



Der Stammbaum des *Homo sapiens*

Auch wenn prinzipiell nicht mehr daran gezweifelt werden kann, daß der frühe Mensch aus Afrika stammt, so ergeben sich bezüglich der Einordnung des Negriden in die anthropologische Reihenfolge seines sukzessiven Erscheinens doch erhebliche Schwierigkeiten. Afrikaner ist nicht gleich Afrikaner; die Theorie übersieht generell, daß es sich speziell bei den im Sudan lebenden Negriden um dunkle Europide handelt, und auch die Einteilung der Blutgruppensysteme läßt klar erkennen, daß vieles auf eine engere Verwandtschaft des Europiden mit dem Negriden hindeutet als mit dem Mongoliden. Rassengeschichtlich war das südlich der Sahara gelegene Afrika, welches wir heute Schwarzafrika nennen, fast bis zuletzt ein menschenleerer Raum, der erst ab 1500 v. Chr. mit aus Westafrika eingewanderten Bantu-Völkern aufgefüllt wurde, zu einer Zeit also, wo in Asien schon seit Jahrtausenden Hochkulturen blühten. Vor dem ersten Auftreten des Negriden war Afrika mit Angehörigen der kleinwüchsigen afrikanischen Altschicht besiedelt, zu deren Vertretern die noch heute dort lebenden Khoisaniden (Buschmänner, Hottentotten) und Bambutiden (Pygmäen) gehören. Deren Wurzeln weisen jedoch eindeutig in den austro-melanesischen Raum, zu deren Vertretern die ebenfalls kleinwüchsigen Andamanesen und Nikobaresen, aber auch die auf den Philippinen lebenden und als Negritos bezeichneten Aëta gehören, allesamt femininen Rassenstils. Ohnehin ist die Ermittlung des menschlichen Stammbaums ohne Ansehen des Rassenbildes kaum möglich.

Besser geeignet für das Nachvollziehen der Abstammung des Menschen als die autosomale DNA ist die nur von der Mutter weitergegebene mitochondrische DNA. Sie gewährt Einblick in die allerjüngste Vergangenheit des Menschen, in der sich die Entstehung der Rassen erst vollzogen hat. Aus der vermeintlichen Tatsache, daß sich auf dem einen von der ermittelten Wurzel des Stammbaums abzweigenden Ast nur Afrikaner befinden, auf dem anderen Personen aus allen Erdteilen, kann nicht zwangsläufig geschlossen werden, daß die mitochondrische Eva in Afrika gelebt haben muß, weil über die Entstehung dieser Zweige nur Vermutungen angestellt werden können. Beispielsweise könnten nach Afrika zurückkehrende Gruppen neue Zweige erst viel später begründet haben. Auch, daß der mitochondrische Stammbaum tiefe Äste in Afrika, aber sternförmige Struktur außerhalb zeige, muß nicht notwendig die Out-of-Africa-Theorie stützen.

Älteste Funde des fossilen *Homo sapiens* reichen bis auf eine Zeit von lediglich 100.000 Jahren zurück, während die mitochondrische Eva vor ca. 175.000 Jahren gelebt haben soll, also viel älteren Datums ist. Aus diesem Zeitraum liegen aus Afrika aber noch keine Sapiensfunde vor, und die ältesten bekannten Reste sind bereits voll ausgeprägte grob-großwüchsige Europide. Der Stammbaum des *Homo sapiens* basierend auf den Erkenntnissen über die mitochondrische DNA (Abbildung 1) beginnt in Ostafrika (Haplogruppe *M1*) und endet in Europa (Haplogruppe *H*). Die Haplogruppe *M1* ist aber nur äußerster Vorposten einer viel größeren Haupthaplogruppe *M*, die ihr heutiges Zentrum in Indien besitzt, vermutlich unter der drawidischen Urbevölkerung protomalaiischen Ursprungs, und die in ihrem weiteren Verbreitungsgebiet große Teile Süd-, Südost- und Ostasiens umfaßt und im Osten nicht weiter als bis Melanesien reicht. Um den austronesischen Kernraum Borneo gruppieren sich in beträchtlichen Frequenzen die davon abzweigenden Haplogruppen *D* und *E*, wobei die Haplogruppe *E* be-



reits unter der taiwanesischen Urbevölkerung wieder versickert, während die Haplogruppe *D* den Schwerpunkt des späteren tungiden Rassenzentrums bildet und sich von Melanesien bis in den äußersten Zipfel Südamerikas fortsetzt. Die Haplogruppe *D* erreicht ihr Maximum auf den Aläuten und läßt sich über Nordamerika und die Beringstraße zurückverfolgen bis ins Herzen Chinas und weiter nach Südostasien. Parallel dazu entwickelt sich die Haplogruppe *C*, die bereits im Altai deutlich an Frequenz gewinnt und ihr Maximum bei den Ewenken, aber auch bei den benachbarten Jakuten annimmt. Über die Beringstraße folgt diese zweite tungide Haplogruppe dem Verlauf von *D* bis in die äußersten Spitzen Südamerikas. Auf Feuerland stellen *C* und *D* sogar die einzigen Haplogruppen dar. Sie zählen somit zu den ältesten uns bekannten Haplogruppen der mitochondrialen DNA. Zudem fällt auf, daß in Südamerika unter den in Rückzugsgebieten lebenden indigenen Völkern *C* und *D* am häufigsten sind. Die Indianiden Feuerlands charakterisieren somit die ersten palämongoliden Einwanderergruppen Amerikas, die zugleich in die unwirtlichsten Gebiete abgedrängt wurden. Die Haplogruppen *G* und *Z* tauchen, wenn überhaupt, dann meist nur sporadisch auf, während die isolierte Haplogruppe *Q* auf Melanesien begrenzt zu bleiben scheint. Die Haplogruppe *G* läßt sich in Thailand und China nachweisen und erreicht ihr Maximum bei den Burjaten, größere signifikante Anteile sind letztmals auf den Aläuten zu finden. Auch die Haplogruppe *Z* konzentriert sich im wesentlichen auf die Han-Chinesen.

