0,016	<b>0,224</b>	0,026	0,763	0,237	0,582	0,056	<b>0,362</b>
Saami	0,594	0,163	0,048	<b>0,193</b>	0,002	0,806	0,194	0,650	0,038	<b>0,313</b>
Südasien	0,635	0,097	0,055	<b>0,174</b>	0,039	0,807	0,194	0,650	0,037	<b>0,312</b>
Nordostafrika	0,172	0,076	<b>0,505</b>	0,213	0,034	0,770	0,230	0,593	0,053	<b>0,354</b>
Subsahara	0,070	0,068	<b>0,641</b>	0,195	0,026	0,792	0,208	0,627	0,043	<b>0,329</b>

	<i>RH*CDe</i>	<i>RH*cDE</i>	<i>RH*cDe</i>	<i>RH*cde</i>	andere	<i>E</i>	<i>e</i>	<i>E</i> <sup>2</sup>	<i>e</i> <sup>2</sup>	<i>2Ee</i>
Kanada	0,497	<b>0,492</b>	0,011	0,000	0,000	0,492	0,508	0,242	0,258	<b>0,500</b>
Nordamerika	0,465	<b>0,384</b>	0,051	0,044	0,056	0,412	0,588	0,170	0,346	<b>0,485</b>
Neu-Seeland	0,469	<b>0,392</b>	0,025	0,082	0,032	0,408	0,592	0,166	0,350	<b>0,483</b>
Nordasien	0,569	<b>0,380</b>	0,031	0,018	0,002	0,381	0,619	0,145	0,383	<b>0,472</b>
Polynesien	0,554	<b>0,372</b>	0,057	0,000	0,017	0,381	0,620	0,145	0,384	<b>0,471</b>
Südamerika	0,562	<b>0,315</b>	0,030	0,017	0,076	0,353	0,647	0,125	0,419	<b>0,457</b>
Alaska	0,549	<b>0,325</b>	0,045	0,071	0,010	0,330	0,670	0,109	0,449	<b>0,442</b>
Mittelamerika	0,583	<b>0,298</b>	0,059	0,014	0,046	0,321	0,679	0,103	0,461	<b>0,436</b>
Grönland	0,605	<b>0,310</b>	0,007	0,062	0,016	0,318	0,682	0,101	0,465	<b>0,434</b>
Ostasien	0,673	<b>0,209</b>	0,035	0,032	0,051	0,235	0,766	0,055	0,586	<b>0,359</b>
Australien	0,651	<b>0,200</b>	0,086	0,000	0,063	0,232	0,769	0,054	0,591	<b>0,356</b>
Südostasien	<b>0,772</b>	0,134	0,056	0,021	0,017	0,143	0,858	0,020	0,735	<b>0,244</b>
Melanesien	<b>0,851</b>	0,110	0,021	0,001	0,017	0,119	0,882	0,014	0,777	<b>0,209</b>
Mikronesien	<b>0,838</b>	0,102	0,048	0,007	0,005	0,105	0,896	0,011	0,802	<b>0,187</b>
Neu-Guinea	<b>0,908</b>	0,065	0,025	0,000	0,002	0,066	0,934	0,004	0,872	<b>0,123</b>

Tabelle 1: Geographische Verteilung der Rhesus-Haplotypfrequenzen [1]

Beim Rhesusfaktor sind folgende Haplotypen bekannt: *RH\*cde* (rhesus-negativ), *RH\*CDe*, *RH\*cDe*, *RH\*cDE* (alle rhesus-positiv) und einige andere, die allerdings sehr selten sind. Da die anderen Rhesusfaktoren hinsichtlich ihrer Häufigkeit nicht bestimmt wurden, muß man annehmen, daß sie je zur Hälfte aus rhesus-positiven (*D*) und rhesus-negativen Allelen (*d*) bestehen. Die Wahrscheinlichkeiten für ein Zusammentreffen der beiden Allele ergeben sich aus den Produkten der relativen Häufigkeiten:

