

Jena, Haeckel und die Frage nach den Menschenrassen oder der Rassismus macht Rassen

Martin S. Fischer, Uwe Hoßfeld, Johannes Krause und Stefan Richter

Einleitung

Die 112. Jahrestagung der Deutschen Zoologischen Gesellschaft, die vom 10. bis 13. September 2019 in Jena stattfand, wurde traditionell mit der Begrüßung durch den Präsidenten, Prof. Dr. Jacob Engelmann, und einem öffentlichen Vortrag eröffnet. Anders als sonst hatten sich die Veranstalter entschlossen, nicht die Geschichte der Zoologie am Tagungsort vorzustellen, sondern als Thema „Jena, Haeckel und die Frage nach den Menschenrassen oder der Rassismus macht Rassen“ gewählt. Die Veranstaltung fand kurz nach dem 100. Todestag von Ernst Haeckel statt, weshalb es hier einen besonderen Bezug gab. Im Anschluss an den von den Autoren dieses Aufsatzes gemeinsam gehaltenen Vortrag wurde die „Jenaer Erklärung“ bekannt gegeben (https://www.uni-jena.de/190910_JenaerErklaerung)¹. Der Vorstand der Deutschen Zoologischen Gesellschaft und der Präsident der Friedrich-Schiller-Universität, Prof. Dr. Walter Rosenthal, unterstützten die Autoren in dem Bestreben, mit dieser Erklärung gegen scheinbar wissenschaftliche Rechtfertigungen für Rassismus vorzugehen. Im Folgenden werden wir die wissenschaftlichen Hintergründe der „Jenaer Erklärung“ darlegen. Als Wissenschaftler stehen wir

in der besonderen Verantwortung, Ideologien und ihre Begriffe oder auch augenscheinliche Sachverhalte aufgrund unserer Fachkunde zu kritisieren und gegebenenfalls zu dekonstruieren.

Rassismus ist von Angst getrieben, Ängste sind hier irrational, man kann ihnen rational im Moment der Angst nur schwer entgegenreten. Man muss ihnen zuvorkommen. Rassismus braucht eine Legitimation, deshalb sucht er sich Erklärungen und besonders gern biologische Erklärungen, weil sie naturgegeben erscheinen sollen, und genau dort setzt die „Jenaer Erklärung“ an.

Claude Lévi-Strauss hat Rassismus definiert als „eine Lehre, die behauptet, in den geistigen und moralischen Eigenschaften, die einer wie immer definierten Gruppe von Individuen zugeschrieben werden, die unausweichliche Wirkung eines gemeinsamen genetischen Erbes zu erkennen“ (Rede vor der UNESCO 1971, s.a. Lévi-Strauss, 1972).

Rassismus schafft Rassen

„Hier sieht es aus oder geht es zu wie bei den Hottentotten“ ist ein in Deutschland geläufiger Satz im Alltagsgebrauch, um Unordnung zu kritisieren. Klingt „ot-ten-otten“ nicht schon wie eine Buschtrommel und suggeriert uns dieser Satz

¹ Die Jenaer Erklärung wurde im Nachgang der Bekanntgabe in der „Biologie in unserer Zeit“ publiziert. Fischer et al. (2019). *Biuz* 49: 399-402.

nicht, dass zumindest Unordnung ein Wesensmerkmal der Hottentotten sei?

Aber es ist viel absurder, denn Hottentotten gab es nie, die Bezeichnung war schon immer ein diskriminierender Begriff für ethnisch sehr unterschiedliche Menschen im südlichen Afrika, von denen wir heute wissen, dass ihre genetische Diversität diejenige von Nicht-Afrikanern übertrifft.

Schon Carl von Linné wusste über die Hottentotten Folgendes zu berichten: „Von eben diesem Ursprung stammen auch die Hottentotten ohnweit dem Vorgebirge der guten Hoffnung her; jedoch sind diese Völker viel gesitteter, welches vielleicht von dem Umgang mit den Holländern herrührt. Sie sind nicht so schwarz, als die Neger, ja diejenigen, welche unter den Holländern erzogen werden, bleiben weiß. Damit sie recht schwarz seyn mögen, beschmieren sie ihren Körper mit Fettigkeit und Ruß“ (Linné 1773, S. 95).

Ernst Haeckel wusste auch nicht, was Hottentotten sein sollen, er hat streng genommen nur das Wort „Hottentotten“ klassifiziert. Er fragte sich nicht, ob seine Zuschreibungen überhaupt real existieren, sondern er übernahm Begriffe aus dem holländischen und dann deutschen kolonialen Sprachgebrauch, also primär rassistische Begriffe, und bildete daraus Rassen und sogar Arten.

In seinem *Stammbaum des Menschengeschlechts* schreibt Haeckel, dass man die verschiedenen sogenannten Rassen „mit eben so vielem Rechte als gute Arten oder Species ansehen“ könne (Haeckel 1868a, S. 512). Die Hottentotten seien mit den „Papua-Menschen oder

Negrito“ zusammen auf der niedrigsten Stufe der Menschheit stehen geblieben. „Das letztere (eben die niedrigste Stufe der Menschheit) gilt auch von den nächstverwandten Hottentotten oder Schmiernmenschen (*Homo hottentottus*), worunter wir nicht bloss die echten Hottentotten oder Quaiquas, sondern auch die viehischen Buschmänner und einige andere nächstverwandte Stämme des südlichen Afrikas begreifen“ (ebd., S. 512). Haeckel weiß also nichts über Hottentotten, er gibt auch keine Quellen oder andere Informationen an, aber er behauptet zu wissen, dass sie mit den Menschen von Papua-Neuguinea nächstverwandt sind und dass beide auf der niedrigsten Stufe der Menschheit stehen würden. Und „wir“ begreifen unter Hottentotten nun alle Stämme des südlichen Afrikas. Mit diesem Satz diskreditiert Haeckel sich selbst.

Aus nicht nachvollziehbaren Gründen hätten „zwei am meisten divergente, eine wollhaarige Art und eine schlichthaarige Art, im Kampf um's Dasein über die übrigen (gemeint sind „ausgestorbene Menschenarten“) den Sieg davon“ getragen und seien zu den „Stammformen der übrigen Menschenarten“ geworden. Und er fährt fort (ebd., S. 515): „Der wollhaarige Zweig breitete sich zunächst südlich des Äquators aus, indem er sich theils nach Osten (nach Neuguinea), theils nach Westen (nach Südafrika) hinüberwandte. ... Der schlichthaarige Zweig dagegen wandte sich hauptsächlich nach Norden. Alle heute noch lebenden wollhaarigen Völker (*Ulotriches*) sind auf einer viel tieferen Stufe der Ausbildung stehen geblieben, als die meisten schlichthaarigen. Sie

alle haben die langköpfige und schiefzähnlige Schädelform und die dunkle Hautfarbe beibehalten.“ Ernst Haeckels erstes Kriterium zur Unterscheidung aller Menschen ist die Beschaffenheit ihrer Kopfhare – wollhaarige und schlichthaarige – und ohne nähere Begründung schließt er daraus, dass die Wollhaarigen auf einer niedrigen Stufe stehen (Levit & Hoßfeld 2020). Die „Urheimat“ der verschiedenen Menschenarten deutete seiner Meinung nach auf einen versunkenen Kontinent im Indischen Ozean – Lemurien genannt – hin (Wogawa 2015).

Das Denken von Haeckel ist grundsätzlich von der Idee der Vervollkommnung geprägt, die Ausdruck seiner monistischen Weltanschauung war (Haeckel 1866). Wenn er, wie beim Stammbaum des Menschen, von vornherein festlegt, wer am Ende oder besser an der Spitze stehen wird, stellt sich die Frage, woher er diese Gewissheit nimmt? Schließt man Selbstliebe oder die Zugehörigkeit eines Autors zu einer bestimmten Gruppe als Motiv aus, stößt man auf einen wesentlichen Aspekt der anthropogenetischen Forschung, ihren Eurozentrismus, dessen Kehrseite der vermeintliche Primitivismus von „Afrikanern“ ist.

In der Lehrsammlung des Zoologischen Institutes in Jena befand sich – bis zu ihrer Rückführung nach Namibia im Jahr 2018 – die „Kopfhaut eines Herrero“, um vermeintlich *ulotriches* Haar zu demonstrieren. Dieser Skalp war Haeckel von Leonhard Schultze geschickt worden. Er hatte bei Haeckel studiert, war von ihm promoviert und habilitiert worden und war dann zunächst Privatdozent, schließlich außerordentlicher Professor für Zoolo-

gie und sogar designierter Gründungsdirektor des Phyletischen Museums. Schultze reiste im Auftrag von Johann Albrecht Herzog zu Mecklenburg, Präsident der Deutschen Kolonialgesellschaft, 1903 nach Deutsch-Südwestafrika, zunächst um die „Fischereiverhältnisse an der südwestafrikanischen Küste und am Kap der guten Hoffnung“ im Hinblick auf ihre wirtschaftlich verwertbaren Potentiale zu untersuchen (diese und die nachfolgenden Angaben s. Förster & Stöcker 2016). Mit Zustimmung der Königlich Preußischen Akademie der Wissenschaften zu Berlin erhielt Schultze von der Alexander von Humboldt Stiftung für Naturforschung und Reisen für das Jahr 1903 eine Summe von rund 7000 Mark für systematische und geographisch-zoologische Untersuchungen in Deutsch-Südwestafrika. Neben zoologischen, geographischen und linguistischen Aufzeichnungen sammelte er fortwährend auch anthropologische Daten (wie Körpermessungen) und fotografische Aufnahmen, vor allem von San und Nama. Wie Schultze selbst berichtete, boten ihm die „Kriegsumstände“ – gemeint ist der Völkermord an den Herero und Nama 1904-1908 – mehrfach die Möglichkeit, sich „die Opfer des Krieges zunutze [zu] machen und frischen Leichen von Eingeborenen Teile [zu] entnehmen, die das Studium des lebenden Körpers (gefangene Hottentotten standen mir häufig zu Gebote) willkommen ergänzten“. Neben der Kopfhaut sandte Schultze weitere menschliche Überreste in zweistelliger Anzahl aus Deutsch-Südwestafrika nach Deutschland. Dass auch an anderen Universitäten Sammlungen vorhanden sind, die auf solch grauenvolle Weise angeeig-

Ernst Haeckel - Über die Entstehung und den Stammbaum des Menschengeschlechts

Im Jubiläumsjahr 2019 wurden die Verdienste Ernst Haeckels für die deutsche und internationale Zoologie vielerorts beschrieben und gewürdigt, stellvertretend seien hier die Beiträge von Hoßfeld et al. (2019) und Levit & Hoßfeld (2019) genannt. Seine hier zur Diskussion stehende Beschäftigung mit humanphylogenetischen Fragestellungen reichte über einen Zeitraum von 45 Jahren. Sie begann 1863 (Stettiner Vortrag) und endete 1908 mit der Schrift über *Unsere Ahnenreihe (Progonotaxis Hominis)* (Hoßfeld 2010, 2016).

In dem Vortrag auf der 38. Versammlung der deutschen Naturforscher und Ärzte in Stettin am 19. September 1863 *Ueber die Entwicklungstheorie Darwin's* sagte Haeckel: „Was uns Menschen selbst betrifft, so hätten wir also consequenter Weise, als die höchst organisierten Wirbelthiere, unsere uralten gemeinsamen Vorfahren in affenähnlichen Säugethieren, weiterhin in kanguruhartigen Beuteltieren, noch weiter hinauf in der sogenannten Secundärperiode in eidechsenartigen Reptilien, und endlich in noch früherer Zeit, in der Primärperiode, in niedrig organisierten Fischen zu suchen“ (Haeckel 1864, S. 17). Der Mensch sei weder „als eine gewappnete Minerva aus dem Haupte des Jupiter“ noch „als ein erwachsener sündenfreier Adam aus der Hand des Schöpfers“ (ebd., S 26) hervorgegangen.

Im zweiten seiner beiden 1865 gehaltenen Vorträge *Ueber die Entstehung und den Stammbaum des Menschengeschlechts* (gedruckt 1868) unterteilte er die Menschenaffen (Anthropoides) in „Asiatische Waldmenschen (Kleiner Orang, Großer Orang)“ und „Afrikanische Waldmenschen (Schimpanse, Gorilla)“. Die zuvor u.a. von Johann Friedrich Blumenbach unterschiedenen Menschenrassen fasste Haeckel als Menschenarten auf und erweiterte diese auf zehn (Haeckel 1868b).

