

Genetische und phänotypische Vielfalt des Menschen

Eine Auseinandersetzung um das Rassen-Konzept

In seinem Beitrag *Die genetische Vielfalt der Menschen widerspricht der Einteilung der Menschen in „Rassen“* nahm der Anthropologe und Biologiedidaktiker Ulrich Kattmann zur aktuellen Diskussion um die Menschenrassen Stellung. Ein Anknüpfungspunkt war der Beitrag *Immer wieder missverstanden – Die Unterteilung von Arten in Rassen* des Zoologen Werner Kunz, der in der Zeitschrift *Biologie in unserer Zeit* veröffentlicht worden war. Dieser sah sich wiederum zu einer Replik veranlasst. Wir geben beiden Autoren die Gelegenheit, ihren Standpunkt darzulegen.

Werner Kunz, Düsseldorf

Merkmale, die Anpassungen an die lokalen Lebensverhältnisse sind, ermöglichen die Einteilung der Menschen in Rassen

Im September 2019 wurde auf der 112. Jahrestagung der Deutschen Zoologischen Gesellschaft in Jena die *Jenaer Erklärung* veröffentlicht und in gleich mehreren Publikationen verbreitet. In der Erklärung wird verkündet, es gäbe beim Menschen keine Rassen. Eine ausführliche Recherche der Problematik wurde auch in der *Naturwissenschaftlichen Rundschau* von Ulrich Kattmann veröffentlicht, basierend auf dessen Veröffentlichungen, die bis in die 1980er Jahre zurückreichen [1]. Damit ist ein tiefer Riss zwischen den Wissenschaftlern entstanden, die den Begriff Rasse beim Menschen abschaffen möchten, und denjenigen, die am Rassebegriff festhalten. Die einen Autoren sind überzeugt, dass es bei der Art *Homo sapiens* keine Rassen gibt [1–3]. Die anderen folgen den klassischen Evolutionsbiologen und Taxonomen des vorigen Jahrhunderts [4–6] und wenden den Rassebegriff weiterhin auch auf den Menschen an [7–13]. Wie kann es zu so deutlich einander widersprechenden Auffassungen kommen?

Zwei verschiedene Möglichkeiten, Rassen zu definieren: Taxonomische Abgrenzung nach Anpassungsmerkmalen oder nach allgemeiner alleler Verschiedenheit

Die Hauptursache liegt darin, dass der Begriff „Rasse“ verschieden definiert wird [14, 15]. Das klassische Verständnis von Rasse in der Zoologie ist das eines in geographischer Distanz sich teilweise unabhängig entwickelnden phylogenetischen Zweiges. Sexualbarrieren zwischen Rassen gibt es nur in Ansätzen, so dass die unabhängige Entwicklung des Zweiges auf der geographischen Entfernung zwischen den Rassen beruht und im Überschneidungsbereich die eine Rasse kontinuierlich in

die andere übergeht. In diesen kinalen Übergangsbereichen können die Individuen keiner der beiden Rassen zugeordnet werden; es sind somit Organismen, die keiner Rasse angehören. Wichtig zum Verständnis des Rassebegriffs ist, dass nur die Individuen im Überschneidungsbereich keinen Rassen angehören. Die meisten Individuen können trotz der kinalen Überlappung aufgrund ihrer Merkmalsdifferenzen eindeutig bestimmten Rassen zugeordnet werden. Ein schönes Beispiel ist die Kohlmeise (*Parus major*), die von Westeuropa (*Parus major major*) bis Südostasien (*Parus major cinereus*) in ca. sechs deutlich unterscheidbaren Rassen vorkommt [16].

Bei evolutionär alten und geographisch weit verbreiteten Arten verlieren die weit entfernten Rassen sogar oft ihre Fähigkeit zur erfolgreichen Reproduktion miteinander. Es sind dann nur die benachbarten Rassen miteinander fruchtbar kreuzbar, nicht mehr alle Rassen einer Art [16, 17].

Der Evolutionsbiologe und Taxonom Bernhard Rensch erkannte schon in den 1920er Jahren, dass nahezu alle Arten aus jeweils einer verbundenen Kette von Rassen zusammengesetzt sind, die sich in einigen (meist sehr wenigen) typischen Merkmalen voneinander unterscheiden. Lokale Rassen vertreten die Art in verschiedenen geographischen Räumen und zeigen die jeweils unterschiedlichen Anpassungen an die lokalen Verhältnisse an, gehen aber gleitend ineinander über. Rensch schlug daher vor, den Begriff „Art“ überhaupt fallen zu lassen und durch den Begriff „Rassenkreis“ zu ersetzen [4, 16]. Leider hat sich der Begriff „Rassenkreis“ nicht durchgesetzt und wird heute in der Taxonomie nicht mehr verwendet. Vielfach ist der Begriff „Ring-Spezies“ an die Stelle des Begriffs „Rassenkreis“ getreten, obwohl unter Ring-Spezies etwas anderes verstanden wird als das, was Rensch mit dem Begriff Rassenkreis beabsichtigte [15]. Unter Ring-Spezies versteht man eine Rassenkette, die sich ringförmig um ein Gebirge, eine Wüste oder um den Nordpol geographisch ausgebreitet hat, wobei dann die Enden der Rassenkette unter natürlichen Bedingungen wieder zusammentreffen und dort nicht mehr miteinander reproduktiv kompatibel sind [18].

Der Terminus „Rasse“ wurde von den klassischen Taxonomen immer gleichbedeutend mit dem Wort „Unterart“ (Subspezies) verwendet [4, 19]. Ideologische Grundeinstellungen und Wertungen, historische Erfahrungen, Bindungen an Weltanschauungen und soziale Erwägungen sind der Grund dafür, dass derzeit dazu aufgefordert wird, den Begriff der „Rasse“ nicht mehr zu verwenden und durch „Unterart“ zu ersetzen [3]. Die Vermeidung des Gebrauchs bestimmter Wörter hat mit dem Streben nach wissenschaftlicher Erkenntnis jedoch nichts zu tun. Außerdem wurde ein weniger mit Wertungen belastetes Ersatzwort für Rasse bisher nicht gefunden, und die Angehörigen einer bestimmten schwarzafrikanischen Rasse als Unterart zu bezeichnen, könnte als stärkere Diskriminierung empfunden werden als die Verwendung des bisherigen Rassebegriffs.

Die gegenwärtige Ornithologie beispielsweise unterscheidet ca. 11 000 Vogelarten, von denen die meisten in mehrere Rassen unterteilt sind [20, 21]. Viele Hunderte Publikationen über Vogelrassen (deren Zahl in fast sechsstelliger Höhe liegt) belegen, wie erfolgreich das Rassenkonzept ist [22]; ähnliches gilt auch für Säuger- und Molluskenrassen u.a. Es ist also nicht möglich, den Rassebegriff im Alleingang abzuschaffen. Die Untergliederung in Rassen erfolgt nach genetisch basierten phänotypischen Merkmalen, die in den meisten Fällen lokale Anpassungen an die speziellen Ernährungsbedingungen und die sonstigen Habitat- und Klimaverhältnisse in den jeweiligen geographischen Regionen sind. Zum Beispiel unterscheidet sich der Sibirische Tiger durch seine Körpergröße und das dichtere Fell von seinen südlichen Verwandten, beides Adaptionen an das kalte Klima seiner Heimat, ebenso wie sich die ursprünglichen Bewohner des afrikanischen Kontinents durch eine sonnenschützende dunkle Hautfarbe von den Bewohnern sonnenärmerer geographischer Zonen der nördlichen Halbkugel unterscheiden (Abb. 1).