$$p^2 = d^2$$

$$2pq = 2dD$$

$$q^2 = D^2$$



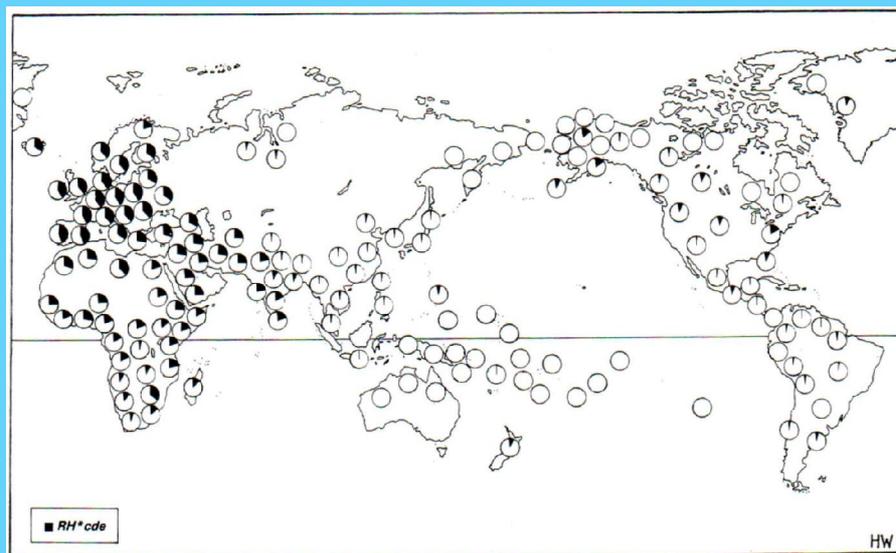
Mit den vier Haplotypfrequenzen gemäß Tabelle 5 aus Ref. [1] und den vorgenommenen Frequenzkorrekturen ergeben sich für die beiden Allele die statistischen Wahrscheinlichkeiten der Spalten 9-11. Da sich beim Rhesussystem zwei Selektionsmechanismen überlagern, folgt dieses nicht der üblichen Rassenaufteilung, die bei den Australiden beginnt, sondern verlegt die austronesische Rasse an den Anfang. Die fettgedruckt gekennzeichneten Wahrscheinlichkeiten (Spalte 11) sind für die Rhesus-Unverträglichkeit verantwortlich. Man sieht, daß das Risiko für das Auftreten dieser Erbkrankheit bei den Basken am größten ist. Ferner kann die Wahrscheinlichkeit  $2pq$  nie größer werden als 0,5, selbst wenn man zwei hypothetische Urvölker annimmt, deren eines ausschließlich den Rhesusfaktor rhesus-positiv gehabt hat und das andere den Rhesusfaktor rhesus-negativ. Dies folgt aus der Extremwertbestimmung der Funktion

$$f(d) = 2d(1 - d),$$

denn es gilt

$$f'(d) = 2(1 - 2d)$$

mit  $f'(0,5) = 0$  und  $f''(0,5) = -4 < 0$ . Die Matrixelemente  $2dD$  werden also maximal, wenn die zwei Allelfrequenzen gleich sind. Ist eine der beiden Allelfrequenzen besonders groß, ist die andere besonders klein (und umgekehrt), da beide Allele zueinander komplementär sind, und das Risiko einer Rhesus-Unverträglichkeit minimal.



**Abbildung 1: Geographische Verteilung der  $RH^*cde$ -Haplotypfrequenzen [1]**

Bei den Basken sind die Allelfrequenzen in etwa gleich häufig, daher besitzen sie auch die höchste Aussterbensrate, da mit jeder Begegnung von einem rhesus-positiven Mann mit einer rhesus-negativen Frau (sofern ihr ein rhesus-positives Allel übergeben wird) ein heterozygo-

# ANTHROPOLOGIE



tes Allelpaar verlorengel. Zugleich sind die Basken das älteste Volk Europas und überhaupt der ganzen Welt, weil allein bei ihnen das Maximum der Rhesus-Unverträglichkeit (fast) erreicht ist, denn unabhängig davon, ob der Mann heterozygot oder homozygot ist, zeugen rhesus-positive Männer mit einer rhesus-negativen Frau statistisch weniger Kinder als mit einer rhesus-positiven, geben demnach auch weniger rhesus-positive Allele an die nächste Generation weiter.