Im 27. Kapitel seines Hauptwerkes *Generelle Morphologie der Organismen* mit dem Untertitel „Allgemeine Grundzüge der organischen Formen-Wissenschaft, mechanisch begründet durch die von Charles Darwin reformierte Descendenz-Theorie“, thematisierte Haeckel die Stellung des Menschen in der Natur. Die somatischen und psychischen Differenzen zwischen dem Menschen und den übrigen Tieren seien nur quantitativer, nicht qualitativer Natur. Anthropologie sei nichts anderes als ein spezieller Zweig der Zoologie. Als hypothetisches Verbindungsglied zwischen den Menschenaffen (Anthropoiden) und den echten (sprechenden) Menschen stellte er den Affenmenschen, den *Pithecanthropus*, wohlgemerkt ohne Fossilfund.

Seine populäre *Natürliche Schöpfungsgeschichte* (Haeckel 1868a) erbrachte im Hinblick auf die früheren Arbeiten dann nichts wesentlich Neues. Er unterschied „zehn verschiedene Species der Gattung Homo“, unterteilt in die Abteilungen: Wollhaarige Menschen (*Homines ulotriches*) sowie Schlichthaarige Menschen (*Homines lissotriches*). Als 10. Art wird der Kaukasische Mensch (Iranischer oder weißer Mensch) gelistet, der wiederum in zwei gleichrangige „Abarten“ unterteilt ist, nämlich den semitischen (südlichen) Zweig und den indogermanischen (nördlichen Zweig). Ersterer umfasst Araber, Berber, Abessinier und Juden. Letzterer umfasst Arier, Romanen, Slaven und Germanen. Von der zweiten Auflage (1870) an werden nicht mehr 10 sondern 12 Menschen-Arten (mit 36 Rassen) unterschieden. Man findet nun auch erste rassenkundliche Bemerkungen und Abbildungen, die eine Wertung als „niedere“ und „höhere“ Menschen erkennen lassen: „Die niedersten Menschen stehen offenbar den höchsten Affen viel näher, als dem höchsten Menschen“ (ebd., S. 555). In der *Anthropogenie* (1874) kehrt dieselbe Humanphylogenie wieder (Haeckel 1874: 481-496) und blieb bis zur sechsten und letzten Ausgabe (1910) unverändert.

Im Werk *Systematische Phylogenie* (1895) diskutierte Haeckel im Kapitel „Systematische Phylogenie der Wirbelthiere (Vertebrata)“ nochmals ausführlich die „Systematische Phylogenie des Menschen“ unter stärkerer Berücksichtigung der Paläontologie. Von den gefundenen Fossilien sprach er einigen wie dem *Pithecanthropus erectus* von Java einen gewissen „hohen Werth...“ (Haeckel 1895, S. 617) zu..

Im Frühjahr 1898 erhielt Haeckel die Einladung, auf dem 4. internationalen Zoologenkongress in Cambridge einen Vortrag zu halten. Er sollte dort eine der großen allgemeinen Fragen, wenn nicht gar die „Frage aller Fragen“ (T. H. Huxley) thematisieren. Der Inhalt des Vortrages stellte eine Kompilation seiner Ansichten zur biologischen Anthropologie, Entwicklungsgeschichte und Zoologie dar (Haeckel 1898).

In späteren Schriften wie *Der Kampf um den Entwicklungsgedanken* (1905), *Das Menschen-Problem und die Herrentiere von Linné* (1907) schloss Haeckel dann an seine Ausführungen aus den Jahren 1866 bis 1895 unmittelbar ohne nennenswerte Ergänzungen an. Die Schrift *Unsere Ahnenreihe (Progonotaxis Hominis)* von 1908 bildet den publizistischen Abschluss der Beschäftigung mit diesem Themengebiet.

Auch in seinen „philosophischen“ Schriften wie *Die Welträthsel* (1899), *Die Lebenswunder* (1904), *Sandalion* (1910) oder den „Kriegsschriften“ wie *Ewigkeit* (1915) finden sich vereinzelt Aussagen zur Herkunftsgeschichte der Menschen nunmehr mit einem stärkeren Bezug auf Politik und Gesellschaft. In *Ewigkeit. Weltkriegsgedanken über Leben und Tod/Religion und Entwicklungslehre* (1915) sah Haeckel nach wie vor in der Anthropologie einen „Teil der Zoologie“, benutzt aber wie schon in den *Lebenswundern* nun ausschließlich den Terminus „monistische Anthropologie“, die die „richtige Wertschätzung des Menschenwesens“ zum Ziel hat (Haeckel 1915, S. 65). Die biologische Anthropologie sollte nunmehr in einer mehr philosophisch orientierten Anthropologie aufgehen und politische Bemerkungen enthalten. So wirft er an einer Stelle dem „Todfeind England“ vor, „alle verschiedenen Menschenrassen zur Vernichtung des deutschen Brudervolkes [der nächstverwandten Germanen] mobil gemacht“ zu haben: „[...] ruft es [England] als Verbündete die niederen farbigen Menschenrassen aus allen Erdteilen zusammen: vorab die gelben, schlitzäugigen Japaner, die perfiden Seeräuber des Ostens!, dann die Mongolen aus Hinterindien und die braunen Malayen aus dem benachbarten Malakka und Singapur; die schwarzbraunen Australneger und Papuas aus Ozeanien, die Kaffern aus Südafrika und die Senegalneger aus den nordafrikanischen Kolonien – und damit kein Farbton der tief verachteten ‘Niederer Menschenrassen’ fehlt, und das buntscheckige Heer des stolzen Albion auch in ethnographischer Zusammensetzung die ‘ewige Weltherrschaft’ des anglosächsischen Inselvolks demonstriert, werden auch noch die Reste der Rothäute aus Amerika auf die blutdampfenden Schlachtfelder von Europa herübergeschleppt!“ (Haeckel 1915, S. 86, Hervorhebungen im Orig.).

Aus seiner Sicht stellte sich der gesamte Erste Weltkrieg als ein „niederträchtiger Verrat an der weißen Rasse“ dar und musste „als ein Meuchelmord der höheren menschlichen Kultur gebrandmarkt“ werden (ebd., S. 86). Es sei sichtbar, dass der kulturelle und psychologische Abstand zwischen den „höchstentwickelten europäischen Völkern und den niedrigst stehenden Wilden größer ist, als derjenige zwischen diesen letzteren und den Menschenaffen“; d.h. Haeckel deutete und übertrug hier sein Schema „Die Familiengruppe der Katarrhinen“ von 1868 (*Natürliche Schöpfungsgeschichte*) auf die zivilisatorischen Entwicklungen (Pithecometra-Satz). Und er klagte den „brutalen National-Egoismus“ Englands an, der nur der Aufrechterhaltung der „pambritischen [gemeint ist wohl panbritischen] Weltherrschaft (‘für alle Ewigkeit!’)“ diene (ebd., S. 86).

net wurden, mildert den Sachverhalt nicht.

„Menschenrassen“ - was ist das?

Der Ursprung der anthropologischen Rassenkunde liegt im 18. Jahrhundert, als mit Carl von Linné die Klassifikation der natürlichen Ordnung ihren Anfang nahm. Am Ende des 18. Jahrhunderts lassen sich dann drei Stränge der anthropologischen Forschung ausmachen: die Diskussionen über ein allgemeines Menschenbild auf der Grundlage des „Tier-Mensch-Vergleiches“, der Beitrag von Ärzten bei der Erarbeitung von Kenntnissen über die menschliche Anatomie und deren Variationen und das Sammeln von Wissen über die geographische Variabilität und Verbreitung des Menschen während der umfangreichen Sammelexpeditionen und wissenschaftlichen Reisen. All dies vereinigte sich dann in einer Naturgeschichte des Menschen.

Es ist Linnés Verdienst, den Menschen wieder in eine vergleichende Betrachtung der Tierwelt eingebettet zu haben (Broberg 1994). Bereits 1735 findet sich in der ersten Auflage seines Werkes *Systema Naturae* eine Klassifikation des Tierreiches mit dem Menschen an der Spitze. Dabei stellte er den Menschen (Homo) in die Ordnung der Anthropomorpha. Zunächst nach der Herkunft und dem Einzelmerkmal der Hautfarbe unterscheidend, benennt er vier Varietäten: *Homo Europaeus albescens*, *Americanus rubescens*, *Asiaticus fuscus* und *Africanus nigrescens*. Später (1758) errichtet er die Ordnung „Primates“ (Herrentiere), verleiht dem Menschen seinen Artnamen *Homo sapiens* und ergänzt die Klassifikation der

Varietäten um Merkmale der Körpergestalt und Eindrücke des Temperaments.

Immanuel Kant kam von der Beschäftigung mit der Geographie zur Anthropologie. Im Jahre 1775 erschien „Von den verschiedenen Racen der Menschen zur Ankündigung der Vorlesungen der physischen Geographie im Sommerhalbjahre 1775“. In dieser Vorlesung unterschied er zunächst eine „Schuleinteilung“, die sich auf Klassen (Ähnlichkeiten) und eine „Natureinteilung“, die sich auf Stämme (Verwandtschaft) bezog. Die Menschen bildeten dabei eine Gattung und mussten alle aus einem Stamm kommen. Als „Stammgattung“ aller Menschen nahm Kant „Weiße von brünetter Farbe“ an, als deren „Anartungen“ folgende Gruppen auftreten sollten: „Erste Rasse Hochblonde (Nördl. Eur.) von feuchter Kälte | Zweite Rasse Kupferrote (Amerik.) von trockner Kälte | Dritte Rasse Schwarze (Senegambia) von feuchter Hitze | Vierte Rasse Olivengelbe (Indianer) von trockner Hitze“ (Kant 1775, S. 28).

Diese Einteilung basierte hauptsächlich auf seiner Anschauung von der Einwirkung des Klimas; so sollte z.B. trockene Kälte das Wachstum hemmen: „In den heißen Ländern reift der Mensch in allen Stücken früher, erreicht aber nicht die Vollkommenheit der temperirten Zonen. Die Menschheit ist in ihrer größten Vollkommenheit in der Race der Weißen. Die gelben Indianer [sic] haben schon ein geringeres Talent. Die Neger sind weit tiefer, und am tiefsten steht ein Theil der amerikanischen Völkerschaften“ (Kant 1802, S. 316).

Allerdings stellt Kant auch fest: „Die Klasse der Weißen ist nicht als besondere

Art in der Menschengattung von der der schwarzen unterschieden; und es giebt gar keine verschiedenen Arten von Menschen“ und ist damit vielleicht schon einen Schritt weiter als seine Zeitgenossen (Kant 1785, S. 75).

Ferner maß Kant in seinen anthropologischen Studien der Erblichkeit der „natürlichen Anlagen“ einen hohen Stellenwert bei. Insbesondere mit Georg R. Forster kam es hierüber in der Zeitschrift *Der Teutsche Merkur* zu einem Streitgespräch (Forster 1786, Kant 1788). Forster wandte sich zudem gegen die Möglichkeiten einer Anpassung der Hautfarbe, weil er damit eine „Zerklüftung der Menschheit“ befürchtete und lehnte ferner den Rassenbegriff Kants ab. Kant hatte Rasse bereits 1785 wie folgt definiert: „Der Begriff einer Rasse ist also: *der Klassenunterschied der Tiere eines und desselben Stammes, so fern er unausbleiblich erblich ist*“ (Kant 1785, S. 75; Hervorhebung im Orig.). Nach Forster ist eine Rasse dagegen nur „ein Volk von eigentümlichem Charakter und unbekannter Abstammung“ (Forster 1786, S. 160).

Nahezu zeitgleich mit Kant hatte Johann Friedrich Blumenbach Vorstellungen über die Menschheitsgeschichte entwickelt. Zunächst mit dem Katalogisieren von Schädeln befasst, sollte sich seine 100 Seiten umfassende Dissertation *De generis humani varietate nativa* (1775) als bedeutend für die Geschichte der Anthropologie erweisen. Seine Arbeit stellt für die damaligen wissenschaftlichen Verhältnisse einen ersten Versuch dar, die körperlichen Verschiedenheiten der Menschen übersichtlich und anschaulich dar-

zustellen. Ebenso ist es sein Verdienst, die „technischen Mittel zur direkten Beobachtung und Untersuchung, die seine Zeit ihm bot, für die Anthropologie ausgewählt und zusammengestellt zu haben“ (Scheidt 1922, S. 293). Als Methode und Objekt nutzte er den Schädelvergleich. Später verband Blumenbach seine Ergebnisse mit denen aus der vergleichenden Anatomie, Physiologie und Psychologie.

Mit seiner Rassengliederung, die auf unterschiedlichen Hauttönungen beruhte, gab Blumenbach eine Klassifikation vor, die bis heute eine außerordentliche Verbreitung erlangte. Er unterschied fünf Haupttrassen: 1. Die caucasische Rasse, 2. die mongolische Rasse, 3. die äthiopische Rasse, 4. die americanische Rasse und 5. die malayische Rasse“ (Blumenbach 1803).

