

Marianne Sommer

Die Familie und der Stammbaum des Menschen in der Anthropologie

Die genealogische Konzeption der Menschheit ist eine sehr alte, und ich werde argumentieren, dass sie als eine der Inspirationen gelten muss, schließlich auch das Bild des Stammbaums auf die Menschheit als Ganze anzuwenden. Das genealogische Verständnis des Menschen war lange vor der Entstehung der Anthropologie im 18. Jahrhundert Teil der christlichen Lehre. Damit einher ging ebenfalls eine Differenzierung nach Abstammung sowie die Priorisierung eines bestimmten Zweigs.¹ In der Anthropologie wiederum liegt die genealogische Auffassung den Überlegungen über Geschichte und Diversität des Menschen vor dem Übergang zu einem evolutionären Verständnis zugrunde. Wie wir aber sehen werden, ist es das Denken in der Familiengenealogie gewesen, das Charles Darwin dazu verleitete, die Menschheit genealogisch zu fassen und von da aus die gesamte organismische Welt. Dennoch publizierte Darwin keine Stammbäume und zeichnete nie einen Stammbaum des Menschen. Diesen Schritt überließ er anderen.

Wie das Bild des Stammbaums in die Anthropologie kam, oder besser von welchen bestehenden Visualisierungstechniken dies inspiriert war, ist unklar. Eher, als direkte Bezüge zur Geschichte des Stammbaums in kulturellen Bereichen wie religiöser und säkularer Genealogie und Tierzucht aufzuzeigen, wird bis anhin von allgemeinen diskursiven und visuellen Formationen ausgegangen.² Dies gilt auch für die Versuche, organismische Vielfalt generell in die visuelle Ordnung des Stammbaums zu bringen.³ Mir geht es in diesem Beitrag nicht um solche Fragen. Was ich aber zeigen werde, ist, dass es zu kurz greifen würde, den Einsatz von Stammbäumen in der Anthropologie als eine logische Weiterentwicklung der früheren Visualisierungen in anderen Kulturbereichen, aber auch in der Naturgeschichte und Biologie aufzufassen. Denn diese Übertragung ist alles andere als selbstverständlich. Im Gegenteil ist sie problematisch. Sie vollzieht mindestens drei grundlegende Eingriffe, die unserem heutigen Verständnis der Evolution und

1 Hieke, Thomas: Die Genealogie der Genesis. Freiburg i.B. 2003.

2 Bouquet, Mary: Family Trees and Their Affinities: The Visual Imperative of the Genealogical Diagram. In: Journal of the Royal Anthropological Institute 2/1 (1996). S. 43–66.

3 Zum Beispiel Hellström, Nils Petter: Darwin and the Tree of Life: The Roots of the Evolutionary Tree. In: Archives of Natural History 39/2 (2012). S. 234–252.

Diversität des Menschen zuwiderlaufen. Auf diese werde ich mich im Folgenden anhand von konkreten Beispielen fokussieren:

Erstens ist der Stammbaum, wie er in der Darstellung von Abstammung von Individuen Verwendung findet, in seiner Übertragung auf Abstammung der Arten und höherer Taxa tendenziell typologisch. An die Stelle von Individuen werden ganze Gruppen gesetzt, die analog zum Familienstammbaum durch einen Spezies- oder Gattungsnamen oder gar ein Bildchen symbolisiert werden. Damit minimiert der Stammbaum die Variabilität innerhalb eines Taxons. Dies gilt auch für jene Stammbäume, die die innerartlichen menschlichen Varietäten (mit)berücksichtigen. Solche Stammbäume laufen zweitens Gefahr, in Analogie zu den anderen im Baum aufgeführten Gruppen, die alle Arten oder höhere Taxa sind, für die verschiedenen Menschengruppen einen Speziesstatus zu suggerieren. Damit maximiert das Bild des Stammbaums die Distanz zwischen den lebenden Menschengruppen und kann gar Polygenismus ausdrücken. Drittens können Stammbäume des Menschen für das Narrativ eines lokalen Ursprungs und der anschließenden globalen Verbreitung stehen. Die Form des Stammbaums – eventuell auf eine Weltkarte projiziert – legt nahe, dass Diversifizierung durch Migration zustande kam und ohne Durchmischung stattfand: Die Äste/Menschengruppen trennen sich im Bild des Baums oder auf der Karte sukzessive voneinander und entwickeln sich danach in Isolation. Die beiden erwähnten Tendenzen – die Minimierung von Variabilität innerhalb und die Maximierung von Differenz zwischen Menschengruppen und damit der Eindruck von ‚reinen Rassen‘ oder gar verschiedenen Menschenarten – werden im Bild-Narrativ verstärkt.

Tatsächlich finden sich in der Geschichte der Anthropologie polygenistische und rassistische Theorien, denen die Anwendung des Stammbaums auf den Menschen entspricht. Das Motiv des Stammbaums unterstützte die Unterteilung der Menschheit in mehrere Arten und deren hierarchische Anordnung. Es gab aber auch seit der Einführung des Stammbaums in die Anthropologie kritische Überlegungen. Im Folgenden werde ich mit neuen Forschungsergebnissen und unter Bezug auf meine bisherigen Forschungen einige Schlaglichter auf die Geschichte des Stammbaums des Menschen in der Anthropologie werfen, ausgehend von einer Spurensuche nach den ersten solchen Bildern. Allerdings wird die Suche nach dem Ursprung nicht im Zentrum stehen. Vielmehr geht es mir um die Politiken des Stammbaums: Was bedeutete die Übertragung dieser Methode auf die Evolution und Klassifikation der Menschen? Welche Praktiken und Annahmen standen hinter den Bildern? Deckten sich die visuellen Botschaften mit den Theorien der Autor*innen oder liefen sie diesen zuwider? Gab es Kritik am Modell des Stammbaums für die Geschichte, Verwandtschaft und Diversität des Menschen? Der Fokus liegt dabei auf Europa und den USA und zeitlich auf den Entwicklungen seit Mitte des 19. Jahrhunderts.

Genealogische und evolutionäre Konzeptionen des Menschen: Der Einzug des Stammbaums in die Anthropologie

Die Übertragung des Bilds des Stammbaums auf die biologische Klassifikation unter Einbezug der menschlichen Varietäten ist nicht dem Aufkommen der Evolutionstheorie geschuldet. Das erste Bild, welches die menschlichen Varietäten miteinschloss, das ich bisher ausfindig machen konnte, ist das Wandbild *A General View of the Animal Kingdom* von 1857 der naturkundigen Anna Maria Redfield (Abb. 1.1). Der emeritierte Biologieprofessor J. David Archibald erwähnt das Bild in seiner kondensierten Betrachtung der Geschichte der Visualisierungen der natürlichen Ordnung in Naturgeschichte und Biologie, bezeichnenderweise ohne auf dieses Alleinstellungsmerkmal, also den Einbezug der Menschengruppen, einzugehen.⁴ Die in den USA tätige Redfield gehörte einer vermögenden Familie an und sammelte Muscheln, Mineralien sowie Pflanzen und setzte sich mit wissenschaftlicher Literatur auseinander. Später erhielt sie das Äquivalent eines Masterabschlusses von der Ingham University, der ersten Institution dieser Art für Frauen. Das Wandbild zeigt die natürlichen Beziehungen zwischen den Tieren und sollte im Unterricht zum Einsatz kommen, um Kindern die zoologische Klassifikation näherzubringen. Redfield war keine Vertreterin der Evolution der Arten, und sollte es auch nach Darwins und den Publikationen anderer zum Thema nicht werden – ihr Lehrbuch *Zoological Science* von 1858, das zur Erklärung des Wandbildes diente, wurde bis 1874 herausgegeben.⁵ Was das Bild zeigt, sind die vier Stämme der Organismen nach dem einflussreichen vergleichenden Anatomen aus Frankreich, George Cuvier: Articulata, Radiata, Mollusca und Vertebrata.

Interessanterweise sind die Menschen hier nicht die Krone der Schöpfung, wie es später so oft der Fall sein sollte und wie es bereits vor Redfield in Bildern der Fall war, die den Menschen als Spezies, aber nicht dessen Varietäten einschlossen. Und dies, obwohl sich Redfield in ihrem Buch auf den amerikanischen Geologen Edward Hitchcock bezog, der am Anfang dieser Tradition stand und in seiner „Paleontological Chart“ in *Elementary Geology* von 1840 den Menschen

⁴ Archibald, J. David: *Aristotle's Ladder, Darwin's Tree: The Evolution of Visual Metaphors for Biological Order*. New York 2014. S. 74–76.

⁵ Redfield, Anna Marian: *Zoological Science, or, Nature in Living Forms ... : Adapted to Elucidate the Chart of the Animal Kingdom by A.M. Redfield, and Designed for the Higher Seminaries, Common Schools, Libraries, and the Family Circle*. New York [u. a.] 1858.



Abb. 1.1: Anna Maria Redfield, *A General View of the Animal Kingdom* (Wandbild), 1857, New York und Hartford: E. B. und E. C. Kellogg.

(*man*) durch eine königliche Krone darstellte.⁶ Bei Redfield sind die menschlichen Varietäten nahe beim Stamm abgebildet. Trotzdem könnten wir dazu verführt sein, die damals bereits althergebrachte Hierarchie der ‚Rassen‘ zu erkennen, weil das ‚weiße‘ Paar zuoberst ist. Aber die Dynamik des Frontispizes des Lehrbuchs (Abb. 1.2) legt eher nahe, dass die ‚weiße Varietät‘ die ursprüngliche ist. Redfield hatte wohl also das System des bekannten Göttinger Anatomen Johann Friedrich Blumenbach im Kopf, nach welchem die ‚mongolischen‘, ‚malaiischen‘, ‚amerikanischen‘ und ‚äthiopischen‘ Varietäten ursprünglich aus der kaukasischen hervorgingen.

Weiter bemerkenswert ist, dass Redfield im Buchtext das Sprachbild der Stufenleiter der Wesen verwendete. Die Bimana (der Mensch) waren dabei das Glied zwischen den Tieren und den spirituellen Wesen. Es war dieses Bild der Stufenleiter, das nun auch in Bezug auf die klimatisch und kulturell bedingten menschlichen Varietäten klare Hierarchien erzeugte, von den ‚Hottentotten‘ bis zu den ‚Kaukasiern‘. Dabei bediente sie sich der Unterscheidungsmerkmale der

⁶ Hitchcock, Edward: *Elementary Geology*. Amherst 1840; Archibald, J. David: Edward Hitchcock's pre-Darwinian (1840) 'Tree of Life'. In: *Journal of the History of Biology* 42/3 (2009). S. 561–592, hier S. 578.