Europa liegt mit Ausnahme der Sarden und Samen in seinen Wahrscheinlichkeiten in bezug auf die Allelvermischung mit Abstand vor dem Rest der Welt, d.h. die Rhesus-Unverträglichkeit war in Europa länger wirksam als irgendwo sonst, denn nirgends auf der Welt hat das Rhesussystem seine maximal mögliche Wahrscheinlichkeit  $2dD$  von 0,5 nahezu erreicht, außer in Europa. West- und Mitteleuropa liegen altersmäßig vor Osteuropa, weil die Haplogruppe *R1b* etwas jünger sein dürfte als *R1a*, wenn auch nur geringfügig. Mit nur geringem Abstand folgen Nord- und Südeuropa, wo die etwas älteren Haplogruppen *I1* und *I2* häufiger vertreten sind und damit eine etwas jüngere Bevölkerung lebt, bei der die Wahrscheinlichkeit einer Rhesus-Unverträglichkeit noch nicht ganz so stark zugenommen hat. Nordafrika, welches ebenso wie Westasien genetisch zu Europa zählt, schließt an Südeuropa an, es folgen die Sarden und schließlich die Samen, welche die jüngsten in Europa sind und damit auch die ältesten Gene innerhalb Europas haben.

Nordostafrika und die Subsahara sind genetisch älter als Südasien, aber rassistisch jünger. Im Rest der Welt, d.h. unter den jüngsten Rassen, gibt es noch kaum eine Rhesus-Unverträglichkeit, da die *RH\*cde*-Haplotypfrequenzen viel zu niedrig sind und lediglich Neu-Seeland, Alaska und Grönland etwas höhere Häufigkeiten aufweisen, die aber immer noch unter 10 % liegen. Da im übrigen auch das Allel *E* gegenüber dem Allel *e* eine Rhesusunverträglichkeit zu besitzen scheint, die wiederum in Afrika und Europa (außer vielleicht bei den Samen und in Skandinavien) keine große Rolle spielt, läßt sich die Betrachtung des Rassenalters fortsetzen. So sind etwa die Maori, die Inuit, die amerikanischen Indianer und die Polynesier genetisch älter als die gesamte Alte Welt. Ostasien ist etwas älter als Australien, welches bereits eine sehr junge Bevölkerung hat, erkennbar an den alten Haplogruppen. Es folgt altersmäßig Südostasien. Zu den jüngsten Völkern schließlich zählen Melanesien und Mikronesien, doch das jüngste Volk des Planeten mit den zugleich ältesten Genen scheint die Bevölkerung Neu-Guineas zu sein. Somit zeigt das Rhesus-System sehr anschaulich, wie sich der Jetztmensch, aus Neu-Guinea kommend, Zug um Zug Austronesien, Asien, Amerika und Afrika erobert hat und ganz zuletzt Europa. Natürlich lebten diese frühen Menschen nicht, wo sie heute leben, wie auch der Afrikaner nicht dort gelebt hat, wo er heute lebt. Denn alle diese Völker haben sich erst im Laufe von Jahrtausenden entfernt, von woher sie ursprünglich kamen, nämlich aus Südostasien. Ostasien war nur ein Zwischenstop auf dieser Reise, die in zwei Einwanderungswellen, einer frühen indianiden und einer späten eskimiden, nach Amerika führte und auf anderem Wege nach Südasien gelangte. Von Südasien setzte sich der Weg des Menschen ins südliche und nordöstliche Afrika fort, welches gleichsam als Sprungbrett nach Europa diente, führte auf Umwegen nach Westasien zurück, wo zwischenzeitlich das Microcephalin-Gen entstanden war, und von dort nach Nordafrika. Der Mensch ist also tatsächlich aus Afrika aus- und nach Europa eingewandert, aber erst, nachdem er lange Zwischenstation in Asien gemacht hatte. Kein anderer Weg stand ihm offen als der, den das Rhesus-System zurückgelegt hat. Dies erklärt auch, warum Rhesus-negativ in Afrika heute viel

# ANTHROPOLOGIE



häufiger vorkommt als in Fernost oder Südostasien, denn der Weg des Menschen entspricht zugleich dem Alter der Haplogruppen. Die jüngsten Haplogruppen sind zuletzt entstanden, darum sind Europäer rassisch alt, aber genetisch jung. Keine Erklärung ist schlüssiger. In Abbildung 1 ist die Verteilung des Allels  $RH^{*cde}$  graphisch dargestellt. Während in Australien und Südostasien Rhesus-negativ so gut wie unbekannt ist, ist seine Häufigkeit in Europa maximal.