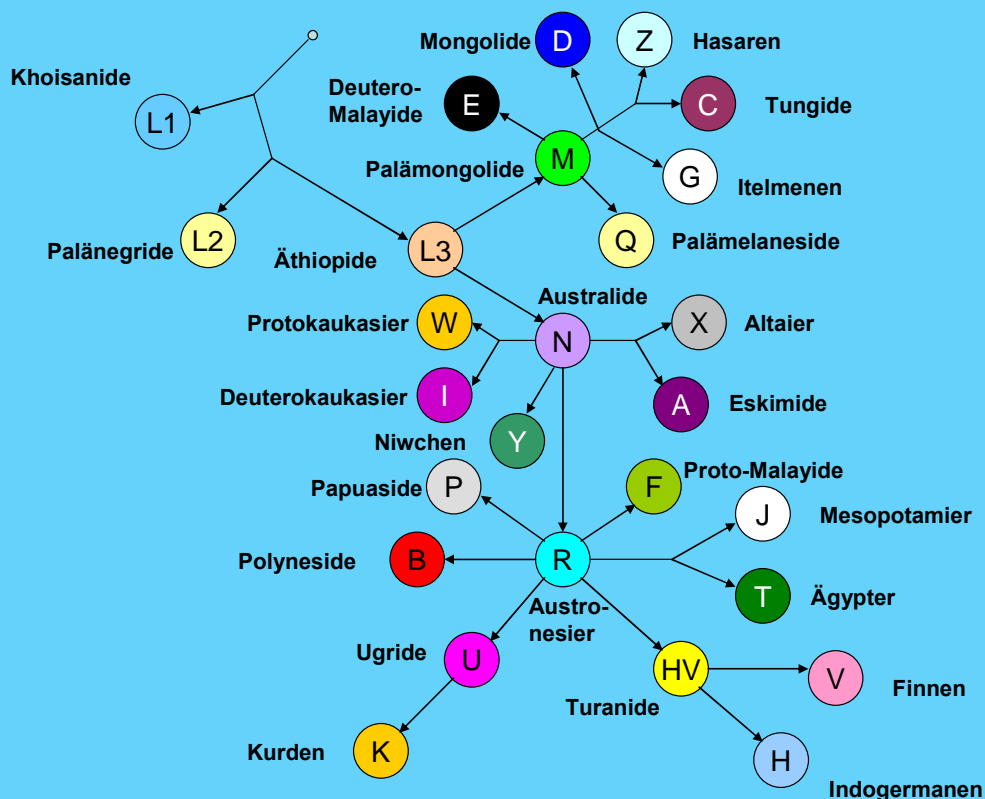


Abbildung 1: Der Stammbaum der mitochondrialen Eva



M kommt also ersichtlich auch in Afrika vor, *L3* hingegen nicht in Asien. Wenn also die austronesische Haplogruppe nach Afrika transportiert wurde, die afroasiatische aber nicht nach Asien, so widerspricht es den Gesetzen der Logik, Afrika als den Ursprung der Mutter-Eva anzunehmen. Vielmehr verhält sich genau umgekehrt, was auch völlig im Einklang mit den anthropologischen Befunden steht. Die direkte Ankopplung erfolgt über die in Süd- und Südostasien stark vertretene Haplogruppe *M*, die in die Altschicht-Haplogruppe *L3* mündet, aus der die anderen afrikanischen Haplogruppen sowie die australide Haplogruppe *N* hervorgehen. Mithin ist die Niger-Kongo-Haplogruppe *L1* die jüngste unter den drei afrikanischen. Die afrikanische Altschicht bildet somit das Bindeglied zwischen Alteuropiden und Mongoliden einerseits und Negriden und Mongoliden andererseits. Würde der Europide sich unmittelbar aus dem Negriden herleiten, hätte mongolides Rassengut niemals Einzug in die Haplogruppe *A* der Eskimiden bzw. die Haplogruppe *Y* der Niwchen halten können, zumal im Negriden noch kaum mongolides Rassengut verankert ist. Die Alteuropiden sind also mit der afrikanischen Altschicht verknüpft und die afrikanische Altschicht wiederum mit den Austronesiern. Erst die Austronesier haben ihre Wurzeln in Ostafrika, allerdings in keiner der Haplogruppen *L*. Als Besonderheit am menschlichen Stammbaum fällt auf, daß die afrikanische Haplogruppe *L3* sozusagen eine Brückenfunktion zwischen *M* und *N* einnimmt, direkt aus Ostafrika heraus wird aber nur *M* gespeist, wo sich zweifellos in der Haplogruppe *M1* auch die Urheimat der „Mutter-Eva“ befinden muß. Des weiteren fällt auf, daß in homogenen Populationen, insbesondere in Schwarzafrika, ganz Amerika, Ozeanien und Australien nur einige wenige Haplogruppen die genetische Vielfalt ausmachen, während speziell bei Völkern Europas und Asiens eine Vielzahl solcher Haplogruppen das mitochondrische Kolorit ergeben, das somit nur als Resultat langdauernder Vermischung angesehen werden kann. Junge, erst seit kurzem entstandene Rassen haben sozusagen noch nicht die nötige Zeit erübrigen können, sich genetisch mit anderen auszutauschen. Sie stellen somit einen noch hohen Reinheitsgrad dar. Das hängt auch mit ihrer Besiedlungsgeschichte zusammen. Am buntesten ist die Durchmischung unter den klassischen Hochkulturen Mesopotamiens, Ägyptens, Chinas und Indochinas.

Während die Haupthaplogruppe *M* weitgehend auf Ost- und Südostasien sowie auf Amerika beschränkt ist, ist die Haplogruppe *N* weltweit verbreitet. So finden wir die australische Haupthaplogruppe *N* nahezu überall, außer südlich der Sahara, und sie nimmt daher auch die längsten Zeiträume für ihre Ausbreitung in Anspruch, während die austronesische Haupthaplogruppe *M* offenbar über das östliche und südliche Asien sowie den amerikanischen Doppelkontinent nicht hinausgekommen ist. So sind Inder und Europäer deutlich weniger miteinander verwandt, als es aufgrund der gemeinsamen indoarischen Abstammung den Anschein haben mag. Viel enger sind die Bande hingegen zwischen Indern und Indonesiern oder Han-Chinesen, selbst ihre Verwandtschaft zu Ostafrikanern ist enger als die zu Europäern. Der Kern der großen weitverzweigten Haupthaplogruppe *N* mit ersten europiden Anklängen liegt vermutlich in Australien. Während die Haplogruppe *N* in China sehr schnell versickert, nimmt ihre größte Untergruppe *A* erstmals in Sibirien größere Ausmaße an und erreicht ihr absolutes Maximum bei den Eskimiden. Diese immer noch deutlich mongolid wirkende Haplogruppe besitzt in den Hochkulturen Mittelamerikas auffallend hohe Frequenzen. Nur einen rudimentären Rest alteuropider Haplogruppen finden wir in geringen Spuren noch in der vorindogermanischen Bevölkerung Europas bzw. der protoiranischen Bevölkerung Asiens vertreten, insbesondere in den bis in die Turanebene verweisenden Haplogruppen *I*, *W* und *X*.