Die biologisch relevanten Unterschiede zwischen den Rassen sind hauptsächlich Anpassungen an die unterschiedlichen lokalen Umweltverhältnisse, die den Rassen das Überleben und die Fortpflanzung in unterschiedlichen geographischen Regionen ermöglicht haben. Obwohl eine solche Rasse-Definition vielfach als „typologisch“ bezeichnet wird, ist dies keinesfalls eine typologische Klassifizierung, denn unter Typologie versteht man eine taxonomische Einteilung nach unbewerteten Merkmalen, während es hier um eine Gruppenabgrenzung nach evolutionär bedeutsamen Merkmalen geht, die die Entstehung eines separaten phylogenetischen Zweiges andeuten [23].

Rassenmerkmale sind fast immer sehr gering an Zahl; in der Gesamtheit ihrer Genome sind Rassen kaum voneinander verschieden. Da Rassen durch (meist) adaptive Merkmale voneinander unterschieden sind, können Rassen evolutionär recht schnell entstehen (und auch wieder verschwinden). Diese Prozesse spiegeln sich nicht in Differenzen in neutralen DNA-Sequenzen wider.

Seit Lewontin [24] hat sich die Auffassung verbreitet, die Abgrenzung von Gruppen nach Merkmalsunterschieden der ihnen angehörenden Organismen beruhe auf menschlicher „Willkür“ in der Auswahl dieser Merkmale [2, 3]. Merkmale, die die geographische Anpassung an bestimmte Habitate und



Abb. 1. Das Bild zeigt den Autor bei der Tierphotographie im Regenwald von Uganda 2021, zusammen mit einem einheimischen Begleiter. Selbstverständlich unterscheiden sich alle Menschen in sehr vielen ihrer Merkmale. Das ist aber nicht das, was die Merkmals-orientierte Taxonomie zum Ausdruck bringen will. Der Rassenunterschied besteht darin, dass innerhalb Europas jemand nicht mit gleicher Wahrscheinlichkeit in Hautfarbe und Haarform so aussieht wie mein Begleiter hier in Afrika.

Klimate anzeigen, sind jedoch keine durch den Menschen subjektiv getroffene Auswahl aus der Fülle der Merkmale der Organismen, sondern werden vom Beobachter empirisch in der Natur wahrgenommen und in ihrer objektiven evolutionären Bedeutung begründet [13]. Nur die typologische Klassifikation beruht auf subjektiv vom Menschen ausgewählten Merkmalen.

Seit Lewontin [24] verbreitete sich ferner vor allem unter Populationsgenetikern die Ansicht, taxonomische Gruppen müssten sich generell genetisch voneinander unterscheiden. Das ist aber nicht immer der Fall. Bei der Entstehung von Arten ist zwischen allopatrischer und sympatrischer Artbildung zu unterscheiden. Bei der allopatrischen Artbildung entstehen die Artunterschiede durch reinen Zufall. Da spielt die Selektion keine Rolle. Deswegen dauert es oft sehr lange, bis selektionsgeförderte präzygotische Artbarrieren entstehen. In diesem Zeitraum aber entstehen viele Unterschiede in neutralen DNA-Sequenzen und in solchen Genen, die mit dem Prozess der Artbildung nichts zu tun haben. Im Gegensatz dazu entstehen Arten unter sympatrischen Bedingungen unter Selektionsdruck, der die Barrieren zwischen zwei Arten oft schnell entstehen lässt [25]. Da reicht der evolutionäre Zeitraum oft nicht aus, dass auch Unterschiede in neutralen DNA-Sequenzen und in solchen Genen entstehen können, die mit dem Prozess der Artbildung nichts zu tun haben.

Der Prozess der sympatrischen Artbildung macht deutlich, dass Artbildung nicht unbedingt etwas mit genereller genetischer Verschiedenheit zu tun hat. Das gilt ebenso für Rassen, die ja definitionsgemäß alle sympatrisch miteinander verbunden sind (also nicht unter allopatrischen Bedingungen

entstehen) und wie die sympatrische Artbildung evolutionär recht schnell entstehen, weshalb sie dann keine bedeutsame generelle genetische Verschiedenheit zueinander aufweisen können. Die meisten Rassen können sich daher in den Allelen der Gene, die mit lokalen Anpassungen nichts zu tun haben, gar nicht unterscheiden. Die Unterschiede liegen überwiegend in den adaptiven Merkmalen.

Ein Beispiel dafür ist die adaptive ökologische Einnischung der Buntbarsche (Cichliden) in den ostafrikanischen Seen, was zu einer explosiven Artbildung innerhalb von nur einigen Jahrzehntausenden geführt hat. Hier liegen die Unterschiede nicht in der generellen genetischen Verschiedenheit. Die Mitochondrien-DNA der ca. 170 verschiedenen Viktoria-Cichliden ist genetisch fast identisch (nur 3 Basen Unterschied) [26]. Hier gibt es also selbst zwischen Spezies kaum generelle genetische Unterschiede, sondern die Artunterschiede beruhen nur auf wenigen adaptiven Merkmalen, die z. B. die ökologische Einnischung, den Nahrungserwerb und die sexuelle Abgrenzung betreffen.

Besonders in den letzten beiden Jahrzehnten haben sich breite Teile der modernen Taxonomie von einer Einteilung nach Merkmalen abgewandt und sehen eine taxonomische Klassifizierung fast nur in den genetischen Differenzen zwischen den Gruppen. Das wäre ohne Vorbehalt zu akzeptieren, wenn es sich bei diesen genetischen Differenzen um solche Gene handeln würde, die ursächlich etwas mit dem Auseinanderhalten von Gruppen zu tun haben. Das ist aber in den meisten Beispielen nicht der Fall. Wie das taxonomische Verfahren des „Barcodings“ zeigt, sind neutrale DNA-Sequenzen oder auch Gene, die mit der Bildung eines neuen Taxons nichts zu tun haben, zur Basis der taxonomischen Gruppenbildung geworden [27]. Es geht da nicht um phylogenetisch bedeutsame Merkmale, die die Anpassung an ökologische Nischen oder die sexuelle Partnererkennung steuern. Art- oder Rassenbildung aber sollte etwas Neues hervorbringen und nicht etwas lediglich evolutionär zeitlich separiertes (siehe dazu auch Hennigs Apomorphien [28]). Biologisch aussagekräftiger wäre es vielmehr, nur die Allele solcher Gene für die Abgrenzung von Taxa zu verwenden, die phänotypisch Individuen zusammenhalten bzw. voneinander abgrenzen [29]. Die reine Zunahme der genetischen Entfernung ist nicht schon die Entstehung von etwas Neuem.

Eine nur auf der generellen genetischen Distanz beruhende Taxonomie kann evolutionär rasch ablaufende Speziations- und Rassenbildungsprozesse nicht erkennen [30]. Ebenso versagt eine auf dem Kriterium der generellen allelen Verschiedenheit basierende Taxonomie bei sehr langsam sich entwickelnden Taxa, z. B. wenn diese Form taxonomischer Abgrenzung auf manche Tiefsee-Arten angewendet wird, bei denen die Artentwicklung fast stehengeblieben ist. Einige solcher Arten leben über Jahrtausende in einer fast konstanten Umwelt und entwickeln in dieser Zeit keine neuen ökologischen Anpassungsmerkmale, weil der selektive Anreiz dazu fehlt. Im Laufe dieser langen evolutionären Zeiträume aber divergieren die Genome geographisch entfernter Populationen voneinander in ihren neutralen DNA-Sequenzen und den Genen, die mit Speziation nichts zu tun haben, ohne dass in dieser Zeit irgendwelche Art- oder Rassenbildungsprozesse ablaufen.