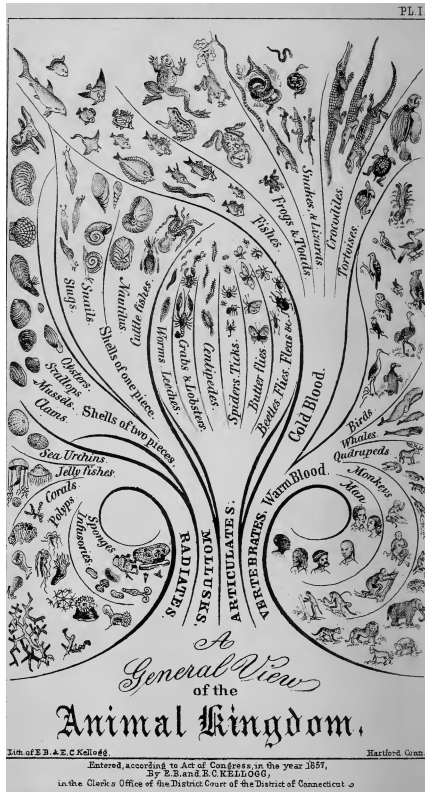


Abb. 1.2: „A General View of the Animal Kingdom“, 1858. In: Anna Maria Redfield, *Zoölogical Science, or, Nature in Living Forms, Illustrated by Numerous Plates. Adapted to Elucidate the Chart of the Animal Kingdom by A. M. Redfield, and Designed for the Higher Seminaries, Common Schools, Libraries, and the Family Circle*, New York und Hartford: E. B. und E. C. Kellogg, UC Berkeley, Tafel 1.

frühen physischen Anthropologie wie Farbe und Struktur der Haare, Hautfarbe sowie Schädel- und Gesichtsform. Der Stammbaum ließ sich also von Beginn an mit der Hierarchie der Lebewesen in der *scala naturae* verbinden, die zur Etablierung ‚rassischer Hierarchien‘ in Biologie und Kultur diente und oft Schwarze Menschen zum Bindeglied zwischen Mensch und Tier degradierte. Im Gegensatz zu zahlreichen Gelehrten folgte Redfield Blumenbach aber auch dahingehend, dass sie den Menschen als eine einzige Art auffasste. Wenn dies vor dem Hintergrund ihrer Hierarchisierung der ‚Rassen‘ aus heutiger Sicht auch eher paradox anmuten mag, so stand Redfield doch in jener Tradition der Naturgeschichte, deren Praktiker*innen diese als der Bruderschaft und Gottesliebe förderlich verstanden. Dies ist im Kontext ihrer Zeit im Gegensatz dazu zu sehen, dass polygenistische Theorien (aus der Anthropologie) dazu benutzt wurden, die Sklaverei zu rechtfertigen. Die Menschengruppen gingen diesen zufolge auf verschiedene Schöpfungen zurück, und Schwarze Menschen wurden als die Nachkommen Chams und damit als zur ewigen Knechtschaft verflucht betrachtet. Darwin ver-

fasste noch 1871 sein Buch zur Evolution des Menschen – *The Descent of Man* – als ein großes Argument gegen den Polygenismus.⁷

Dass wir den Stammbaum der menschlichen Varietäten so früh, wenn nicht als erstes, im Unterricht antreffen, verweist auf seine Fähigkeit, Inhalte zwischen den Disziplinen zirkulieren zu lassen und augenscheinlich sinnfällig an den Schulen und in der Öffentlichkeit zu vermitteln. Diese Fähigkeit dürfte mit der Ubiquität des Bildes in unseren Kulturgeschichten zu tun haben.⁸ Aber was vermeintlich so einfach ist, kolportiert Annahmen, die bereits damals nicht von allen geteilt wurden. Dies lässt sich am Beispiel von Darwin aufzeigen. Insbesondere für seine Anwendung des genealogischen Modells auf den Menschen konnte nachgewiesen werden, dass dieses vom genealogischen Verständnis der Familie inspiriert war. Die genealogische Sicht auf die Menschheit inspirierte wiederum das evolutionäre Verständnis der Natur insgesamt. Darwins Konzeption der organismischen Vielfalt war dezidiert genealogisch und evolutionär.⁹ Man könnte also meinen, der Einsatz des Stammbaums zur Verbildlichung der gemeinsamen Abstammung aller Lebewesen lag für Darwin auf der Hand. Wie ich aber andernorts gezeigt habe, war Darwin gegenüber derartigen Aufstellungen von konkreten Abstammungslinien skeptisch. Generell ging es ihm eher darum, die Mechanismen der Evolution zu ergründen, als über spezifische Phylogenien zu spekulieren. Im Privaten experimentierte er zwar mit Stammbäumen, publizieren wollte er diese aber nicht. Und er scheint gegenüber dem Stammbaumbild in Bezug auf den Menschen besonders kritisch gewesen zu sein, was sich auch aufgrund seines Austauschs mit dem ‚deutschen Darwin‘ – Ernst Haeckel – vermuten lässt.¹⁰

⁷ Für eine kurze Diskussion des Einflusses ‚der Kette der Lebewesen‘ und der Annahme von Polygenismus auf die frühe Anthropologie, siehe zum Beispiel Sommer, Marianne: *Evolutionäre Anthropologie zur Einführung*. Hamburg 2015. S. 9–17.

⁸ In diesem Zusammenhang ist neben dem Familienstammbaum sicher das Bild des Baums des Lebens zu nennen, siehe z.B. Klapisch-Zuber, Christiane: *Stammbäume: Eine illustrierte Geschichte der Ahnenkunde*. München 2004; Höhler, Gertrud: *Die Bäume des Lebens: Baumsymbole in den Kulturen der Menschheit*. Stuttgart 1985; Cook, Roger: *Tree of Life: Image for the Cosmos (Art and Imagination)*. London 1988. Zum Gebrauch des Baumdiagramms in der Geschichte der Naturgeschichte, Philologie, Harmonie und Wissensorganisation, siehe z.B. Hellström, Petter: *Trees of Knowledge: Science and the Shape of Genealogy*. Uppsala 2019.

⁹ Desmond, Adrian u. James Moore: *Darwin's Sacred Cause: How a Hatred of Slavery Shaped Darwin's Views on Human Evolution*. Boston 2009.

¹⁰ Sommer, Marianne: *The Meaning of Absence: The Primate Tree That Did Not Make It into Darwin's *The Descent of Man**. In: *British Journal for the History of Science Themes* (2021), S. 1–17. doi:10.1017/bjt.2020.14.

Haeckels Stammbäume der Anthropologie eignen sich dazu, die Problematik der Visualisierungstechnik in Bezug auf die menschliche Vielfalt herauszuarbeiten. Haeckel war sicher zu einem guten Teil der Grund dafür, dass sich der Stammbaum in der Anthropologie durchsetzte. Er war nach meinem jetzigen Wissensstand der erste Experte, der ihn auf die menschlichen Varietäten anwandte, die er für verschiedene Arten hielt. Der Stammbaum war das richtige Visualisierungsmittel für seine Theorien, weil dieses Bild, wie einleitend festgehalten, mindestens Artenstatus der ‚Menschenrassen‘ suggeriert, diese als Typen darstellt und in eine Hierarchie bringen kann.¹¹ Haeckel benutzte die vergleichende Sprachforschung sowie anatomische Kriterien wie Haarstruktur für seine Klassifikationen. Und es war die deutsche Philologie, die früh mit Entwicklungsbäumen aufwartete. Wie Simone Roggenbuck und andere gezeigt haben, bezogen sich Gelehrte des 19. Jahrhunderts auf die Botanik und Anatomie, wenn sie ihre Sammel- und Klassifikationspraktiken in der vergleichenden Sprachforschung als Methoden zur Erhellung der Genealogie von Sprachen fassten. Und wie der Boom in biologischer und anthropologischer Klassifikation, so sind auch diese linguistischen Praktiken in kolonialen und missionarischen Tätigkeiten zu verorten. Sie waren Teil des großen Projekts, die Vielfalt der global werdenden Welt zu sammeln, zu vergleichen und in eine handhabbare und zunehmend historische Ordnung zu bringen, die auch ‚erklären‘ könnte, wieso nicht alle Menschen gleich sind. Die Einführung des genealogischen Stammbaums in die Linguistik – als ein solches Ordnungsprinzip – geschah erst unabhängig vom Aufkommen der evolutionären Biologie. Der deutsche Philologe August Schleicher publizierte seinen ersten Sprachbaum 1853. In der Folge stand das Baumdenken aber in reziprokem Austausch: Schleichers Einfluss war besonders groß auf Haeckel, für den das natürliche System in einem Stammbaum bestand. Durch Haeckel las Schleicher Darwin, und Darwin wurde durch Haeckel auf Schleichers Idee der Evolution der Sprachen aufmerksam.¹²

Im abgebildeten Baum aus Haeckels *Natürliche Schöpfungsgeschichte* (Abb. 1.3) sehen wir seine ‚zwölf Menscharten und deren Rassen‘. Die großen Stämme der ‚Wollhaarigen‘ (oder ‚Negroiden‘) und der ‚Schlichthaarigen‘ gehen darin auf hypothetische Urmenschen zurück. In späteren Auflagen dieses Stammbaums wurden die Urmenschen (Pithecanthropi) noch auf erfundene

¹¹ Sommer, Meaning (wie Anm. 10), S. 12.

¹² Roggenbuck, Simone: Die genealogische Idee in der vergleichenden Sprachwissenschaft des 19. Jahrhunderts. In: Generation. Zur Genealogie des Konzepts – Konzepte von Genealogie. Hrsg. von Sigrid Weigel [u. a.]. Paderborn 2005. S. 289–314, hier S. 303–304; Sommer, Meaning (wie Anm. 10), S. 11.