	$ABO^{*A1}$	$ABO^{*A2}$	$ABO^{*B}$	$ABO^{*0}$	$\Delta S$	$p1^2$	$p2^2$	$p3^2$	$p4^2$	$2p1p4$	$2p2p4$	$2p3p4$	Wsel
Sarden	0,144	0,050	0,066	<b>0,740</b>	0,831	0,0207	0,0025	0,0044	<b>0,5476</b>	0,2131	0,0740	0,0977	<b>0,3848</b>
Basken	0,197	0,055	0,027	<b>0,721</b>	0,813	0,0388	0,0030	0,0007	0,5198	0,2841	0,0793	0,0389	0,4023
Südeuropa	0,215	0,043	0,070	<b>0,672</b>	0,919	0,0462	0,0018	0,0049	0,4516	0,2890	0,0578	0,0941	0,4408
Westeuropa	0,207	0,061	0,063	<b>0,669</b>	0,940	0,0428	0,0037	0,0040	0,4476	0,2770	0,0816	0,0843	0,4429
Nordafrika	0,213	0,038	0,093	<b>0,656</b>	0,951	0,0454	0,0014	0,0086	0,4303	0,2795	0,0499	0,1220	0,4513
Westasien	0,165	0,057	0,137	<b>0,641</b>	1,018	0,0272	0,0032	0,0188	0,4109	0,2115	0,0731	0,1756	0,4602
Mitteuropa	0,210	0,065	0,087	<b>0,638</b>	1,005	0,0441	0,0042	0,0076	0,4070	0,2680	0,0829	0,1110	0,4619
Nordeuropa	0,210	0,090	0,084	<b>0,616</b>	1,051	0,0441	0,0081	0,0071	0,3795	0,2587	0,1109	0,1035	0,4731
Osteuropa	0,231	0,051	0,140	<b>0,578</b>	1,082	0,0534	0,0026	0,0196	0,3341	0,2670	0,0590	0,1618	0,4878
Südasien	0,162	0,027	0,234	<b>0,577</b>	1,050	0,0262	0,0007	0,0548	0,3329	0,1869	0,0312	0,2700	0,4881
Saami	0,137	0,266	0,091	<b>0,506</b>	1,187	0,0188	0,0708	0,0083	0,2560	0,1386	0,2692	0,0921	0,4999
Nordostafrika	0,083	0,071	0,105	<b>0,741</b>	0,853	0,0069	0,0050	0,0110	<b>0,5491</b>	0,1230	0,1052	0,1556	<b>0,3838</b>
Subsahara	0,119	0,043	0,137	<b>0,701</b>	0,910	0,0142	0,0018	0,0188	0,4914	0,1668	0,0603	0,1921	0,4192
Melanesien	0,156	0,000	0,135	<b>0,709</b>	0,804	0,0243	0,0000	0,0182	<b>0,5027</b>	0,2212	0,0000	0,1914	<b>0,4126</b>
Neu-Seeland	0,294	0,015	0,021	<b>0,670</b>	0,772	0,0864	0,0002	0,0004	0,4489	0,3940	0,0201	0,0281	0,4422
Neu-Guinea	0,215	0,000	0,128	<b>0,657</b>	0,870	0,0462	0,0000	0,0164	0,4316	0,2825	0,0000	0,1682	0,4507
Mikronesien	0,250	0,001	0,108	<b>0,641</b>	0,879	0,0625	0,0000	0,0117	0,4109	0,3205	0,0013	0,1385	0,4602
Südostasien	0,155	0,010	0,199	<b>0,636</b>	0,944	0,0240	0,0001	0,0396	0,4045	0,1972	0,0127	0,2531	0,4630
Polynesien	0,336	0,000	0,042	<b>0,622</b>	0,795	0,1129	0,0000	0,0018	0,3869	0,4180	0,0000	0,0522	0,4702
Ostasien	0,263	0,001	0,172	<b>0,564</b>	0,984	0,0692	0,0000	0,0296	0,3181	0,2967	0,0011	0,1940	0,4918
Südamerika	0,007	0,001	0,003	<b>0,989</b>	0,070	0,0000	0,0000	0,0000	<b>0,9781</b>	0,0138	0,0020	0,0059	<b>0,0218</b>
Mittelamerika	0,022	0,009	0,024	<b>0,945</b>	0,269	0,0005	0,0001	0,0006	0,8930	0,0416	0,0170	0,0454	0,1040
Nordamerika	0,116	0,007	0,013	<b>0,864</b>	0,467	0,0135	0,0000	0,0002	0,7465	0,2004	0,0121	0,0225	0,2350
Australien	0,204	0,000	0,017	<b>0,779</b>	0,588	0,0416	0,0000	0,0003	0,6068	0,3178	0,0000	0,0265	0,3443
Nordasien	0,187	0,007	0,165	<b>0,641</b>	0,931	0,0350	0,0000	0,0272	0,4109	0,2397	0,0090	0,2115	0,4602
Kanada	0,306	0,007	0,047	<b>0,640</b>	0,826	0,0936	0,0000	0,0022	0,4096	0,3917	0,0090	0,0602	0,4608
Alaska	0,258	0,022	0,090	<b>0,630</b>	0,941	0,0666	0,0005	0,0081	0,3969	0,3251	0,0277	0,1134	0,4662
Grönland	0,299	0,014	0,074	<b>0,613</b>	0,913	0,0894	0,0002	0,0055	0,3758	0,3666	0,0172	0,0907	0,4745