Das Defizit einer prioritären Fokussierung der taxonomischen Einteilung auf genetische Unterschiede unter Vernachlässigung der evolutionären Bedeutung von Merkmalen wird hier an zwei Beispielen dargestellt:

Die im Freiland ausgestorbene nördliche Rasse des Breitmaulnashorns unterscheidet sich durch äußere Merkmale kaum vom südlichen Breitmaulnashorn [31]. Deswegen meinen viele Menschen, es sei doch nicht so schlimm, dass das nördliche Breitmaulnashorn ausgestorben ist. Es gibt ja noch das südliche Breitmaulnashorn. Die Genome der beiden Rassen unterscheiden sich jedoch um 2% voneinander. Menschen und Schimpansen sind einander genetisch näher als die beiden Nashornrassen (nur 1,5% Genomunterschied), unterscheiden sich aber durch äußere Merkmale sehr stark voneinander. Da meint jedoch niemand, es sei doch nicht so schlimm, wenn der Schimpanse ausstirbt. Es gibt ja noch den Menschen.

Auch hört man gelegentlich den scheinbar verblüffenden Satz: „Die Dinosaurier sind gar nicht ausgestorben“. Sie leben als Vögel heute noch weiter; denn die Vögel sind eine phylogenetisch späte Abzweigung der Dinosaurier und daher genetisch sehr nahe mit den Dinosauriern verwandt. Auch hier entsteht ein falsches Bild, wenn die genetische Verwandtschaft alleiniger Maßstab der taxonomischen Klassifizierung ist und die bezeichnenden Merkmale ignoriert werden.

Ein Hauptargument, weswegen die Existenz von Rassen beim Menschen verneint wird, besteht in der Tatsache, dass die genetischen Unterschiede der Individuen zwischen den Rassen kaum größer sind als die genetischen Unterschiede der Individuen schon innerhalb der Rassen [24]. Auf dieser Basis sei daher eine Zuordnung der Individuen zu bestimmten Rassen nicht möglich. Dieses Argument wird häufig eingesetzt, um damit zu beweisen, dass die Anwendung des Begriffs Rasse auf den Menschen biologisch nicht sinnvoll sei [2, 3]. Das zeigt jedoch eher, dass es biologisch nicht sinnvoll ist, Gruppen auf der Basis genereller genetischer Unterschiede zu unterscheiden, sondern dass man hierfür besser die adaptiven Merkmale heranziehen sollte [13].

Auch die Unterscheidung von Frauen und Männern beruht vorzugsweise auf Merkmalen, die die Anpassungen an die unterschiedlichen Funktionen steuern, die die Geschlechter biologisch zu erfüllen haben. Das hat (wie bei den Rassen) nichts mit genereller genetischer Verschiedenheit zu tun. Auch sind die genetischen Unterschiede der Individuen zwischen den Geschlechtern nicht größer als die genetischen Unterschiede der Individuen schon innerhalb der Geschlechter selbst [32]. Eine Zuordnung der Individuen zu den beiden Geschlechtern ist auf der Basis unspezifischer genereller genetischer Verschiedenheit kaum möglich. Wählt man nur die wenigen für die einzelnen Rassen jeweils relevanten Merkmale aus, so ist eine ziemlich unumstrittene Zuordnung auch der meisten Menschen zu bestimmten Rassen möglich (vgl. Abb. 1). Selbstverständlich müssen künstlich Grenzen gezogen werden, wie weit man mit der Untergliederung geht. Aber die gesamte Taxonomie beruht auf den beiden Kriterien des naturnahen „groupings“ und des künstlichen „rankings“ [23, 33].

Das Realismusproblem

Der Schlussfolgerung, es gäbe beim Menschen keine Rassen, liegen oft mehrere wissenschaftstheoretische Fehleinschätzungen zugrunde: (1) die Erwartung, Rassen müssten „natural kinds“ sein, (2) die Feststellung, fließende Übergänge zwischen den Rassen würden der Existenz von Rassen widersprechen, und (3) biologische Taxa müssten real existierende Dinge sein. Mit diesen drei Argumenten kann man die Existenz von Rassen leicht widerlegen; aber es sind wissenschaftstheoretische Betrachtungen, die entweder nicht stimmen oder gleichermaßen für alle Taxa der biologischen Systematik gelten.

Zu (1): „Natural kinds“ sind Gruppen, die durch mindestens ein essentielles Merkmal definiert sind. Jedes Mitglied einer „natural kind“ muss dieses Merkmal besitzen [34]. Ein Gruppen-Mitglied, das dieses Merkmal verliert, kann nicht mehr zu dieser Gruppe gehören. Die meisten Philosophen gehen davon aus, dass „natural kinds“ real in der Natur existieren. Ein Beispiel für „natural kinds“ sind die chemischen Elemente. So ist z. B. Platin durch die Protonenzahl 78 definiert. Verliert Platin ein Proton, dann ist es kein Platin mehr.

Seit Darwin weiß man jedoch, dass Arten (ebenso wie Rassen) evolvieren. Also können sie keine „natural kinds“ sein; denn sie können jederzeit ein Merkmal durch eine Mutation verlieren, gehören dann aber immer noch dem Taxon an.

Das unterscheidet die chemischen Elemente (die alle „natural kinds“ sind) grundsätzlich von den biologischen Taxa (die alle keine „natural kinds“ sind). Aber die Feststellung, dass Rassen keine „natural kinds“ sind [2], beinhaltet nicht, dass es keine Rassen gäbe [8], denn das Wesen der Rasse-Gruppierung ist etwas anderes als eine „natural kind“ [35]. Folgt man dem Gedankengang, dass das, was keine „natural kind“ ist, wissenschaftlich bedeutungslos sei [2], dann hätte das erhebliche Konsequenzen für die gesamte Taxonomie; denn auch die höheren Taxa sind keine „natural kinds“. Autoren, die dem Begriff Rasse den biologischen Sinn absprechen, weil Rassen keine „natural kinds“ sind [3], übersehen dabei, dass mit dieser Feststellung jede Art von Systematik hinfällig wäre.

Zu (2): Es gehört seit jeher zur Definition des Begriffs der Rasse, dass Rassen in den Überschneidungszonen kontinuierlich ineinander übergehen [4], so dass die Individuen in diesen kinalen Zonen weder der einen noch der anderen Rasse angehören. Dieser Tatbestand wird als Argument für die Aussage eingesetzt, dass der Begriff der Rasse keinen wissenschaftlichen Nährboden hätte [3]. Aber auch das Spektrum des Lichts erstreckt sich über ein Kontinuum von elektromagnetischer Strahlung unterschiedlicher Energie im Bereich zwischen Ultraviolett und Infrarot. Aber wir arbeiten erfolgreich mit nur wenigen Farben in einem ungefähren Wellenlängenbereich – etwa Violett, Blau, Grün, Gelb, Orange und Rot.

Würde man Gruppenbegriffe mit der Begründung ablehnen, dass die Gruppen nicht deutlich abgegrenzt sind, sondern kontinuierlich ineinander übergehen, so würde mit diesem Argument nahezu die gesamte zoologische Taxonomie infrage gestellt werden.

(3) Der Titel einer Publikation, die sich gegen die Verwendung des Rassebegriffs beim Menschen wendet, lautet: „Rasse

ohne Realität“ [3]. Dieser Titel verkennt, dass alle biologischen Taxa keine real in der Natur existierenden Dinge sind. Die Kohlmeise als Individuum existiert real, aber nicht das Taxon Kohlmeise. Die Faktoren, die die Individuen einer taxonomischen Gruppe miteinander verbinden bzw. bei zwei Arten voneinander trennen, sind real, aber die Gruppe selbst ist ein abstrakter Begriff. Das Problem der Existenz abstrakter Gruppenbegriffe ist ein uraltes, von Platon bis über den mittelalterlichen Universalienstreit führendes Problem der Philosophie. Was sind die geistigen Extrakte, die wir aus der Fülle der Dinge und Abläufe aus der real zu beobachtenden Welt ziehen? Auch Zahlen oder Gleichungen sind keine real in der Natur existierenden Dinge, die man sehen, hören oder fühlen kann. Trotzdem braucht man Zahlen und Gleichungen, um Fortschritte und Vorhersagen im Alltag und in der Wissenschaft machen zu können, und niemand würde sagen: „Gleichungen gibt es nicht“ [36]; denn der mathematische Formalismus ist keine beabsichtigte menschliche Erfindung, sondern eine aus der Natur heraus gemachte Entdeckung, mit der wir weiterführende Vorhersagen über Ereignisse machen können, die dann tatsächlich eintreffen. Wir ziehen sozusagen mit unserem Geist die Gemeinsamkeiten aus der Fülle der variierenden Dinge heraus.

