

## 2.2. De evolutie en verspreiding van de Moderne Mens volgens DNA. De voortdurend vermengende mensheid

Paul A.M. van Dongen © 2021

*Alle mensen zijn een product van vermenging van allerlei volken.*

### Samenvatting

Hier toon ik in grote lijnen hoe mensen de aarde bevolkt hebben. Wij mensen kunnen denken in termen van volken, talen, gebieden en culturen, maar helaas, het is niet mogelijk daarvan een exacte, toetsbare stamboom te construeren. Wel kan ik een exacte stamboom maken van allelen en haplogroepen van het mitochondriaal DNA (mtDNA), en van het niet-recombinerend deel van het Y-chromosoom (NRY-DNA). Als men echter de NRY-DNA- en de mtDNA-stamboom wil samenvoegen tot één stamboom van de mensheid, dan wordt dat een onontwarbare kluit. Er is geen toetsbare stamboom van de mensheid.

Onderzoek aan mtDNA en NRY-DNA toont dat er op grote schaal in de loop van 10.000-jaren vermengingen tussen volken hebben plaatsgevonden. Dit bespreek ik voor Taiwan-/Indonesië/Nieuw-Guinea/Oceanië/Madagaskar, voor Amerika en voor Europa.

Het is onmogelijk om groepen mensen exact te definiëren en af te grenzen. Iedere poging om de mensheid wetenschappelijk verantwoord in 'rassen' te classificeren, is bij voorbaat tot mislukken gedoemd. Het zit echter in de aard van de mens dat mensen zichzelf en anderen per sé willen indelen op basis van afstamming en uiterlijk. Dat is wat men traditioneel een indeling in rassen noemt. Zo blijven mensen zichzelf en anderen classificeren, ook al heeft dat geen wetenschappelijke basis. Vaak is dat een begin van discriminatie.

- Samenvatting
- 1. Inleiding
- 2. Stambomen
- 3. De evolutie en verspreiding van mensen over de aarde
  - 3.1. Overzicht van de verspreiding van Homo sapiens
  - 3.2. Verspreiding in enkele geselecteerde gebieden
- 4. Bepiegelingen over mensengroepen
  - 4.1. Evolutie van rassen en soorten
  - 4.2. Rasvermenging bij de mens
  - 4.3. Overeenkomsten en verschillen tussen rassen
  - 4.4. Eliminaties
  - 4.5. Vermenging van volken
  - 4.6. De namen voor volken
- 5. Besluit

### 1. Inleiding

#### Waarschuwing

Mensen willen graag wat leren over de evolutie en geschiedenis van volken, gebieden, talen en culturen, zoals ik dat eerder gepresenteerd heb (van Dongen 1990). Helaas. Het is niet mogelijk een empirisch onderbouwd, toetsbaar overzicht te maken hoe volken en talen over de wereld verbreid zijn (vorig hoofdstuk).

Een exacte, toetsbare stamboom van haplogroepen <sup>1</sup> van het mitochondriaal DNA (mtDNA) en van het niet-recombinerend deel van het Y-chromosoom (NRY-DNA) kan wel gemaakt

worden. Maar gewone mensen (inclusief ikzelf) kunnen nu eenmaal niet denken in termen van allelen en haplotypes. Daardoor bevat sectie 3 van dit hoofdstuk een schat aan feitelijke gegevens over haplotypes, die de meeste lezers waarschijnlijk niet kunnen plaatsen. Lezers kunnen eventueel besluiten de andere secties te lezen, en van 3 alleen de figuren.

#### Exacte afstammingslijnen

Voor het eerst in de geschiedenis van de mensheid hebben we nu met DNA-onderzoek de mogelijkheid om afstammingsverbanden van mensen en volken empirisch te achterhalen, niet belemmerd door nationaal of raciaal chauvinisme of door afstamming die afwijkt

<sup>1</sup> Zie tekstkader 'Haplotypes en haplogroepen'.

van de officiële huwelijksverbanden. Daarbij zal ik de conclusies uit het vorig hoofdstuk over stambomen en afstammingsverbanden toepassen. Ik zal hier enkele DNA-stambomen presenteren. DNA-onderzoek toont dat er veel prehistorische en historische vermengingen binnen de mensheid zijn geweest. Een wetenschappelijk onderbouwde classificatie van de mensheid is te complex voor woorden.