ANTHROPOLOGIE



Die Haplogruppe *A* ist bestimmend für die Na-Dené-Kultur Nordamerikas, deren Verbindung zur Alten Welt aus einem Zipfel Paläosibiriens besteht, und die sich in mehr oder minder ausgeprägten Anteilen aber auch noch bis China findet. *A* scheint indianider Eigenprägung zu sein und kommt bei Eskimiden so gut wie ausschließlich vor. Eine ähnliche Prägung zeigen auch die nur bei den Niwchen vorkommende Haplogruppe *Y* und die im Gebiet der großen Seen angesiedelte Haplogruppe *X*, beide paläosibirischen Ursprungs. Die Paläosibirier ihrerseits sind australider Herkunft.

Die Wiege der Kaukasier steht indes in Indochina, denn dort besitzt die Haplogruppe *R*, die größte und am weitesten verzweigte Untergruppe von *N*, ihr absolutes Maximum. Mit der Abspaltung der Haplogruppe *R*, die sich zunächst noch voll auf Asien konzentriert, ihr Maximum in Thailand annimmt, setzt die jüngere europide Rassengeschichte ein. Von *R* zweigt die Haplogruppe *B* der Polynesier ab, in denen sich noch reichlich Mongolides niedergeschlagen hat. Sie läßt sich über Neu-Guinea und Taiwan, aber auch die Philippinen bis nach China zurückverfolgen und kennzeichnet die paläomongolide Bevölkerung Chinas mit bereits überwiegend europiden Zügen. Sie taucht im gesamten nordsibirischen Raum und auch in Alaska und Kanada nirgends mehr auf. Ihre Häufung an der Westküste des amerikanischen Doppelkontinents deutet aber darauf hin, daß zumindest eine Gruppe Polynesier Süd- oder Mittelamerika auf dem Seeweg erreicht haben muß, möglicherweise von den Osterinseln aus, und daß der kulturelle Anstoß der indianischen Hochkulturen vom pazifischen Raum aus erfolgt ist. Mindestens zwei gesicherte Vorstöße der seefahrenden Polynesier in eisführende Gebiete der Antarktis lassen es als äußerst unwahrscheinlich erscheinen, daß ein Vorstoß nach Osten, weiter als nur bis zu den Osterinseln, nicht im Bereich des Möglichen gelegen wäre. Die Hochkulturen Mittel- und Südamerikas können allem Anschein nach nur eine Folgezivilisation der Polynesier sein, die sich ihrerseits über die Haplogruppen *N* und *L3* auf die Induskultur zurückverfolgen lassen. Das Vordringen der Haplogruppe *B* nach Amerika auf dem Landweg über die Beringstraße scheint hingegen nach den Erkenntnissen, die sich aus der mitochondrischen DNA ergeben, so gut wie ausgeschlossen. Überhaupt sind sämtliche frühen kulturellen Ansätze europiden d.h. australiden Ursprungs, andere Varianten sind aufgrund des höheren Rassenalters der Europiden gar nicht denkbar.

In engerem Bezug zur Haplogruppe *R* steht auch die uralische Haplogruppe *F*, die im Osten bis zu den Ureinwohnern Taiwans reicht, die austroasiatischer Herkunft und allem Anschein nach mit den Polynesiern verwandt sind. Ebenfalls noch vorindogermanischer d.h. kaukasischer bzw. uralischer Natur scheinen die Haplogruppen *J*, *T*, *U* und *K* zu sein. Ihr Verbreitungsgebiet reicht vom Tarimbecken über den Ural bis in den äußersten Westen Europas. Diese Haplogruppen liefern in Nordeuropa nur im slawisch-finnisch-baltischen Raum sowie unter den Türken einen nennenswerten Beitrag zum Gengemisch. Wahrscheinlich handelt es sich bei ihren Trägern noch nicht um eine vollständig helle Komplexion, was auch die relativ hohe Zahl dunkelhaariger West- und Mitteleuropäer erklären würde.

Deutlich auf den iranischen Sprachraum begrenzt ist die einstmals viel weiter verbreitete protoiranische bzw. turanide Haplogruppe *HV*, die heute ein Maximum im Bereich des Turanbeckens aufweist, der vermuteten Urheimat sämtlicher indoeuropäischen Völker, und die sich über ihre unmittelbare Vorläuferin, die Haplogruppe *R*, bis nach Thailand zurückverfolgen läßt. Von ihr zweigt einerseits die indogermanische Haplogruppe *H* ab, die ihr Maximum in Westeuropa annimmt und bis an den Hindukusch und in die Mongolei reicht, andererseits die bei den Samen und Finnen verbreitete finnische Haplogruppe *V*. Wenn man die in Europa einschließlich Nordafrika häufigste Haplogruppe *H* also den Indogermanen zurechnen möch-



te, so ergeben sich letzte Hinweise in den Steppen der Mongolei, wo die Spuren langsam verschwinden. Auch in Kleinasien, Nord- und Nordostafrika, insbesondere in Ägypten, findet sich noch reichlich Indogermanisches in signifikanten Anteilen, was aber wohl erst in der Spätzeit des Römischen Reichs während der germanischen Völkerwanderung dorthin getragen worden sein kann.

Diese Ausbreitungstheorie wird vollkommen gestützt durch die Verteilung der Blutgruppensysteme, soweit sie der hominiden Phase der Sapiensentwicklung zuzuschreiben sind. Es scheint in der Tat eine starke Korrelation zwischen einzelnen Haplogruppen und dem *ABO*-Blutgruppensystem zu geben. So können wir beispielsweise feststellen, daß die Blutgruppe *A* vor allem in der Haplogruppe *N* und ihren Untergruppen *A*, *B* und *H* stark vertreten ist, also unter den australischen Ureinwohnern, den Eskimos, Polynesiern und Indogermanen. Die Blutgruppe *A* ist selten in Südamerika und südlich der Sahara, wo die Haplogruppen *C*, *D* und *L* dominieren, also am Anfang des Stammbaums, weil sie unter diesen beinahe ausgestorben ist. Die Blutgruppe *B* hingegen kennzeichnet die Haplogruppen *M* und *L*, was *L* eindeutig in größere Nähe zu *M* rückt. In den Haplogruppen *N*, *P*, *A* und *B* scheint die Blutgruppe *B* fast völlig zu fehlen, aber auch in *C* und *D*, wo sie bereits gänzlich ausgestorben ist. Die Blutgruppe *O* finden wir in den Haplogruppen *Q*, *C*, *D* und *L1*, *L2*, *L3* in erhöhtem Maße, also in Melanesien, Südamerika und südlich der Sahara, aber auch noch in den etwas jüngeren Haplogruppen *N*, *A*, *B* und *H*, die schon stärker modifiziert sind. Die Blutgruppe *AB* ist in der Haplogruppe *V* am stärksten vertreten, die von der Haplogruppe *HV*, der gemeinsamen Vorfahrin germanischer und finnischer Völker, abzweigt. Wir schließen daraus, daß die jüngsten indigenen Völker in Melanesien, südlich der Sahara und in Südamerika leben, wo die Vielfalt an Haplogruppen am stärksten eingeschränkt ist. Das wird auch durch die dort gesprochenen austronesischen, Niger-Kongo- und amerindischen Sprachen untermauert, die mit kaum einer anderen Sprachfamilie verwandt sind. Es fällt außerdem auf, daß alle diese Völker jeweils an den äußersten Enden großer kontinentaler Landmassen leben, die vom zentralasiatischen Kernraum des modernen Menschen am weitesten entfernt sind. Daher sind die Haplogruppen *L* und *M* älter als die Haplogruppe *N*, die erheblich zahlreichere Modifikationen erfahren hat, erkenntlich daran, daß sie sternförmig verzweigt. Was nun die Verbreitung des anthropologischen Fundguts angeht, so zeigt sich, daß dieses mehrheitlich und einer hohen Kulturstufe sich erfreuend aus dem europäisch-nahöstlichen Raum stammt, wo eindeutig die indogermanische Haplogruppe *H* dominiert, die das derzeitige Endstadium der menschlichen Entwicklung darstellt.

