



## Immunsystem und Rasse

Wie man heute weiß, haben unterschiedliche Rassen unterschiedliche Immunsysteme. Doch vor nicht allzu langer Zeit waren Anthropologen wie Lucca Cavalli-Sforza noch der Überzeugung, es gebe gar keine Rassen, weil sämtliche Allele eines Gens bei allen Völkern gleichermaßen vorhanden seien, lediglich in anderen Frequenzen; und falls doch, seien diese Unterschiede rein äußerlich. Heute weiß man, vor allem aus Untersuchungen an Blutgruppensystemen, daß dem nicht so ist, ja daß es Allele gibt, die bei manchen Rassen ausschließlich und bei anderen überhaupt nicht vorkommen. Ein Beispiel für ein solches System ist das sogenannte Gammaglobulin-Marker-System, kurz GM-System genannt. Das GM-System besteht aus 18 genetischen Markern, sogenannten Allotypen, und ist somit außerordentlich polymorph. Die Vererbung der Allotypen erfolgt wie beim Rhesus-Blutgruppensystem in sogenannten Haplotypen. In der Immunglobulinklasse G (IgG) des Menschen unterscheidet man vier verschiedene Subklassen, die mit IgG1 – IgG4 bezeichnet werden. So gehören etwa die GM-Allotypen GM(1), GM(2), GM(3) und GM(17) der Subklasse IgG1 an, der GM-Marker GM(23) der Subklasse IgG2 und die GM-Marker GM(5), GM(6), GM(10), GM(11), GM(13), GM(14), GM(15), GM(16), GM(21) und GM(26) der Subklasse IgG3. Tabelle 1 zeigt die geographische Variabilität der sieben häufigsten GM-Haplotypfrequenzen, die nachfolgend in verkürzter Form wiedergegeben werden:

$$GM^*1;21 = GM^*1,17;21,26$$

$$GM^*1,2;21 = GM^*1,2,17;21,26$$

$$GM^*1;13,15,16 = GM^*1,17;10,11,13,15,16$$

$$GM^*1,3;5,13 = GM^*1,3;5,10,11,13,14,26$$

$$GM^*1;5,13 = GM^*1,17;5,10,11,13,14,26$$

$$GM^*1;5,6 = GM^*1,17;5,6,10,11,14,26$$

$$GM^*3;5,13 = GM^*3;5,10,11,13,14,26$$

Das Semikolon trennt die Haplotypen der Subklassen IgG1 und IgG3, die Subklasse IgG2 wurde nicht berücksichtigt. Die übrigen GM-Haplotypen sind selten und wurden daher ebenfalls nicht berücksichtigt. Wie verteilen sich nun diese Haplotypen auf die einzelnen Menschenrassen?

Der mongolide Haplotyp  $GM^*1;21$  ist Allgemeingut aller Menschen. Am häufigsten vorhanden ist er in Amerika und bei den Inuit (vgl. Abb. 1), aber auch in Nordasien und bei den australischen Ureinwohnern, die gegenüber dem Präsapiens am wenigsten mutiert sind, d.h. bei den klassischen Alteuropiden. Speziell in Südostasien, der Urheimat des modernen Menschen, fällt dieser Haplotyp nur mehr wenig ins Gewicht, südlich der Sahara, in Mikronesien und Polynesien sowie bei den illyrischen Sarden erreicht er sogar jeweils ein lokales Minimum. Seine lokalen Maxima außerhalb Amerikas liegen in Ostasien und bei den Samen.

Der Haplotyp  $GM^*1,2;21$  kommt überall dort vor, wo auch der Haplotyp  $GM^*1;21$  vorkommt, jedoch in deutlich niedrigeren Frequenzen. Am häufigsten tritt er in Mittelamerika und Australien auf. Für die Populationsgenetik ist er wenig aussagekräftig.

# ANTHROPOLOGIE



Der ebenfalls mongolide Haplotyp  $GM^*1;13,15,16$  kommt ausschließlich in nicht-europäischen und nicht-afrikanischen Bevölkerungen vor, auch bei den Samen ist er nicht vertreten.