Wenn auch mit Vorbehalt und durchaus differenziert, erklärte er die „Europäer und westlichen Asiaten ... nebst den Nord-Africanern“ für „mehr oder weniger weiß“, die „übrigen Asiaten ... nebst den nordlichsten Americanern“ für „meist gelbbraun“, die „übrigen Africaner“ für „mehr oder weniger schwarz“, die „übrigen Americaner“ für „meist von kupferrother Farbe“ und die „Südsee-Insulaner“ für „meist schwarzbraun“ (Blumenbach 1790, S. 82-83).

Als wichtigste „reizende Eindrücke“, welche diese Varietätenunterschiede hervorbringen, sah Blumenbach den Einfluss des Klimas auf Hautfarbe und Körpergröße an. Dies veranlasste ihn, die Urheimat des Menschengeschlechts in Asien anzunehmen und somit die kaukasische Rasse mit der weißen Hautfarbe (als die ur-

sprünglichste) an die Spitze seiner Einteilung zu stellen.

Die Variabilität innerhalb der als Menschenrassen bezeichneten Gruppen bemerkt auch Charles Darwin (Darwin 1875: S. 228), so dass kein „Character angeführt werden kann, welcher für eine Rasse distinctiv und constant ist“, was ihn allerdings nicht hinderte, Rassen zu unterscheiden. Er fährt fort: „Der Mensch ist sorgfältiger als irgend ein anderes Wesen studiert worden und doch besteht die größtmögliche Verschiedenheit des Urtheils zwischen fähigen Richtern darüber, ob er als eine einzige Species oder Rasse classificiert werden solle oder als zwei (Virey), als drei (Jacquinot), als vier (Kant), fünf (Blumenbach), sechs (Buffon), sieben (Hunter), acht (Agassiz), elf (Pikering), fünfzehn (Bory St. Vincent), sechzehn (Desmoulins), zweiundzwanzig (Morton), sechzig (Crawfurd), oder als dreiundsechzig nach Burke. Diese Verschiedenartigkeit der Beurtheilung beweist nicht, daß die Rassen nicht als Species zu classificieren wären, es zeigt aber dieselbe, daß sie allmählich in einander übergehen und daß es kaum möglich ist, scharfe Unterscheidungsmerkmale zwischen ihnen aufzufinden.“

Wir machen nun einen großen Sprung in die Gegenwart. Im Amerikanischen wird häufig von „folk races“ gesprochen, um die Mehrdeutigkeit des Begriffes „Volk“ zu umgehen, am besten mit „Jedermannsrassen“ zu übersetzen, denen dann auch kulturelle Eigenschaften zugewiesen werden können. Die Korrelation von phänotypischen Merkmalen mit kontinentaler geographischer Verbreitung zeigt auch heute noch eine deutliche Nä-

he zur Blumenbachschen Einteilung, aber auch eine gewisse Nähe zu den geographischen Rassen Ernst Mayrs.

Für Mayr (2002), dem herausragenden Proponenten des sogenannten *Biologischen Artbegriffes*, bestand kein Zweifel, dass Menschenrassen als geographische Rassen, wie bei anderen Wirbeltieren, biologischer Fakt sind. Für den Zoologen ist das Konzept der Rasse in aller Regel mit einer geographischen Aufgliederung innerhalb von Arten im Rahmen eines allopatrischen Artbildungsprozesses verbunden. Von eher untergeordneter Bedeutung sind andere Ansätze, wie die Suche nach monophyletischen Einheiten innerhalb des Menschen (Andreasen 1998) oder der Versuch, menschliche Ökotypen zu definieren und diese dann als Rassen zu bezeichnen (Pigliucci & Kaplan 2003). Es sind diese vorgeblich biologischen Konzepte, die auf den Prüfstand gestellt werden und nach ihrer Existenz und Realität hinterfragt werden sollen, nicht nur, aber auch, da sie als Argumentationshilfen den sozialen Rassismus rechtfertigen sollen.

Rasse als soziales Konstrukt

Teresa J. Guess hat in ihrem Aufsatz „Social construction of whiteness“ gezeigt, wie sich die Frage nach Rassen in den USA nie für die weiße Rasse stellt. Deren Existenz wird in konventionellen Ansätzen als gegeben betrachtet, in neueren wird dagegen „whiteness in relation to the „other““ gesehen. Die Frage nach der sozialen Konstruktion des Weißseins ist aber essentiell, wenn es um die Superiorität von Weißen geht. So bestimmte der erste U. S. Naturalization Act 1790,

dass „freie Weiße“ („free white persons“), die zwei Jahre in den USA lebten, die amerikanische Staatsbürgerschaft erwerben konnten, was praktisch zumeist auf weiße, meist angelsächsische Männer mit Grundbesitz beschränkt blieb.

Die Idee einer konstruierten Superiorität von Weiß geht ab der Mitte des 19. Jahrhunderts eine Verbindung mit evolutionsbiologischem Denken ein. Herbert Spencer, von dem der Ausdruck „survival of the fittest“ stammt (und nicht von Darwin, der diesen Ausdruck erst in der 5. Auflage seines Werkes *On the Origin of Species* ... als Kapitelüberschrift übernahm), begründete im viktorianischen England mit seiner Fortschrittsgetriebenheit und „biological Spencerism“ (Freeman et al. 1974) schon vor Haeckel den Sozialdarwinismus und die extreme Form von weißer Superiorität. Im Kern wird nun zunehmend davon ausgegangen, dass es den unterschiedlichen Menschengruppen innewohnende Eigenschaften gibt, welche sich z. B. in der Hautfarbe zeigen und die mit der Geschichte seines Trägers, dessen Ahnen und dessen Gruppe verknüpft werden. Der „Erfolg“ der „Weißen“ wird umgekehrt zur Diskriminierung von Menschen anderer Hautfarbe genutzt. Und da die Hautfarbe am auffälligsten ist, fängt der Rassismus damit häufig an. Die Wahrnehmung von Hautfarbe hängt aber in hohem Maße vom Grad der Sesshaftigkeit und damit lokaler Beschränktheit zusammen. Je seltener andersfarbige Menschen in eine solche kleine Welt kommen, um so undifferenzierter ist die Wahrnehmung der Bewohner – im wahrsten Sinne schwarzweiß: „Skin colour has

minimal intrinsic significance but has taken on immense cultural significance and will continue to do so for a long time to come“ (Evans 2019, S. 104).

Es geht uns im vorliegenden Aufsatz explizit nicht um die beispielsweise in den USA dominierende gesellschaftliche Konstruktion von Rassen (West 2017). Aber auch für diese hat bereits Van den Berghe in *Race and Racism* geschrieben, dass die Existenz von Rassen in einer Gesellschaft Rassismus als Voraussetzung hat, denn ohne Rassismus hätten körperliche Merkmale keine soziale Bedeutung (Guess 2006). Es seien nicht diese, welche Rassen schaffen, sondern die gesellschaftliche Wahrnehmung von solchen Unterschieden als sozial bedeutsam. Ein anderer Soziologe, John Stanfield, definiert „racism as the generator of race-making“ (zit. n. Guess 2006).

Rasse - eine biologische Realität?

Zoologen, Evolutionsbiologen, Biologen und generell Naturwissenschaftler interessieren sich für das, was in der Natur existiert, d.h. für das, was außerhalb des menschlichen Geistes, der sich ja bekanntlich alles Mögliche konstruieren kann, real vorhanden ist. Die allermeisten Naturwissenschaftler folgen damit einem naturalistischen Realismus. Ein einfaches Beispiel: der Stuhl, auf dem der Leser gerade sitzen mag, existiert real als 'Ding', aber die Zusammenfassung der Sitzgelegenheiten aller Leser als 'Stühle' existiert nur als Konstrukt des menschlichen Geistes. Wir können damit 'Dinge' von 'Klassen' unterscheiden. Während nun die meisten 'Klassen' Konstrukte des menschlichen Geistes sind, werden manche

'Klassen' durch natürliche Eigenschaften definiert, deren Existenz unabhängig vom menschliche Erkenntnisapparat ist, wie z. B. Mineralien. Man nennt diese 'Klassen' dann „Natürliche Sorten“ (Mahner & Bunge 1997).

Überträgt man dies nun auf die Frage nach der Realität von Menschenrassen, so müssen wir festhalten, dass nicht nur Individuen (denken wir z.B. an den „weißen“ Donald Trump und den „schwarzen“ Barack Obama), sondern auch Populationen zugesprochen wird, 'Dinge' zu sein. Das verwundert auf den ersten Blick, doch wird hier das integrale System betont, das eine Population als enge panmiktische Fortpflanzungsgemeinschaft kennzeichnet (Mahner 1993; Mahner & Bunge 1997). Sicher ist es auch möglich, beim Menschen von Populationen zu sprechen, wenn auch Abgrenzungen zu benachbarten Populationen nur selten gelingen werden. Wir kommen weiter unten darauf zurück.

Der ontologische Status einer Art ist umstritten. Eine wesentliche Rolle spielt dabei natürlich auch das Artkonzept. Wir fokussieren hier auf das sogenannte *Biologische Artkonzept* (z.B. Mayr 1942), welches gerade auch für die Trennung von Rassen die entscheidende Grundlage liefert. Gerade Mayr als Hauptvertreter des Biologischen Artkonzeptes im 20. Jahrhundert – es hat seinen Ursprung bereits am Ende des 19. Jahrhunderts – hat den Individuencharakter (hier synonym zu 'Ding') der Biospezies im Gegensatz zur morphologischen Abgrenzung der Art (Morphospezies) betont. Letztere kennzeichnet Mayr (2000) interessanterweise als 'Natürliche Sorte', obwohl durch die willkürliche

Auswahl bestimmter Merkmale die Morphospezies wohl eher als Konstrukt des menschlichen Geistes bezeichnet werden muss. Die Art als Individuum wird ebenfalls vertreten von Ghiselin (1997) und jüngst von Zachos (2016). Dabei wird insbesondere die Historizität der Art als Kriterium herangezogen. Der dinghafte (oder Individuen-) Charakter der Biospezies ist aber keineswegs eindeutig. Gerade Mayrs eigene Erweiterung, um allopatrische Populationen zu einer gemeinsamen Art zusammenzufassen, gibt den Charakter des integralen Systems einer Fortpflanzungsgemeinschaft auf. Die morphologischen Merkmale, die die allopatrischen Populationen gemeinsam haben, werden zwar nicht zur Definition dieser Art herangezogen wie im Morphospezieskonzept, sondern als Indizien für die nicht verwirklichte (da nur potentiell bestehende) Fortpflanzungsgemeinschaft. Das wäre aber genau das Kennzeichen einer 'Natürlichen Sorte'. Das dürfte dann auch auf die Art *Homo sapiens* zutreffen, wenn auch allopatrische Populationen dort kaum noch existieren dürften.

Mayr versteht nun Rassen als (Zwischen-) Ergebnis einer allopatrischen Artbildung, Rassen als „incipient species“ (Mayr 1942, S. 155). Er definiert: „A geographic race (or subspecies) is an aggregate of phenotypically similar populations of a species inhabiting a geographic subdivision of the range of that species and differing taxonomically from other populations of that species“ (Mayr 1969, S. 451). Was uns hier schon aufhorchen lassen muss, ist die Notwendigkeit „taxonomischer“ Differenz, ist diese taxonomische Gliederung doch Ergebnis einer

menschlichen Unterscheidung. Das Rassenkonzept Mayrs bleibt im Typologischen verhaftet.

Bezogen auf den Menschen schreibt Mayr (2002, S. 90): „No matter what the cause of the racial difference might be, the fact that species of organisms may have geographic races has been demonstrated so frequently that it cannot longer be denied. And the geographic races of the human races – established before the voyages of European discovery and subsequent rise of a global economy – agree in most characteristics with the geographic races of animals. Recognizing races is only recognizing a biological fact.“

Ein Problem wird schon hier deutlich. Mit der Evolutionstheorie wurde ein statisches, typologisches Weltbild mit der Konstanz der Arten als unveränderbare Einheiten der Schöpfung durch ein dynamisches Weltbild abgelöst. „Seit Darwin ist die Definition grundlegender klassifikatorischer Kategorien wie Art und Gattung notwendigerweise verhältnismäßig willkürlich und höchst problematisch geworden und geblieben“ (Kuhn 1978, S. 209). Die Morphospezies als Typus ist wesentliches Element dieses statischen Weltbildes, in dem Arten durch einer von Systematikern ausgewählten Zuordnung bestimmter Merkmale definiert wurden. Arten waren 'Klassen' und als solche unveränderlich. Das Biospezieskonzept geht dagegen an, verleugnet aber gerade in seiner Reinform (Mayr 2000) den dynamischen Aspekt, in dem es auf Gleichzeitigkeit der Fortpflanzungsbarrieren abhebt. Es ist die Abwandlung des Biospezieskonzepts durch Willi Hennig (1950, 1966), welche den evolutiven

Aspekt deutlicher werden lässt (Meier & Willmann 2000). Die Rasse als „incipient species“ kehrt zur Statik zurück, da nur ein bestimmter Zeitaspekt betrachtet wird, das Raum-Zeit-Kontinuum wird unterbrochen.