Einen weiteren wichtigen Befund für die Populationsgenetik liefert das Rhesus-Blutgruppensystem, das erst in der hominiden Phase der Menschheitsentwicklung ausgebildet wurde. So werden ältere Populationen mit höherer Wahrscheinlichkeit auch einen jüngeren Haplotyp des Rhesusfaktors aufweisen, da sie ja eine höhere Anzahl von Mutationen erfahren haben, während jüngere in der Regel noch über einen älteren verfügen. Die jüngste Rasse müßte demnach die protomalaiische sein, daher dürfte der hauptsächlich in der europiden Rasse vorhandene Rhesusfaktor *RH*CDe* außerhalb Afrikas in der Tat der älteste sein. Er kommt außer unter Afrikanern bei allen Menschen vor, mit einem Maximum unter den Ureinwohnern Neu-Guineas, aber auch unter der paläosibirischen Bevölkerung Amerikas. Der australische Rhesusfaktor *RH*CDe* kommt unter Afrikanern nur innerhalb der khoisaniden Altschicht vor, die jünger ist als die niger-kongo-sprachigen Afrikaner, bei denen er durch Gendrift wohl schon ausgestorben ist. Dieser Rhesusfaktor fehlt nahezu völlig bei den Bantu-Völkern, die die eigentlichen Negriden ausmachen. Nichtsdestotrotz muß er auch bei den phy-



logenetisch älteren Europäern anfangs in höheren Frequenzen vorhanden gewesen sein, wobei er nach Westen hin deutlich schwächer wird.

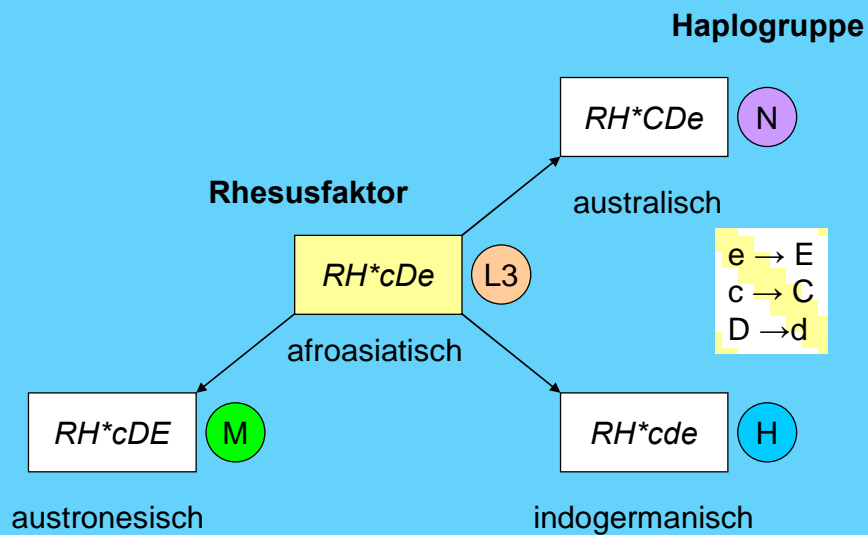


Abbildung 2: Die Entstehung der menschlichen Rhesusfaktoren

Afrika besitzt einen eigenen Rhesusfaktor, der ebenfalls schon vor der Geburt der negriden Rasse dagewesen sein muß, da er das Mittelmeer als Grenze besitzt, die scheinbar erst nach der eustatischen Anhebung des Meeresspiegels gezogen wurde. So findet sich der afroasiatische Rhesusfaktor RH^*cDe vor allem noch in älteren australiden Haplogruppen, nicht mehr jedoch in austronesischen, die offenbar kein Erbe des Präsaapiens sind. Die heute nur noch in Afrika vorhandene Haplogruppe $L3$ war früher zweifellos auch in Süd- und Südostasien verbreitet, was die Existenz des afroasiatischen Rhesusfaktors RH^*cDe in Australien beweist. Der australische Rhesusfaktor RH^*CDDe muß in jedem Fall jünger sein als der afroasiatische RH^*cDe , da er sonst in Afrika in höheren Frequenzen vorkommen würde. Der ältesten Haplogruppe N kann somit als Rhesusfaktor eindeutig dieser australische Haplotyp zugeordnet werden, der sich aus dem älteren afroasiatischen Rhesusfaktor RH^*cDe herleiten läßt. Aus letzterem sind vermutlich alle übrigen Rhesusfaktoren hervorgegangen: der austronesische Rhesusfaktor RH^*cDE und der indogermanische Rhesusfaktor RH^*cde .

Die australische Haupthaplogruppe N hat ihren Ursprung vermutlich in Südostasien, wo sie sich über $L3$ von M abgespalten hat. Sie wurde über die Beringstraße auch bis nach Amerika getragen und später in den Pazifik. Die Abspaltung des Negriden vom Australiden kann jedenfalls nur im australisch-afroasiatischen Kontaktraum innerhalb der afrikanischen Altschicht stattgefunden haben, was durch das gemeinsame Vorkommen der Haplogruppen $L3$ und N unter Palästinensern und Ägyptern in Nordafrika untermauert wird. Der austronesische Rhesusfaktor RH^*cDE kann somit ebenfalls nur aus dem afroasiatischen hervorgegangen sein, und dies muß sich nahe Australien ereignet haben, sonst hätte er nicht bis nach Amerika Verbreitung finden können. Er findet sich bei sämtlichen Haplogruppen, die von M abzweigen, sowie in $L3$, nur nicht bei den sich später von der afrikanischen Altschicht abspaltenden Negriden der Haplogruppe $L2$. Insbesondere vermißt man unter Negriden den Rhesusfaktor



*RH*cDE* nahezu völlig, d.h. wegen deren späten Erscheinens kann dieser Rhesusfaktor nur jüngeren Datums sein. Er kennzeichnet die Sprecher austronesischer, sinotibetischer und amerikanischer Sprachen. Der austronesische Rhesusfaktor *RH*cDE* muß jedenfalls jünger sein als der australische, da auf Madagaskar neben dem afroasiatischen fast ausschließlich der australische Rhesusfaktor vorkommt, der wahrscheinlich von polynesischen Gruppen über den Indischen Ozean auf die Insel gebracht worden ist, noch bevor es den austronesischen Rhesusfaktor überhaupt gab.