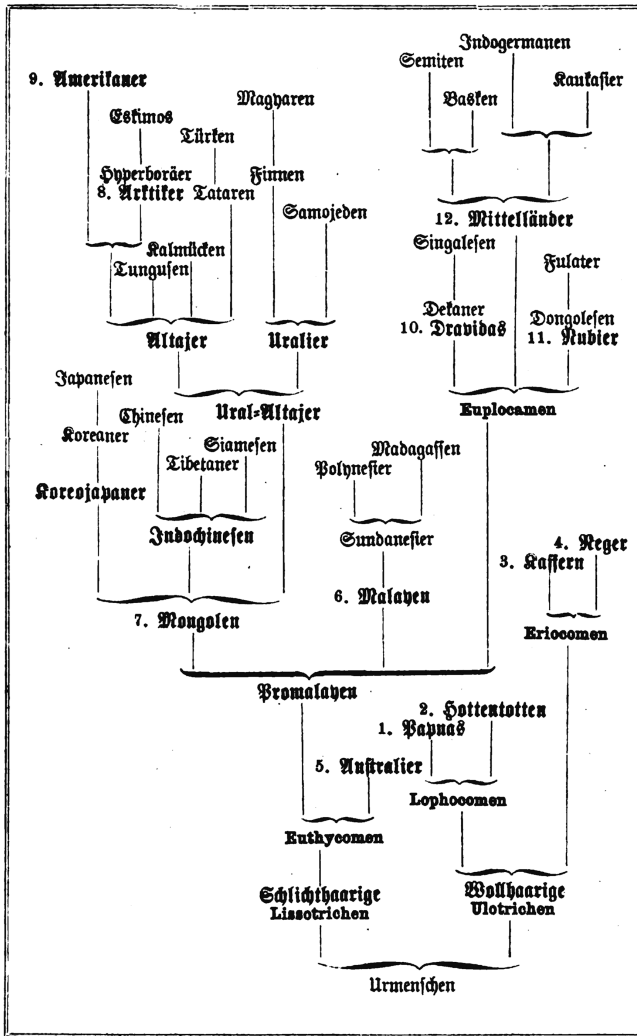


Abb. 1.3: „Stammbaum der zwölf Menschen-Arten“, 1870 [1868]. In: Ernst Haeckel, *Natürliche Schöpfungsgeschichte*, 2. Auflage, Berlin: Reimer, S. 605.

sprachlose Affenmenschen zurückgeführt (Alali).¹³ Die Veddas von Ceylon waren für Haeckel so primitiv, dass sie in diesen Diagrammen und im Text als Vorfahren der Asiaten und Europäer dienen konnten. Aus letzteren hatten sich nach Haeckel die Indogermanen oder ‚Arier‘ entwickelt, die den Stammbaum beherrschen. Solche Bäume und die Theorien, für die sie standen, waren in imperialistischen Praktiken und Ideologien verwurzelt. Für Haeckel bestand Fortschritt in Vorgeschichte und Geschichte in der Verdrängung von ‚niedereren‘ durch ‚höhere Rassen‘. Die ‚Wollhaarigen‘ waren seiner Ansicht nach nicht fähig zur Zivilisation. Die Mittelländer und insbesondere die Indogermanen waren also dazu bestimmt, mittels ihres überlegenen Verstandes die Welt zu beherrschen. Die Geschichte und Gegenwart von Imperialismus und Kolonialismus erschienen so wie die natürliche Fortsetzung einer weiter zurückreichenden Vergangenheit. Sie demonstrierten, wie ‚niedrigere‘ von ‚höheren kolonialisierenden Rassen‘ im Zeichen des Fortschritts verdrängt oder ausgerottet wurden. Dieser Prozess ließ sich für Haeckel in seiner Gegenwart am Schicksal der amerikanischen und australischen Ureinwohner, der ‚Hottentotten‘ und Papuas ablesen.¹⁴

Damit wird auch klarer, was ich meinte, wenn ich eingangs angedeutet habe, dass Stammbäume für Narrative des Ursprungs und der Migration und Differenzierung der Menschen stehen können. Tatsächlich lässt sich dies im Fall von Haeckel aufzeigen, denn er publizierte in derselben Auflage der *Natürlichen Schöpfungsgeschichte*, aus der auch der Stammbaum von Abbildung 1.3 stammt, im Anhang eine Karte, die eine Projektion dieses Stammbaums auf den Globus darstellt. Es handelt sich bei diesem Bild nach Haeckel um eine „Hypothetische Skizze des monophyletischen Ursprungs und der Verbreitung der zwölf Menschen-Species von Lemurien aus über die Erde“ (Abb. 1.4). Die Wurzel des Baums kommt auf dem fiktiven vormaligen Kontinent Lemurien zu liegen, der im westlichen Indischen Ozean vermutet wurde. Von dort aus haben sich die Menschengruppen verbreitet und dadurch differenziert, offensichtlich ohne sich vermischt zu haben. Obwohl Haeckel seinen Karten-Stammbaum monophyletisch nannte, trennt sich die Linie des Menschen gleich nach dem Ursprung, also noch auf Lemurien, in acht verschiedene Arten auf. Tatsächlich würde Haeckel aufgrund der Sprachanalogie schließlich so weit gehen zu behaupten, dass die lebenden Menschentypen aus verschiedenen *Pithecanthropi*-Vorläufern entstanden seien. Vergleichende philologische Studien, nach denen die gängigen Sprachen

¹³ Stammbaum der zwölf Menschen-Arten, aus Haeckel, Ernst: *Natürliche Schöpfungsgeschichte*. 9. Aufl. Berlin 1898 [1868]. S. 743.

¹⁴ Haeckel, *Schöpfungsgeschichte* (wie Anm. 13), S. 729–765; Sommer, *Evolutionäre Anthropologie* (wie Anm. 7), S. 40–45.

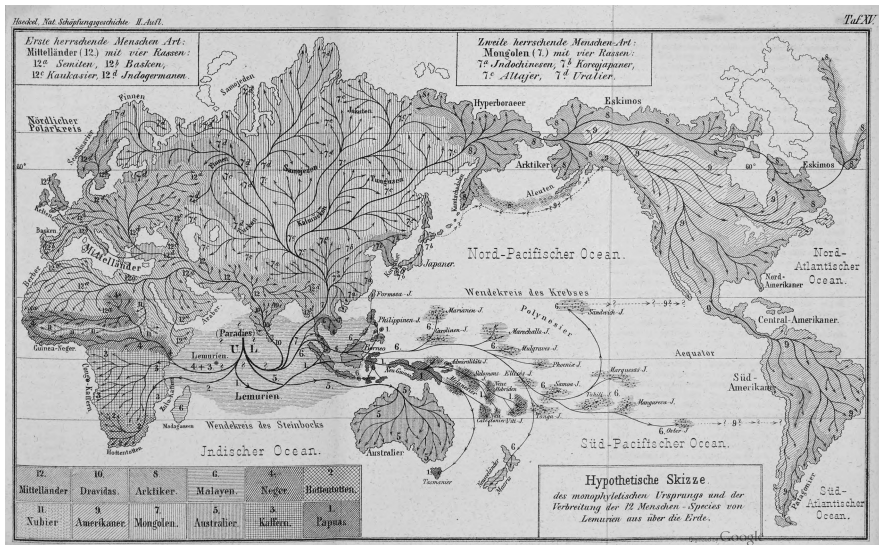


Abb. 1.4: Entwurf des monophyletischen Ursprungs und Migrationsmusters der zwölf Arten und 36 Rassen des Menschen von Lemurien über den Globus, 1870 [1868]. In: Ernst Haeckel, *Natürliche Schöpfungsgeschichte*, 2. Auflage, Berlin: Reimer, Tafel XV.

nicht auf einen gemeinsamen Ursprung zurückgeführt werden konnten, galten Haeckel als Beleg für Polygenismus.¹⁵

Während wir also geneigt sind, einen Stammbaum auch in der Anthropologie als einendes Prinzip zu verstehen, das die Verwandtschaft und den gemeinsamen Ursprung allen Lebens beziehungsweise aller Menschen betont, so zeigt sich bei genauerem Hinschauen, dass die Aufspaltung der Menschheit in sich historisch isoliert voneinander entwickelnden Einheiten, polygenistische Züge aufweisen konnte. Dabei ist das Diagramm von Abbildung 1.4 eine Art Patin des Stammbaums (Abb. 1.3), und die beiden aufeinander bezogenen Genres von Darstellungen halten sich bis heute. Wie wir noch sehen werden, haben sie insbesondere in der genetischen Anthropologie einen neuen Durchbruch erlebt, obwohl nun unter ganz anderen theoretischen Vorzeichen. Ich werde also fragen müssen, ob die Darstellungsformen, die Haeckels rassistischen und polygenistischen Vorstellungen gut entsprachen, auch noch der neuesten Anthropologie gerecht

¹⁵ Haeckel, *Schöpfungsgeschichte* (wie Anm. 13), S. 726; Sommer, *Meaning* (wie Anm. 10); die Karte, aber nicht der entsprechende Baum, wird auch erwähnt in Pietsch, Theodore W.: *Trees of Life: A Visual History of Evolution*. Baltimore 2012. S. 98–122.

werden. Bevor ich aber darauf eingehe, wende ich mich ‚Haeckels Erbe‘ in der älteren Anthropologiegeschichte zu.