Es ist interessant zu sehen, wie in anderen Wissenschaften wie der Psychologie in derselben Weise zwischen statischem und dynamischem Selbstbild (fixed and growth mindset) unterschieden wird und beispielsweise im statischen Selbstbild davon ausgegangen wird, dass Fähigkeiten und Intelligenz grundsätzlich vorgegeben und nicht oder nur wenig veränderbar sind (z. B. Dweck & Leggett 1988). Der Bezug zur Frage nach den Menschenrassen ist offensichtlich.

Wir werden zur genauen Bedeutung von Rassen in der Zoologie gleich zurückkommen, können aber schon einmal festhalten, dass Rassen Gruppierungen innerhalb von Arten darstellen, dass sie aber im allgemeinen Verständnis eine umfassendere Gruppierung darstellen als die Populationen es sind. Daher könnte man zunächst vermuten, dass Rassen durchaus irgendwo zwischen 'Dingen' und 'Natürlichen Sorten' anzuordnen sind. Aber, was für Merkmale sind es, die Rassen kennzeichnen? Waren es nicht historisch willkürlich vom Menschen definierte Merkmale, die für die Charakterisierung von Menschenrassen herangezogen wurden? Wie sieht es also aus mit dem „Racial Realism“, worunter die Diskussion geführt wird (Spencer 2018a, b)?

Rassen in der Zoologie

Innerhalb der Wirbeltiere werden regelmäßig Rassen bzw. Unterarten (beide

Begriffe werden in der Regel synonym gebraucht) beschrieben und auch in manchen Insektengruppen ist dies üblich. Dass in anderen Taxa Arten nicht oder nur selten in Unterarten unterschieden werden, gibt schon einen Hinweis auf eine gewisse Willkür, die wir in der Definition Mayrs mit der Betonung "taxonomischer Differenz" ja schon kennengelernt haben. Das steht natürlich auch im engen Zusammenhang mit dem Artbegriff. Anhänger phylogenetischer (z. B. Wheeler & Platnick 2000) oder evolutiver Artkonzepte (Wiley & Mayden 2000) würden allopatrische Linien eben als eigene Arten beschreiben und potentielle Fortpflanzungsgemeinschaften ignorieren. Die Vorstellung, dass es beim Menschen vielleicht auch so etwas wie monophyletische Linien gegeben hat, ist durchaus vertreten worden (Andreasen 1998). Entsprechende ikonische Abbildungen der Sprachgruppen innerhalb der Menschheit, korreliert mit molekularen Daten, sind insbesondere durch Cavalli-Sforza (1999) popularisiert worden. Die vermeintliche, weil augenscheinliche Trennung der Afrikaner von allen Nicht-Afrikanern beruht jedoch auf einer methodisch bedingten Vorabgruppierung. Man muss allerdings Cavalli-Sforza zu Gute halten, dass er sich deutlich gegen eine Untergliederung in menschliche Rassen ausgesprochen hat.

Die generelle Problematik der Abgrenzung von geographischen Rassen/ Unterarten soll am Beispiel der Schimpansen erläutert werden, die ja als nächste heute lebenden Verwandten des Menschen noch einmal von besonderem Interesse für die Betrachtung der ver-

meintlichen Menschenrassen sein können.

Schimpansen (*Pan troglodytes*) sind über Zentral- und Westafrika verbreitet. Sie haben Afrika nie verlassen. Es werden 3-4 Unterarten (Rassen) unterschieden. Die Schwesterart des Schimpansen, der Bonobo (*Pan paniscus*), kommt ebenfalls in Zentralafrika vor, südlich des Kongo Flusses in der Demokratischen Republik Kongo. Die westlichste Population des Schimpansen ist durch den sogenannten Dahomey Gap von den übrigen Populationen klar getrennt, wir haben also echte Allopatrie vor uns. Die übrigen Unterarten sind durch Flusssysteme, die die Ausbreitung wohl einschränken mögen, nicht vollständig voneinander getrennt. Hier liegt also eine parapatrische Verbreitung vor. Morphologisch lassen sich die Unterarten nur schwer trennen, am ehesten noch die allopatrische *P. t. verus*, z. B. an der Gestalt des Innenohrs (Gunz et al. 2012). Hinzu kommen auch Körpergrößenunterschiede, Gruppengrößen, Verhaltensunterschiede, die aber in der Regel als kulturelle Eigenschaften angesehen werden (Yaxley & Foley 2019).

Gonder et al. (2011) haben nun die genetische Strukturierung der Schimpansen untersucht. Ein wesentliches Ergebnis ist, dass ein Großteil der genetischen Unterschiede innerhalb einer Population zu finden ist (64,2%) und nicht zwischen Populationen verschiedener Regionen (30,1%) (Gonder et al. 2011). Bestimmte Analyseverfahren, wie die Admixture-Structure Analyse, kurz STRUCTURE Analyse (Pritchard et al. 2000), ermöglichen dennoch nicht nur die Gliederung in regionale Cluster (die dann gegebenenfalls

als Unterarten klassifiziert werden), sondern setzen deren Existenz sogar voraus. So entsteht offensichtlich die Gefahr des Zirkelschlusses (Weiss & Lambert 2014), wenn auch bei Schimpansen mit ihrer parapatrischen oder teilweise allopatrischen Verbreitung diese Annahme noch halbwegs gerechtfertigt sein mag. So ergibt die Analyse eine Strukturierung in 3-5 Cluster, je nach verwendeten Parametern. Was aber macht *P. t. verus* mit allopatrischer Sonderung und spezifischer Innenohrstruktur aber zu einer den anderen Unterarten äquivalenten Kategorie? Warum ist *P. t. verus* nicht schon eine Art? Die genetische Differenzierung innerhalb der zentralafrikanischen Schimpansen (ohne *P. t. verus*) ist komplex, die Unterscheidung in drei oder sogar vier Cluster willkürlich, erst recht die Kategorisierung dieser Gruppen als Unterarten. Wenn bereits in einem solch geographisch statischen Komplex die Untergliederung willkürlich ist, dann trifft dies umso mehr auf den Menschen mit seiner deutliche dynamischeren Verbreitungsgeschichte zu.

Haustierrassen

Die Analogie zwischen Haustierrassen, insbesondere Hunderassen, und vermeintlichen Menschenrassen ist häufig ein rechtfertigendes Argument für die Existenz letzterer in der Gleichsetzung von phänotypischer Variabilität und deren Kategorisierung. Man sähe doch hier wie dort die Unterschiede. Die dieser Analogie zugrunde liegende Annahme ist eigentlich simpel, dass die Verschiedenheit zwischen unterschiedlichen Gruppen höher ist als innerhalb einer Gruppe („high levels of among-group diversity and low

levels of within-group diversity“, Norton et al. 2019).

Ein Airedale Terrier ist ein Airedale Terrier und kein Boxer! Dass diese Unterschiede das Ergebnis einer künstlichen Zuchtwahl, also vom Menschen geschaffen sind, ist heute offensichtlich. Die meisten Hunderassen sind weniger als 150 Jahre alt und wurden von Menschen durch Inzuchtverpaarung gezüchtet, um eben bestimmte Eigenschaften zu erzeugen. Sie sind auf eine etwas andere Art und Weise auch Konstrukte des menschlichen Geistes. Das englische Wort 'breed' beschreibt dies viel besser als das Wort 'Rasse' im Deutschen und der Begriff Hundezüchtung wäre geeigneter als Rassezucht und warum nicht Hundesorte wie Pflanzensorte. Welchen Einfluss die Hunderassenzucht am Ende des 19. Jahrhunderts auf die Entwicklung rassenhygienischer Überlegungen und Praktiken hatte, beschreibt Amir Zelinger im Kapitel „Das rassifizierte Haustier“ seiner lesenswerten Dissertation: „Es sollte nach ihrer Vision [Rassehundezüchter] im Deutschen Reich kein Hund existieren, der keiner Rasse angehörte, der ein „Mischling“ war.“ (Zelinger 2018, S. 281). (Hunde-)Rassen seien „primordiale Entitäten“, sie seien immer dagewesen, „die Kreuzung zwischen ihnen sei ein Verstoß gegen ihre substanzielle Existenz als getrennte Rassen“ (ebd., S. 283), die Folge sei Degeneration.

Norton et al. (2019) haben jüngst die genetische Variation in und zwischen Hunderassen und menschlichen Populationen untersucht. Sie verweisen explizit auf den Umstand, dass die Ergebnisse von STRUCTURE (Pritchard et al. 2000)

keine realen Gruppierungen ergeben, sondern statistische Konstrukte sind. Wie zu erwarten, ist die genetische Variabilität innerhalb einer Hunderasse gering (Heterozygotie, $H = 0.313-0.610$) und zwischen verschiedenen Hunderassen hoch ($F_{ST} = 0.33$). Hunderassen sind hoch strukturierte Gruppen. Der hier verwendete Fixations-Index F_{ST} (Wright 1978, Weir & Cockerham 1984) ist ein Maß zur Quantifizierung der genetischen Variabilität zwischen Populationen. Höhere F_{ST} -Werte verweisen auf eine strukturierte Population, je stärker sich der Wert Null nähert, um so weniger bis gar keine Struktur existiert und es handelt sich um zufällige Paarungsraten.

Beim Menschen ist es genau umgekehrt wie bei Hunderassen, und die Schimpansen stehen dazwischen. Die Variabilität innerhalb einer menschlichen Population ist außergewöhnlich hoch – 92.9 - 94.3% (Rosenberg et al. 2002), die genetische Heterozygotie ist somit hoch ($H = 0.664 - 0.792$), im Gegensatz dazu sind die Unterschiede zwischen menschlichen Populationen sehr gering ($F_{ST} = 0.052-0.083$) (The 1000 Genomes Project Consortium 2010). Es ist übrigens genau die hohe Variabilität in jeder menschlichen Population, welche – genügend genetische Daten vorausgesetzt – in der Kombinatorik eine relativ gute Zuordnung zu geographischen Populationen erlaubt, nicht jedoch zu einer „Rasse“.

„A final complication arises when racial classifications are used as proxies for geographic ancestry. Although many concepts of race are correlated with geographic ancestry, the two are not interchangeable, and relying on racial classifica-

tions will reduce predictive power still further“ (Witherspoon et al. 2007, S. 358). Dieselben Autoren mahnen auch: „Thus, caution should be used when using geographic or genetic ancestry to make inferences about individual phenotypes.“ Das heißt, natürlich gibt es eine genetische Differenzierung des Menschen, die auch eine kleinräumige, geographische Gliederung aufweist; nichts anders wäre zu erwarten gewesen, da Fortpflanzungspartner nicht zufällig, sondern natürlich eher in der Nähe als in der Ferne gefunden werden.

Die Entstehung des modernen Menschen

Die Entschlüsselung des menschlichen und des Schimpansen-Genoms zu Beginn des 21. Jahrhunderts zeigte, dass zwischen beiden Genomen nur ca. 1.2% DNA Sequenzunterschiede bestehen, das heißt Menschen sind in fast 99% ihrer DNA identisch mit der des Schimpansen, zwei Menschen weisen wiederum nur ca. 0.1% DNA Sequenzunterschiede auf. Im Vergleich dazu bestehen zwischen dem Genom der Hausratte und der Wanderratte ca. 3.5% DNA-Sequenzunterschiede, obwohl es vielen Menschen schwer fallen dürfte, diese beiden Nagetierarten morphologisch voneinander zu unterscheiden. Dieser Vergleich weist darauf hin, dass die Morphologie und der Phänotyp kein verlässliches Maß für die Klassifizierung von Arten oder sogar Untergruppierungen darstellen.