Tabelle 2. Geographische Verteilung der A1A2B0-Allelfrequenzen [1]

Eine Bestärkung für die Richtigkeit dieser Theorie erhalten wir durch das A1A2B0-Blutgruppensystem, bei dem das rezessive Allel  $ABO^{*0}$  ebenfalls eine selektive Wirkung entfaltet. In Tabelle 2 wurde dazu anhand derselben Clusterbildung, wie sie beim GM-System vorgenommen wurde, ein Rückgang der Mischungsentropie in demselben Maße festgestellt, wie die  $ABO^{*0}$ -Allelfrequenz zunimmt. Wie beim GM-System liegen bei der mongoliden bzw. alteuropiden Rasse die höchsten Frequenzen vor. Ebenso von Ostasien ausgehend haben sich die vier Blutgruppenallele  $ABO^{*A1}$ ,  $ABO^{*A2}$ ,  $ABO^{*B}$  und  $ABO^{*0}$  immer weiter entmischt, und wieder finden wir die größte Entmischung im Raume beider Amerikas. In Europa ist die



Selektion bei den Basken am weitesten fortgeschritten, gefolgt von den Sarden. Am stärksten vermischt hingegen sind die aus Asien stammenden Samen, dicht gefolgt von den Osteuropäern. Auch am A1A2B0-System sieht man deutlich, daß die Selektion südlich der Sahara noch nicht lange genug gewirkt hat, so daß Schwarzafrika keinesfalls als Wiege der Menschheit gelten kann. In der rechten Spalte von Tabelle 2 ist die maximale Selektionswahrscheinlichkeit

$$W_{sel} = 2(p_1 + p_2 + p_3)p_4$$

aufgetragen, welche angibt, wie groß die Aussicht für ein  $ABO^*0$ -Allel ist, auf ein anderes als das  $ABO^*0$ -Allel zu treffen. Klarerweise ist diese Wahrscheinlichkeit in Ost- und Südasien und in Europa bei den Samen am größten, weil dies die phylogenetisch jüngsten Regionen der Erde sind. Die gemäß dem menschlichen Stammbaum ältesten Völker sind in Europa die Sarden und Basken, in Austronesien die Melanesier, in Afrika die Nordostafrikaner und in Amerika die südamerikanischen Indianer. Diese haben zugleich die jüngsten Y-DNA-Haplogruppen:  $R1b$  in Europa,  $Q$  in Amerika und  $K$  in Austronesien. Obwohl beim A1A2B0-System noch andere genetisch differenzierende Faktoren hinzukommen, ist das prinzipielle Selektionsverhalten dem des GM-Systems recht ähnlich. Dort, wo die geringste Entmischung stattgefunden hat, findet man überwiegend noch die älteren Allele  $ABO^*A$  und  $ABO^*B$  in größerer Häufigkeit. Für Amerika ist der Entropieverlauf des A1A2B0-Systems in Abbildung 2 dargestellt. Danach sind die Eskimiden deutlich jünger als die Indianiden, bei denen die Selektion schon länger wirksam ist.