Der Rhesusfaktor *RH*cde* ist sicher als letzter entstanden, da er im Osten fast völlig fehlt, insbesondere auch unter den Alteuropiden des austro-melanesischen Raums. Er deckt sich weitgehend mit dem Bereich der germanischen Kentumsprachen, kann daher erst während der relativ späten Entstehung der negriden Rasse entstanden sein. Beim Rhesusfaktor verhält es sich nämlich so, daß dasjenige Allel (*D* oder *d*), welches zu Beginn in der Minderzahl ist, immer als erstes ausstirbt. Der indogermanische Rhesusfaktor kann daher in der afrikanischen Altschicht noch nicht vorhanden gewesen sein und konnte sich innerhalb der australiden Haupthaplogruppe *N*, wo er zahlenmäßig unterlegen war, nur in der Haplogruppe *R* gegen ältere Rhesusfaktoren behaupten. Rhesus-negativ kommt außer in Europa und Südasien nur in Afrika vor. Dies zeigt, daß der Mensch seinen Rhesusfaktor in Afrika verloren haben muß, und daß Afrikaner und Europäer enger verwandt sind als Afrikaner und Mongolide – sonst wäre er nicht auch unter den Bantu-Völkern zu finden. Es zeigt ebenso, daß die Vorfahren der heutigen Afrikaner von Nordosten (Neu-Guinea) aus nach Afrika eingewandert sein müssen. Der indogermanische Rhesusfaktor kann daher frühestens kaukasischen Haplogruppen zugeordnet werden, nicht jedoch australiden generell. Das ist auch der Grund, warum für die Haupthaplogruppe *N* die beiden in Europa häufigsten Rhesusfaktoren *RH*CDe* und *RH*cde* charakteristisch sind. Die meisten rhesus-positiven Europäer sind nämlich heterozygot, d.h. sie besitzen eine Kombination aus beiden Allelen.

Getreu dem Prinzip, wonach die ältesten Rassen stets am stärksten durchmischt sind und die jüngsten die ältesten Gene besitzen, können wir hinsichtlich der Verteilung der Haplogruppen feststellen, daß die Haplogruppe *N* in jedem Fall älter sein muß als die Haplogruppe *M*. So ist beispielsweise der indogermanische Rhesusfaktor innerhalb der jüngsten austronesischen Rassen, die durch die Haplogruppen *M*, *Q*, *C*, *D* und *E* charakterisiert sind, noch gar nicht festzustellen, und auch noch nicht innerhalb der ältesten australiden Haplogruppen *N* und *P*. Erst die Haupthaplogruppe *N* weist sämtliche Rhesusfaktoren auf, wengleich der afroasiatische Rhesusfaktor mit Ausnahme von Afrika, wenn man das erhöhte Vorkommen auf der Arabischen Halbinsel ausklammert, schon in Australien nahezu ausgestorben war. Insofern steht die Haplogruppe *L3* einmal mehr der Haplogruppe *N* näher, wobei nur die Haplogruppe *M1* direkt nach Afrika verweist. Die Haplogruppe *L3* kommt nämlich nicht nur im afrikanisch-asiatischen Kontaktraum vor, sondern auch unter den Berberiden Nordafrikas, also in eindeutig nicht negriden Bevölkerungen. Dasselbe gilt, wengleich in bescheidenerem Umfang, auch für die Haplogruppen *L2* und *L1*, wobei die Haplogruppe *L2* den negriden Bantu-Stämmen zuzuordnen ist, also erst relativ jungen Datums sein kann. Die Wurzel des menschlichen Stammbaums mag zwar theoretisch immer noch in Afrika zu suchen sein, allerdings haben die Bantu das heute von ihnen besiedelte Gebiet erst im ersten Jahrtausend vor Christi bezogen. Der Ursprung der mitochondrialen Ur-Eva darf daher nur in der Haplogruppe *N*, etwa unter den Vorfahren der Ureinwohner Australiens angenommen werden.

Auch das Gammaketten-Marker-System (Abbildung 3) ist erst während der hominiden Sapiensentwicklung entstanden. In ähnlicher Weise wie beim Rhesussystem entspricht bei



diesem Blutgruppensystem der Haplotyp $GM^*1;21$ dem australischen Rhesusfaktor RH^*CDe , der nahezu die gesamte australische Haplogruppe N repräsentiert. Charakteristisch für diese älteste Haupthaplogruppe ist ebenfalls der jüngere Gammaketten-Marker-Haplotyp $GM^*1,3;5,13$, der allerdings auf den austroasiatischen Raum begrenzt bleibt. Von Afrika kommend kann dann der Gammaketten-Marker-Haplotyp der europiden Altschicht $GM^*1;5,13$, der dem afroasiatischen Rhesusfaktor RH^*cDe entspricht, auf die Haplogruppe $L3$ übertragen werden, wobei der nur bei den Bantustämmen vorkommende afrikanische Haplotyp $GM^*1;5,6$ der Haplogruppe $L2$ gleichzusetzen ist. Die Brücke zum Mongoliden hingegen stellt der austronesische Haplotyp $GM^*1,2;21$ dar, der dem austronesischen Rhesusfaktor RH^*cDE und der Haupthaplogruppe M entspricht. Ins Europeide verweist dagegen der Haplotyp $GM^*1;13,15,16$, der vermutlich das Pendant zur Haplogruppe A darstellt. Der Haplotyp $GM^*3;5,13$ schließlich ist dem indogermanischen Rhesusfaktor RH^*cde der Haplogruppe H vergleichbar.