Ähnlich ist es mit den biologischen Taxa, denen wir zwar nicht real in der Natur begegnen (kein Mensch hat je eine „Art“ gesehen), die aber auch keine bloßen Konstrukte des menschlichen Geistes sind, sondern von uns „entdeckte“ Konzepte, mit denen die Realität erfolgreich bearbeitet werden kann, ohne dass die Begriffe selbst real sind. Die verbindenden bzw. trennenden Merkmale sind real existierende Faktoren in der Natur, aber die Taxa sind abstrakte Konstrukte. Es gibt also so etwas wie Semi-Realität [23]. Zwischen den real existierenden Gegenständen und den rein subjektiven geistigen Konzepten gibt es abstrakte Begriffe, die tauglich sind, um damit die Natur erfolgreich zu beschreiben.

Über Rassen können wir Voraussagen machen (z. B. in der Medizin über die unterschiedlichen genetischen Risikofaktoren von Angehörigen verschiedener Rassen, bestimmten Krankheiten zu erliegen oder auf bestimmte Medikamente zu reagieren [37]), die dann mit höherer Sicherheit eintreffen als rein zufällige Voraussagen. Das gibt Begriffen wie der Rasse einen wissenschaftlichen Sinn. Biologische Taxa (auch solche vom Rang einer Rasse) sind nicht das Ergebnis speziellen Denkens; sie sind nicht etwa erfunden, sondern wurden in der Natur entdeckt [36]. Die meisten Wissenschaftler gehen davon aus, dass sie in einer Welt leben, die sie nicht selbst gemacht haben. Aber reale Dinge, die man sehen oder fühlen kann, sind die Taxa nicht. Formulierungen wie „Die Wissenschaft hat bewiesen, dass es beim Menschen keine Rassen gibt“ oder „Rasse ohne Realität“ [3] machen keinen Sinn wenn man sich einmal klar gemacht hat, dass es sich hier um einen instrumentellen Begriff handelt, um Sachverhalte der Natur aufzudecken und zu verstehen. Die Aussage „Rasse ohne Realität“ [3] ist kein Argument gegen den wissenschaftlichen Wert des Rassebegriffs; denn diese Feststellung gilt für die gesamte Taxonomie [35 28].

Es besteht kein Zweifel, dass alle Menschenrassen sehr nahe miteinander verwandt sind, viel näher als die Rassen der Men-

schenaffen untereinander (siehe die deutliche Darstellung in der Abb. 3 in [1], NR 6/2021, S. 290), jedoch sind Gruppen, die sich sehr wenig voneinander unterscheiden, immer noch Gruppen und nicht deswegen keine Gruppen mehr, weil die Unterschiede sehr gering sind. Auch ist es zutreffend, dass – wie etwa Ernst Mayr feststellte – als Folge der Globalisierung und der schwindenden Bedeutung ethnischer und religiöser Grenzen die Menschenrassen derzeit in Auflösung begriffen sind; aber es sind auch heute noch viele Individuen den Rassen zuzuordnen. Und Menschenrassen können nicht in Auflösung begriffen sein, wenn es sie von vornherein gar nicht gibt.

Die heute verbreitete Distanzierung vom Rassebegriff hat auch ideologische, nicht nur wissenschaftliche Gründe [32]. Das ist eine große Gefahr für die wissenschaftliche Erkenntnis. Den Befürwortern des Rassebegriffs wird unterstellt, ihre Auffassung beruhe auf Rassismus [2]. Diese Herabwürdigung ist falsch; denn Rassismus ist die geringschätzende soziale Wertung der Angehörigen bestimmter Rassen, und soziale Wertungen haben nichts mit wissenschaftlicher Erkenntnis zu tun. Wissenschaft ist gegenseitiger Austausch von Argumenten, und jede Art von Diskriminierung schadet der Wissenschaft. Hätte die Gesinnung über die wissenschaftliche Erkenntnis dominiert, so hätte sich vor anderthalb Jahrhunderten auch Darwins Evolutionstheorie nicht durchsetzen können („Schöpfung ohne Schöpfer“).

Zur Bekämpfung des Rassismus wäre es besser gewesen, nicht die Abschaffung des Begriffs Rasse zu proklamieren, sondern nachdrücklich deutlich zu machen, dass es nur wenige adaptive Merkmale sind, die die einzelnen Rassen voneinander unterscheiden und dass Rassenunterschiede geographische Anpassungen sind, dass es also nur „oberflächliche“ und keineswegs tiefgreifende genetische Unterschiede zwischen den Rassen gibt. Im Übrigen kann ein Taxon welchen Ranges auch immer nicht in einer Erklärung von der Tagung einer biologischen Gesellschaft im Alleingang „abgeschafft“ werden. Dazu bedarf es einer Einbindung in die internationale „scientific community“, wobei allein zu entscheiden ist, ob die Verwendung des Begriffs „Rasse“ weiterhin zur Gewinnung von Erkenntnis und wissenschaftlichem Fortschritt sinnvoll ist.

Literatur

[1] U. Kattmann: Die genetische Vielfalt der Menschen widerspricht der Einteilung der Menschen in „Rassen“. *Naturw. Rdsch.* **74**, 285 (2021). – [2] M. Fischer, U. Ho field, J. Krause, S. Richter: Die Jenaer Erklärung. *Biol. Unserer Zeit* **49**, 399 (2019). – [3] S. Richter, T. Göpel: Rasse ohne Realität. *Biol. Unserer Zeit* **51**, 179 (2021). – [4] B. Rensch: Geographic races in zoology. *International Social Science Journal* **17**, 128 (1965). – [5] E. Mayr: The biological species concept. In: Q. D. Wheeler, R. Meier (Hrsg.): *Species Concepts and Phylogenetic Theory: a Debate*. Columbia University Press. New York 2000. – [6] L. Gannett: Theodosius Dobzhansky and the genetic race concept. *Studies in History and Philosophy of Science. Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* **44**, 250 (2013). – [7] E. G.