Der Siegeszug des Stammbaums in der rassischen Anthropologie

Mit Haeckels Stammbäumen setzte im 20. Jahrhundert die Hochzeit dieser Diagramme ein. Abbildung 2.1 ist ein Beispiel des Präsidenten des mächtigen amerikanischen Museums für Naturgeschichte in New York, Henry Fairfield Osborn. Wie andere Bäume auch, etablierte dieser Baum eine Hierarchie der Menschentypen, hier ausgehend vom ‚Kaukasier‘ hinunter bis zum Australier. Die ‚Rassen‘ sind nicht mit Namen bezeichnet, sondern durch schematische Schädel dargestellt, die primitive und progressive Merkmale aufweisen. Auch dieser Baum minimiert also die Variation innerhalb einer Gruppe und maximiert die Distanz zwischen diesen, insbesondere indem den heutigen Varietäten lange unabhängige Entwicklungslinien gegeben wurden. Zu diesem Zeitpunkt hatte sich die Paläoanthropologie bereits voll etabliert, und es wurden für gewöhnlich auch fossile Typen miteinbezogen. Osborn pflanzte die ‚fossilen Rassen von hoher Intelligenz‘ auf Abzweiger von jenem Ast, der zur ‚kaukasischen Rasse‘ führt – oder mit Osborn gesagt, zu den ‚Kaukasiern‘, die mindestens eine eigene Art bilden. Obwohl Osborn von „Human Family“ sprach, war ihm also eher an der Verneinung von naher Verwandtschaft gelegen. Ebenfalls nicht untypisch sind die Kategoriensprünge bei den Bezeichnungen für die rezenten Menschentypen: von nationalen Gruppen („Chinese“) bis zu indigenen Bevölkerungen („Hottentot“). Bei Letzteren handelte es sich mitunter um Konstrukte kolonialer Praktiken, die dadurch genauso wie andere Labels den Anschein einer biologischen Realität erhielten.¹⁶

Bleiben wir noch kurz beim einflussreichen amerikanischen Museum für Naturgeschichte. Der Stammbaum in Abbildung 2.2 von Osborns Mitarbeiter und Mitpaläontologen William King Gregory wurde in den Museumshallen zur Paläontologie ausgestellt, die Millionen von Menschen besuchten. Er zeigt die ‚Menschenrassen‘ wie Individuen in einem Familienstammbaum – Gregory be-

16 Sommer, Marianne: Ancient Hunters and Their Modern Representatives: William Sollas's (1849–1936) Anthropology from Disappointed Bridge to Trunkless Tree and the Instrumentalisation of Racial Conflict. In: *Journal of the History of Biology* 38/2 (2005). S. 327–365; Sommer, Marianne: Population-Genetic Trees, Maps and Narratives of the Great Human Diasporas. In: *History of the Human Sciences* 28/5 (2015). S. 108–145, hier S. 109–111.

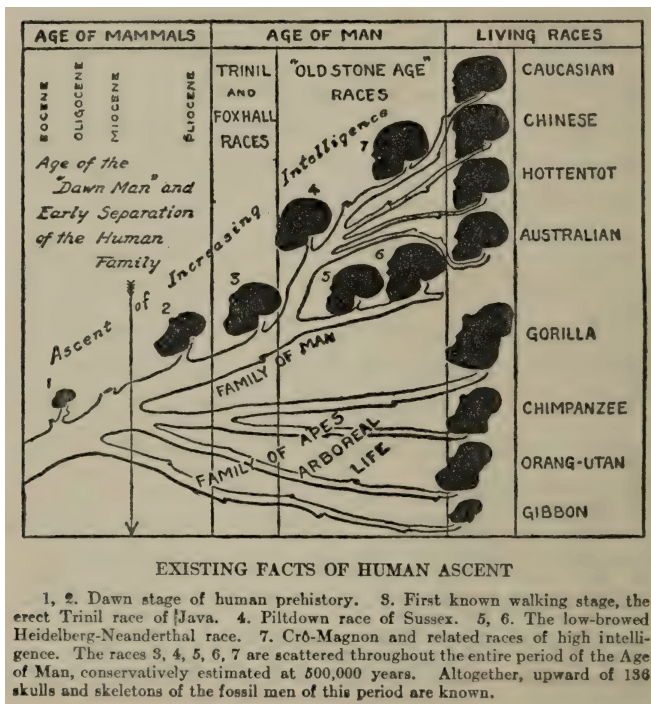


Abb. 2.1: „Existing Facts of Human Ascent“, 1926. In: Henry Fairfield Osborn, *Evolution and Religion in Education: Polemics of the Fundamentalist Controversy of 1922 to 1926*, New York: Charles Scribner's Sons, S. 206.

zeichnete seinen Baum auch als „Family Tree“ – und treibt die typologische Visualisierung damit auf die Spitze. Dementsprechend sind die ‚Weißen‘, ‚Gelben‘, ‚Roten‘ und Afrikaner auf sehr klassische Art dargestellt. Obwohl Gregory zur Zeit der Publikation des Buches, in dem der Baum abgedruckt wurde, Osborns übertriebenem Parallelismus (Orthogenese) bereits widersprach, sind in diesem Baum keine der lebenden und fossilen Arten in direkter Abstammung miteinander verbunden, und lebende Formen haben sich seit langem isoliert entwickelt. Anatomische Ähnlichkeiten zwischen lebenden Formen – insbesondere zwischen den Australiern, die einiges weiter unten auf Höhe der Cro-Magnons angebracht sind, und dem Rest der modernen Menschen – sowie zwischen lebenden und fossilen Formen – sogar zwischen den Cro-Magnons und den rezenten Menschen – müssten daher teils über parallele Evolution statt mit naher Verwandtschaft begründet werden. Eine extreme Ausprägung von Parallelismus scheint dadurch am Werk, dass sich der Hauptstamm des modernen Menschen als eigenständiger bis zur Wurzel zurückverfolgen lässt, wo die Lemuroiden und Tar-

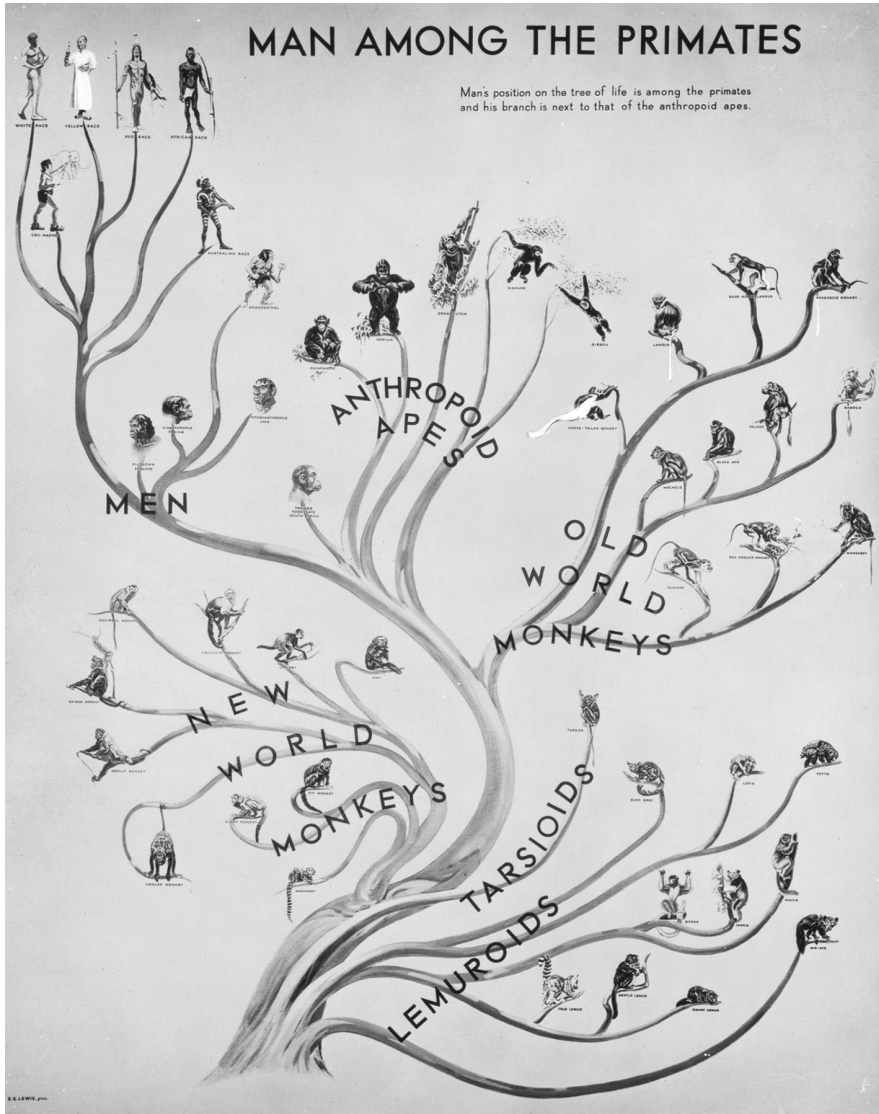


Abb. 2.2: „Family Tree of the Primates, Wall-painting in the American Museum of Natural History New York“, 1934. In: William King Gregory, *Man's Place Among the Anthropoids: Three Lectures on the Evolution of Man from the Lower Vertebrates*, Oxford: Clarendon, Abbildung 3, gegenüber S. 14.

sioiden abzweigen. Diese Tatsache war Osborn nicht entgangen und er freute sich über Gregorys Abbildung 3 (meine Abb. 2.2).¹⁷ Denn dieser weit verbreitete Parallelismus, der nun langsam in die Kritik geriet, konnte die Menschen von den Affen distanzieren und die ‚Weißen‘ von den ‚Anderen‘. Gregory war, wie sein mächtiger Vorgesetzter, aktiv in der eugenischen bevölkerungspolitischen Bewegung und glaubte an die Überlegenheit der Angelsachsen.¹⁸

Die Annahmen von Parallelismus, Artstatus der Menschengruppen und der typologische Ansatz wurden in der darwinschen oder modernen Synthese unterminiert. Dies sei in diesem Kontext anhand eines schönen Diagramms von George Gaylord Simpson (Abb. 2.3) lediglich angedeutet. Der Amerikaner, der ebenfalls am Museum für Naturgeschichte in New York arbeitete und seinerseits einer der einflussreichsten Paläontologen des 20. Jahrhunderts war, insistierte seinen Kolleg*innen gegenüber, dass es keine Archetypen gebe, sondern Arten, die aus individueller Diversität bestünden. Es war die Zeit des populationsgenetischen und statistischen Verständnisses von biologischen Arten: „A species is not a model to which individuals are referred as more or less perfect reproductions,



Abb. 2.3: Archetypisches vs. statistisches Artverständnis. In: George Gaylord Simpson, *The Role of the Individual in Evolution*, *Journal of the Washington Academy of Sciences* 1941 31(1): 1–20, S. 11. Aus Gründen des Copyrights kann diese Abbildung in der Open-Access-Version nicht gezeigt werden.

¹⁷ Sommer, Marianne: *History Within: The Science, Culture, and Politics of Bones, Organisms, and Molecules*. Chicago 2017. S. 125.

¹⁸ Sommer, Marianne: *Bones and Ochre: The Curious Afterlife of the Red Lady of Paviland*. Cambridge 2008. S. 121–218, 283–285 und Appendix B; ausführlich zu Osborn [und Gregory] auch im Zusammenhang der Entwicklungen in phylogenetischen Diagrammen, siehe Sommer, *History Within* (wie Anm. 17), S. 18–134; Areson Clark, Constance: *God – or Gorilla: Images of Evolution in the Age of Jazz*. Baltimore 2008. S. 132–161.