So wurden bis zum Ende des 20. Jahrhunderts auch die Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den heutigen menschlichen Populationen der Kontinente (also

den vermeintlichen Menschenrassen) basierend auf Morphologie und Phänotyp intensiv diskutiert. Es standen sich zwei Haupthypothesen gegenüber: Die erste Hypothese wird als Multiregionale Hypothese oder auch Candelabra-Modell bezeichnet, da der menschliche Stammbaum nach diesem Modell einem Kerzenhalter gleicht. Die Hypothese besagt, dass sich die heutigen menschlichen Populationen parallel auf allen Kontinenten aus dem *Homo erectus* entwickelt haben. Dieser hätte Afrika vor mehr als 1 Millionen Jahren verlassen und sowohl Europa als auch Asien und Australien besiedelt. Daraus seien im Laufe der Zeit Asiaten, Australier, Europäer und auch Afrikaner parallel, aber zum Großteil unabhängig voneinander entstanden. Verschiedene Auslegungen der Multiregionalen Hypothese besagen auch, dass genetischer Austausch zwischen den Populationen der Welt gering war (Thorne & Wolpoff 2003). Nach diesem Modell wäre der Neandertaler, der bis vor 40.000 Jahren in Europa lebte, der direkte genetische Vorfahre der heutigen Einwohner Europas, heutige Ostasiaten wären aus dem *Homo erectus* entstanden und die heutigen Einwohner Afrikas, südlich der Sahara, würden dem *Homo ergaster* entstammen. Diese Hypothese war bis in die 1980er Jahre die Mehrheitsmeinung in der Anthropologie zur Entstehung des modernen Menschen. Anders als noch bei Ernst Haeckel 100 Jahre zuvor setzten die Vertreter der Multiregionalen Hypothese den Europäer nicht an die Spitze des „menschlichen Stammbaumes“, man ging aber davon aus, dass sich die Menschen der einzelnen Kontinente überwiegend unab-

hängig voneinander entwickelten. Diese Hypothese kann als biologische Grundlage für die Unterteilung des Menschen in Rassen angesehen werden. Sie ist aber falsch.

Die zweite Hypothese, die ihre Ursprünge Mitte der 80er Jahre des 20. Jahrhunderts findet, besagt, dass alle heutigen Menschen auf einen gemeinsamen afrikanischen Ursprung vor ca. 200.000 Jahren zurückgehen und alle Menschen außerhalb Afrikas auf eine gemeinsame Population, die Afrika vor ca. 60.000 Jahren verließ. Nach dieser Hypothese, die als „Out of Africa“-Hypothese bezeichnet wird (Stringer & Andrews 1988), ist der heutige moderne Mensch in Afrika entstanden und verdrängte nach seiner Auswanderung aus Ostafrika alle anderen nicht zu *sapiens* gehörenden Menschenformen außerhalb Afrikas, z.B. den Neandertaler in Europa oder den *Homo erectus* in Asien.

Erst mit Hilfe der Analyse mitochondrialer DNA (mtDNA) heutiger Menschen aus unterschiedlichen Teilen der Welt konnte die multiregionale Theorie weitestgehend zurückgewiesen werden (Cann et al. 1987). Der Stammbaum der mtDNA, die von der Mutter an die Kinder vererbt wird, hat seine Wurzeln eindeutig in Afrika. Alle großen Verzweigungen im menschlichen Stammbaum der mtDNA finden sich ausschließlich bei Menschen, die aus dem heutigen Afrika stammen, dort trennen sich die „basalen Linien“ L0, L1, L2 und L3 voneinander. Außerhalb von Afrika finden wir nur eine Seitenlinie von L3, die sich in die Linien M und N aufspaltet (Van Oven & Kayser 2009). Alle Menschen außerhalb Afrikas tragen

mtDNA vom Typ M oder N. Mit Hilfe der molekularen Uhr, die darauf beruht, dass Mutationen relativ regelmäßig entstehen, sich im Laufe der Zeit ansammeln und daher mit der Zeit korrelieren, konnte auch berechnet werden, wann sich die einzelnen Linien der mtDNA voneinander trennten. Dabei zeigte sich, dass sich die afrikanischen mtDNA Linien L0-L3 vor mehr als 150.000 Jahren, irgendwo in Afrika, voneinander trennten. Das heißt auch, dass es zu dieser Zeit eine Frau in Afrika gab, auf die alle heutigen mtDNA's der Menschen zurückgehen. Sie wurde daher auch „mitochondriale Eva“ genannt. Natürlich lebte sie nicht alleine, aber nur ihre mtDNA hat sich an spätere Menschen vererbt. Die Linien der Menschen außerhalb Afrikas spalteten sich von der afrikanischen Linie L3 hingegen vor ca. 70.000 Jahren ab. Die Linien M und N, die sich in allen heutigen Menschen außerhalb Afrikas befinden, verzweigen sich hingegen erst beginnend vor ca. 55.000 Jahren. Das heißt, dass sich die Träger der M und N mtDNA zu dieser Zeit beginnen, in Eurasien und Australien auszubreiten (Posth et al. 2016). Der menschliche mtDNA Stammbaum steht also in Afrika, seine Wurzeln, sein Stamm und seine dicksten Äste, nur die Linien M und N zweigen sich von der Ostafrikanischen Linie L3 ab und sind in allen Menschen außerhalb Afrikas zu finden. Ein ganz ähnliches Muster ergibt sich auch für das Y-Chromosom und für den Rest des menschlichen Genoms (Mallick et al. 2016, Haber et al. 2019).

Mitte der 1990er Jahre wurde die erste mtDNA eines Neandertalers entschlüsselt. Es handelte sich dabei um das Typus-

Exemplar, das 1856 von Johann Carl Fuhlrott im Neandertal bei Düsseldorf entdeckt und beschrieben wurde. Die mtDNA des Neandertaler-Typus und auch von mehr als zwei Dutzend weiteren Neandertalern, die bis heute genetisch untersucht wurden, zeigt mehr als doppelt so viele Unterschiede zu heutigen Menschen, wie zwischen den tiefsten Linien im menschlichen Stammbaum in Afrika zu finden sind. Die mtDNA Linien von Mensch und Neandertaler haben sich vor mehr als 400.000 Jahren getrennt (Posth et al. 2017).

Die Entschlüsselung des Neandertaler-Genoms aus dem Zellkern im Jahr 2010 brachte eine Überraschung: Sie zeigte, dass alle Menschen außerhalb Afrikas ca. 2% Neandertaler-Gene in sich tragen. Das gilt für Europäer, Asiaten, die Ureinwohner Australiens und die indigene Bevölkerung Amerikas (Green et al. 2010). Neandertaler mussten sich demnach vor ca. 55.000 Jahren mit den Vorfahren heutiger Nicht-Afrikaner vermischt haben (Sankaraman et al. 2014). Auch mit dem Denisovaner (Krause et al. 2010), der bis vor ca. 40.000 Jahren in Asien lebte, hatten sich moderne Menschen vermischt. Noch heute finden sich in Ostasien ca. 0,4% Denisovaner-Gene und in den Ureinwohnern Papua Neuguineas und Australiens ca. 5% Denisovaner-DNA (Reich et al. 2010).

Die wenigen Prozent an Neandertaler-DNA, die wir in Europäern finden und nicht in Afrikanern südlich der Sahara, wurden sogleich nach ihrer Entdeckung instrumentalisiert. Von „White Supremacists“ in den USA wurden plötzlich gerade Neandertalergene als Argument ver-

wendet, um daraus eine Überlegenheit der Europäer gegenüber Menschen afrikanischen Ursprungs zu konstruieren. Dem kann man allerdings nur hinzufügen, dass sowohl die Ostasiaten als auch die Aborigines Australiens mehr Neandertaler-DNA aufweisen als man in heutigen Europäern findet (Wall et al. 2013).

Ganz ähnlich erscheint die auch von Yuval Noah Harari diskutierte Idee einer „Baum der Erkenntnis-Mutation“, die – wie spekuliert wird – zwischen 70.000 und 30.000 Jahren aufgetreten sein soll, also in dem für „Out of Africa“ angenommen Zeitraum (Harari 2015). Wohlgemerkt, es gibt weder für die vermeintliche Mutation, noch für die Datierung eine Grundlage. Noch deutlicher wird andernorts die Ansicht einer „kreativen Explosion“ mit dem europäischen Menschen verknüpft: „Der aus Afrika nach Europa kommende Homo sapiens (um 43.000 v.Chr.) scheint die kulturelle Wende eingeleitet zu haben.“ (z. B. Evolution des Menschen: Kulturelle Evolution, s. auch Wilson 2013).

Wie einfach erscheint gegenüber dieser eindrucksvollen Wortschöpfung „Baum der Erkenntnis-Mutation“ der Umstand, dass die Urgeschichte die längste Zeit ihrer Geschichte eine europäische Wissenschaft war, dass in Europa zudem viele Amateure wie Jean-Marie Chauvet, der Entdecker der weltberühmten nach ihm benannten Höhle, unterwegs waren und sind und deshalb die schiere Funddichte bis vor kurzem solche Überlegungen beflügelt haben. Neue Funde zeigen dagegen Höhlenmalereien vor 73.000 Jahren in der Blomboshöhle in Südafrika (Henshillwood et al. 2018) oder vor

40.000 - 35.000 Jahren in Sulawesi (Aubert et al. 2018). Auch Schmuck und andere symbolische Gegenständen sind aus afrikanischen Fundstätten bekannt.

Paradox mutet an, dass es die ersten Europäer, also die, wie wir nun wissen, dunkelhäutigen Cro Magnon Menschen, gewesen sein sollen, die die kreative Explosion ausgelöst haben. Allerdings sind diese ersten Europäer ebenso wie die Neandertaler ausgestorben (Fu et al. 2015). Auch die jüngeren Cro Magnon Menschen wurden zum Großteil von Menschen, die später mit dem Ackerbau aus Anatolien kamen, verdrängt, wie wir weiter unten im Text erläutern.

Aus genetischer Sicht lässt sich ganz klar sagen, dass alle Menschen der Welt Afrikaner sind und mehr als 95% ihrer Gene erst vor wenigen tausend Jahren Ostafrika verlassen haben. Die Menschen außerhalb Afrikas sind näher verwandt mit Menschen aus Ostafrika als diese mit Menschen aus Westafrika oder dem Süden Afrikas. Die Auftrennung der Menschen in „Kontinentalpopulationen“ macht aus stammesgeschichtlicher Sicht daher keinen Sinn, denn die Menschen außerhalb Afrikas sind nur ein kleiner Zweig des Stammbaumes, dessen Wurzeln, Stamm und Hauptäste in Afrika liegen.

Die genetische Variabilität des Menschen

Neben der Erforschung der Herkunft und Evolution hat die Genetik auch einen großen Beitrag dazu geleistet, die bestehende Variabilität der Menschen weltweit zu erforschen. Dabei hat sich herausgestellt, dass auf Grund der gemeinsamen Abstammung des Menschen aus Afrika

der Großteil der menschlichen genetischen Variabilität nicht zwischen den Populationen der einzelnen Kontinente besteht, sondern bereits innerhalb einer Gruppe zu finden ist. Mehr als 80% der im Menschen bekannten Polymorphismen im Genom, auch SNPs genannt (Short Nucleotid Polymorphisms), finden sich innerhalb einer einzigen Population (The 1000 Genomes Project Consortium 2015). Vergleichen wir zum Beispiel die Genome von zwei x-beliebigen Mitteleuropäern findet man zwischen ihnen ca. 4 Millionen unterschiedliche SNPs. Vergleichen wir das Genom eines Mitteleuropäers mit dem eines Ostasiaten finden wir durchschnittlich 4.8 Millionen solcher Unterschiede, wobei es sich dabei bereits um die maximale Diversität außerhalb Afrikas handelt. Zwischen den Ostasiaten und den Europäern verlaufen Gradienten genauso wie zwischen allen anderen Populationen, die geographisch aneinander angrenzen. Es lassen sich keine klaren genetischen Grenzen zwischen benachbarten Weltregionen ziehen. Ähnlich wie in einem Farbkreis, bei dem benachbarte Farben ineinander übergehen, haben sich auch die Menschen stets genetisch miteinander vermischt. Abgrenzbare Gruppen kann es nur geben, wenn man die Extreme eines Gradienten miteinander vergleicht, z. B. Menschen, deren Vorfahren aus Westafrika stammen, mit Menschen, deren Vorfahren aus Europa oder Ostasien stammen. Dabei ignoriert man jedoch die dazwischen stehenden genetischen Verbindungen, die an keiner Stelle eine erkennbare Lücke aufweisen. Es lassen sich zudem unter ca. 3.2 Milliarden Basenpaaren im menschlichen Genom

noch nicht mal einzelne finden, in denen sich alle Individuen einer „Kontinentalpopulation“ von allen Individuen einer anderen unterscheiden. Das heißt, es gibt nicht nur kein einziges Gen, in dem sich alle Europäer, Asiaten oder Afrikaner voneinander unterscheiden, sondern es gibt nicht mal ein einziges Basenpaar im Genom, in dem sich alle Menschen eines Kontinentes von allen Menschen eines anderen unterscheiden.