	1;21	1,2;21	1;13,15,16	1,3;5,13	1;5,13	1;5,6	3;5,13	andere	$\Delta S$
Sarden	0,109	0,006					<b>0,836</b>	0,049	0,570
Südeuropa	0,158	0,031					<b>0,773</b>	0,038	0,723
Osteuropa	0,196	0,047					<b>0,753</b>	0,004	0,699
Westasien	0,163	0,035	0,033	0,029			<b>0,725</b>	0,015	0,924
Mitteleuropa	0,191	0,094					<b>0,713</b>	0,002	0,792
Basken	0,237	0,077					<b>0,686</b>		0,797
Westeuropa	0,212	0,103					<b>0,683</b>	0,002	0,836
Nordeuropa	0,261	0,107					<b>0,624</b>	0,008	0,923
Saami	0,319	0,040					<b>0,613</b>	0,028	0,893
Nordafrika	0,224	0,021			0,167	0,025	<b>0,557</b>	0,006	1,164
Südasien	0,253	0,112	0,029	0,216			<b>0,350</b>	0,040	1,523
Subsahara	0,043	0,005			<b>0,629</b>	0,185	0,008	0,130	1,069
Nordostafrika	0,179	0,024			<b>0,518</b>	0,040	0,221	0,018	1,273
Mikronesien	0,121	0,022		<b>0,848</b>				0,009	0,522
Polynesien	0,114	0,067		<b>0,819</b>					0,592
Südostasien	0,105	0,051	0,016	<b>0,816</b>			0,012		0,674
Melanesien	0,216	0,080		<b>0,703</b>				0,001	0,788
Neu-Guinea	0,331	0,030		<b>0,638</b>				0,001	0,765
Ostasien	0,355	0,127	0,135	<b>0,372</b>			0,005	0,006	1,325
Nordamerika	<b>0,880</b>	0,059	0,043	0,003			0,015		0,495
Grönland	<b>0,837</b>	0,008	0,087	0,001			0,067		0,588
Kanada	<b>0,783</b>	0,005	0,171				0,041		0,651
Südamerika	<b>0,748</b>	0,234	0,007	0,003			0,005	0,003	0,653
Alaska	<b>0,702</b>	0,011	0,249	0,034			0,004		0,781
Australien	<b>0,687</b>	0,285						0,028	0,716
Mittelamerika	<b>0,680</b>	0,296	0,013	0,003			0,004	0,004	0,741
Nordasien	<b>0,546</b>	0,122	0,237	0,026			0,061	0,008	1,232

Tabelle 1. Geographische Verteilung der GM-Haplotypfrequenzen [1]

Für Südostasien, wo sich die austronesische Rasse herausgebildet hat, ist der Haplotyp  $GM^*1,3;5,13$  charakteristisch (vgl. Abb. 3), der speziell in Mikronesien, Polynesien und im übrigen Austronesien in hohen Frequenzen vorliegt, in Amerika aber eher selten zu finden ist und in Australien gar nicht vorkommt.

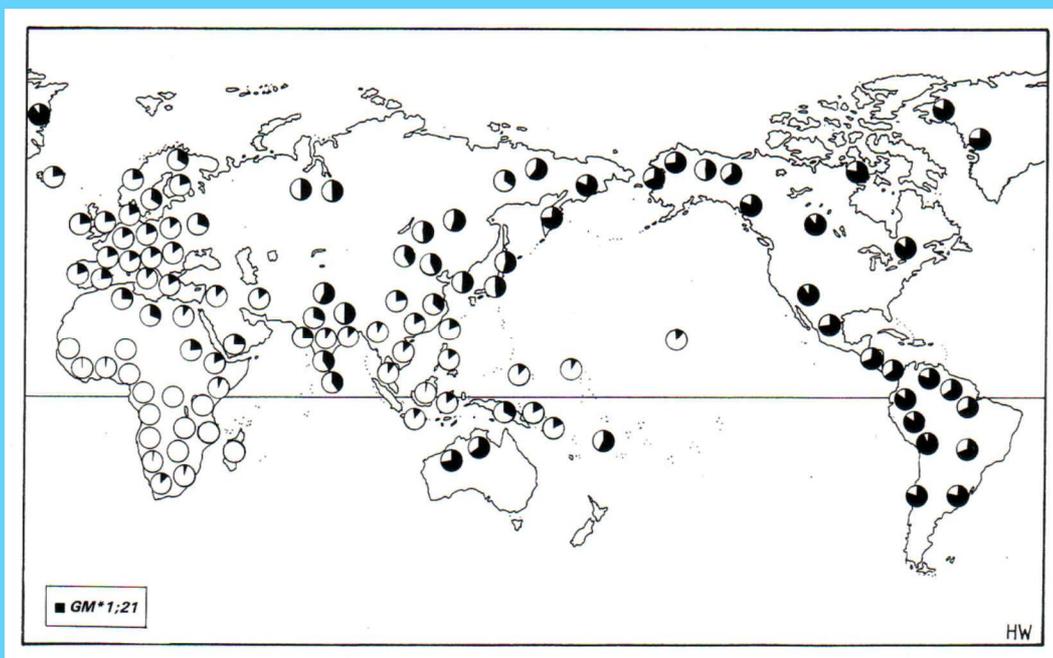
Einen eigenen Zweig scheint der Haplotyp  $GM^*1;5,13$  zu bilden (vgl. Abb. 4), der ausschließlich in afrikanischen Populationen vorkommt. Er reicht über Nordostafrika nicht hinaus. Für den wesentlich selteneren Haplotyp  $GM^*1;5,6$  gilt im wesentlichen das gleiche.