Dies bedeutete aber keineswegs das Aus des Stammbaums oder des Parallelismus. Das sogenannte britische Orakel der Anthropologie, Arthur Keith, der die Hominidenevolution früh als Baum theoretisierte und darstellte und insbesondere um eine lange und edle Abstammung der Briten besorgt war, bestückte die unabhängigen Äste, die zu den rezenten ‚Rassen‘ führten, noch 1948 mit unterschiedlichen (postulierten) fossilen Gattungen, ohne dabei Genaustausch anzunehmen. Diese unabhängigen, hoch differenzierten Ahnenlinien der ‚Rassen‘ hatten lokale Varietäten von am Boden lebenden Anthropoiden und *Dartians* (Australopithecinen) zum Ursprung, aus welchen sie sich parallel zueinander entwickelten. Dieses Szenario hatte also mehr gemeinsam mit Haeckels und Osborns als mit Weidenreichs. Denn Weidenreich war zwar von verschiedenen lokalen Linien ausgegangen, die aber über Genaustausch eine einzige Spezies bildeten, also war sein Modell im Endeffekt unilinear. Haeckels, Osborns und Keiths Vorstellungen waren demgegenüber multilinear und eher polygenistisch, weit entfernt von Weidenreichs weitreichender ‚eine-Art-Hypothese‘.²¹

Ich schließe diesen Teil mit einem sehr idiosynkratischen Diagramm (Abb. 2.5). Bei diesem Blütengeflecht handelt es sich um das Schema der menschlichen Phylogenese des amerikanischen Genetikers Reginald Ruggles Gates aus dem Jahr 1948. Direkt aus dem fossilen Affen *Meganthropus* sprießen hier verschiedene Stängel in Richtung der Arten *Homo australicus*, *Homo africanus* und *Homo mongoloideus*. Aber der ‚kaukasische Stamm‘ ist noch stärker separiert vom Rest der Hominiden und thront über diesen. Ohne jegliche Verbindungen zu den anderen Menschenstämmen wachsen der *Homo sapiens* (Cro-Magnons) und schließlich *Homo caucasicus* aus *Eoanthropus* (Piltdown) empor, einem Missing Link mit großem Gehirn aus Großbritannien, das später als Fälschung entlarvt wurde. Aber nur der aus dieser Linie stammende ‚nordische Mensch‘ ist der wahre *Homo sapiens*, denn man gewinnt klar den Eindruck, dass der ‚Alpine‘ schon wieder einen Abstieg markiert. Man achte auch auf das Detail, dass allein dieses Gewächs einer Vase entspringt (links unten im Bild, bezeichnet mit *Eoanthropus*), als wäre von Anbeginn klar gewesen, dass es sich dabei um die kultivierte Pflanze handelt. Obwohl das Bild auf den ersten Blick Rhizom-artig scheint, zerlegte Ruggles Gates den Baum also vielmehr, um als ‚Nordischer‘ alle Verwandtschaft mit den ‚Anderen‘ von sich zu weisen. Er postulierte verschiedene Ursprungsorte, -gattungen und -zeiten sowie eine unabhängige Entwicklung der ‚Menschenarten‘. Er versuchte, die Genetik mit seinem Bild in Einklang zu bringen, indem er angeborene Trends annahm,

²¹ Zu Keith, siehe Sommer, Bones and Ochre (wie Anm. 18), S. 197–212; zur synthetischen Kritik des Stammbaums des Menschen und dessen Weiterleben, siehe Sommer, Population-Genetic Trees (wie Anm. 16), S. 109–115.

die die unterschiedlichen Entwicklungen gesteuert hätten. Diese orthogenetische Evolution à la Osborn erklärte er mit Parallelmutationen. Ruggles Gates und sein Buch wurden zur Zielscheibe von Synthetikern wie dem amerikanischen Genetiker Theodosius Dobshansky. Denn es war gerade die neue Genetik, die den Weg in eine andere Richtung wies.²²

Die Stammbäume wachsen auch in der genetischen Anthropologie weiter

Knapp 20 Jahre nach der Publikation von Ruggles Gates Schema der menschlichen Phylogenese erlaubten es mathematische Modelle, Computertechnologien und genetische Datensätze, Stammbäume der Familie des Menschen auf neue Weise zu produzieren. Der italienische Genetiker Luigi Luca Cavalli-Sforza ar-



Abb. 2.5: „Scheme of Human Phylogeny“, 1948. HUMAN ANCESTRY FROM A GENETICAL POINT OF VIEW by Reginald Ruggles Gates, Cambridge, Mass.: Harvard University Press, Copyright © 1948 by the President and Fellows of Harvard College. Aus Gründen des Copyrights kann diese Abbildung in der Open-Access-Version nicht gezeigt werden.

²² Zur Geschichte des Stammbaums in der physischen Anthropologie, siehe Sommer, Evolutionäre Anthropologie (wie Anm. 7), S. 111–134; Bowler, Peter J.: Theories of Human Evolution: A Century of Debate, 1844–1944. Baltimore 1986. S. 61–146.

beitete mit dem britischen Statistiker und Genetiker Anthony W. F. Edwards zusammen, um, wie sie angaben, den ersten Stammbaum menschlicher Populationen zu generieren. Sie analysierten 20 Allele aus dem Zusammenhang der fünf hauptsächlichsten Blutgruppensysteme von 15 menschlichen Populationen (drei pro Kontinent). Die Untersuchung der Häufigkeiten von Blutgruppenpolymorphismen in menschlichen Populationen ergab aufgrund der Parsimonie-Methode einen evolutionären Stammbaum mit einem wilden Mix an Populationsbezeichnungen.²³ Diesem Stammbaum lagen andere Annahmen zugrunde als den in den vorhergehenden Abschnitten besprochenen, die meist Speziesstatus der Menschengruppen, parallele Evolution und ein typologisches Denken ausdrückten. Die genetische Variabilität stand nun im Vordergrund und die Annahme von ‚reinen Rassen‘ und ‚Rassen‘ überhaupt wurde zurückgewiesen. Dennoch unterteilte das Baumdiagramm die menschliche Variation in klar voneinander getrennte Gruppen und legte nahe, dass dieses merkwürdige Bündel an Populationen, das von *English* (Sprache oder Nation?) bis *Eskimo (Victoria I)* reichte, einst aus einem gemeinsamen Ursprung hervorging, sich seither jedoch nie mehr durchmischte.

Daraus wird bereits ersichtlich, dass auch der erste genetische Baum eine Karte war, eine diagrammatische Darstellung eines Narrativs von Ursprung und Differenzierung durch Verbreitung. Es erstaunt daher kaum, dass die Autoren, noch bevor sie den oben erwähnten genetischen Stammbaum publizierten, diesen auf eine Weltkarte projizierten.²⁴ Tatsächlich nahmen Cavalli-Sforza und Edwards in ihrem Modell Entwicklung in Isolation und eine konstante Verbreitungs- und Teilungsrate der Populationen an. Mutterpopulationen würden sich jeweils in (mit ihnen) genetisch identische Tochterpopulationen spalten. Die geographische Distanz wurde dabei der genetischen Distanz proportional gesetzt, wobei letztere zufälliger genetischer Drift zugeschrieben wurde. Diese genetische Distanz verwies auf die Zeit, die seit der Trennung von zwei Ästen vergangen war. Evolution wurde damit als „a branching random walk“²⁵ mit einer konstanten Wahr-

23 Cavalli-Sforza, Luigi Luca u. Anthony W. F. Edwards: Analysis of Human Evolution. In: Genetics Today. Proceedings of the XI. International Congress of Genetics, The Hague, The Netherlands, September 1963. Vol. 3. Hrsg. von Sipke J. Geerts. Oxford [u. a.] 1965. S. 923–952, hier S. 929.

24 Edwards, Anthony W. F. u. Luigi Luca Cavalli-Sforza: Reconstruction of Evolutionary Trees. In: Phenetic and Phylogenetic Classification: a Symposium [held in the Hartley Laboratories of the University of Liverpool on the 8th and 9th April 1964]. Hrsg. von Vernon Hilton Heywood [u. a.]. London 1964. S. 67–76, hier S. 75.

25 Cavalli-Sforza, Luigi Luca u. Anthony W. F. Edwards: Phylogenetic Analysis. Models and Estimation Procedures. In: American Journal of Human Genetics 19/3 (1967). S. 233–257, hier S. 256.

scheinlichkeit der Gabelung und einer konstanten Migrations- und Evolutionsrate gefasst. Während also die Erzählungen der Geschichte des modernen Menschen, wie sie in Stammbäumen abstrahiert sein können, oft wie ein Heldenepos der ‚Eroberung der Welt‘ daherkommen, konzipierten die Genetiker den Prozess als eine brownische Bewegung.

Cavalli-Sforza und Edwards setzten die Hauptgabelung in ihrem ersten Stammbaum der Populationen so, dass sie die Europäer und Afrikaner auf der einen von den Asiaten auf der anderen Seite trennte. Durch die Art und Weise, wie dieser unveröffentlichte Baum auf die Weltkarte projiziert wurde, kam der Ursprung in der Gegend des heutigen Irans zu liegen, was eher an die Annahme eines ‚asiatischen‘ Ursprungs eines Haeckel oder Osborn erinnert. Noch war also die nächste große Synthese nicht erreicht, die die Paläoanthropologie, die prähistorische Archäologie und die neue genetische Anthropologie zu guten Teilen im *out-of-Africa* Paradigma (auch *African Eve* oder *mitochondrial Eve* genannt) zusammenbringen sollte.²⁶ Es war erst in der Forschung mit DNA-Sequenzen, dass sich in den 1980er Jahren im ersten Stammbaum, der auf der Grundlage von Sequenzunterschieden in mitochondrialer DNA gemacht wurde, die ‚kaukasischen Proben‘ näher mit den ‚orientalischen‘ und ‚amerindischen‘ gruppierten als mit den ‚Bantu‘ und ‚Buschmännern‘ und die Wurzel des Stammbaums damit nach Afrika verschoben wurde.²⁷

Cavalli-Sforza blieb eine führende Figur in der Geschichte der Humanpopulationsgenetik und er war wesentlich dafür mitverantwortlich, dass sich diese Formen der Illustration sowohl innerhalb wie über die Wissenschaft hinaus verbreiteten. Das von ihm maßgeblich mitverfasste Buch *The History and Geography of Human Genes* (1994) wurde zu einem Standardwerk des Forschungszweigs und Cavalli-Sforza adressierte auch bebilderte Publikationen an ein breiteres Publikum.²⁸ Neben anderen und in stets verfeinerter Form sind diese beiden Darstellungsweisen – der isolierte Stammbaum und der Stammbaum als Migrationsmuster auf der Landkarte – bis heute beliebte Visualisierungsmethoden der genetischen Anthropologie – nun eben mit Ursprung und Wurzel in Afrika.²⁹ Abbildung 3.1 zeigt eine von vielen Adaptionen einer solchen Karte aus *The History and Geography of Human Genes*. Wohl um die Problematik der Repro-

²⁶ Sommer, Marianne: History in the Gene: Negotiations Between Molecular and Organismal Anthropology. In: Journal of the History of Biology 41/3 (2008). S. 473–528.