Burchard et al.: The importance of race and ethnic background in biomedical research and clinical practice. *New England Journal of Medicine* **348**, 1170 (2003). – [8] N. Sesardic: Race: a social destruction of a biological concept. *Biology and Philosophy* **25**, 143 (2010). – [9] W. Kunz: Do species exist? – Principles of taxonomic classification. Wiley-VCH/Blackwell. Weinheim 2012. – [10] W. Kunz: Die Kunst, Organismen in Arten einzuteilen – Wohin steuert die Taxonomie? *Biol. Unserer Zeit* **48**, 170 (2018). – [11] W. Kunz: Rasse und Rassismus. *Novo Argumente für den Fortschritt* **20.02.2020**, 1–6. (2020). – [12] A. Vonderach: Die Dekonstruktion der Rasse. *Sozialwissenschaften gegen die Biologie*. Ares Verlag. Graz 2020. – [13] W. Kunz: Immer wieder missverstanden – Die Unterteilung von Arten in Rassen. *Biol. Unserer Zeit* **51**, 168 (2021). – [14] J. S. L. Gilmour: Appendix 2: Two early papers on classification. *Plant Systematics and Evolution* **167**, 97 (1989). – [15] T. A. C. Reidon, W. Kunz: Classification below the species level: When are infraspecific groups biologically meaningful? *Biological Journal of the Linnean Society* **128**, 1 (2021). – [16] B. Rensch: Grenzfälle von Rasse und Art. *Journal für Ornithologie* **76**, 222 (1928). – [17] A. Remane: Art und Rasse. *Verhandlungen der Gesellschaft für Physische Anthropologie* **2**, 2 (1927). – [18] D. E. Irwin et al.: Speciation by distance in a ring species. *Science* **307**, 414 (2005). – [19] T. Dobzhansky: The race concept in biology. *The Scientific Monthly* **52**, 161 (1941). – [20] J. Del Hoyo, N. J. Collar: *Illustrated Checklist of the Birds of the World – Non-Passerines*. Barcelona: Lynx Edicions. Barcelona 2014. – [21] J. Del Hoyo, N. J. Collar: *Illustrated Checklist of the Birds of the World – Passerines*. Lynx Edicions. Barcelona 2016. – [22] J. V. Remsen: Subspecies as a meaningful taxonomic rank in avian classification. *Ornithological Monographs* **67**, 62 (2010). – [23] T. A. C. Reidon, W. Kunz: Species as natural entities, instrumental units and ranked taxa: new perspectives on the grouping and ranking problems. *Biological Journal of the Linnean Society* **126**, 623 (2019). – [24] R. C. Lewontin: The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology* **6**, 381 (1972). – [25] U. Dieckmann et al.: *Adaptive Speciation*. Cambridge Press. Cambridge 2005. – [26] M. Glaubrecht: Explosive Evolution in ostafrikanischen Seen. *Biol. Unserer Zeit* **24**, 45 (1994). – [27] P. D. N. Hebert, T. Gregory: The promise of DNA barcoding for taxonomy. *System. Biol.* **54**, 852 (2005). – [28] W. Hennig: *Phylogenetic systematics*. University of Illinois Press. Urbana 1966. – [29] W. Kunz: Genetische Distanz und Artabgrenzung – die Barcode-Taxonomie vertritt ihren eigenen Artbegriff. *Entomologie heute* **24**, 277 (2012). – [30] M. Hickerson, C. Meyer, C. Moritz: DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Systematic Biology* **55**, 739 (2006). – [31] D. Lippe: Hoffnung für das Nördliche Breitmaulnashorn. *Biol. Unserer Zeit* **49**, 396 (2019). – [32] U. Elsaesser: Rasse – Der kleine Unterschied. *Spektrum der Wissenschaft*, 8–9. (2009). – [33] Baum, D. A. 2009 Species as ranked taxa. *Syst. Biol.* **58**, 74 (2009). – [34] P. E. Griffiths: Squaring the Circle: Natural Kinds with Historical Essences. In: R. A. Wilson (Hrsg.): *Species: new interdisciplinary essays*. MIT Press. Cambridge, MA/USA 1999. – [35] W. Kunz: Kann man den Begriff der Rasse einfach abschaffen? *Novo Argumente für den Fortschritt* **23.07.2021**, 1–5 (2021). – [36] E. Oeser, M. Bonet: Das Realismusproblem. *Wiener Studien zur Wissenschaftstheorie*. Bd. 2. Edition S. Verlag der Österreichischen Staatsdruckerei. Wien 1988. – [37] N. Risch et al.: Categorization of humans in biomedical research: genes, race and disease. *Genome Biology* **3**, comment2007.1 (2002).

Prof. Dr. Werner Kunz
Hülserweg 8
41516 Grevenbroich
E-Mail: Kunz@hhu.de
<http://www.kunz.hhu.de/>

Ulrich Kattmann, Oldenburg

Taxonomie anhand von Anpassungsmerkmalen ist unzuverlässig. Sie ist anhand populationsgenetischer Daten zu überprüfen

Werner Kunz sieht sich durch seine abweichende Definition von „Rasse“ offensichtlich der Aufgabe enthoben, Argumente zu prüfen, die seiner Auffassung widersprechen. Damit vermeidet er, auf meine (nach seinen Worten) „ausführliche Recherche“ einzugehen, die selbstverständlich nicht allein auf eigenen Veröffentlichungen beruht [1]. Er wiederholt stattdessen lediglich Aussagen seines früheren Aufsatzes [2], in dem er sich bereits mit der Jenaer Erklärung und deren Autoren auseinandergesetzt hat [3].

Kunz beklagt, dass durch die Jenaer Erklärung und meinen Beitrag ein „tiefer Riss zwischen den Wissenschaftlern entstanden“ sei, zwischen denen, die den Rassenbegriff bezogen auf den Menschen bejahen und solchen, die ihn verneinen. Diese Auseinandersetzung hat jedoch schon viel früher begonnen, u. a. mit Stellungnahmen wissenschaftlicher Gesellschaften gegen den Rassenbegriff beim Menschen (vgl. [1]) und ist auch schon ausführlich dargestellt worden [4].

Da Kunz Argumente gegen seine Position nicht beachtet, bleibt mir nur übrig, seine Definition von „Rasse“ zu kommentieren sowie zu klären, ob seine Aussagen tragfähig oder überhaupt zutreffend sind. Hinsichtlich der Belege verweise ich dabei auf meinen ausführlichen Beitrag [1].

Können Populationen zuverlässig durch Anpassungsmerkmale abgegrenzt werden?

Kunz verdeutlicht sein Verständnis von Unterarten („Rassen“), indem er sowohl Arten wie Unterarten aufgrund von „Anpassungsmerkmalen“ unterscheiden will und nicht nach neutralen oder generellen Unterschieden, wie DNA-Sequenzen, die mit der „Speziation nichts zu tun haben“.

Dieser Vorschlag ist in mehrfacher Hinsicht fragwürdig. Folgende Tatsachen sprechen gegen die Definition von Unterarten allein nach Anpassungsmerkmalen:

1. Unterschiedliche Anpassungsmerkmale werden auch innerhalb ein und derselben Population ausgebildet, ohne, dass es zu einer teilweisen Trennung, also zur Bildung von Unterarten kommt. Die Träger unterschiedlicher Anpassungsmerkmale sind lediglich genetische Varianten: Diese Anpassungsmerkmale haben also ebenfalls nichts mit Speziation zu tun (Abb. 2).
2. Eine trennende Wirkung von Anpassungsmerkmalen ergibt sich also nicht aus der Anpassung selbst. Mit einem auf der Evolution einzelner Gene gegründeten genetischen Artbegriff kann jedoch theoretisch angenommen werden, dass die Bildung von Arten und Unterarten auf wenigen trennenden genetisch bedingten Merkmalen oder allelen Genen beruht. (Belege dafür sind lediglich für *Drosophila*-Arten erbracht worden) [5].