Eine Besonderheit scheint der Haplotyp  $GM^*3;5,13$  darzustellen (vgl. Abb. 2), der den Allotyp GM(13) enthält, der nur in europäischen Populationen auftritt und sein lokales Maximum bei den Sarden besitzt. Er kommt außerhalb Europas nur in Süd- und Westasien und in Nord- und Nordostafrika noch signifikant vor. Südlich der Sahara, in Fernost und Ozeanien gibt es den Haplotyp  $GM^*3;5,13$  nur sporadisch, unter den Australiden bzw. den Alteuropiden Neu-Guineas und Melanesiens kommt er noch nicht einmal in Spuren vor.



Andere als die angegebenen Haplotypen kommen signifikant so gut wie ausschließlich nur südlich der Sahara häufiger vor.

Die Haplotypfrequenzen in Tabelle 1 wurden in aufsteigender Reihenfolge und nach Regionen des spezifischen GM-Haplotyps sortiert. Ist die Zunahme der relativen Häufigkeit eines Haplotyps von einer Entropieabnahme begleitet, liegt in der Regel Selektion vor. Ein Beispiel dafür liefert der europide Haplotyp  $GM^*3;5,13$ , für den in Abbildung 5 die Entropie als Funktion der Haplotypfrequenz aufgetragen ist. Die größte Entropie auf dem Globus besitzt Südasien, wo auch relativ gleichverteilt die meisten Haplotypen vorkommen. Zwar fehlen dort die afrikanischen Marker, was umgekehrt aber den Beweis dafür liefert, daß der Mensch nicht aus Afrika stammen kann, denn Schwarzafrika hat eine viel zu hohe Entropie, als daß Selektion dort schon lange genug gewirkt haben könnte. Der europäische Haplotyp  $GM^*3;5,13$  muß entstanden sein, als der Mensch Australasien bereits verlassen hatte, ins südliche Afrika wurde er nur in Spuren getragen.



**Abbildung 1. Geographische Verteilung der  $GM^*1;21$ -Haplotypfrequenzen [1]**

Auch Ostasien ist relativ jung, weil die Entropie zum einen noch einen ziemlich hohen Wert besitzt und zum anderen die Selektion zugunsten des austronesischen Haplotyps  $GM^*1,3;5,13$  gerade erst begonnen hat. Über Neu-Guinea setzt sich letzterer bis nach Mikronesien fort, wo er sein globales Maximum annimmt. Mikronesien ist also innerhalb Australasiens am ältesten.

Jung ist auch Nordostafrika, mit einer ebenfalls sehr hohen Entropie. Von dort gelangte der vermutlich in Nordafrika entstandene Haplotyp  $GM^*1;5,13$  in die Subsahara. Wie man sieht,



ist das südliche Afrika seiner Entropie nach noch viel zu jung, um als die Wiege der Menschheit zu gelten.