Archäogenetische Untersuchungen haben in den vergangenen Jahren gezeigt, dass die genetischen Unterschiede zwischen menschlichen Gruppen im Laufe der Zeit durch immer währenden genetischen Austausch abgenommen haben. Die heutigen Einwohner West-Eurasiens zeigen nur halb so viele genetische Unterschiede wie die Menschen, die dort noch vor 10.000 Jahren lebten (Lazaridis et al. 2016). Durch große Einwanderungsströme zu Beginn der Jungsteinzeit und dem Beginn der Bronzezeit hat sich die Genetik in West-Eurasien aber auch in anderen Teilen der Welt immer wieder verschoben; daraus ist ein wahres genetisches Potpourri entstanden (Krause & Trappe 2019). Und selbst zur Völkerwanderungszeit vor ca. 1500 Jahren kam es zu großen genetischen Verschiebungen, z. B. mit der Einwanderung der Angelsachsen nach England (Schiffels et al. 2016) oder der Ausbreitung der Langobarden ins südliche Europa (Amorin et al. 2018). Ein Großteil der genetischen Variation der heutigen italienischen Bevölkerung ist eine Folge des Sklavenhandels im römischen Reich. In einzelnen Regionen Italiens stammt mehr als die Hälfte der heutigen genetischen Variation von

Menschen aus dem Ostmittelmeerraum, die zur Zeit des römischen Reiches nach Italien kamen oder verschleppt wurden (Antonio et al. 2019, Marcus et al. 2020). Aber auch zwischen Asien und Afrika gab es genetischen Austausch, so wanderten bereits vor mehr als 2000 Jahren Hirten, deren Vorfahren aus dem Nahen Osten stammen, ins südliche Afrika ein (Skoglund et al. 2017).

Es steht zweifelsohne fest, dass man das genetische Potpourri Menschheit nicht sauber in Gruppen trennen kann. Die ohnehin schon sehr geringen Unterschiede wegen der engen genetischen Wurzeln sind durch die ständige Migration und Vermischung (sogar mit Neandertalern) schon lange vor Kolonialismus und Globalisierung im Laufe der Menschheitsgeschichte unauflösbar geworden.

Die genetische Anpassung an die Umwelt

Warum nehmen wir aber trotz der geringen genetischen Unterschiede zwischen menschlichen Gruppen die Abweichungen im Phänotyp wahr, die verwendet wurden, um Menschen zu kategorisieren, z. B. anhand der Beschaffenheit der Haare, der Pigmentierung der Haut oder der Farbe und Form der Augen? Und warum haben sich die Menschen im Laufe von wenigen Tausend Jahren phänotypisch verändert? Einerseits ist es die genetische Drift, die vor allem bei kleinen Populationen in relativ kurzer Zeit zu phänotypischen Unterschieden führt. Dies trifft auf die Vorfahren der meisten menschlichen Gruppen zu, deren effektive Populationsgröße bis vor wenigen Tausend Jahren noch im vierstelligen Bereich lag

(Schiffels & Durbin 2014). Grundsätzlich ist der Einfluss von Selektion umso geringer, je kleiner die Population ist (Chen et al. 2018). Zum anderen unterliegt der Phänotyp einer gewissen Selektion. Der Mensch als besonders mobiler Primat hat sich auf der Welt in fast allen Ökosystemen ausgebreitet, von der Wüste bis in die Arktis. Während dieser Ausbreitung haben sich die verschiedenen Menschengruppen immer wieder an veränderte Umweltbedingungen anpassen müssen. Einige dieser Veränderungen, wie eine starke Pigmentierung der Haut, um sich am Äquator vor der Sonne zu schützen, sind sogar mehrfach neu entstanden, so zum Beispiel in Zentral- und Südamerika oder in Südostasien. Die Pigmentierung der Haut korreliert tatsächlich besser mit der Sonneneinstrahlung in der Ursprungsregion von Menschen als mit ihrer genetischen Verwandtschaft. Dass man Menschen nach Hautfarbe klassifiziert, macht daher wenig Sinn, denn stark pigmentierte Menschen gibt es nicht nur in Afrika, sondern auch in Asien, Australien und Amerika. Nur in Europa gibt es diese scheinbar nicht. Allerdings haben genetische Analysen gezeigt, dass dies vor wenigen Jahrtausenden noch anders war. Die europäischen Ureinwohner, die bis vor 5000 Jahren noch in Mitteleuropa als Jäger und Sammler lebten, besaßen noch nicht die Gene, die heutigen Europäern ihre Hellhäutigkeit verleihen. Diese kamen vor 7000 Jahren erstmals mit den frühen Ackerbauern aus Anatolien nach Europa. Zuvor waren Europäer stärker pigmentiert (Mathieson et al. 2015). Sie haben ihre Pigmentierung erst in den letzten 5000 Jahren wahrscheinlich als di-

rekte Folge der Sesshaftigkeit und Ausbreitung des Ackerbaus verloren. Wurde der Vitamin-D-Bedarf bei Jägern und Sammlern hauptsächlich über Fisch und Fleisch gedeckt, so entstand in der Ernährung der frühen Ackerbauern ein Mangel, der durch zunehmendes „Ausbleichen“ kompensiert werden musste. Vitamin D kann bekanntermaßen aus einem Cholesterinderivat in der Haut durch UV-Strahlen des Sonnenlichtes gebildet werden. Um so schwächer die Pigmentierung, um so mehr UV-Licht dringt durch die Haut. Die frühen Ackerbauern aus Anatolien mussten also ihre Pigmentierung allmählich verlieren, um sich im dunklen Winter Mittel- und Nordeuropas dauerhaft auszubreiten (Krause & Trappe 2019). Folglich sind die Menschen Skandinaviens am wenigsten pigmentiert. Der Norden Europas ist mit Abstand der nördlichste Punkt auf der Welt, an dem Ackerbau betrieben werden kann. Durch den Golfstrom gibt es dort wesentlich mildere Winter als auf dem gleichen Breitengrad in Sibirien, Alaska oder Kanada, wo in diesen Breiten Permafrost herrscht und die Ureinwohner dieser Regionen meist auch stärker pigmentiert sind, z.B. die Inuit, die ihren Vitamin-D-Bedarf durch ihre Nahrung wie Fisch und Fleisch decken.

Noch nie hat jemand versucht, Menschen nach der Laktosetoleranz zu kategorisieren oder nach der Anzahl der Amylase-Gene, mit deren Hilfe Stärke verdaut wird und die auf der Welt stark variiert (Lazaridis et al. 2014). Dies wäre genauso abstrus wie eben nach der Hautfarbe. Und nebenbei bemerkt, auch die Milchverträglichkeit ab dem Jugendalter ist auf der Welt mindestens fünfmal unab-

hängig voneinander entstanden (Ranciaro et al. 2014).

Wenn sich Pigliucci & Kaplan (2003) bemühen, Menschenrassen als Ökotypen zu klassifizieren und dabei auch keine Schwierigkeiten haben, offensichtliche Konvergenzen zu akzeptieren, ist dies abwegig. Nach ihren Vorstellungen wären die Europäer vor einigen Tausend Jahren noch eine andere Rasse als heute. Hierfür den Begriff der Menschenrasse erhalten zu wollen, ergibt keinen Sinn.

Es gibt keine Menschenrassen

Die Unterscheidung von Menschenrassen ist seit Beginn der Klassifizierung von einer abstuftenden Bewertung in „niedriger“ und „höher“ begleitet und das offensichtliche Ergebnis von Rassismus, nicht dessen Voraussetzung. Nicht jegliches Bemühen einer Unterscheidung von Menschenrassen war zwingend rassistisch, aber in jedem Fall Überrest eines statischen, typologischen Denkens.

Das der Klassifizierung des Menschen in „Rassen“ zugrunde liegende Problem sind die damit verbundenen Erklärungen, die wie in der Scala naturae bereits eine Lesrichtung beinhalten. Die Treppe der „Natürlichen Schöpfungsgeschichte“ hoch zu steigen, wird zu einem Standardnarrativ, das seine Plausibilität gerade durch seine zirkuläre Geschlossenheit gewinnt. In einem scheinbar ganz anderen Kontext schreibt Jochen Schwenk in seiner Rezension des Buches *Die Mühlen der Zivilisation. Eine Tiefengeschichte der frühesten Staaten* von James C. Scott: „Die Subjekte versuchen, ihre Welt mithilfe staatlicher Kategorien zu erfassen und finden so doch immer nur wieder den

Rassismus im Sport – Die schwarze Gazelle

Die fünfzig besten Marathonläufer der Welt stammen aus Afrika, viele darunter aus Kenia und Äthiopien. Wem verdanken diese Menschen ihren Erfolg: Der Höhenluft oder anatomischen Voraussetzungen oder gar einer regelrechten Läufer-DNA?

Die EliteläuferInnen sind nicht *die* AfrikanerInnen und auch nicht *die* KenianerInnen und *die* ÄthiopierInnen, sondern es sind Menschen aus der Arsi Region in Äthiopien und sog. Kalenjin aus Kenia. Bisher gibt es keinen Anhalt für eine spezifische genetische Disposition bei diesen Eliteläufern (Vancini et al. 2014), auch nicht bei den bisher getesteten zwei Kandidatengenen „angiotensin converting enzyme“ (ACE) und „alpha-actinin-3“ (ACTN3) (Scott et al. 2005). Es gibt keine wissenschaftlichen Belege für die Existenz einer „Läufer-DNA“ – wieder hat der vorgeordnete Rassismus vermeintliche Läuferassen generiert. „Trotz der beständigen Auffassung der engen Assoziation zwischen der Hautfarbe der Athleten und der sportlichen Leistungsfähigkeit gibt es jedoch bis dato keinerlei Studien, die diesen genetischen Effekt valide bewerten und/oder quantifiziert haben. Im Gegenteil: Aussagen stützen sich auf die vorgefasste Meinung, dass jede 'Rasse' eine genetisch homogene Gruppe darstellt, wobei der Terminus 'Rasse' nur durch die Hautfarbe definiert wird (Saini 2019). Nicht verwunderlich, dass die genetischen Grundlagen komplexer Merkmale, wie der sportlichen Leistungsfähigkeit, dadurch noch weniger verstanden werden“ (Blume et al. 2018). Wie diese Autoren betonen, verstellt rassistisches Denken den Zugang zu möglichen individuellen oder bisher nicht erkannten komplexen Zusammenhängen von genetischer Disposition und Leistungsfähigkeit. Wie ein kürzlich veröffentlichter Review hervorhebt, bedarf es eines anderen Ansatzes (genome-wide association studies (GWAS)), um eine mögliche polygenetische Natur von komplexen, leistungsbezogenen Merkmalen überhaupt zu identifizieren (Moir et al. 2019).

In Anbetracht der anatomischen Vielfalt der Läufer der Arsi Region und den Kalenjin erübrigen sich simple Überlegungen zur Beinlänge, Biomechanik oder Muskelphysiologie. Eine Studie hat widerlegt, dass der Anteil von ausdauernden Typ I Muskelfasertypen bei kenianischen Läufern höher sei als beispielsweise bei skandinavischen (Saltin et al. 1995).

Tatsächlich ist die Lösung einfach. Etwa 86% der auf internationalem Niveau laufenden Kenianer und 68 % der äthiopischen Eliteläufer sind schon als Kinder zur Schule gerannt, nicht gegangen oder gar gefahren (Onywera et al. 2006, 2016): „The highly active and energy-demanding lifestyle of rural Kenyan adolescents may account for their exceptional aerobic fitness and collectively prime them for later training and athletic success“ (Gibson et al. 2013). Das Aufwachsen, Leben und Training in einer Höhe von etwa 2000 m fördert diese hohe Fitness. Hinzu kommt im Besonderen die Motivation durch das Laufen gesellschaftlich und wirtschaftlich aufzusteigen (Onywera et al. 2006), und es ist wie in Kenia auch das Werk Einzelner wie von Bruder Colm O'Connell, einem irischen Missionar und Leichtathletiktrainer, dem „Godfather of Kenyan running“. Es muss aber auch berücksichtigt werden, dass „seit 2004 alleine 138 kenianische Leichtathleten positiv auf Doping getestet worden sind. Erst im April dieses Jahres wurde der dreimalige Weltmeister über 1500 Meter Asbel Kiprop mit einer vierjährigen Sperre bestraft.“ (DER SPIEGEL 12.8.2019)

Staat. Dadurch scheint er ihnen aus der Wirklichkeit als Notwendigkeit entgegen zu kommen. Wer wie der Staat denkt, sieht am Ende auch nur noch Staat“. Auch in diesem Buch wird ein Standardnarrativ, die aufstrebende Entwicklung in der Frühgeschichte vom Jäger und Sammler zum Staatenbildner, dekonstruiert. Ersetzen wir in diesen Sätzen Staat durch „Rassen,“ dann scheinen auch diese uns „aus der Wirklichkeit als Notwendigkeit entgegen zu kommen“ und sind doch nur ein Trugbild.