²⁷ Johnson, M. Jacqueline [u. a.]: Radiation of Human Mitochondria DNA Types Analyzed by Restriction Endonuclease Cleavage Patterns. In: Journal of Molecular Evolution 19/3–4 (1983). S. 255–271, hier S. 267.

²⁸ Cavalli-Sforza, Luigi Luca [u. a.]: The History and Geography of Human Genes. Princeton 1994.

²⁹ Sommer, History Within (wie Anm. 17), S. 257–284, siehe auch S. 302–354.

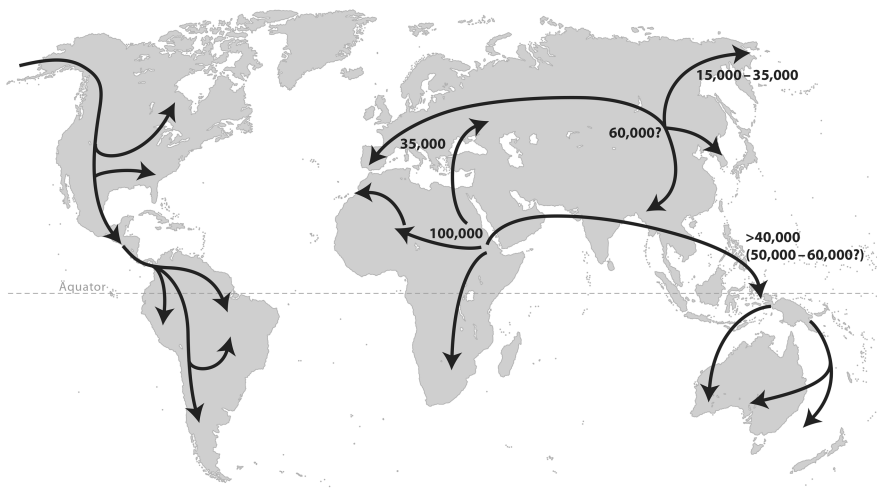


Abb. 3.1: „Reconstruction of Human Migratory Paths After Cavalli-Sforza, et al., History and Geography of Human Genes, p. 156“, Zeichnung: Peter Palm, Berlin, nach Wikimedia Commons, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Cavalli-Sforza_Human_Migration_Paths.jpg (06.01.21), Patrick Edwin Moran, CC BY SA 3.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/deed.en>.

duktionsrechte zu umgehen (oder aus Liebe zur Mercator-Projektion), halbierte dieser Illustrator eine Weltkarte aus dem Buch und positionierte die Amerikas links, so dass der Migrationsstrom (über die Beringstraße) quasi unterbrochen wird.

Seit dem Aufkommen der Gesamtgenomanalysen und der Einführung des Programms STRUCTURE sind Populationsgenetiker*innen vermehrt dazu übergegangen, genetische Durchmischung, sogenannte *admixture*, zu untersuchen und zu visualisieren. Mit STRUCTURE und anderen Programmen wie FRAPPE und ADMIXTURE lassen sich individuelle DNA-Proben einer vorgegebenen Anzahl von Gruppen (K) zuteilen und als farbige Balken visualisieren. Für diesen Vorgang der Sortierung braucht das Programm keine Informationen über die Herkunftspopulation der individuellen Samples. Diese Information wird erst später dazu genommen. Die einzelnen DNA-Stränge und damit die vom Programm gebildeten Gruppen erscheinen meist nicht einfarbig, sondern enthalten verschiedene Farbabschnitte, was sie als gemischt, als aus verschiedenen geographischen Regionen stammend, ausweist. Denn bestimmte DNA-Abschnitte gelten für unterschiedliche ‚Ursprungspopulationen‘ und Weltregionen als typisch. Je grösser dabei K ist, desto mosaikartiger wird das Bild. Ich habe online einen Blog ge-

funden, auf dem beginnend mit K gleich 1 bis zu K gleich 15 gearbeitet wurde (Abb. 3.2).

In Abbildung 3.2 sind die (in diesem Fall 15) vom Programm erstellten größeren Gruppen nicht wie sonst für solche Visualisierungen üblich eingezeichnet, sondern nur die untersuchten 139 kleineren, denen die 2,230 Individuen angehören, deren DNA-Stränge analysiert wurden. Dennoch werden so etwas wie reine Ursprungspopulationen angenommen, aus denen die heutigen Populationen und Individuen nun ein Gemisch bilden. Dies zeigt sich, wenn die Daten dazu verwendet werden, um für die 15 von ADMIXTURE eruierten „ursprünglichen Komponenten oder Populationen“³⁰ einen Stammbaum zu generieren. In diesem Prozess verschwindet nämlich die Durchmischung wieder und wir erhalten ein Diagramm, das aus scheinbar genetisch reinen Gruppen eine Ordnung von den „Sub-Sahara Afrikanern“ bis zu den „Sibiriern“ herstellt. Statt ein menschliches Mosaik sehen wir also in Abbildung 3.3 wieder die Diaspora, in deren Prozess sich Populationen (in diesem Fall die 15) scheinbar differenzierten, ohne zu konvergieren – in der längst typischen Form mit einer ersten Gabelung, die Afrika vom Rest trennt und damit dem Kontinent und dessen Menschen nicht nur Ursprünglichkeit zuschreibt, sondern sie auch zum ersten „Anderen“ macht. Immer noch minimiert der Stammbaum (optisch) die Variabilität innerhalb von Populationen und maximiert die Distanz zwischen solchen. Sein Erbe in einer rassistischen und rassistischen Anthropologie besteht im Anschein diskreter und hermetisch voneinander getrennter Einheiten. Während der Stammbaum kulturell für nahe Grade der Verwandtschaft steht, kann er in Übertragung auf Menschengruppen das Gegenteil bewirken: Verwandtschaft kleinzeichnen.³¹

Auf den ersten Blick wirkt es, als ob meine Abbildung 3.4, die zu den ebenfalls beliebten, gemischten Visualisierungsformen gehört, diesen Vorgang gleich auf einen Blick deutlich machen würde: Sie verbindet unter „b“ das Tortendiagramm, das, wenn auch unter Annahme einst reiner Ursprungspopulationen, Durchmischung der Gruppen anzeigt, mit einem auf den Kopf gestellten Stammbaum, bei dem die Farben und Linien wieder isoliert und rein wirken. Allerdings werden zwei unterschiedliche Dinge gezeigt. Unter „b“ sehen wir die Haplogruppenzusammensetzung „realer“, wenn auch auf eine bestimmte Anzahl genetische Samples reduzierter, Menschengruppen aus Europa und dem Nahen Osten, also zum Beispiel der „Saamen“, der „Basken“, der „Griechen“ und der „Türken“. Der Stammbaum zeigt aber die Haplogruppen selbst, also sozusagen die Genealogie

30 „[A]ncestral components“ oder „ancestral populations“, vgl. Pontikos, Dienes: Human Genetic Variation: The First? Components. <http://dienes.blogspot.com/2010/12/human-genetic-variation-first.html> (7.12.20).

31 Sommer, *History Within* (wie Anm. 17), spezifisch dazu S. 380 – 384.

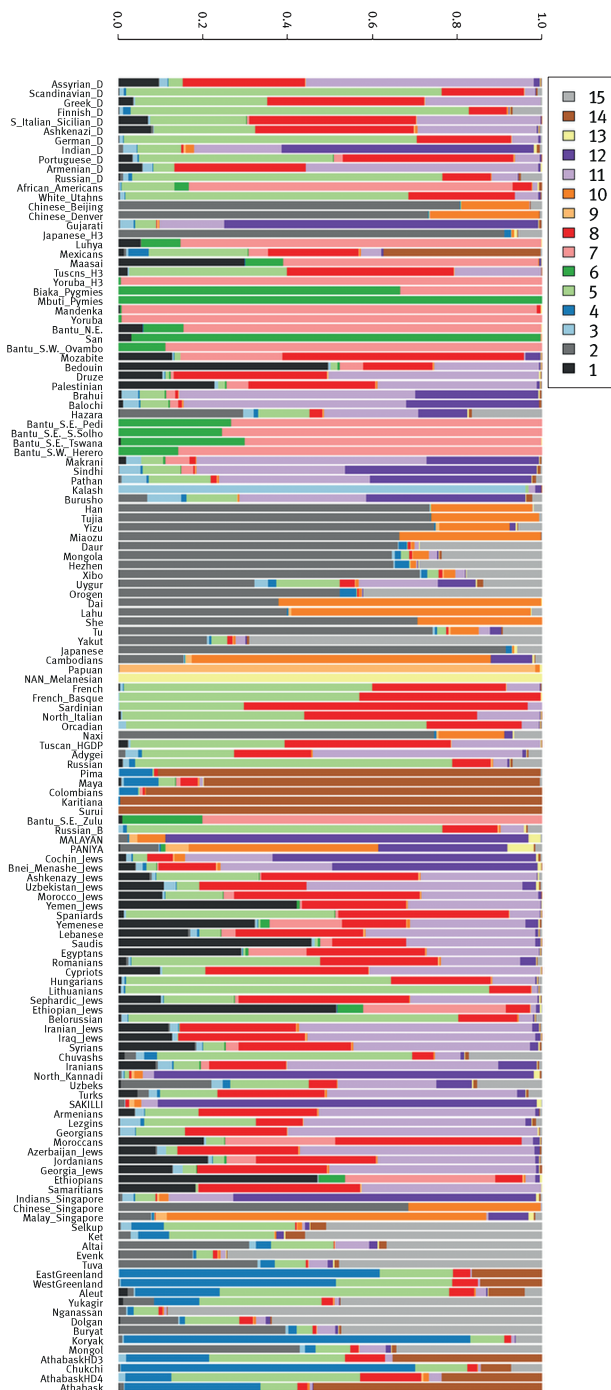


Abb. 3.2: Balkendiagramm mit $K=15$ von Dieneke Pontikos, <http://dieneke.blogspot.com/2010/12/human-genetic-variation-first.html> (01.12.20).