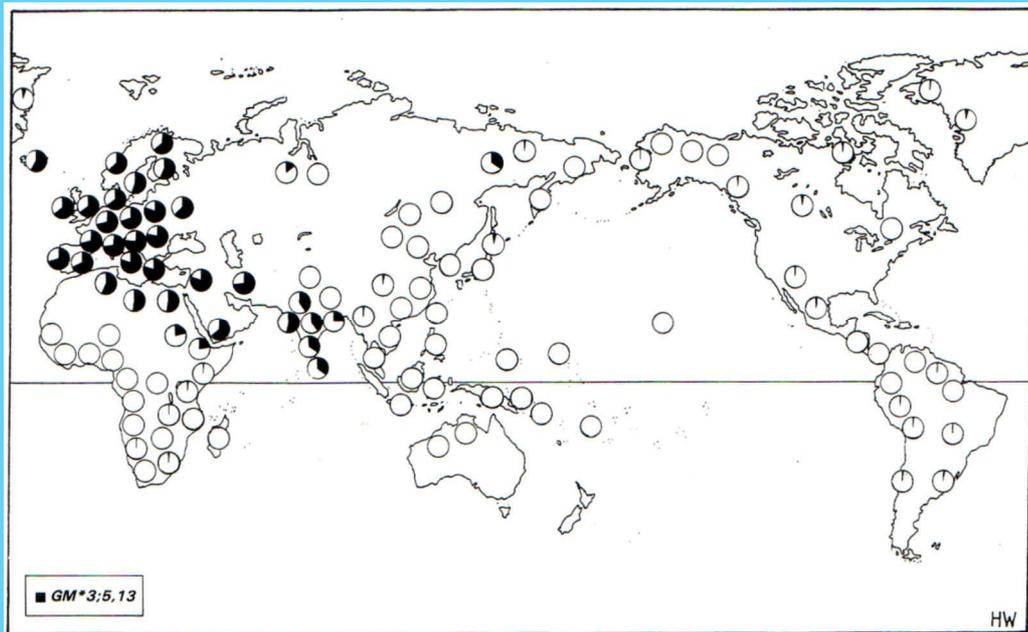


Abbildung 2. Geographische Verteilung der  $GM^*3;5,13$ -Haplotypfrequenzen [1]

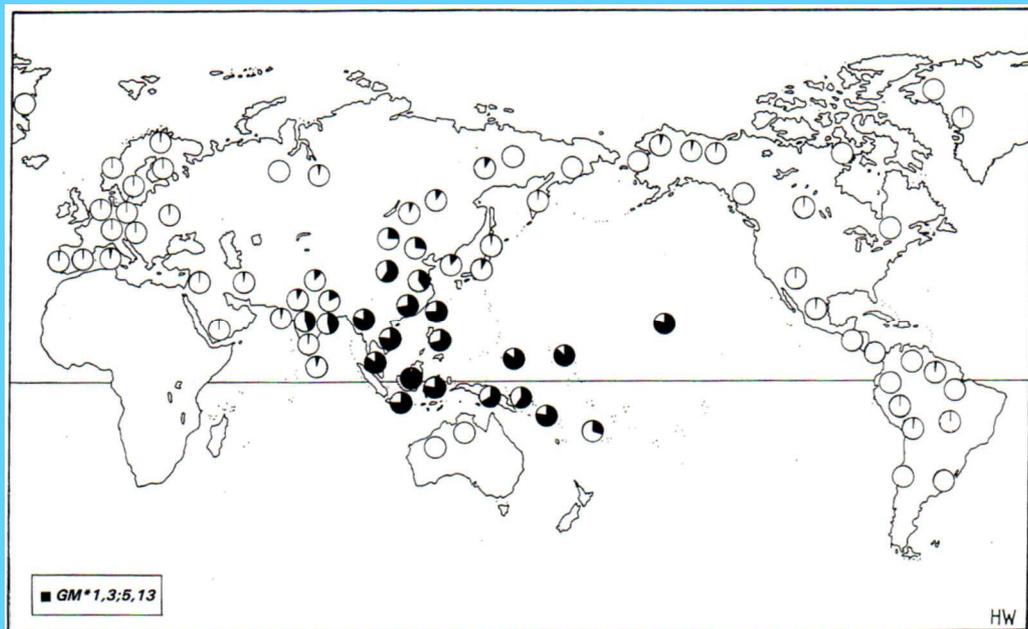


Abbildung 3. Geographische Verteilung der  $GM^*1,3;5,13$ -Haplotypfrequenzen [1]

# ANTHROPOLOGIE



Von Nordasien aus führt eine andere Spur nach Nordamerika, wo sich langfristig der Haplotyp  $GM^*1;21$  immer mehr durchsetzen konnte, der sein globales Maximum bei den nordamerikanischen Indianern erreicht, die damit das höchste Alter auf dem amerikanischen Doppelkontinent haben und eine dementsprechend niedrige Entropie besitzen. Dieser Haplotyp ist uraltes Allgemeingut der Menschheit, da er bei den australischen Aborigines sehr häufig vorkommt, die somit enge Verwandte der Indianiden sein müssen. In Europa sind mit dieser Ethnie die Samen am engsten verwandt.