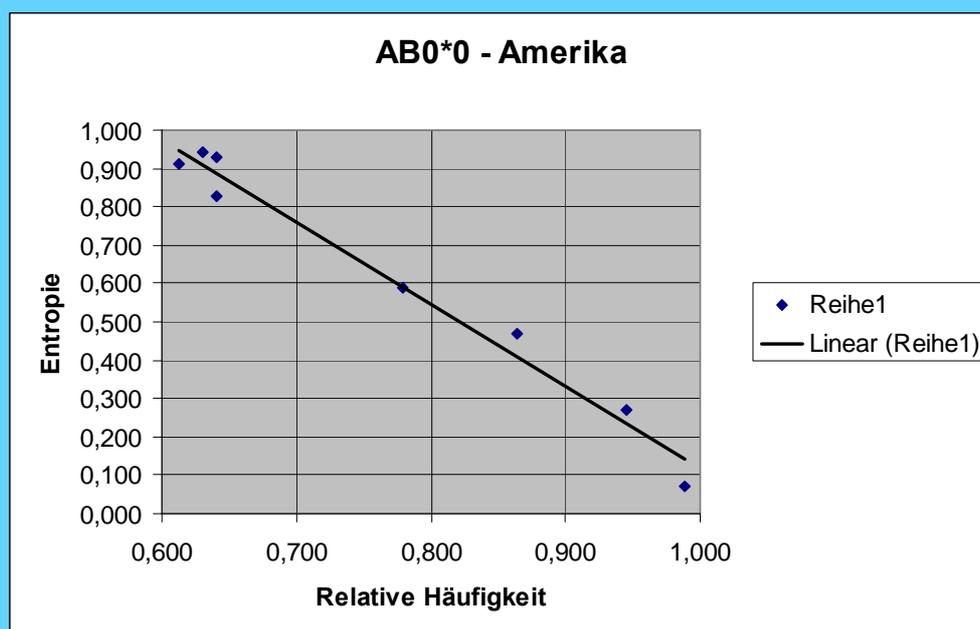


Abbildung 2. Entropieabnahme des Allels  $ABO^*0$  in Amerika

# ANTHROPOLOGIE



Die Out-of-Africa-Theorie steht darüber hinaus im Widerspruch zum Kell-Blutgruppensystem (vgl. Tabelle 3), das für die Kell-Mutter-Kind-Unverträglichkeit verantwortlich ist. Es besteht aus den beiden Allelen  $KEL^*K$  und  $KEL^*k$ . Man kennt inzwischen neben Kell (K) und Cellano (k) weitaus mehr Antigene, über die aber bisher kaum Bevölkerungsuntersuchungen vorliegen [2].

	$K$	$k$	$K^2$	$k^2$	$2Kk$
<b>Westeuropa</b>	0,048	0,952	0,00230	0,90630	<b>0,09139</b>
<b>Basken</b>	0,047	0,953	0,00221	0,90821	<b>0,08958</b>
<b>Osteuropa</b>	0,046	0,954	0,00212	0,91012	<b>0,08777</b>
<b>Nordafrika</b>	0,044	0,956	0,00194	0,91394	<b>0,08413</b>
<b>Mitteleuropa</b>	0,041	0,959	0,00168	0,91968	<b>0,07864</b>
<b>Südeuropa</b>	0,041	0,959	0,00168	0,91968	<b>0,07864</b>
<b>Nordeuropa</b>	0,037	0,963	0,00137	0,92737	<b>0,07126</b>
<b>Südasien</b>	0,037	0,963	0,00137	0,92737	<b>0,07126</b>
<b>Westasien</b>	0,034	0,966	0,00116	0,93316	<b>0,06569</b>
<b>Sarden</b>	0,029	0,971	0,00084	0,94284	<b>0,05632</b>
<b>Saami</b>	0,008	0,992	0,00006	0,98406	<b>0,01587</b>
<b>Nordostafrika</b>	0,023	0,977	0,00053	0,95453	<b>0,04494</b>
<b>Subsahara</b>	0,007	0,993	0,00005	0,98605	<b>0,01390</b>
<b>Neu-Seeland</b>	0,011	0,989	0,00012	0,97812	<b>0,02176</b>
<b>Südostasien</b>	0,004	0,996	0,00002	0,99202	<b>0,00797</b>
<b>Ostasien</b>	0,003	0,997	0,00001	0,99401	<b>0,00598</b>
<b>Polynesien</b>	0,003	0,997	0,00001	0,99401	<b>0,00598</b>
<b>Melanesien</b>	0,001	0,999	0,00000	0,99800	<b>0,00200</b>
<b>Neu-Guinea</b>	0,001	0,999	0,00000	0,99800	<b>0,00200</b>
<b>Mikronesien</b>	0,000	1,000	0,00000	1,00000	<b>0,00000</b>
<b>Alaska</b>	0,013	0,987	0,00017	0,97417	<b>0,02566</b>
<b>Nordamerika</b>	0,007	0,993	0,00005	0,98605	<b>0,01390</b>
<b>Nordasien</b>	0,005	0,995	0,00003	0,99003	<b>0,00995</b>
<b>Grönland</b>	0,005	0,995	0,00003	0,99003	<b>0,00995</b>
<b>Mittelamerika</b>	0,003	0,997	0,00001	0,99401	<b>0,00598</b>
<b>Südamerika</b>	0,002	0,998	0,00000	0,99600	<b>0,00399</b>
<b>Kanada</b>	0,000	1,000	0,00000	1,00000	<b>0,00000</b>
<b>Australien</b>	0,000	1,000	0,00000	1,00000	<b>0,00000</b>