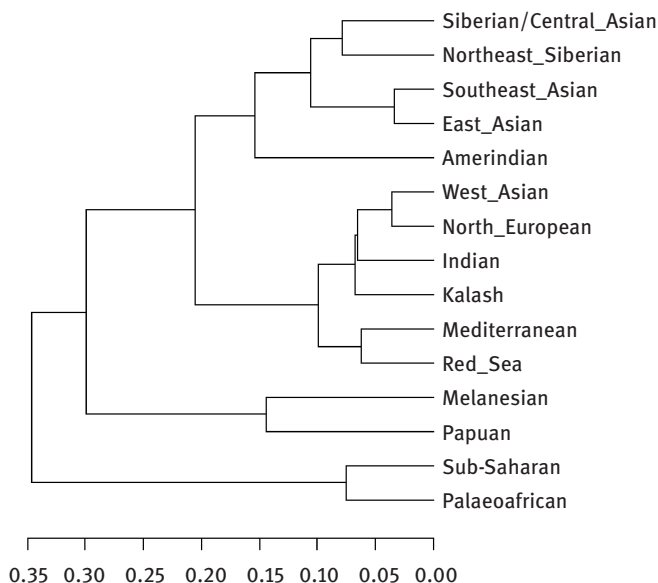


Abb. 3.3: Dendrogramm aus hierarchischem Clustering der 15 Komponenten von Dienes Pontikos, <http://dienes.blogspot.com/2010/12/human-genetic-variation-first.html> (01.12.20).

eines DNA-Moleküls, in diesem Fall einer bestimmten Region des Y-Chromosoms. Die Buchstaben ‚M‘, ‚L‘ oder ‚S‘, mit einer Zahl bei den Ästen, benennen wichtige Mutationsschritte in der Ausdifferenzierung dieser Sequenz. Gleichzeitig sagt der Buchstabe, welches Labor den genetischen Marker entdeckt hat, und ‚M‘ steht dabei für das Stanford Lab, dem Cavalli-Sforza lange vorstand. Das Kürzel für die Haplogruppe – eines Asts des Y-Chromosomen-Stammbaums – ist im Balken zuunterst angegeben. Und dennoch: Phylogenien von DNA-Sequenzen wurden mitunter mit jenen menschlicher Populationen gleichgesetzt, und Haplogruppen galten auch als die Äste des menschlichen Stammbaums.

Während im Baum meiner Abbildung 3.4 die Astlängen den molekularen Differenzen und damit der ermittelten Zeit seit der Trennung von Haplotypen proportional gesetzt sind, kann genetische Differenz auch farblich ausgedrückt werden. In meiner Abbildung 3.5, die nach einem Bild von Cavalli-Sforza komponiert ist, wurden die Zahlen für die genetischen Differenzen zwischen Populationen möglichst maßstabgetreu auf das Farbspektrum des Regenbogens übertragen. Das scheint zumindest eine kontinuierliche Auseinanderentwicklung unter Aufrechterhaltung von Gemeinsamkeit zu betonen. Die Unterschiede sind graduell. Am interessantesten sind aber vielleicht die Querverbindungen zwi-

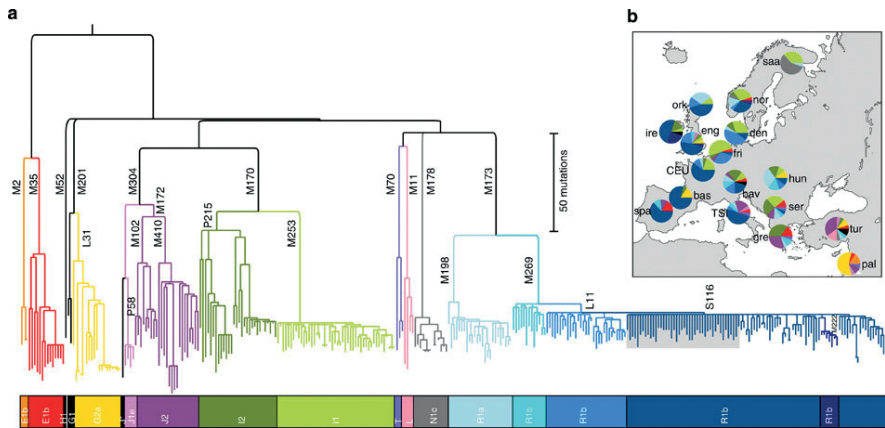


Abb. 3.4: „Phylogeny and Geographical Distribution of European MSY Lineages“. In: Chiara Batini et al. Large-scale recent expansion of European patrilineages shown by population resequencing, *Nature Communications* 6, 7152 (2015), doi:10.1038/ncomms8152, S. 3, https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Phylogeny_and_geographical_distribution_of_European_MS_Y_lineages.jpg, Wikimedia.Commons (06.01.21), CC BY 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

schen einigen Ästen, die möglicherweise auf Genaustausch zwischen Populationen hinweisen. Cavalli-Sforzas Bild aus *Genes, Peoples, and Languages*³², das hier verarbeitet wurde, ist demgegenüber eine Gegenüberstellung des genetischen Populationsbaums mit dem Baum der Sprachen – eine Analogiebildung, die für Cavalli-Sforzas Arbeit, wie bereits für Haeckels, wichtig war. Cavalli-Sforzas Populationsbaum zeigt weder Farben noch Querverbindungen. Damit belegt die Arbeit an diesem Bild und deren Resultat in Abbildung 3.5 den Versuch, den lange vorhandenen Einsichten der genetischen Anthropologie in die Durchmischung von Populationen gerechter zu werden. Allerdings erscheint Durchmischung auch in Abbildung 3.5 als relativ rezent und eher gering. Das ‚einfache‘ Baum-Bild ist damit kaum dekonstruiert.

Mit solch dürtigen Querverbindungen geben sich jedenfalls die Kritiker*innen von *admixture*-Modellen, die sogenannten Multiregionalisten*innen, nicht zufrieden. Sie akzeptieren das Bild der menschlichen Evolution nicht, wonach sich Populationen in relativer Isolation entwickelt (und erst im Anschluss durchmischt) haben. Damit ist für sie der Stammbaum keine adäquate Darstellung der menschlichen Evolution zu irgendeinem Zeitpunkt. Vielmehr gehen sie

³² Cavalli-Sforza, Luigi Luca: *Genes, Peoples, and Languages*. Harmondsworth 2000. S. 144.

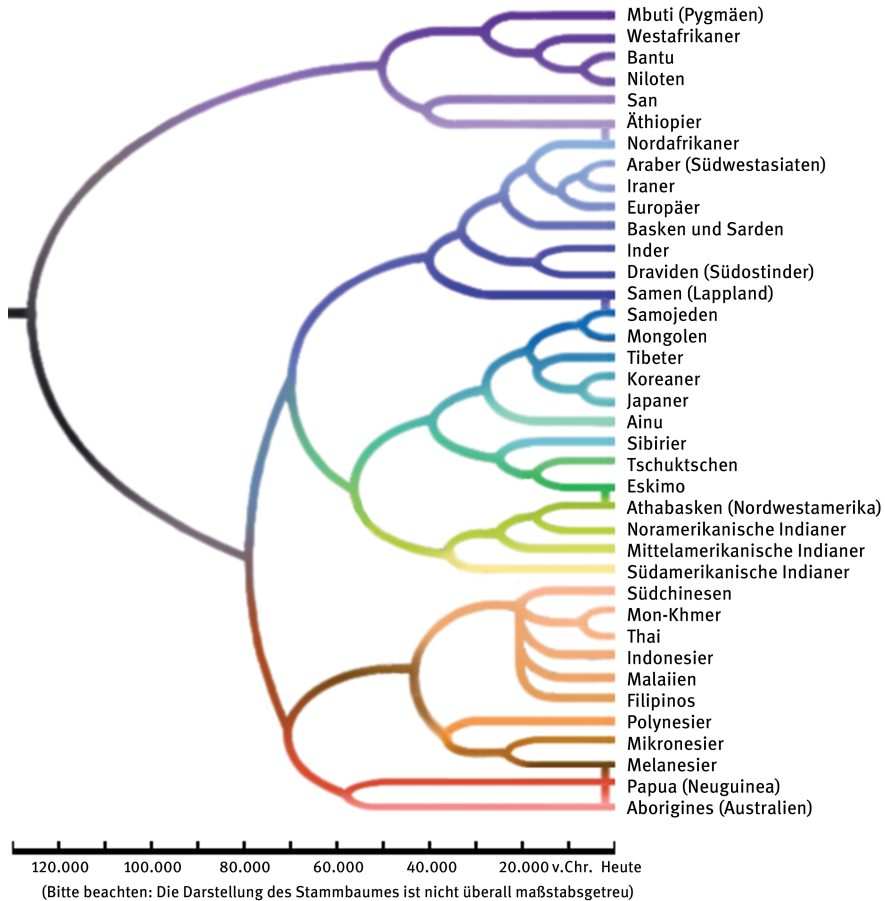


Abb. 3.5: „Stammbaum der menschlichen Populationen (nach Cavalli-Sforza 2000)“. https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Menschlicher_Populationsstammbaum.png, Wikimedia.Commons (06.01.21), Fährtenleser, CC BY-SA 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>, nicht bearbeitet.

davon aus, dass die genetischen Daten mit einem Modell kompatibel sind, das signifikante Migrations- und Verbreitungsmomente mit regionalen Abstammungslinien und Genfluss zwischen Regionen (der durch Isolation durch Distanz eingeschränkt ist) verbindet. Ihre Vorstellungen erinnern damit an Weidenreichs Konzeption eines Netzwerks aus den 1940er Jahren, respektive scheinen sie eine Art Kompromiss zwischen diesem und den ‚einfachen‘ Stammbäumen zu bevorzugen, wobei anhaltender Genaustausch betont wird. So finden wir in meiner letzten Abbildung 3.6, die vom amerikanischen Genetiker und Statistiker Alan