3. Unter biologisch relevanten Anpassungsmerkmalen verstehen Kunz und Reydon [6] Merkmale, die während ihres getrennten Evolutionsweges erworben wurden. Bei der Unterscheidung von Unterarten müsste dementsprechend eine trennende Wirkung von Anpassungsmerkmalen im Einzelfall nachgewiesen und nicht nur postuliert werden. Nur dann wären sie im Sinne von Kunz evolutionär bedeutsam und nur dann könnten Unterarten („Rassen“) mit ihnen als beginnende evolutionäre Zweige taxonomisch erkannt werden.
4. Neutrale Unterschiede sollen für die Taxonomie keine Rolle spielen [6]. Dabei wird übersehen, dass mit Unterschieden in neutralen Merkmalen (wie DNA-Sequenzen) die beginnende oder vollendete Trennung der Populationen nachgewiesen werden kann (s. unten zur Populationsgenetik).
5. Anpassungsmerkmale haben die Eigenschaft, dass sie unabhängig voneinander bei ähnlichen Umweltbedingungen (auch solchen, die wir nicht auf den ersten Blick erkennen), also konvergent, durch Selektion herausgebildet werden können. Zur Feststellung von Verwandtschaft und phylogenetischen Zusammenhängen sind Anpassungsmerkmale daher oft nicht geeignet. Das gilt gerade auch für die von Kunz zur Unterscheidung von Unterarten („Rassen“) herangezogene Pigmentierung der Haut von Menschen (s. u.).
6. Umweltbedingungen (wie die Durchschnittstemperatur in einem geographischen Gebiet) variieren häufig graduell, so dass die entsprechenden Anpassungsmerkmale ebenfalls kontinuierlich graduell als Kline variieren. Das gilt für klimatische Anpassungen bei Tigerpopulationen ebenso wie bei der Pigmentierung der Haut bei Menschen, die Kunz vergleichend als Beleg für Bildung von Unterarten („Rassen“) anführt. Trennende Merkmale oder Gene sind bei auf Entfernung beruhenden Kline nicht nachzuweisen [5]. Neuere Untersuchungen legen denn auch nahe, dass der von Kunz angeführte Sibirische Tiger keine eigene Unterart ist, sondern nur zwei Unterarten zu unterscheiden sind: der Festland-Tiger und der inselbewohnende Sunda-Tiger [7].
7. Die traditionelle zoologische Definition von Unterarten, auf die sich Kunz beruft [2], ist nicht an Anpassungsmerkmalen orientiert, sondern typologisch am gemeinsamen Besitz mindestens eines reinerbigen Merkmals ([8], vgl. [1]).
8. Die Artbildung (Speziation) wird nach traditioneller zoologischer Sicht nicht durch Ausbildung von Anpassungsmerkmalen eingeleitet, sondern primär durch geographische Separation (allopatrische Speziation). Erst unter diesen Bedingungen entstehen Anpassungen an die jeweiligen Bedingungen. Die endgültige Artbildung wird erst abgeschlossen, wenn die divergent gewordenen Populationen aufeinandertreffen und dank Ausbildung von Isolationsmechanismen sympatrisch koexistieren können. In der generativen Isolation können dann auch unterschiedliche ökologische Nischen ausgebildet werden. Das Hauptargument von Kunz, Arten und Unterarten anhand von Anpassungsmerkmalen zu unterscheiden, ist für die allopatrische Bildung von Arten und Unterarten hinfällig.

9. Die Aussage, dass Rassen „*nicht unter allopatrischen Bedingungen entstehen*“ trifft nicht zu. Die Bildung bekannter Unterarten bei Vögeln (Schwanzmeisen, Aaskrähen) wie auch von Zwillingarten (Fitis – Zilpzalp, Sumpfmeise – Weidenmeise, Nachtigall – Sprosser, Grünspecht – Grauspecht) wird auf eiszeitliche Isolate zurückgeführt. Andere Unterarten sind in Separation auf Inseln entstanden (z. B. mehrere beim Buchfink). Die unterschiedlichen Merkmale dieser in Allopatrie entstandenen (Unter-)Arten sind historisch bedingt, möglicherweise kontingent durch die auf eine Population beschränkten Mutationen, und ohne dass man es geprüft hat – nicht von vornherein als Anpassungsmerkmale zu deuten.
10. Kunz wendet sich von dem traditionellen Modell der allopatrischen Artbildung ab und bemüht stattdessen die in neuerer Zeit vermehrt nachgewiesene Form der sympatrischen Artbildung. Sie wurde in der Zoologie lange Zeit für unwahrscheinlich gehalten, bis sie anhand populationsgenetischer Nachweise nicht mehr negiert werden konnte [9]. Bei sympatrischer Artbildung besteht tatsächlich ein klarer Zusammenhang zwischen Artbildung und Anpassungsmerkmalen, und zwar dann, wenn die Trennung der Populationen durch aufspaltende (disruptive) Selektion erfolgt. Hierzu sind jedoch besondere Bedingungen notwendig. Ein Anpassungsmerkmal reicht dazu nicht aus. Um eine trennende Wirkung zu haben, müssen mindestens zwei adaptive Merkmale miteinander genetisch gekoppelt werden (z. B. Habitatbevorzugung und Partnerwahl [10] oder Tarnfärbung und Bodenbindung, vgl. das Modell in [11]). Bei sympatrischer Artbildung wäre bei Anwendung der Unterartdefinition von Kunz jedenfalls nachzuweisen, dass die ausgewählten Anpassungsmerkmale durch disruptive Selektion bedingt sind, so dass die Population auf dem Wege der evolutionären Trennung (Populationsspaltung, Speziation) ist.

Besteht ein Gegensatz zwischen phylogenetischer Taxonomie und populationsgenetischer Unterscheidung von Populationen?

Kunz setzt seine Definition in Gegensatz zur populationsgenetischen Forschung. Diese habe den Begriff der Unterart unangemessen verändert. Die von Kunz vorgeschlagene Taxonomie anhand von Anpassungsmerkmalen scheint jedoch viel mehr von gültigen Kriterien der Unterartklassifikation abzuweichen. Da sowohl der populationsgenetische Unterartbegriff wie der von Kunz eine beginnende getrennte Evolution der betreffenden Population voraussetzen, gelten für beide Begriffe dieselben populationsgenetischen Kriterien, mit denen eine beginnende Speziation nachgewiesen werden kann.

Das Indiz für eine teilweise generative Isolation einer Unterart sind alle Unterschiede der Populationen, und zwar vor allem in neutralen Sequenzen, die nicht rekombinieren. Selektion und Rekombination erschweren die Rekonstruktion eines phylogenetischen Zweigs und würden ihn womöglich nicht erkennen lassen. Die Frage, ob eine Population einen beginnenden phylogenetischen Zweig darstellt, ist durch Unterschiede in der allelen Variation nachweisbar, insbesondere

durch neutrale DNA-Sequenzen und genetische Distanzen. Dieser Nachweis ist eindrucksvoll anhand der Populationen des Schimpansen und des Menschen geführt worden. Danach ist ein Teil der geographischen Populationen des Schimpansen als Unterarten („Rassen“) zu klassifizieren; auf Populationen des Menschen trifft dies jedoch nicht zu. Populationen des Menschen sind nicht als Unterarten („Rassen“) zu unterscheiden [12, 13]. Kunz geht nicht darauf ein. Er entzieht sich somit auch hier der Aufgabe, auf die ausgeführten wissenschaftlichen Argumente der Autoren einzugehen.

Da das Klassifizieren anhand von Anpassungsmerkmalen (wie oben gezeigt) generell unzuverlässig ist, muss gerade eine derartig ausgerichtete Taxonomie durch populationsgenetische Untersuchungen überprüft werden. Populationsgenetische Unterschiede widersprechen also nicht dem Erfassen von phylogenetischen Zweigen, sondern weisen sie nach. Darauf beruht die populationsgenetische und molekulargenetische Evolutionsforschung. Kunz kann sich daher nicht darauf berufen, in der Tradition zoologischer Rassenklassifikation des „vorigen Jahrhunderts“ zu stehen: Bernhard Rensch, Ernst Mayr und Theodor Dobzhansky haben Unterarten („Rassen“) populationsgenetisch definiert.