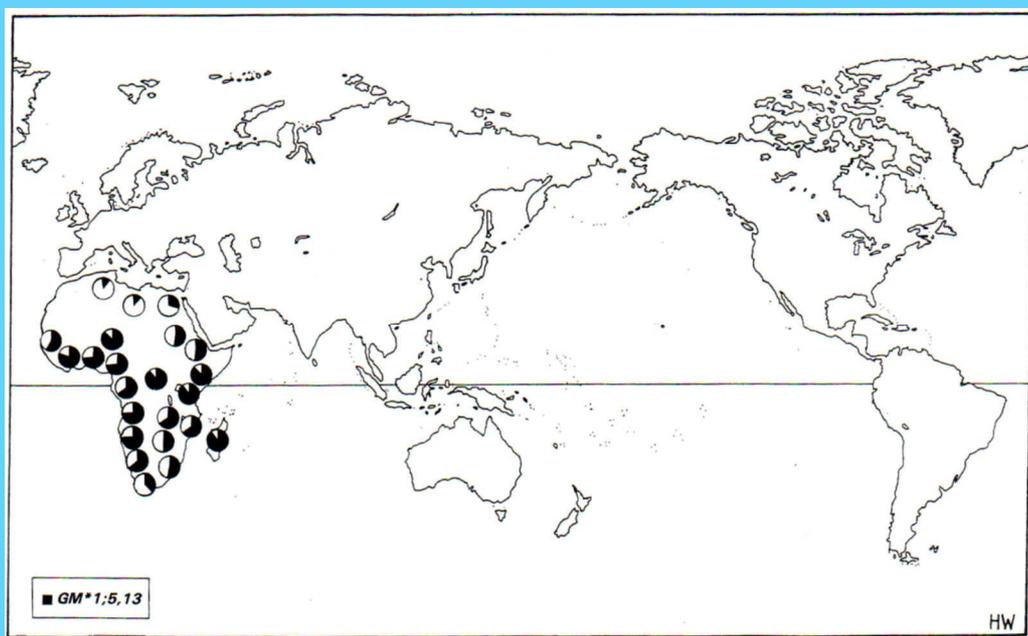


Abbildung 4. Geographische Verteilung der  $GM^*1;5,13$ -Haplotypfrequenzen [1]

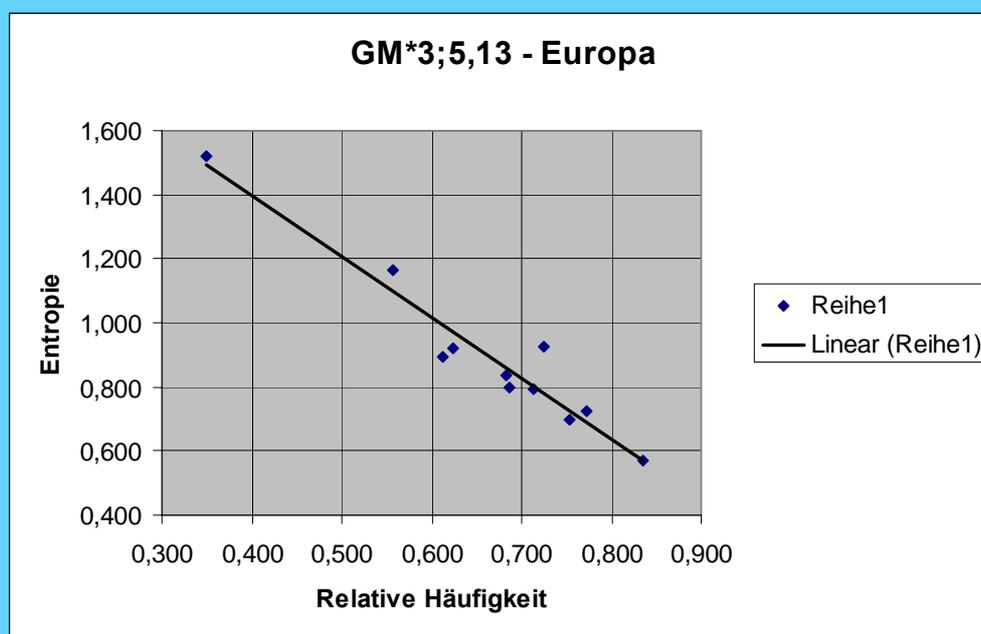
Wir postulieren nun, daß der Allotyp  $GM(1)$  vom Alteleuropiden bzw. Eskimiden herrührt, welcher letzterer demnach zur jüngsten Rasse des *Homo sapiens* zählt, während der Allotyp  $GM(3)$  eine Beimischung des Neandertalers sein könnte, die beim Negriden und Mongoliden fehlt, beim Austronesier hingegen vorhanden ist. Damit ist die Rassenaufteilung des Menschen anhand seiner verschiedenen Immunsysteme vollständig beschrieben.