Templeton stammt, mehrere Wanderungen aus Afrika visualisiert (durch Pfeile markiert), die erste von *Homo erectus*. Daneben bildet das Diagramm aber sowohl regionale Abstammungslinien (vertikale Linien) als auch Genaustausch (diagonale Linien) zwischen diesen ab, wenn auch nicht mehr (wie in einer früheren Version desselben Bilds) bereits seit der Existenz von *Homo erectus*.³³

Manchen wäre vielleicht sogar Templetons Bild noch zu baumartig. Denn einige Genetiker*innen halten fest, dass verschiedene Regionen des Genoms ihre eigene Geschichte haben und dass sich damit Genealogien heute lebender Menschen, die auf unterschiedlichen Chromosomen beruhen, nicht decken, oder der Einbezug möglichst vieler und unterschiedlicher genetischer Daten keinen kohärenten Baum ergibt: „we should eliminate trees as a valid way of representing reticulating individuals within a population“³⁴. *Ancestry* oder Abstammung meint aus dieser Perspektive die gemeinsame Herkunft von Genomabschnitten in unterschiedlichen Individuen, sagt aber nichts darüber aus, ob die Menschen sich sinnvoll in Gruppen einteilen lassen, die in einer hierarchischen Beziehung zu einander stehen.³⁵

Schlusswort

Dennoch hält sich selbst der ‚einfache‘ Stammbaum in der Wissenschaft und erfreut sich größter Beliebtheit in der Öffentlichkeit. Nicht unwesentlich für letzteres dürften wohl das von Cavalli-Sforza mitinitiierte Megaprojekt zur populationsgenetischen Erforschung der Evolution und Verwandtschaft der modernen Menschen, das *Human Genome Diversity Project*, und dessen Nachfolger, das *Genographic Project*, gewesen sein, die enorme Publizität erreichten. Es war auch im Zusammenhang dieser Projekte, dass die Kontinuitäten in der Sammelpraktik von den Knochen der physischen Anthropologie zum Blut der genetischen Anthropologie zum breiten Politikum wurden. Die Knochensammlungen der An-

33 Templeton, Alan R.: Haplotype Tress and Modern Human Origins. In: American Journal of Physical Anthropology, Supplement: Yearbook of Physical Anthropology 128/S41 (2005). doi.org/10.1002/ajpa.20351. S. 33–59, hier Abb. 9 auf S. 50; spezifisch dazu Sommer, Population-Genetic Trees (wie Anm. 16), S. 135, 137.

34 DeSalle, Rob [u. a.]: To Tree or Not to Tree *Homo sapiens*. In: Rethinking Human Evolution. Hrsg. von Jeffrey H. Schwartz. Cambridge 2018. S. 93–108, hier S. 104.

35 Zur Geschichte des Stammbaums in der genetischen Anthropologie allgemein, siehe Sommer, History in the Gene (wie Anm. 26), Sommer, Population-Genetic Trees (wie Anm. 16), Sommer, Evolutionäre Anthropologie (wie Anm. 7), S. 148–169, und Sommer, History Within (wie Anm. 17), S. 257–284, S. 302–354.

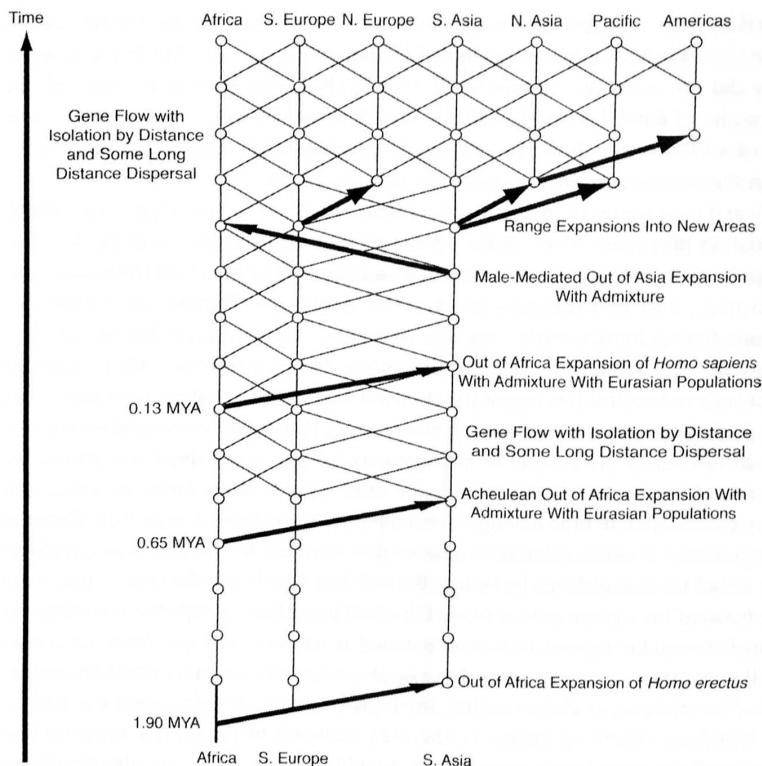


Figure 6.3

Inferences about recent human evolution based upon hypothesis testing with no prior model of human evolution using MLNCPA. The earliest event detected is an expansion out of Africa into Eurasia dated at 1.9 mya (million years ago), as shown by the thick arrow near the bottom, followed by two subsequent expansions of humans out of Africa. The thick arrows showing these subsequent expansions are overlaid upon the Eurasian human lineages to indicate significant admixture. After the mid-Pleistocene expansion, humans displayed significant gene flow among geographic populations, as indicated by the thin diagonal lines. There were additional expansions of human populations during the last 50,000 years followed by the establishment of gene flow among populations.

Abb. 3.6: „Inference About Recent Human Evolution“, 2018. In: Alan R. Templeton, Hypothesis Compatibility Versus Hypothesis Testing of Methods of Human Evolution, Schwartz, Jeffrey H., ed., Rethinking Human Evolution, Figure 6.3, p. 120, © 2018 Jeffrey H. Schwartz, by permission of The MIT Press.

thropolog*innen beruhten seit dem späteren 18. Jahrhundert auf ungleichen Machtverhältnissen, sei dies innerhalb westlicher Gesellschaften, in denen arme und ausgegrenzte Menschen ungefragt zu Lieferant*innen wurden, oder zwischen kolonialisierenden und kolonisierten Gesellschaften, in deren Zusammentreffen im Namen der Wissenschaften Körperteile und später Blut auf unethische Weise gewonnen wurden. Bis zum ausgehenden 20. und 21. Jahrhundert hatten

sich diese Machtverhältnisse verändert und die genetischen Großprojekte wurden nun von betroffenen Gruppen als Biokolonialismus zurückgewiesen.³⁶ Den Stammbäumen der Familie des Menschen aus der physischen und genetischen Anthropologie lagen schlussendlich solche Samples zugrunde und mit ihnen wurden die aus den unrechtmäßigen Sammelpraktiken überlieferten Populationsbezeichnungen aufrechterhalten.

Für die westlichen Gesellschaften wurde die Sammelpraxis ganz anders konzipiert. Das *Genographic Project* wies dafür einen kommerziellen Teil auf, in dem Individuen gegen Bezahlung ihre DNA in Abstammungstests untersuchen lassen konnten. Dieses Geschäft mit der ‚westlichen DNA‘ war eher Teil der genealogischen denn der anthropologischen Tradition, oder vielmehr verzahnten sich darin die beiden Wissensstränge, womit ich wieder auf die Genealogie im engeren Sinn der familiären Verwandtschaft zurückkomme. Diese Verzahnung kann abschließend am Beispiel des in Abschnitt 3 diskutierten Blogs angesprochen werden. *Nature* schreibt über diesen Blogger:

The blogger, who writes under the pseudonym Dienes Pontikos at <http://dodecad.blogspot.com>, had commandeered Pickrell's DNA as part of the Dodecad Ancestry Project, an ambitious project in which cutting-edge genomic analysis meets Web 2.0. Pontikos analyses genetic data submitted by followers of his blog to reconstruct personal ancestry and human population history – and reports his findings online. He is part of a small but growing group of ‚genome bloggers‘, a mix of professional scientists and hobbyists proving that widely available tools for computational biology could enable recreational bioinformaticians to make new discoveries.³⁷

‚Pontikos‘ hat an die zweihunderttausend SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) von über 2'2000 Individuen untersucht. Die Technologien und Software dafür sind Open Source. Die Daten holt er sich nicht nur von öffentlich zugänglichen Datenbanken wie dem *Human Genome Diversity Panel* am CEPH, das aus dem *Human Genome Diversity Project* hervorging, sondern er erhält auch die Informationen von Laien, die ihre DNA von Unternehmen wie *23andMe* kommerziell haben untersuchen lassen. In den Netzwerken, an denen Akteur*innen wie Pontikos teilhaben, treffen akademische Forschungsleistungen und Analysen von profit-orientierten Unternehmern aufeinander, aber auch die in Archiven tätige Familienforschung und genetische Anthropologie, denn durch *ancestry-tracing* Firmen

36 Siehe z. B. Marks, Jonathan: *Your Body, My Property: The Problem of Colonial Genetics in a Postcolonial World*. In: *Embedding Ethics*. Hrsg. von Lynn Meskell u. Peter Pels. Oxford 2005. S. 29–45.

37 Callaway, Ewen: *The Rise of the Genome Bloggers: Hobbyists Add Depth to Ancestry Trawls*. <https://www.nature.com/news/2010/101215/full/468880a.html> (01.12.20).

kann man sich sowohl über seine tiefere genetische Geschichte informieren, als auch seinen Familienstammbaum genetisch bearbeiten. Hochspezialisierte Wissenschaftler*innen, Unternehmensvertreter*innen, *citizen scientists* und Aficionados interagieren so in neuen Konstellationen rund um Fragen und Visualisierungen der Familie und der Familie des Menschen.³⁸

³⁸ Siehe zum Beispiel Sommer, *Evolutionäre Anthropologie* (wie Anm. 7), 170–187; Sommer, *History Within* (wie Anm. 17), S. 302–354.

