

Taxonomie

- Vortrag

Kunz W:

Der Rassebegriff bei Vogel und Mensch – Wann ist eine Rasse eine Rasse?

✉ Werner Kunz, Institut für Genetik, Heinrich-Heine-Universität, Universitätsstr. 1, 40225 Düsseldorf,
E-Mail: Kunz@hhu.de

Wenn sich eine Art aus ihrem kleinen Ursprungsgebiet über eine große Fläche ausbreitet, kommt es zu Merkmalsveränderungen in den einzelnen geographischen Räumen, weil divergierende Merkmalsabänderungen wegen der Entfernung nicht mehr vollständig durch genetische Rekombination rückgängig gemacht werden

können („isolation by distance“). Solche lokalen Merkmalsdifferenzen können zufällig entstehen, aber auch Anpassungen an die jeweiligen örtlichen Klimate und Habitate sein („Ökotypen“). Die meisten Tierarten sind daher in geographisch unterschiedliche Typen gegliedert, die taxonomisch als „Rassen“ oder „Subspezies“

bezeichnet werden (Rensch 1964). Die Vielfalt der Rassen macht die Art zu einer heterogenen Gruppe unterschiedlicher „Typen“, weswegen Rensch schon 1928 vorgeschlagen hat, den Begriff der „Art“ (der Homogenität suggeriert) durch den Terminus „Rassenkreis“ zu ersetzen.

Rassen wurden besonders bei Vogelarten gut untersucht, und kaum ein Taxonom würde auf die Rassengliederung verzichten.

Wichtig zum Verständnis des Rassebegriffs ist, dass es sich um geographische Unterschiede handelt. Es ist nicht möglich, eine Art nach irgendwelchen Unterschieden in Gruppen aufzugliedern; denn dann wären diese Rasse-Merkmale vom Menschen ausgewählt und könnten je nach der Merkmalsauswahl zu ganz unterschiedlichen Gruppierungen führen. Das wären dann keine in der Natur vorliegenden Gruppen mehr, sondern Konzepte des menschlichen Geistes. Die geographische Trennung ist auch Ursache dafür, dass Rassen überhaupt entstehen konnten und erhalten bleiben; denn bei fehlender geographischer Trennung käme es zur Vermischung, und die Rassen würden verschwinden.

Wegen der Gefahr, Rasseinteilungen subjektiv vorzunehmen, schuf der US-amerikanische Populationsgenetiker Lewontin in den siebziger Jahren des vorigen Jahrhunderts einen neuen Rassebegriff, der in der Humangenetik bis heute angewendet wird und die Rasse vollkommen anders definiert als in der Zoologie (Lewontin 1972). Lewontin erkannte, dass die verschiedenen Allele der meisten Gen-Loci in allen Populationen einer Art vertreten sind. Man findet nur wenige Beispiele, bei denen eine Population ein Allel besitzt, das der anderen Population vollkommen fehlt. Daher liegen die Gruppenunterschiede in einer Art oft nicht im Vorhandensein oder Nicht-Vorhandensein eines Allels, sondern nur in der Häufigkeitsverteilung der Allele einzelner Gen-Loci. Z. B. ist das Blutgruppen-Gen beim Menschen in verschiedenen Rassen durch eine unterschiedliche Häufigkeitsverteilung seiner Allele vertreten, aber jede Rasse besitzt alle drei Allele A, B und 0.

Lewontin erwartete nun, dass diese Häufigkeitsverteilung der Allele (Varianz) zwischen den einzelnen Rassen sehr unterschiedlich sein müsse und dass dies der eigentliche Rassenunterschied wäre. Unterschiedliche Merkmale zwischen den Rassen akzeptierte er zwar, ließ sie aber nicht gelten. Zu seinem Erstaunen fand Lewontin, dass die Varianz der Allele schon innerhalb einzelner Populationen fast genauso hoch ist wie innerhalb der Rassen und innerhalb der gesamten Spezies. Eine hohe Allel-Varianz findet sich also schon auf dem Niveau kleiner Gruppen und nimmt in größeren Gruppen kaum zu. Damit unterscheiden sich im Schnitt zwei Menschen europäischer Abkunft fast genauso stark voneinander wie ein Europäer und ein Schwarz-Afrikaner, und es ist kaum möglich, ein statistisch ausgewähltes Individuum