## 2. Stambomen

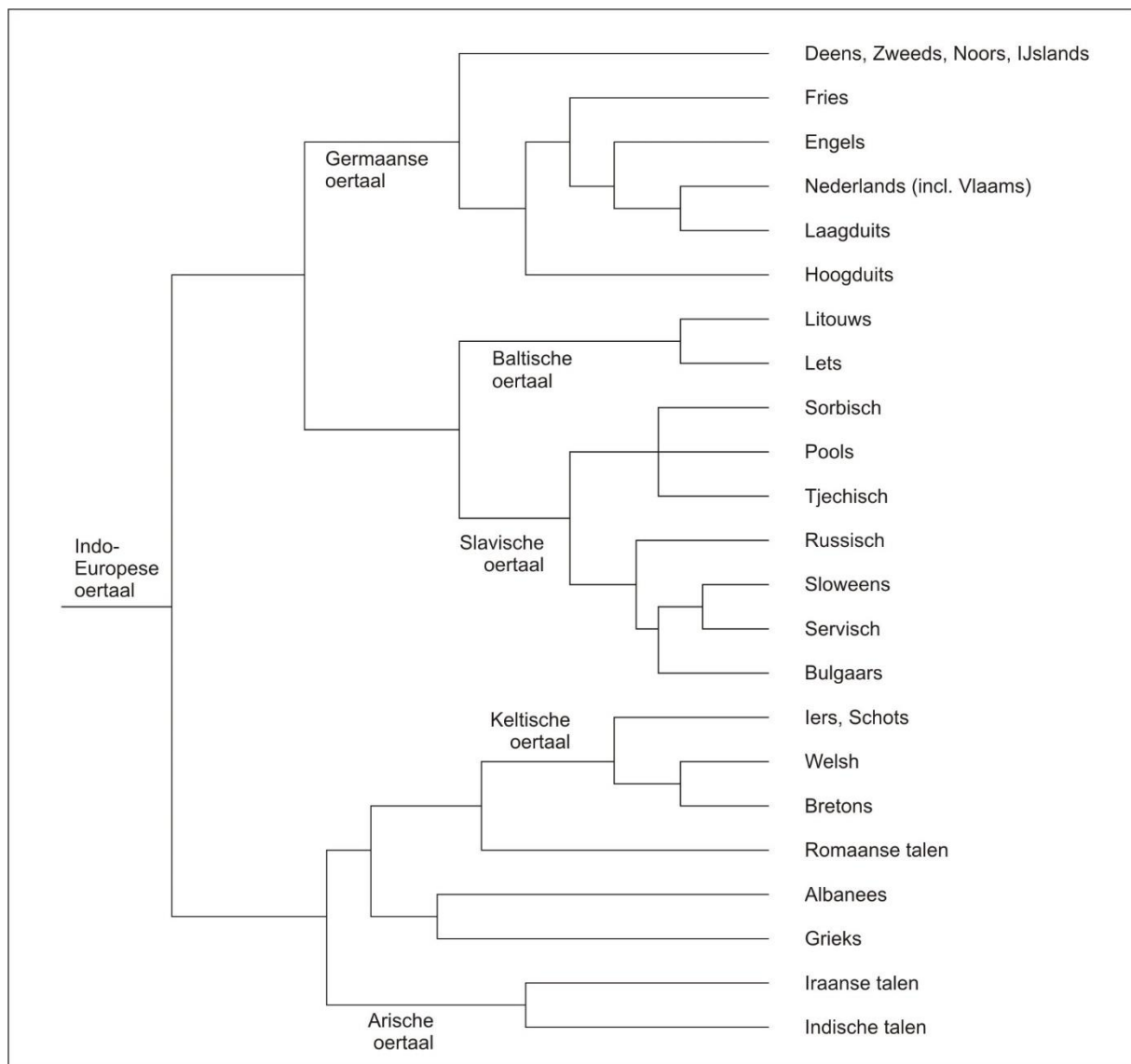
### De eerste stambomen

De eerste theorieën over de afstamming van volken werden door taalkundigen geformuleerd (Schlegel 1808). Schleicher (1863) publiceerde een stamboom van de Indo-Germaanse talen, en daarmee van de Indo-Germaanse oervol-