Die Aussage von Kunz: Bei den Cichliden den Victoria-Sees „*gibt es also selbst zwischen Spezies kaum generelle genetische Unterschiede, sondern die Artunterschiede beruhen nur auf wenigen adaptiven Merkmalen*“, trifft nicht zu. Die molekulargenetische Forschung begnügt sich zwar keineswegs mit genetischen Distanzen, sondern identifiziert u. a. Wirkungen von Selektion und genetischer Drift. Mit Hilfe der genetischen Distanzen (kleinen oder großen) kann jedoch erkannt werden, ob die postulierten Arten oder Unterarten überhaupt (völlig oder teilweise) phylogenetisch getrennte Zweige sind. Die entsprechenden Untersuchungen zu den Buntbarscharten in den ostafrikanischen Seen enthalten Dendrogramme zu genetischen Distanzen, mit denen die Autoren deren sympatrische Entstehung nachweisen [9, 14]. Der Hinweis von Kunz auf nur 3 Basen Unterschied in der Mitochondrien-DNA der Buntbarsche des Viktoriasees ist irreführend: Die Genomanalyse der Viktoria-Buntbarsche zeigt erhebliche Unterschiede sowohl in selektierten Genen als auch in neutralen DNA-Sequenzen. Die Autoren resümieren: „*We provide evidence for accumulation of genetic variation. ... We conclude that neutral and adaptive processes both made important contributions to the genetic basis of cichlid radiations*“ [14].

Gibt es eine zutreffende Analogie der Unterscheidung von Frauen und Männern zur Klassifikation von Unterarten („Rassen“)?

Um die Unterteilung in Unterarten bei weitestgehender genetischer Gleichheit plausibel zu machen, führt Kunz als Analogie die Unterschiede von Frauen und Männern an, die dennoch genetisch fast übereinstimmen können. Bei allen Übergängen und Überschneidungen, die bei den Geschlechtern zu verzeichnen sind, gibt es in der Tat frauentypische und männertypische Ausprägung der Geschlechter. Diese Ausprägungen erfolgen auch bei im Übrigen genetischer Gleichheit. Das liegt daran, dass (falls keine Translokation auf ein anderes Chromo-

som erfolgt ist) auf dem Y-Chromosom ein geschlechtsbestimmendes Gen liegt. Dieses Gen bestimmt durch sein Genprodukt (im Verein mit denen anderer Gene) die Individualentwicklung so, dass sie durch Stilllegung bzw. Aktivierung der entsprechenden Gene zur männertypischen Ausprägung führt. Ohne dieses Gen verläuft die Individualentwicklung frauentypisch. Tatsächlich können ein Mann und eine Frau also trotz der geschlechtstypischen Unterschiede bis auf das geschlechtsbestimmende Gen dieselben allelen Gene besitzen. (Die nicht variablen Gene haben sie selbstverständlich ohnehin gemeinsam, sie werden nur unterschiedlich aktiviert oder stillgelegt.)

Wenn die von Kunz angeführte Analogie der Geschlechtsdifferenzierung zur Populationsdifferenzierung zuträfe, dann müsste es ein „rassebestimmendes“ Gen geben (oder einige wenige), die die Individualentwicklung der Angehörigen der Population in der Weise bestimmen, dass sie sich – auch bei sonst genetischer Gleichheit – zum jeweiligen „Rassentypus“ entwickeln. Solche Gene nimmt wohl auch Kunz nicht an. Es gibt sie nicht: Die angeführte Analogie ist nicht aussagekräftig.

Führt geographische Entfernung zur Bildung von Unterarten?

In Bezug auf den Menschen ist deutlich, dass die populationsgenetischen Unterschiede keinerlei Hinweis auf die Bildung von Unterarten (beginnenden evolutionären Einheiten) geben [12]. Vielmehr ist die kline genetische Variation innerhalb der Art *Homo sapiens* allein durch „isolation by distance“ und Besiedlung der Kontinente zu erklären (vgl. [1]). Die Ausführungen von Kunz zu „Rassenkreisen“ und „Ringspezies“ und reproduktiv nicht mehr kompatiblen Unterarten haben keinerlei Bezug zur Unterscheidung von Unterarten („Rassen“) beim Menschen.

Kunz wiederholt dagegen mehrfach „Überschneidungsbereiche“ zwischen „Rassen“ und betont, „dass die unabhängige Entwicklung des Zweiges auf der geographischen Entfernung zwischen den Rassen beruht und im Überschneidungsbereich die eine Rasse kontinuierlich in die andere übergeht“. Entfernung („isolation by distance“) führt jedoch zu klinaler Variation und nicht zu Unterarten („Rassen“), also auch nicht zu „Übergangsbereichen“ zwischen ihnen. Kunz hat den Unterschied zwischen der klinalen Verteilung in den Übergangsbereichen und den Klinen bei Entfernungsisolation nicht zur Kenntnis genommen: Allele Gene variieren in Übergangsbereichen durch Vermischung gleichgerichtet, während sie bei Klinen, die durch „isolation by distance“ verursacht sind, unabhängig voneinander in verschiedene Richtungen variieren [12]. Durch Entfernung verursachte Kline sind keine Übergangsbereiche zwischen Unterarten, sie sind das Gegenteil von Unterarten (vgl. [1]).

Kann man „Rassen“ sehen?

Die Abbildung, die Kunz als Illustration für Nachweis von „Rassen“ beim Menschen benutzt, ist der Versuch, den Betrachtern die verbreitete Alltagsvorstellung, dass man „Rassen“ sehen könne, suggestiv einzuprägen. Dabei zeigt die Populationsgeschichte, dass der abgebildete Europäer Kunz von dunkelhäutigen Afrikanern abstammt, deren Nachfahren wegen Vitamin-D-armer Ernährung als Ackerbauern und UV-ärmer

Sonneneinstrahlung selektiv ausgebleicht wurden. Entgegen dem Augenschein: Wir sind alle Afrikaner!

Die Abbildung von Kunz ist ein Beispiel dafür, dass bei Zusammenkommen von Menschen aus verschiedenen Erdteilen, der Kontrast zur Typenbildung verführt. Deshalb möchte ich seine Legende durch ein Zitat aus meinem Beitrag [1] ersetzen:

Abb. 1. (S. xx). „Beim Zusammenleben in einer Bevölkerung stehen Merkmale, wie die Pigmentierung der Haut, die geographisch durch stufenlose Übergänge variieren, plötzlich kontrastreich nebeneinander. Ohne den geographischen Zusammenhang mit seinen gleitenden Übergängen werden die Menschen dann nicht als Personen mit einzigartig individuellen Merkmalen, sondern leicht nur als Typen wahrgenommen, die durch eine vermeintliche ‚Rasse‘ charakterisiert sind.“

Jeder Mensch ist einzigartig. Wer wahrnimmt, dass die Merkmale eines Menschen sämtlich individuelle Merkmale sind, der weiß, dass es keine „Rassenmerkmale“ gibt. Dass Merkmale in Afrika und Europa verschieden häufig sind, macht Afrikaner und Europäer nicht zu verschiedenen Unterarten („Rassen“). Afrika ist der Kontinent, in dem die Art *Homo sapiens* die größte genetische Vielfalt aufweist. Der Übergang von Afrika nach Europa bietet geographisch keinen Kontrast, sondern ist



Abb. 2. Dunkler und heller Birkenspanner in Paarung. Die unterschiedliche Färbung ist genetisch bedingt und stellt eine Anpassung an Fressfeinde (Tarnwirkung je nach Untergrund) dar. Die Tatsache, dass die dunkle Variante parallel zur Abnahme der Konzentration von Schwefeldioxid in der Luft abnimmt, die der hellen zunimmt, lässt vermuten, dass die beiden Varianten außerdem unterschiedliche physiologische Eigenschaften haben. [Photo U. Kattmann]

kontinuierlich klineal (Abb. 3). Der Kieler Anthropologe Hans W. Jürgens beschreibt seine Erfahrungen auf Forschungsreisen in Afrika so:

„Wenn Sie sich in Hamburg in den Flieger setzen und nach Liberia oder ein anderes afrikanisches Land fliegen, sehen Sie einen klaren Rassenunterschied: im Norden weiß, im Süden schwarz. Doch setzen Sie sich aufs Fahrrad und radeln von Kiel aus gen Süden, sehen Sie schon, dass die Norddeutschen etwas anders aussehen als die Süddeutschen, und so weiter. Wo fängt eine Rasse an und wo die andere?“

Jürgens fährt fort: „In meinem Studium hatte ich noch klare Rassenmerkmale gelernt, doch schon bei diesem meinen ersten Aufenthalt in Liberia und Nigeria 1962 fand ich niemanden, der allen Merkmalen entsprach, so dass ich in meinem Bericht schrieb: ‚Den perfekten Neger, so wie er im Lehrbuch steht, habe ich nicht gefunden‘ [15].“

Ist die Ablehnung des Rassenbegriffs ideologisch begründet?