Tabelle 3: Geographische Verteilung der Kell-Allelfrequenzen [1]

Dem  $KEL^*K$ -Allel nach zu urteilen ist Westeuropa am ältesten und liegt in diesem System sogar noch vor den Basken. Bei letzteren ist das Risiko einer Kell-Unverträglichkeit aber fast



genau so hoch. Es folgen Osteuropa, Nordafrika und die übrigen europäischen Regionen. Die Schlußlichter bilden Süd- und Westasien, gefolgt von der Randgruppe der Sarden. Die jüngsten aber in Europa, die Samen, weisen die geringsten Kell-Frequenzen auf, was nicht zuletzt an deren asiatischer Herkunft liegen mag. Ihr Rassenalter entspricht in etwa dem der nordamerikanischen Indianer.

Afrika, insbesondere Nordostafrika und die Subsahara, folgt altersmäßig auf Europa. Ost- und Südostasien wiederum erweisen sich älter als Amerika und Ozeanien, Neu-Seeland ausgenommen. Die Allelfrequenzen des Kell-Antigens zeigen also, daß Afrika südlich der Sahara eine relativ junge Bevölkerung hat. Nord- und Nordostafrika sind rassisch eindeutig älter, Nordafrika sogar noch älter als Mitteleuropa.

In Süd- und Mittelamerika unterscheiden sich die Kell-Frequenzen von denen Austronesiens kaum. Die niedrigsten Frequenzen Amerikas mit Ausnahme der kanadischen Inuit besitzt Südamerika und ist damit genetisch am ältesten, bei den nordamerikanischen Indianern verhält es sich genau umgekehrt, wenn man von den Inuit Alaskas, für die wohl noch andere genetisch differenzierende Faktoren gelten, absieht.

Abgesehen von den australischen Aborigines, liegt das Minimum des *KEL*\**K*-Allels und damit zugleich das Maximum des *KEL*\**k*-Allels bei den Alteuropiden Austronesiens. Seinen niedrigsten Wert verzeichnet es bei den Mikronesiern, den höchsten bei den Maoris, die ihrer Herkunft nach Polynesier sind. Damit dürfte im Raum Indonesien auch der Entstehungsort des *KEL*\**K*-Allels liegen. Von dort aus hat es sich weltweit ausgebreitet, um im fernen Europa schließlich sein Maximum anzunehmen. Die Richtung der Ausbreitung war ganz ähnlich wie beim Rhesussystem. Hierbei spielten sicherlich auch Gendrift und andere Effekte eine gewisse Rolle.

Da das Kell-Gen in seinen Frequenzen noch längst nicht dem Alter des jüngsten Haplotyps des Rhesussystems entspricht, hat es selbst in Europa noch nicht weit um sich gegriffen. Von einer Frequenzgleichheit der Kell- und Cellano-Allele ist dieses Blutgruppensystem daher noch weit entfernt. Allein die Tatsache, daß es sich qualitativ genauso verhält wie das Rhesussystem und auch dem gleichen Selektionsmechanismus gehorcht, ist ein Indikator dafür, daß es stammesgeschichtlich nicht sehr alt sein kann. Dafür spricht auch, daß es in der Ursprungspopulation des *Homo sapiens*, den Australiden, aus denen später die Mongoliden bzw. Indianiden hervorgegangen sind, noch gar nicht vorhanden ist. Es kann also erst während der jüngeren Hominidenevolution entstanden sein. Daß die Frequenzen in Afrika südlich der Sahara beträchtlich höher liegen als in Südostasien, ist ein Beweis mehr, daß der moderne Mensch nicht in Afrika entstanden sein kann.