Gammaketten-Marker-Haplotypen

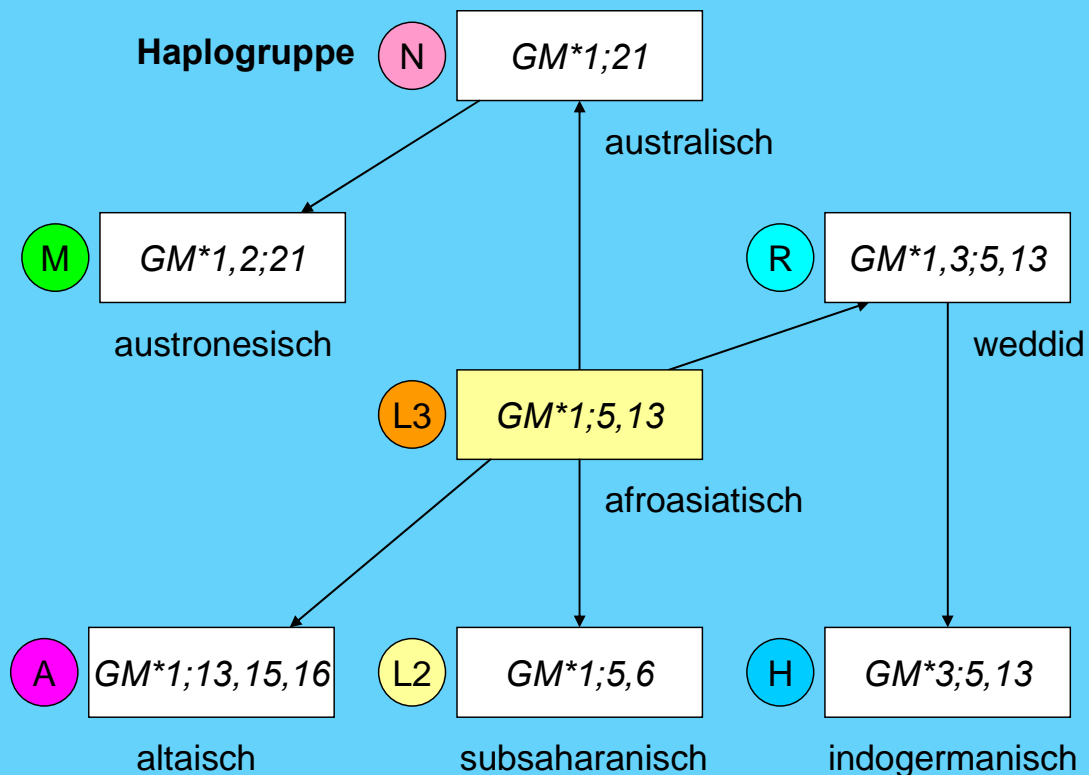


Abbildung 3: Die Entstehung des Gammaketten-Marker-Systems

Völlig analog zu den mitochondrischen Haplogruppen verläuft die Einteilung nach Sprachfamilien. Ausschließlich auf Niger-Kongo-Sprachen beschränkt ist der subsaharanische Haplotyp $GM^*1;5,6$ (Haplogruppe $L2$), der wiederum nur aus dem afroasiatischen hervorge-

ANTHROPOLOGIE



gangen sein kann. Eine Besonderheit stellt in Asien der altaische Haplotyp $GM^*1;13,15,16$ dar, der rein auf altaische Sprachen begrenzt ist und nur auf den alteuropiden bzw. afroasiatischen Haplotyp $GM^*1;5,13$ (Haplogruppe $L3$) folgen kann. Sicher ist, daß dieser Haplotyp nicht weiter als bis Nordamerika gelangt ist. Des weiteren fällt in Asien noch ein weddider Haplotyp $GM^*1,3;5,13$ (Haplogruppe R) auf, der auf die austroasiatischen, sinotibetischen, die Tai-Kadai- und die austronesischen Sprachen beschränkt ist, also erst in jüngerer Zeit entstanden sein kann, zumal er in Australien noch nicht vorkommt. Fest steht, daß die Träger dieses Merkmals auf jeden Fall nicht nach Amerika gelangt sind. Der ältere australische Haplotyp $GM^*1;21$ ist in jeder Sprache dieser Welt der häufigste, außer in den Niger-Kongo- und den nilo-saharanischen Sprachen, und daher vermutlich auch der älteste. Seine größte Frequenz erreicht dieser Haplotyp in den Papua- und austronesischen Sprachen, aber auch unter den drawidischen und sinotibetischen sowie den eskimo-aläutischen Sprachen kommen signifikant hohe Frequenzen vor, während in Europa nur noch die Basken und die uralisch sprechenden Samen überdurchschnittlich hohe Werte erreichen. Die im äußersten Nordwesten Asiens gesprochenen paläosibirischen Sprachen sind ebenfalls mit diesem Haplotyp in Verbindung zu bringen. Der afroasiatische Haplotyp (Haplogruppe $L3$) entspricht exakt den Sprechern afroasiatischer Sprachen, wohingegen der austronesische Haplotyp $GM^*1,2;21$ (Haupthaplogruppe M) mit Sprechern altaischer und uralischer, aber auch indigener amerikanischer Sprachen übereinstimmt. Der indogermanische Haplotyp $GM^*3;5,13$ (Haplogruppe H) schließlich deckt sich überwiegend mit dem Verbreitungsgebiet indogermanischer Sprachen. Er kommt außer in Europa und Südasien praktisch nur in Nordafrika häufiger vor.

Der menschliche Stammbaum beginnt also mit der Haplogruppe $L3$ in Ostafrika, verlagert sich dann über einen größeren Zeitraum, in dem Funde fehlen, nach Südostasien in den australo-melanesischen Raum, dem vermuteten Zentrum der Haplogruppe N , die noch die europide Altschicht repräsentiert. Die dort abzweigenden Haplogruppen sind X und A , die mit der ersten Einwandererwelle nach Amerika gebracht wurden. Eine Gruppe dieser Alteuropiden gelangte auf einer südlich des Himalaya verlaufenden Wanderoute zurück nach Afrika und stellte dort die teilweise durch negride Züge charakterisierte afrikanische Altschicht der Haplogruppe $L1$, die sich bis nach Südafrika ausbreitete. Ein anderer Teil dieser bereits mongolid anmutenden Bevölkerung wanderte von dort aus wieder gen Osten und rekrutierte auf dem asiatischen Kontinent die paläomongolide Ureinwohnerschaft Südostasiens. Von dort erfolgte der weitere Weg der Austronesier einerseits in die Gebiete Sibiriens, wo sich im Altai-Gebirge die mongolide Rasse herausbildete, deren Vertreter in einer zweiten Welle über die Beringstraße nach Nordamerika einwanderten, andererseits entstand in China die europide Rasse der Polynesiden, die den Pazifik bis zu den Osterinseln befuhren und von dort aus in einer dritten Einwanderungswelle die Hochkulturen Amerikas begründeten. Aus einem anderen Teil der Australiden, der südlich des Himalaya zog, entwickelten sich die Weddiden (Haplogruppe R), während wieder ein anderer Teil sich nördlich in die Altai-Region und weiter ins Tarimbecken wandte und dort die protoiranischen Völker (Haplogruppe HV) stellte, von denen sich später die Indogermanen (Haplogruppe H) abspalteten. Mithin stellen letztere auf der Skala der mitochondrischen DNA das derzeitige Endstadium der menschlichen Evolution dar.