Die Ablehnung, Menschen in Rassen einzuteilen, ist naturwissenschaftlich eindeutig aus der Evolution und Populationsgeschichte der Art *Homo sapiens* abzuleiten [1]. Kunz unter-



Abb. 3. Frauen in der Reihe von Nord nach Süd: Wo hört „weiß“ auf, und wo fängt „schwarz“ an? (Abfolge der Herkunftsorte: Norddeutschland, Süddeutschland, Äthiopien, Kenia). [Photos: U. Kattmann; Äthiopierin: Rainer Kwirotek, Menschen für Menschen]

stellt jedoch, die Ablehnung des Rassenbegriffs habe „auch ideologische, nicht nur wissenschaftliche Gründe“. Das sei „eine große Gefahr für die wissenschaftliche Erkenntnis.“ Und er meint, „soziale Wertungen haben nichts mit wissenschaftlicher Erkenntnis zu tun.“

Mit der Angabe vom „wissenschaftlichen Sinn“ von „Rasse“ zeigt Kunz das Gegenteil:

„Über Rassen können wir Voraussagen machen (z. B. in der Medizin über die unterschiedlichen genetischen Risikofaktoren von Angehörigen verschiedener Rassen, bestimmten Krankheiten zu erliegen oder auf bestimmte Medikamente zu reagieren [37]), die dann mit höherer Sicherheit eintreffen als rein zufällige Voraussagen. Das gibt Begriffen wie der Rasse einen wissenschaftlichen Sinn.“

Diese Aussage ist (einschließlich dem angegebenen Beleg) hinsichtlich ihrer wissenschaftlichen und ideologischen Hintergründe zu befragen:

Wenn man unterschiedliche Risikofaktoren ohne Diskussion der rassistischen Benachteiligungen und damit verbundenen sozialen Faktoren auf genetische Unterschiede zwischen „Rassen“ bezieht, und dies als Vorhersagekraft von „Rasse“ darstellt, verkennt man die rassistische Prägung des angesprochenen Zusammenhangs. In seinem früheren Beitrag führt Kunz dazu die Zulassung des Medikaments BiDil nur für Afroamerikaner an. Damit behandelt er Afroamerikaner implizit als Unterart [2].

Die Auseinandersetzung um „race“ und Medizin ist in den USA in vollem Gang. Dazu sollte man wissen, dass die Mitgliedschaft zu einer „race“ in den USA inzwischen dadurch bestimmt wird, welcher ethnischen oder nationalen Gruppe sich eine Person zugehörig erklärt (vgl. [1]). Die soziale Gruppe „race“ ist also nicht mit einer wie auch immer biologisch bestimmten „Rasse“ gleichzusetzen, obgleich genetische und genetizistische Vorstellungen nach wie vor stark auch mit „race“ verbunden werden.

Von medizinfachlicher Seite wird angeführt, dass die Orientierung an „race“ zutreffende Diagnosen geradezu verstellt und somit leicht zu Fehldiagnosen führt. „Race“ sollte danach in Diagnosen und medizinischer Forschung keinen Platz haben [16–19] (vgl. [1]).

Mit seiner Meinung zur Bedeutung von „Rasse“ für medizinischen Fortschritt [2] ist Kunz rassistischer Ideologie aufgesessen. Dies zeigt, wie eng hier ideologische und wissenschaftliche Argumente verknüpft sein können.

Fazit

Kunz setzt sich mit den Argumenten gegen seine Position nicht auseinander, so dass diese ohne Gegenrede stehen bleiben. Somit ist zu bekräftigen:

Es gibt kein wissenschaftliches Kriterium, die Art *Homo sapiens* in Unterarten („Rassen“) zu unterteilen. Der Rassenbegriff ist bezogen auf den Menschen obsolet.

Wer an einem Rassenbegriff bezogen auf den Menschen festhalten will, muss angeben, wie dies aus wissenschaftlichen Gründen gerechtfertigt sein könnte. Den Nachweis dafür ist Kunz in seinem Kommentar schuldig geblieben.

Literatur

- [1] U. Kattmann: Die genetische Vielfalt der Menschen widerspricht der Einteilung der Menschen in „Rassen“. *Naturw. Rdsch.* **74**, 285 (2021). – [2] W. Kunz: *Biol. Unserer Zeit* **51**, 168 (2021). – [3] M. S. Fischer, U. Hoßfeld, J. Krause, S. Richter: Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung. *Biol. Unserer Zeit* **49**, 399 (2019). – [4] S. O. Y Keita, A. J. Boyce: “Race”: Confusion about zoological and social taxonomies, and their places in science. *American Journal of Human Biology* **13**, 569 (2001). – [5] C. I. Wu: The genetic view of the process of speciation. *J. Evol. Biol.* **14**, 851 (2001). – [6] A. C. Reydon, W. Kunz: Classification below the species level: When are infraspecific groups biologically meaningful? *Biological Journal of the Linnean Society* **128**, 1 (2021). – [7] A. Wilting, et al.: Planning tiger recovery: Understanding intraspecific variation for effective conservation. *Science Advances* **1**, (2015). – [8] A. Kühn: Grundriss der Vererbungslehre. Quelle & Meyer. Heidelberg 1961. – [9] U. K. Schliewen, D. Tautz, S. Pääbo: Sympatric speciation suggested by monophyly of crater lake cichlids. *Nature* **368**, 629 (1994). – [10] S. Gavrilets, J. B. Losos: Adaptive radiation: Contrasting theory with data. *Science* **323**, 732 (2009). – [11] J. Weninger, U. Kattmann: Genkopplung und Selektion als Faktoren allmählicher Arttaufspaltung. In: U. Kattmann, G. von Wahlert, J. Weninger: *Evolutionsbiologie*. Aulis. Köln 1981. – [12] A. R. Templeton: Biological races in humans. *Stud. Hist. Philos. Biol. Biomed. Sci.* **44**, 262 (2013). – [13] A. R. Templeton, *American Anthropologist* **3**, 632 (1999). – [14] D. Brawand et al.: The genomic substrate for adaptive radiation in African cichlid fish. *Nature* **513**, 375 (2014). – [15] H. W. Jürgens: *Autobiografie*. Privatdruck 2021. – [16] J. L. G. Graves, M. R. Rose: Against racial medicine. *Patterns of Prejudice* **40**, (2006). – [17] J. Z. Garrod: Beyond BiDil: Race, Ethnicity, and the Case of Atrial Fibrillation. *UTMJ* **91**, 43 (2014). – [18] R. David, J. Collins: Disparities in infant mortality: What’s genetics got to do with it? *American Journal of Public Health* **97**, 1191 (2007). – [19] A. H. Goodman: Why genes don’t count (for racial differences in health). *American Journal of Public Health* **90**, 1699 (2000).

Prof. Dr. Ulrich Kattmann

Carl von Ossietzky Universität Oldenburg, Institut für Biologie und Umweltwissenschaften

E-Mail: ulrich.kattmann@uol.de

<https://uol.de/ulrich-kattmann.de>