Zusammenfassend gilt:

1) Aus stammesgeschichtlicher Sicht sind alle Menschen Afrikaner. Die heutigen Menschen außerhalb Afrikas sind näher verwandt mit Menschen aus Ostafrika als diese es mit Menschen sind, die südlich der Sahara leben.

2) Es existieren zwischen den menschlichen Gruppen dieser Welt Gradienten wie in einem Farbkreis. Jeder Versuch, diese Gruppen gegeneinander abzugrenzen, ist willkürlich, denn es gibt solche Grenzen nicht.

3) Durch die gesamte menschliche Evolution hindurch kam es zu genetischem Austausch zwischen allen Menschen, die durch Wanderungsbewegungen aufeinander trafen. Genetischer Austausch ist ein wesentlicher Teil der Menschheitsgeschichte. Moderne Menschen, Neandertaler und Denisovaner hatten Nachwuchs miteinander. Im Laufe der letzten 10.000 Jahre haben sich die genetischen Unterschiede im westlichen Eurasien halbiert.

4) Die genetische Variabilität innerhalb einer Population ist um ein Vielfa-

ches größer als zwischen menschlichen Gruppen verschiedener Herkunft. Das steht in starkem Gegensatz zu Haustier-rassen, gilt aber sogar – wenn auch eingeschränkt – für Arten mit sehr reduzierter Verbreitungsgeschichte und geringerer Mobilität, wie z.B. die Schimpansen. Eine Unterscheidung von „Rassen“ anhand ihrer genetischen Distanz ist bei natürlichen Populationen nicht möglich.

5) Die Trennung menschlicher Gruppen nach ihrem Phänotyp ergibt ebenso wenig Sinn, da auch hier alle Übergänge fließend sind. Unterschiedliche Ausprägungen dieser Phänotypen gibt es auf allen Kontinenten. Selbst die scheinbare fehlende Pigmentierung der Europäer ist erst wenige tausend Jahre alt und im Moment sieht vieles danach aus, dass bis vor 10.000 Jahren alle Menschen dieser Erde stark pigmentiert waren, was auf ihren kürzlichen Ursprung in Afrika zurückzuführen ist.

6) Rassen sind weder 'Dinge' noch 'Natürliche Sorten', sondern willkürliche Konstrukte des menschlichen Geistes.

Rassistisches Denken hat bis heute Fortbestand, in extremen Auswüchsen, aber auch in scheinbar harmlosen Kategorisierungen wie im Sport. Es bleibt das merkwürdige Bedürfnis, das Konzept der Menschenrassen zu retten, da phänotypische Unterschiede und genetische Differenzierung doch nun „offensichtlich“ seien. Typologisches Denken scheint dem Menschen eigen zu sein. Typologie jedoch zeichnet sich durch statische Eigenschaften und das Fehlen von Übergängen aus und ist nicht mit einem dynamischen, evolutionären Weltbild vereinbar.

Danksagung

Wir danken Dr. Barbara Happe, Dr. Torben Göpel, PD Dr. Manuela Schmidt, Prof. Dr. Alexander Steinbrecht und Dr. Alexander Stöbel für gründliche Korrekturen und vielfältige Anregungen.

Literatur

- Amorim, C.E.G., Vai, S., Posth, C. et al., 2018. Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics. *Nat. Commun.* 9, 3547.
- Andreasen, R.O., 1998. A new perspective on the race debate. *The British Journal for the Philosophy of Science* 49, 199–225.
- Antonio, M. L. et al., 2019. Ancient Rome: a genetic crossroads of Europe and the Mediterranean. *Science* 366, 708–714.
- Aubert, M., Setiawan, P., Oktaviana, A.A. et al. 2018. Palaeolithic cave art in Borneo. *Nature* 564, 254–257.
- Blume, K., Pitsiladis, Y., Wang, G., Wolfarth, B. 2018. Genetik der Leistungsfähigkeit und Trainierbarkeit. In: Bachl, N., Löllgen, H., Tschan, H., Wackerhage, H., Wessner, B. (eds) *Molekulare Sport- und Leistungsphysiologie*. Springer, Wien.
- Blumenbach, J. F. 1775. *De generis humani varietate nativa*. 1. Auflage. Friedrich Andreas Rosenbusch, Göttingen.
- Blumenbach, J. F. 1790. *Beyträge zur Naturgeschichte*. Erster Theil. Bey Johann Christian Dieterich, Göttingen.
- Blumenbach, J. F. 1803. *Handbuch der Naturgeschichte*. 7. Aufl. Heinrich Dieterich, Göttingen.
- Broberg, G. 1994. *Homo sapiens*. Linnaeus Classification of Man. In: Frängsmyr, T. (Ed.), *Linnaeus. The Man and his Work*. Watson, Canton, MA., S. 156–194.
- Cann, R.L., Stoneking, M., Wilson, A.C., 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325, 31–36.
- Cavalli-Sforza, L., 1999. *Gene, Völker und Sprachen*. Die biologischen Grundlagen unserer Zivilisation. Hanser, München u. a.
- Chen, J. et al., 2018. Population size may shape the accumulation of functional mutations following domestication. *BMC Evol. Biol.* 18, 4.
- Darwin, C., 1875. *Die Abstammung des Menschen und die geschlechtliche Zuchtwahl*. Schweizerbart'sche Verlagshandlung (E. Koch), Stuttgart.
- Dweck, C. S., Leggett, E. L. 1988. A social-cognitive approach to motivation and personality *Psych. Rev.* 95, 256–273.
- Evans, G., 2019. *Skin Deep: Journeys in the Divisive Science of Race*. London: Oneworld Publications.
- Fischer, M.S., Hoßfeld, U., Krause, J., Richter, S., 2019. Jenaer Erklärung – Das Konzept der Rasse ist das Ergebnis von Rassismus und nicht dessen Voraussetzung. *BiuZ* 49, 399–402.
- Förster, L., Stöcker, H., 2016. *Haut, Haar und Knochen*. Koloniale Spuren in naturkundlichen Sammlungen der Universität Jena. In: Siegel, S., Klinger, K. (Eds.), *Laborberichte Band 9*. VDG-Verlag Weimar.
- Forster, G., 1786. *Noch etwas über die Menschenrassen*. An Herrn D. Biester. Wilna, den 20sten Jul. 1786. *Der Teutsche Merkur vom Jahre 1786*. Weimar. 4. Vierteljahr, 57–86, 150–166.
- Freeman, D., Bajema, C.J., Blacking, J., Carneiro, R.J., Cowgill, U.M., Genovés, S., Gillispie, C.C., Ghiselin, M.T., Greene, J.C., Harris, M., Heyduk, D., Imanishi, K., Lamb, N.P., Mayr, E., Raum, J.W., Simpson, G.G., 1974. *The Evolutionary Theories of Charles Darwin and Herbert Spencer*. *Current Anthropology* 15, 211–237.
- Fu, Q., Hajdinjak, M., Moldovan, O. et al. 2015. An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor. *Nature* 524, 216–219.
- Ghiselin, M., 1997. *Metaphysics and the Origin of Species*. SUNY New York.
- Gibson AR, Ojiambo R, Konstabel K, et al. 2013. Aerobic Capacity, Activity Levels and Daily Energy Expenditure in Male and Female Adolescents of the Kenyan Nandi Sub-Group. *PLoS One* 8(6): e66552.
- Gonder, M.K., Locatelli, S., Ghobrial, L., Mitchell, M.W., Kujawski, J.T., Lankester, F.J., Stewart, C.-B., Tishkoff, S.A., 2011. Evidence from Cameroon reveals differences in the genetic structure and histories of chimpanzee populations. *PNAS* 108, 4766–4771.
- Green R. E., Krause J., Briggs A. W., et al., 2010. A draft sequence of the Neandertal genome. *Science* 328, 710–722.
- Guess, T.J., 2006. *The Social Construction of Whiteness: Racism by Intent, Racism by Consequence*. *Critical Sociol* 32 , 649–673.
- Gunz, P., Ramsier, M., Kuhrig, M., Hublin, J.-J., Spoor, F., 2012. The mammalian bony labyrinth reconsidered, introducing a comprehensive geometric morphometric approach. *J. Anat.* 220, 529–543.
- Jenaer Erklärung https://www.uni-jena.de/190910_JenaerErklaerung.
- Haber, M., Jones, A.L., Connell, B.a., et al. 2019. A rare deep-rooting DO African Y-chromosomal haplo-group and its implications for the expansion of modern humans Out of Africa. *Genetics* 212, 1421–1428.
- Haeckel E. 1864. *Über die Entwicklungstheorie Darwins*. In: Dohrn, C. A. und Behem (Hrsg.) *H. Essensland's Buchdruckerei, Stettin*.
- Haeckel, E. 1866. *Generelle Morphologie der Organismen*. 2 Bde., I. *Allgemeine Anatomie der Organismen*, II: *Allgemeine Entwicklungsgeschichte der Organismen*. Verlag von Georg Reimer, Berlin.
- Haeckel, E., 1868a. *Natürliche Schöpfungsgeschichte*. *Gemeinverständliche Vorträge über die Entwicklungslehre im Allgemeinen und diejenige von Darwin, Goethe und Lamarck im Besonderen, über die Anwendung derselben auf den Ursprung des Men-*

- schen und andere damit zusammenhängende Grundfragen der Naturwissenschaft. Verlag von Georg Reimer, Berlin.
- Haeckel, E. 1868b. Ueber die Entstehung und den Stammbaum des Menschengeschlechts. Zwei Vorträge. C. G. Lüderitz'sche Verlagsbuchhandlung, A. Charisius, Berlin.
- Haeckel, E. 1874. Anthropogenie oder Entwicklungsgeschichte des Menschen. Gemeinverständliche wissenschaftliche Vorträge über die Grundzüge der menschlichen Keimes- und Stammesgeschichte. Wilhelm Engelmann, Leipzig.
- Haeckel, E. 1895. Systematische Phylogenie der Wirbeltiere (Vertebrata). Dritter Theil des Entwurfs einer systematischen Stammesgeschichte. Berlin: Verlag von Georg Reimer.
- Haeckel, E. 1898. Ueber unsere gegenwärtige Kenntnis vom Ursprung des Menschen. Deutsche Rundschau 25: 179-194.
- Haeckel, E., 1899. Die Welträthsel. Gemeinverständliche Studien über monistische Philosophie. E. Strauß, Bonn.
- Haeckel, E., 1904. Die Lebenswunder. Gemeinverständliche Studien über Biologische Philosophie. Ergänzungsband zu dem Buche über die Welträthsel. A. Kröner, Stuttgart.
- Haeckel, E., 1905. Der Kampf um den Entwicklungsgedanken. Drei Vorträge, gehalten am 14., 16. und 19. April 1905 im Saale der Sing-Akademie zu Berlin. Verlag von Georg Reimer, Berlin.
- Haeckel, E., 1907. Das Menschen-Problem und die Herrentiere von Linné. Vortrag gehalten am 17. Juni 1907 im Volkshause zu Jena. Neuer Frankfurter Verlag, Frankfurt a. M.
- Haeckel, E. 1908. Unsere Ahnenreihe (Progonotaxis Hominis). Kritische Studien über Phyletische Anthropologie. Festschrift zur 350-jährigen Jubelfeier der Thüringer Universität Jena und der damit verbundenen Uebergabe des Phyletischen Museums am 30. Juli 1908. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- Haeckel, E., 1910. Sandalion. Eine offene Antwort auf die Fälschungs-Anklagen der Jesuiten. Neuer Frankfurter Verlag, Frankfurt a. M.
- Haeckel, E. 1915. Ewigkeit. Weltkriegsgedanken über Leben und Tod/Religion und Entwicklungslehre. Verlag von Georg Reimer, Berlin.
- Harari, Y.N. 2015. Eine kurze Geschichte der Menschheit. DVA, München.
- Hennig, W. 1950. Grundzüge einer Theorie der Phylogenetische Systematik. Deutscher Zentralverlag, Berlin.
- Hennig, W. 1966. Phylogenetic Systematics. Univ. Illinois Press, Urbana usw.
- Henshilwood, C., d'Errico, F., Van Niekerk, K., Dayet, L., Queffelec, A., Pollarolo, L. (2018) An abstract drawing from the 73,000-year-old levels at Blombos Cave, South Africa. *Nature* 562, 115-118.
- Hoßfeld, U., 2010: Ernst Haeckel. Biographienreihe absolute. orange press, Freiburg i. Br.
- Hoßfeld, U. 2016. Geschichte der biologischen Anthropologie in Deutschland. Von den Anfängen bis in die Nachkriegszeit. 2. Auflage, F. Steiner, Stuttgart.
- Hoßfeld, U., Levit, G.S. & Kutschera, U. [eds.], 2019. Ernst Haeckel (1843-1919): The German Darwin and his impact on modern biology. Special Issue, *Theory in Biosciences* 138: 1-202.
- Kant, I., 1775. Von den verschiedenen Racen der Menschen. Hartung, Königsberg. (zitiert nach Immanuel Kant Werke VI, 1964. Insel Verlag, Wiesbaden).
- Kant, I., 1785. Bestimmung des Begriffs einer Menschen-Race. (zitiert nach Immanuel Kant Werke VI, 1964. Insel Verlag, Wiesbaden).
- Kant, I., 1788. Über den Gebrauch teleologischer Principien in der Philosophie. *Der Teutsche Merkur*, S. 36-52, 107-136. (Immanuel Kant Werke V, 1964. Insel Verlag, Wiesbaden).
- Kant, I., 1802. *Physische Geographie* [ediert und herausgegeben von Friedrich Theodor Rink nach Kants Vorlesungsmaterialien]. <https://korpora.zim.uni-duisburg-essen.de/kant/aa09/316.html>
- Krause, J., Trappe, T., 2019. *Die Reise unserer Gene*. Verlag Propyläen, Berlin.
- Krause, J., Fu, Q., Good, J. et al. 2010. The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia. *Nature* 464, 894-897.
- Kuhn, T.S.; 1978. *Die Entstehung des Neuen*. suhrkamp taschenbuch, Frankfurt am Main.
- Lazaridis et al. 2014. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature* 513, 409-13.
- Lazaridis, I., Nadel, d., Rollefson, G. et al., 2016. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature* 536: 419-424.
- Lévi-Strauss C., 1971. Race and culture. *International Social Science Journal*, 23, 608-625.
- Lévi-Strauss, C., 1972. *Rasse und Geschichte*. suhrkamp taschenbuch, Frankfurt am Main.
- Lévi-Strauss C. 2008. Lévi-Strauss remembers ... *The UNESCO Courier*, 2008:5. URL = http://portal.unesco.org/en/ev.php-URL_ID=41836.
- Levit, G. S., Hoßfeld, U. 2019. Ernst Haeckel in the history of biology. *Current Biology* 29: R1269-R1300.
- Levit G.S., Hoßfeld U. 2020. Ernst Haeckel, Nikolai Miklucho-Maclay and the racial controversy over the Papuans. *Frontiers in Zoology* 17:16, 1-20.
- Linne, C. v. 1735. *Systema Naturae*. Johan Wilhelm de Groot, Leiden.
- Linné, C. 1773. *Des Ritters Carl von Linné Königlich schwedischen Leibarztes vollständiges Natursystem ... Erster Theil von den säugenden Thieren*. Gabriel Nicolaus Raspe, Nürnberg.
- Mahner, M. (1993). What is a species?. *Journal for general philosophy of science*, 24, 103-126.
- Mahner, M., Bunge, M., 1997. *Foundations of Biophilosophy*. Springer Berlin usw.
- Mallick, S., Li, H., Lipson, M. et al., 2016. The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. *Nature* 538, 201-206..