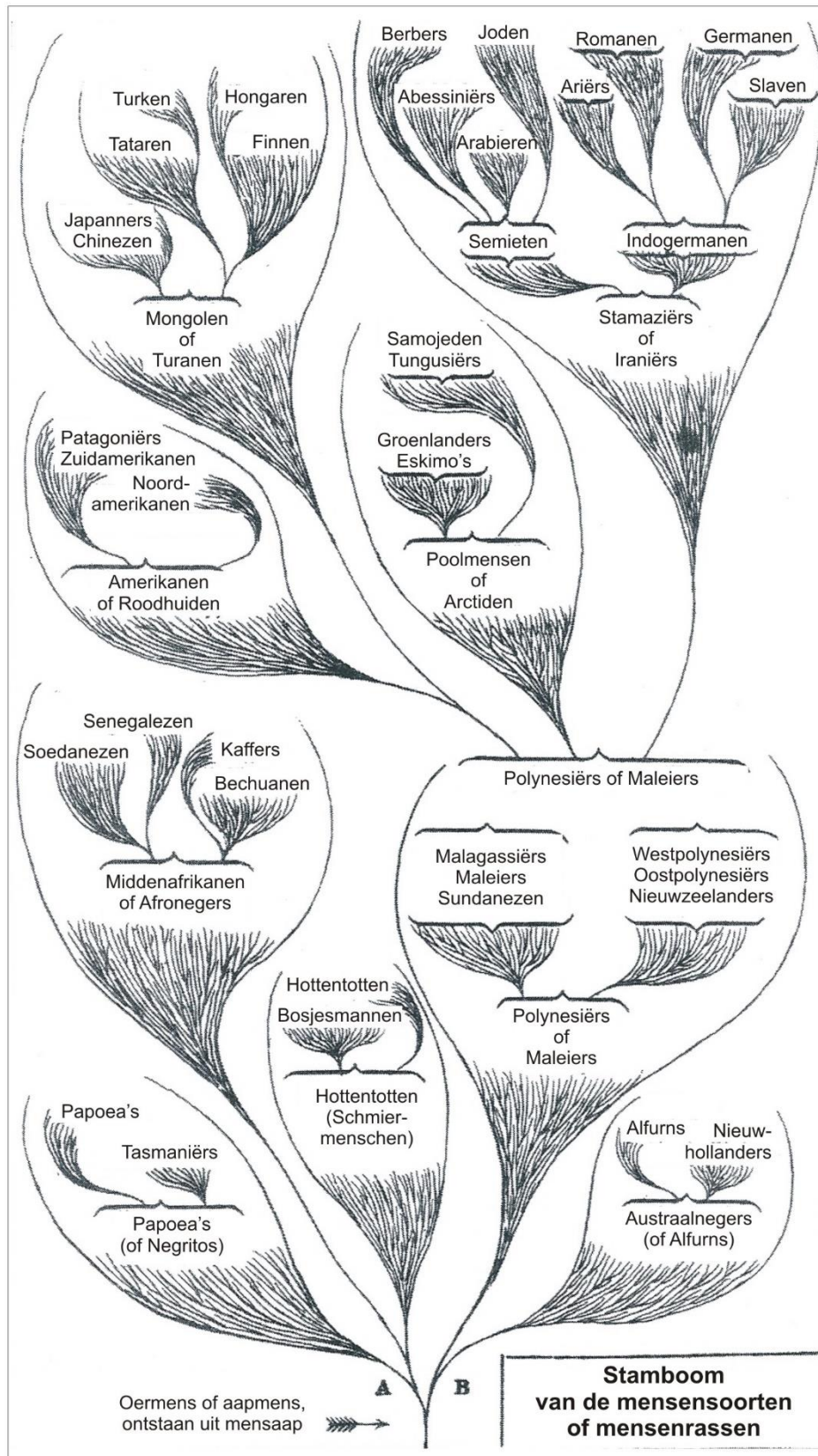
ken, geïnspireerd door Darwin (figuur 1). Haeckel (1868) publiceerde een 'stamboom van de mensensoorten of mensenrassen' (figuur 2). Sindsdien zijn er verscheidene hypothetische stambomen van mensenvolken gepresenteerd op basis van de hypothetische afstamming van hun talen en uiterlijke gelijkheid.