Zum Ende müssen wir noch eine Überlegung anschließen, die mit einem weitverbreiteten Irrtum aufräumt. Alle Menschen, sagt man, gehören der gleichen Art *Homo sapiens* an. Doch wer sagt uns, daß die ältesten Haplogruppen des modernen Menschen zugleich die ersten sind und der *Homo sapiens* auf dem Y-Chromosom bereits mit *A*, und nicht erst mit *F* beginnt? Lediglich 70 % aller Menschen verfügen über das sogenannte Microcephalin-Gen, welches das Wachstum des Hirnvolumens steuert. Die entscheidende Variante, welche den Beginn der kulturellen Entwicklung einleitet, ist erst vor ca. 37.000 Jahren entstanden. Menschen südlich der Sahara sowie die Ureinwohner Amerikas besitzen diese Genvariante nicht. Sie sind Träger von sehr alten Haplogruppen, die diese Mutation offenbar noch nicht vorweisen können. Adamseitig kann also die Microcephalin-Variante zeitlich nicht unter den Haplogruppen *A* bis



*E* vorkommen, evaseitig nicht vor der Haplogruppe *HV* entstanden sein, die den Aufbruch des Indogermanen markiert. Was damit nur gesagt werden soll, ist, daß die Haplogruppe *F* keinesfalls aus Afrika stammen kann, ebensowenig wie die Haplogruppe *HV* dort entstanden ist. Dies nährt den Verdacht, daß die Entwicklung zum modernen Menschen am Afrikaner vorbeigegangen ist und der Europäer, der das Microcephalin-Gen wahrscheinlich vom Neandertaler bekommen hat, einen viel früheren Ursprung haben muß, als man gemeinhin annimmt. Dafür spricht letztlich auch die keineswegs zufällige Rotfärbung der Haare, die beim Menschen nicht anders entstanden sein kann als bei den anderen Säugern auch, die während der Eiszeit bei uns gelebt haben. Und auch die Hautfarbe kann sich nur vom Asiaten kommend einerseits zum Weißen (*Homo sapiens neanderthalensis*), andererseits zum Schwarzen (*Homo sapiens sapiens*) hin entwickelt haben, einmal heller, einmal dunkler werdend. Die Körpergröße beginnt ebenfalls beim kleinwüchsigen Asiaten (Andamanesen, Aëta) und setzt sich zum größeren Weißen und Schwarzen hin fort. Während der Penis beim Asiaten noch relativ kurz ist und nach Westen hin zunehmend länger wird, gilt analoges für die Größe der weiblichen Brust. Der Schwarze ist dem Weißen zudem von seiner Konstitution her ähnlicher als dem Asiaten. Schließlich nimmt nicht nur die Blutgruppe A von Osten nach Westen zu, sondern auch der Bartwuchs, die Laktoseintoleranz dagegen sinkt.

All diese Feststellungen deuten darauf hin, daß der Mensch vor mehr als 70.000 Jahren von Südostasien aus die Welt besiedelt hat. Seine Hauptwanderrichtung verlief parallel zu den großen Gebirgszügen des Himalaja, Kaukasus und Taurus bis hin zu den Alpen in südost-nordwestlicher Richtung. Abweichungen von dieser „Hauptreihe“ gibt es nur ins zentrale Afrika hinein sowie nach Osten über die Beringstraße oder rückwärts in den Pazifik hinaus. Strahlenförmig führen aber alle diese Bewegungsrichtungen ins Herzen Südasiens zurück, der Urheimat des modernen Menschen mit den noch heute ursprünglichsten Genen.

#### Quellen:

- [1] Hubert Walter, *Populationsgenetik der Blutgruppensysteme des Menschen*, E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Stuttgart, 1998.
- [2] Otto Prokop und Werner Göhler, *Die menschlichen Blutgruppen*. 5. Aufl. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986.