Etwas anders liegen die Verhältnisse, wenn man den Stammbaum nach dem Adam des Y-Chromosoms (Abb. 4) ermittelt. Die darin genannten Haplogruppen haben nichts mit denen der mitochondrischen Eva zu tun.

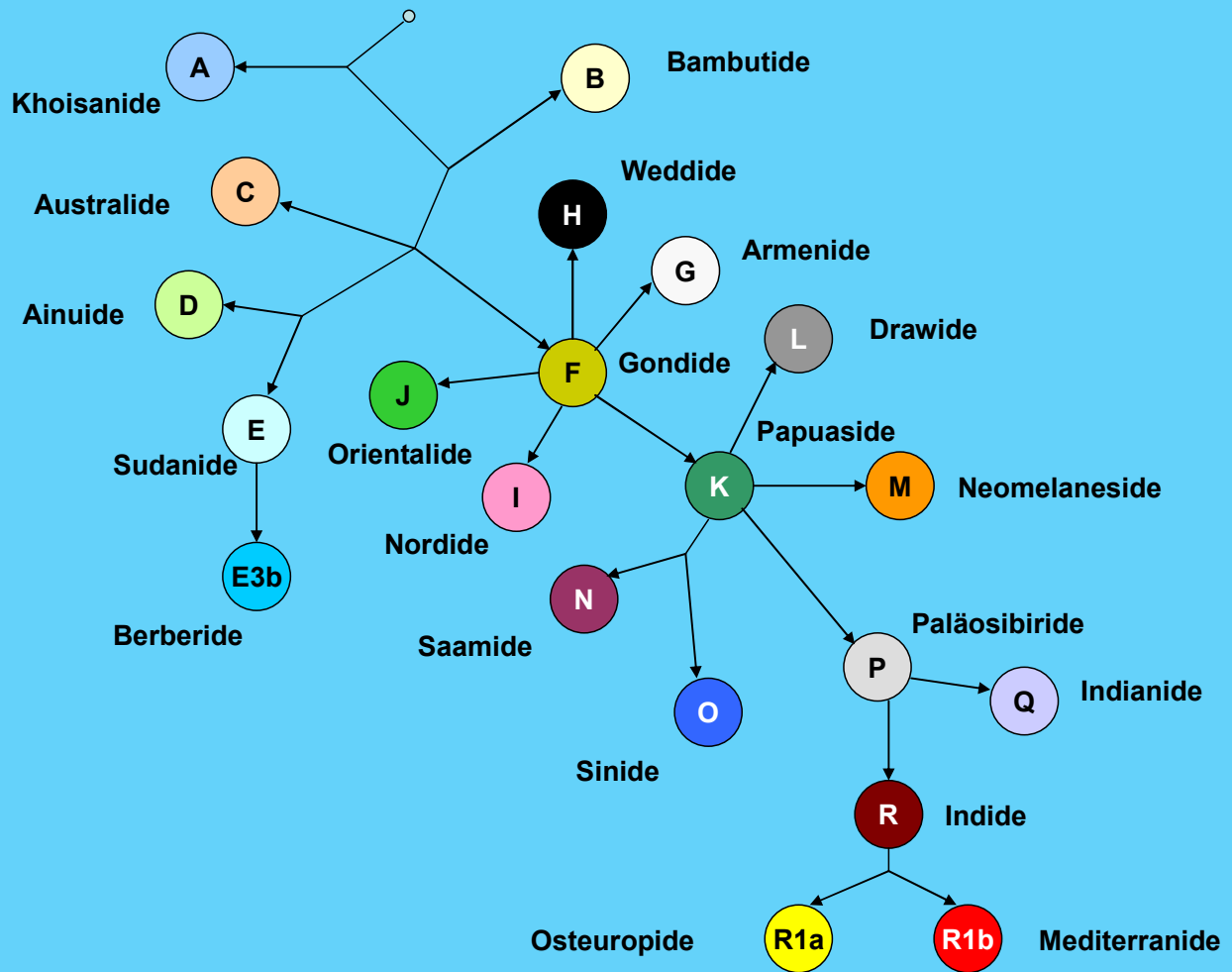


Abbildung 4: Der Stammbaum nach dem Adam des Y-Chromosoms

Von der berechneten Wurzel des Stammbaums zweigen zunächst die Khoisaniden ab, die nach dem Adam des Y-Chromosoms derzeit älteste bekannte Rasse. Es folgen darauf die Bambutiden (Pygmäen) und parallel dazu die 4 Haplogruppen der Australiden (Haplogruppe C), Ainuiden (Haplogruppe D), Sudaniden (Haplogruppe E) und Weddiden (Haplogruppe F). D beschränkt sich vollständig auf Asien, während E nur in Afrika südlich der Sahara vorkommt. Da es außerdem C, D und F nur in Asien und somit nur außerhalb Afrikas gibt, können sich die beiden Haplogruppen D und E auch nur in Asien voneinander getrennt haben, und nicht bereits in Afrika, was wiederum nur bedeuten kann, daß die Bantu-Völker, von denen später noch die Kafriden (Haplogruppe E3b) abzweigen, nach Afrika eingewandert sein müssen. Da die Khoisaniden und Bambutiden heute nur noch Randgruppen darstellen, beginnt der eigentliche Stammbaum innerhalb der Altschicht mit der Haplogruppe C, die ausschließlich in Ostasien, Australien und Nordamerika verbreitet ist und den Australiden, aber auch den Polynesiden angehört. Daß C, welches der Haplogruppe N der mitochondrischen Eva entspricht, unter traditionell mongoliden Völkern wie den Burjaten, Ewenken, Korjaken