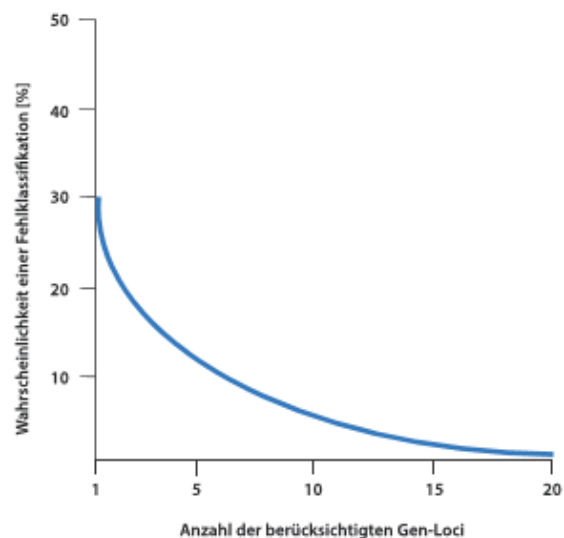


Abb. 1: Individuen können unterschiedlichen Rassen umso sicherer zugeordnet werden, je mehr Gen-Loci zur Klassifikation verwendet werden (nach Edwards 2003, stark verändert).

nach der Allel-Varianz einer Rasse zuzuordnen. Der Begriff der Rasse sei „biologisch unbrauchbar“.

Dieser Schluss wurde jedoch durch den britischen Statistiker und Genetiker Edwards widerlegt (Edwards 2003). Er wies nach, dass die Zuordnung der Individuen zur Rasse nur solange eine hohe Fehlerquote aufweist, wie die Gen-Loci zwischen den Rassen einzeln verglichen werden. Kombiniert man dagegen mehrere Gene miteinander, dann sinkt die Wahrscheinlichkeit einer Fehlklassifikation mit der Zahl der gleichzeitig betrachteten Gen-Loci, bis schließlich bei fünf oder mehr betrachteten Loci eine sichere Zuordnung der Individuen zu definierten Rassen durchaus mit hoher Signifikanz möglich ist (Abb. 1).

Es gibt keine parallelen Untersuchungen der Häufigkeitsverteilung der Allele bei den geographischen Rassen der Tierarten. Ebenso fehlen diese Daten bei Haustieren (Wayne 1993). Zwar ist *Homo sapiens* eine relativ junge Spezies, jedoch gibt es keinen Grund anzunehmen, dass die populationsgenetischen Verhältnisse bei Tierarten grundsätzlich anders sind als beim Menschen. Bei Tieren aber gilt ein anderer Rassebegriff, der auf geographisch unterschiedlichen Merkmalen beruht. Es ist sicher kein erstrebenswerter Zustand, dass in verschiedenen Wissenschaftszweigen (Zoologie vs. Humangenetik) und damit in verschiedenen Spezies der Rassebegriff unterschiedlich definiert ist (Pigliucci 2003). Dies behindert die wechselseitige Kommunikation der Wissenschaften.

Literatur

Edwards AWF 2003: Human genetic diversity: Lewontin's fallacy. *BioEssays* 25: 798-801.

Lewontin RC 1972: The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology* 6: 381-398.

Pigliucci M & Kaplan J 2003: On the concept of biological race and its applicability to humans. *Philosophy of Science*

70: 1161-1172.

Rensch B 1964: Geographic races in zoology. United Nations Educational Scientific and Cultural Organization. Expert Meeting on the Biological Aspects of Race. Moscow, 12-18 August 1964.

Wayne RK 1993: Molecular evolution of the dog family. *Trends in Genetics* 9: 218-224.