Eine Bestärkung für die Richtigkeit dieser These erhalten wir durch das A1A2B0-Blutgruppensystem, bei dem das rezessive Allel  $ABO^*0$  ebenfalls eine selektive Wirkung entfaltet. Weitere Parallelen findet das GM-System im Rhesussystem. Der australide/mongolide Rhesusfaktor  $RH^*cDE$  ist der älteste. Aus diesem ist in Nordostafrika der afrikanische Rhesusfaktor  $RH^*cDe$  hervorgegangen. Wahrscheinlich ist auch der europide (neandertaloide) Rhesusfaktor  $RH^*cde$  dort entstanden, während der austronesische Rhesusfaktor  $RH^*CDE$  aus Südasien stammen dürfte.

Die geographische Verteilung des GM-Systems zeigt uns den Menschen zuerst in Süd- und Ostasien, sodann in Nordostafrika und Nordasien, ehe er schließlich in Nordafrika und südlich der Sahara erscheint. Später taucht er in Westasien auf und kurz darauf in Nordeuropa. Seine



Berührung mit dem Neandertaler kann aber eigentlich nur in Nordostafrika erfolgt sein, da dort die Wahrscheinlichkeit, beide Allotypen GM(3) und GM(5) gemeinsam anzutreffen, ihr Maximum besitzt. Zudem stimmen die GM-Marker der Subklasse IgG3 des europiden (neandertaloiden) Haplotyps  $GM^*3;5,13$  und des negriden Haplotyps  $GM^*1;5,13$  nur dort überein. Der austronesische Haplotyp  $GM^*1,3;5,13$  kann wiederum nur in Südasien entstanden sein: Während also der Europide die neandertaloide Linie weiterverfolgte, folgte der Austronesier der des *Homo sapiens*.



**Abbildung 5. Entropieabnahme des Haplotyps  $GM^*3;5,13$**

Aus dem GM-System lassen sich demnach vier verschiedene Grundrassen mit grundlegend verschiedenem Immunsystem ableiten: Australide bzw. Mongolide (Haplotyp  $GM^*1;21$ ), Austroneside (Haplotyp  $GM^*1,3;5,13$ ), Negride (Haplotyp  $GM^*1;5,13$ ) und Europide (Haplotyp  $GM^*3;5,13$ ), wobei Ostasiaten als Kontaktrasse etwa zu gleichen Teilen zu den Mongoliden als auch zu den Austronesiden gerechnet werden können und Südasiaten zusätzlich zu den Europiden.

Damit kann der Negride nicht an der Wurzel des menschlichen Stammbaums stehen, und Mongolide und Europide sind weitaus weniger miteinander verwandt, als man gemeinhin annimmt. Außerdem scheint den Austronesier mit dem Australiden keine so enge Verwandtschaft zu verbinden, wie man es aufgrund der großen Nähe vermuten könnte. Ein lange gehogter Irrtum der Rassenkunde scheint somit ausgeräumt, denn genetisch läßt sich die Menschheit sehr wohl nach Rassen untergliedern, und zwar nicht nur aufgrund rein äußerlicher Merkmale, sondern auch anhand von inneren.



Quellen:

- [1] Hubert Walter, *Populationsgenetik der Blutgruppensysteme des Menschen*, E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Stuttgart, 1998.