und selbst unter den Mongolen signifikant vorkommt, zeigt, daß die Mongoliden in patrilinearer Abstammung Alteuropide sind, während die Chinesen eindeutig dem austronesischen Rassenkreis zuzuordnen sind. Weitere europide Elemente finden wir bei den Pygmäen (Haplogruppe *B*) und den viel später entstandenen Ainuiden (Haplogruppe *D*). Die Ainu, welche als die japanischen Ureinwohner anzusprechen sind, haben ihr Häufigkeitsmaximum in Tibet und dürften von dort aus nach Japan eingewandert sein, während die Haplogruppe *E* der Negriden in Spuren noch im Mittleren Osten auftaucht. Irgendwo dazwischen scheinen sich die Negriden von den Ainuiden abgespalten zu haben, wobei letztere nach ihrem Erscheinungsbild mehr der afrikanischen Altschicht ähneln. Die Khoisaniden und Bambutiden stellen also zusammen mit den Australiden und Weddiden die sogenannten Alteuropiden. Von den Weddiden zweigen ab die Gondiden (Haplogruppe *H*), die Orientaliden (Haplogruppe *J*), die Germaniden (Haplogruppe *I*), die Armeniden (Haplogruppe *G*) sowie die Papua (Haplogruppe *K*). Bis hierher sind, außer vielleicht unter den Khoisaniden, noch keinerlei mongolide Rassenelemente erkennbar, und auch die typisch negriden Merkmale verschwinden spätestens bei den Australiden. Erst bei den von der Haplogruppe *K* abzweigenden Haplogruppen *N* und *O* der Tungiden und Siniden und bei den Paläosibiriern tauchen mongolide Merkmalskombinationen wieder auf. Australische Elemente wiederum zeigen die Papua, während die Paläosibirier das Europide fortpflanzen. Mongolide Elemente gelangen über die Haplogruppe *P* (Paläosibirier) auch in die Haplogruppe *Q* der Eskimiden, während die europiden Rassenmerkmale vornehmlich über die Haplogruppe *R* der Turaniden weitergegeben werden, die von Australien bis ins Herz Afrikas vordringen.

Es wird noch zu klären sein, wie die turanide (altpersische) Haplogruppe *R* in signifikanten Anteilen unter die Bevölkerung Kameruns gelangen konnte, und zwar speziell nur unter diese, während sie im Rest West- und Südafrikas völlig fehlt. Vermutlich wird die Erklärung auch eine Antwort darauf geben können, wie sich der turanide (indoeuropäische) Rhesusfaktor *RH*cde* (Rhesus-negativ) in die afrikanische Bevölkerung mischen konnte, wobei dieser Rhesusfaktor, wie mehrfach erwähnt, erst nach Loslösung Australiens in der turaniden Bevölkerung entstanden sein kann. Wir werden uns wohl mit dem Gedanken vertraut machen müssen, daß Nordafrika einschließlich des Gebiets, auf dem sich heute die Sahara ausbreitet, früher von Europiden besiedelt war, denen auch die Felszeichnungen und Steinkreise zuzuschreiben sind, welche sich im Bereich des Tassili, des Akakusgebirges und in Transvaal so zahlreich finden. Vermutlich war der dauernde Aufenthalt der Europiden in Afrika unmöglich geworden, da sie der Malaria und anderen Tropenkrankheiten nichts entgegensetzen hatten. Nur die negride Rasse verfügt aufgrund besonderer Blutgruppensysteme über ausreichende Schutzmechanismen, um sich einen länger dauernden Aufenthalt in den Tropen erlauben zu können, was allerdings immer auch zu Lasten einer gewissen genetischen Abkopplung geht und mit zahlreichen Erbkonflikten verbunden ist.

Adamsseitig ist der Mensch also Austronesier, evaseitig Australider. Viele Europäer besitzen wenigstens ein Allel des australischen Rhesusfaktors, während der austronesische in Europa eher selten ist. Die Unterschiede liegen in dem etwa doppelt so hohen Alter der mitochondrialen Eva begründet verglichen mit dem etwa nur 60.000 Jahre zurückreichenden Alter des Adam des Y-Chromosoms. Wahrscheinlich schauen wir mit ihm nicht weit genug in die Vergangenheit zurück, so daß insbesondere die frühen Zustände Afrikas nur unzureichend Aufschluß geben können. Während in der älteren Darstellung der mitochondrialen Eva die Weddiden noch aus den Australiden hervorgehen, sind sie beim Adam des Y-Chromosoms mit diesen gleichauf. So wie die Paläosibirier der mitochondrialen Eva aus den Austronesi-

ANTHROPOLOGIE



ern entstehen, folgen sie beim Adam des Y-Chromosoms auf die Papua. Bei der mitochondrialen Eva gehen die Turaniden unmittelbar aus den Weddiden hervor, wohingegen sie bei Adam des Y-Chromosoms den Paläosibiriern entspringen. Die Papua, die beim Adam des Y-Chromosoms Austronesier sind, sind in der mitochondrialen Eva Australide. Dasselbe trifft auch auf die Eskimiden zu. Die Orientaliden leiten sich bei der mitochondrialen Eva direkt von den Australiden her, beim Adam des Y-Chromosoms hingegen von den Weddiden. Polynesier gibt es beim Adam des Y-Chromosoms überhaupt nicht, sie gehen augenscheinlich völlig in den Australiden auf. Die Finno-Ugrier zweigen beim Adam des Y-Chromosoms unmittelbar von den Weddiden ab, bei der mitochondrialen Eva jedoch von den Turaniden. Über die Aufschlüsselung der amerikanischen Indianer lassen sich aus dem Adam des Y-Chromosoms nur ganz bescheidene Informationen ziehen, sie können nicht weiter aufgelöst werden als bis zu den Eskimiden. Insbesondere die Tungiden und Siniden haben keinerlei Entsprechungen zur mitochondrialen Eva. Nur eines scheint bei jeder Art von Stammbaum sicher: Am Ende seines Verlaufs steht stets der kulturell hochstehende Europäer, während sich am Anfang nur Naturvölker finden, die bei ihrer Entdeckung noch auf der Stufe der Steinzeit standen und denen Jahrtausende ihrer kulturellen Entwicklung fehlen. Mögen auch nur geringe Unterschiede zwischen den einzelnen Haplogruppen herrschen, so darf dennoch nicht übersehen werden, daß die heute ältesten Völker die gesamte Abfolge der Haplogruppen bereits zu einem früheren Zeitpunkt in einem früheren Entwicklungsstadium durchlaufen haben, während sich die jüngeren gerade erst auf dieser Stufe befinden. Wissenschaftlich gesehen liegt nichts Wertendes darin, den einzelnen Haplogruppen die Namen von Völkern oder Rassen zuzuordnen, politisch gesehen könnten diese Erkenntnisse jedoch dazu mißbraucht werden, aufgrund einer vermeintlich besseren Position im Stammbaum anderen Völkern seine Herrschaft aufzuzwingen, was in der Vergangenheit nicht wenige Völker durch Kolonialismus und Imperialismus leidvoll erfahren mußten. Denn die Reihenfolge der Haplogruppen macht gleichzeitig die Stufen der kulturellen Leistungen sichtbar, welche von einzelnen Völkern erbracht wurden, und erlaubt somit eine wertende Unterscheidung. Nicht zuletzt liefert der menschliche Stammbaum auch ein Spiegelbild der Entwicklung des menschlichen Geistes, die sich in militärischer Überlegenheit ausdrückt, beginnend mit dem Faustkeil bis hin zur Atombombe.