- Marcus, J.H., Posth, C., Ringbauer, H. et al., 2020. Genetic history from the Middle Neolithic to present on the Mediterranean island of Sardinia. *Nat. Commun.* 11, 939.
- Mathieson, I. et al., 2015. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature* 528, 499-503.
- Mayr, E., 1942. *Systematics and the Origin of Species*. Columbia University Press, New York.
- Mayr, E., 1969. *Principles of Systematic Zoology*. McGraw-Hill Book Company, New York.
- Mayr, E., 2000. The Biological Species Concept. S. 17-29 In: Wheeler, Q., Meier, R. (Eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*. Columbia University Press, New York.
- Mayr, E., 2002. The Biology of Race and the Concept of Equality. *Daedalus* 131, 89-94.
- Meier, R., Willmann, R., 2000. The Hennigian Species concept. S. 30-43 In: Wheeler, Q., Meier, R. (Eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*. Columbia University Press, New York.
- Moir, H.J., Kemp, R., Folkerts, D., Spendiff, O., Pavlidis, C., Opara, E., 2019. Genes and Elite Marathon Running Performance: A Systematic Review. *J. Sports Sci. Med.* 18, 559 - 568.
- Norton, H.L., Quillen, E.E., Bigham, A.W., Pearson, L.N., Dunsworth, H., 2019. Human races are not like dog breeds: refuting a racist analogy. *Evo Edu Outreach* 12 (17), 1-20.
- Onywera, V.O., Scott, R.A., Boit, M.K., Pitsiladis, Y.P., 2006. Demographic characteristics of elite Kenyan endurance runners. *J. Sports Sci.* 24 (4), 415-422.
- Onywera, V.O., Muthuri, S.K., Hayker, S., Wachira, L.-J.M., Kyallo, F., Mang'eni, R.O., Bukhala, P., Mireri, C., 2016. Results From Kenya's 2016 Report card on physical activity for children and youth. *J. Physical Activity Health* 13 (Suppl 2), S195 -S200.
- Pigliucci, M., Kaplan, J., 2003. On the concept of biological race and its applicability to humans. *Philosophy of Science*, 70: 1161-1172.
- Posth, C., Renaud, G., Mittnik, A., et al., 2016. Pleistocene mitochondrial genomes suggest a single major dispersal of non-Africans and a late glacial population turnover in Europe. *Curr. Biol.* 26, 827-833.
- Posth, C., Wißing, C., Kitagawa, K., et al., 2017. Deeply divergent archaic mitochondrial genome provides lower time boundary for African gene flow into Neanderthals. *Nat. Comm.* 8: 16046.
- Pritchard, J.K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
- Ranciaro, A., Campbell M.C., Hirbo J.B., et al., 2014. Genetic origins of lactase persistence and the spread of pastoralism in Africa. *Am J Hum Genet.* 94(4), 496-510.
- Reich, D., Green, R., Kircher, M. et al., 2010. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468, 1053-1060.
- Rosenberg, N.A., Pritchard, J.K., Weber, J.L., Cann, H.M., Kidd, K.K., Zhivotovskiy, L.A. Feldman, M.W., 2002. Genetic structure of human populations. *Science* 298 (5602), 2381-2385.
- Saini, A. 2019. Sports and IQ: the persistence of race 'science' in competition. *Nature* 571, 474-475.
- Saltin, B., Kim, C.K., Terrados, N., Larsen, H., Svedenhag, J., Rolf, C.J., 1995. Morphology, enzyme activities and buffer capacity in leg muscles of Kenyan and Scandinavian runners. *Scand J Med Sci Sports.* 5, 222-230.
- Sankararaman S, et al., 2014. The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature* 507, 354-357.
- Scheidt, W. 1922. Beiträge zur Geschichte der Anthropologie. Der Begriff der Rasse in der Anthropologie und die Einteilung der Menschenrassen von Linné bis Deniker. *Archiv Rassen- Gesell.-Biol.* 15, 280-306, 383-397.
- Schiffels, S., Durbin, R., 2014. Inferring human population size and separation history from multiple genome sequences. *Nat. Genet.* 46, 919-925.
- Schiffels, S., Haak W., Paajanen, P et al., 2016. Iron Age and Anglo-Saxon genomes from East England reveal British migration history. *Nat. Commun.* 7, 10408.
- Schultze, L., 1908. Einleitung. In: Schultze, L., *Zoologische und anthropologische Ergebnisse einer Forschungsreise im westlichen und zentralen Südafrika ausgeführt in den Jahren 1903-1905 mit Unterstützung der Kgl. Preußischen Akademie der Wissenschaften zu Berlin*, Bd. 1: Systematik und Tiergeographie, Gustav Fischer, Jena.
- Scott, R.A., Moran, C., Wilson, R.H., Onywera, V., Boit, M.K., Goodwin, W.H., Gohlke, P., Payne, J., Montgomery, H., Pitsiladis, Y.P. 2005. No association between Angiotensin Converting Enzyme (ACE) gene variation and endurance athlete status in Kenyans. *Comp. Biochem. Physiol., Part A* 141, 169-175.
- Skoglund, P., Thompson, J.C., Prendergast, et al., 2017. Reconstructing prehistoric African population structure. *Cell* 1711, 59-71.e21.
- Spencer, Q., 2018a Racial realism I: Are biological races real? *Philosophy Compass* 13, e12467.
- Spencer, Q., 2018b. Racial realism II: Are folk races real? *Philosophy Compass* 13, e12468.
- Stringer, C. B., Andrews, P., 1988. Genetic and fossil evidence for the origin of modern humans. *Science.* 239 (4845): 1263-68.
- The 1000 Genomes Project Consortium 2010. A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature* 467, 1061-1073.
- The 1000 Genomes Project Consortium. 2015. A global reference for human genetic variation. *Nature* 526, 68-74.
- Thorne, A.G. Wolpoff, M.H., 2003. The Multiregional Evolution of Humans, *Scient.Amer.* 13, 46-53.
- Van Oven M., Kayser M., 2009. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Hum Mutat* 30(2), E386-E394. <http://www.phylotree.org>.

- Vancini, R. L., Pesquero, J.B., Fachina, R.J., Andrade, M.S., Borin, J.P., Montagner, J.P., Barbosa de Lira, C.A. 2014. Genetic aspects of athletic performance: the African runners phenomenon. *J. Sports Med.* 5, 123-127.
- Wall, J.D., Yang, M.A., Jay, F. et al., 2013. Higher Levels of Neanderthal Ancestry in East Asians than in Europeans. *Genetics* 194, 199-209.
- Weiss, K., Lambert, B., 2014. What type of person are you? *Cold Spring Harb. Perspect. Biol.* 6, 1-14.
- Weir, B. S., Cockerham, C.C., 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution* 38 (6), 1358-1370.
- West, C., 2017. *Race Matters*. Beacon Press, Boston (MA).
- Wheeler, Q., Platnick, N., 2000. The Phylogenetic Species Concept (sensu Wheeler and Platnick. S. 55-69 In: Wheeler, Q., Meier, R. (Eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*. Columbia University Press, New York.
- Wiley, E.O., Mayden, R.L., 2000. The Evolutionary Species Concept. S. 70-92. In: Wheeler, Q., Meier, R. (Eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*. Columbia University Press, New York.
- Wilson, E. O., 2013. *Die soziale Eroberung der Erde*. A. d. Engl. v. Elsbeth Ranke. Beck, München.
- Witherspoon, D., Wooding, S., Rogers, A., Blue, E., Watkins, W., Batzer, M., Jorde, L. 2007. Genetic Similarities Within and Between Human Populations. *Genetics*, 176, 351-359.
- Wogawa, S., 2015. *Ernst Haeckel und der hypothetische Urkontinent Lemuria*. Eobanus Verlag, Erfurt.
- Wright, S., 1978. *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. Univ. Chicago Press, Chicago.
- Yaxley, K.J., Foley, R.A., 2019. Reconstructing the ancestral phenotypes of great apes and humans (Homininae) using subspecies-level phylogenies. *Biol. J. Linn. Soc.* 128, 1021-1038.
- Zachos, F., 2016. *Species Concepts in Biology. Historical Development, Theoretical Foundations and Practical Relevance*. Springer International Publishing Switzerland.
- Zelinger, A., 2018. *Menschen und Haustiere im deutschen Kaiserreich*. transcript Verlag, Bielefeld.

Internetzitate

- Jenaer Erklärung: https://www.uni-jena.de/190910_JenaerErklaerung.
- Hottentotten: https://www.deutschlandfunk.de/man-nante-sie-hottentotten.724.de.html?dram:article_id=99992.
- Evolution des Menschen: Kulturelle Evolution. <https://abitur-wissen.org/index.php/biologie/evolution/3-evolution-des-menschen-13-kulturelle-evolution>
- Jochen Schwenk: <https://www.soziopolis.de/beobachten/gesellschaft/artikel/scott-buchforum-1-die-muehlen-der-zivilisation/>

Prof. Dr. h. c. Martin S. Fischer, Prof. Dr. Uwe Hoßfeld,
 Institut für Zoologie und Evolutionsforschung mit Phyletischem Museum,
 Ernst-Haeckel-Haus und Biologiedidaktik,
 Friedrich-Schiller Universität Jena, Erbertstr. 1,
 07743 Jena, Martin.Fischer@uni-jena.de;
uwe.hossfeld@uni-jena.de.

Prof. Dr. Johannes Krause,
 Max Planck Institut für Menschheitsgeschichte,
 Kahlaische Str. 10, 07745 Jena,
krause@shh.mpg.de.

Prof. Dr. Stefan Richter,
 Lehrstuhl für Allgemeine und Spezielle Zoologie,
 Institut für Biowissenschaften, Universität Rostock,
 Universitätsplatz 2, 18055 Rostock,
stefan.richter@uni-rostock.de.