### Biochemische stambomen van volken

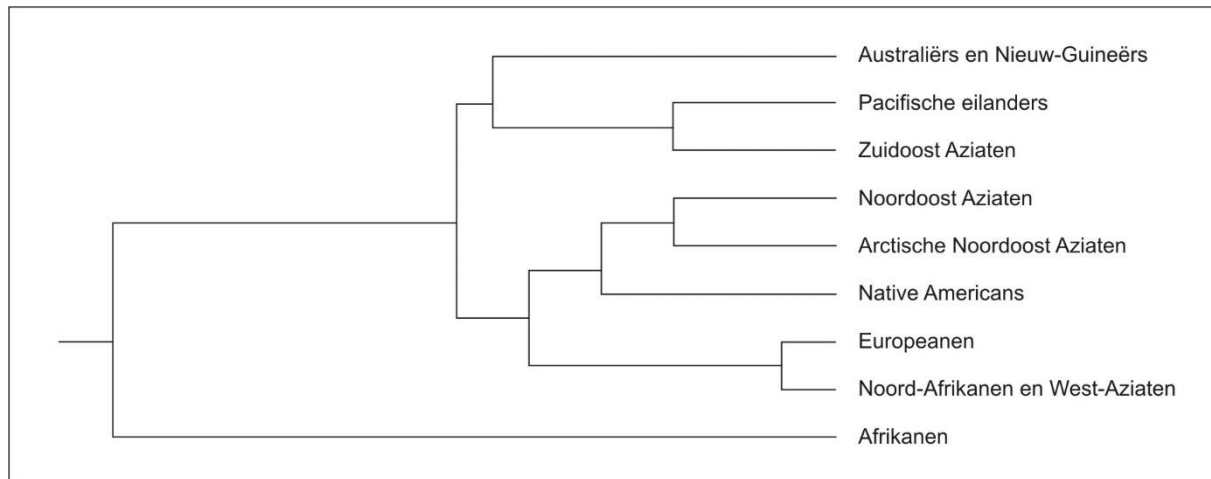
Er zijn niet alleen uiterlijke overeenkomsten en verschillen tussen mensen en volken, maar er zijn ook biochemische overeenkomsten en verschillen. Hoe meer biochemische overeenkomsten er zijn tussen volken, hoe nauwer die volken verwant zijn. Op basis van 120 eiwitten hebben Cavalli-Sforza e.a. (1988) de verwantschap van 42 volken onderzocht, en een stam-



Figuur 1. Een stamboom van Indo-Europese talen gebaseerd op een figuur van Schleicher (1863, zie ook Atkinson en Gray 2005).



Figuur 2. Een stamboom van 'mensensoorten of -rassen' van Haeckel (1868). (In deze figuur zijn de Duitse teksten in Gotische letters vervangen door Nederlandse tekst. In dit hoofdstuk betoog ik dat geen enkele indeling of naamgeving van volken een wetenschappelijke basis heeft. Het benoemen van volken is vaak het begin van discriminatie.)



Figuur 3. Globale verwantschapsrelaties tussen groepen volken gebaseerd op biochemische gegevens van 120 eiwitten (hertekende figuur van Cavalli-Sforza en Feldman 2003). Een gedetailleerde figuur wordt elders getoond (hoofdstuk 7.2.).

boom opgesteld (figuur 3 toont daarvan een klein deel <sup>2</sup>). Die stamboom van volken stemde redelijk overeen met de stamboom van talen. Voor dat onderzoek zijn volken geselecteerd om de grote variatie in de oorspronkelijke bevolking van de wereld te tonen. Dat onderzoek was gebaseerd op de structuur van eiwitten, maar later onderzocht men vooral de structuur van het DNA (waarvan de structuur van eiwitten is afgeleid). Op basis van allerlei genen zijn DNA-stambomen van volken gemaakt. Maar het onoplosbare probleem ontstond dat men bij bestudering van verschillende genen op verschillende stambomen uitkwam (Jorde en Wooding 2004). Ik vrees dat een stamboom afgeleid van autosomale DNA-gegevens (Mallick e.a. 2016) een statistisch artefact is.

### Fossielen en DNA

De eerste mensen met grote hersenen (> 1200 g) ontstonden ongeveer 600 kya (= *kilo-years ago* = duizend jaren geleden, hoofdstuk 2.1.). Dat betrof archaische mensen (*Homo heidelbergensis*). Vanaf die tijd hebben *H. heidelbergensis*, Neanderthalers, Denisova-mensen en anatomisch moderne mensen (*H. sapiens*) zich over de aarde verspreid, maar daarover is er alleen fragmentarisch fossiel materiaal gevonden. De oudste fossielen van *Homo sapiens* zijn in Marokko gevonden en waren 300 kya (Hublin e.a. 2017, Richter e.a. 2017).

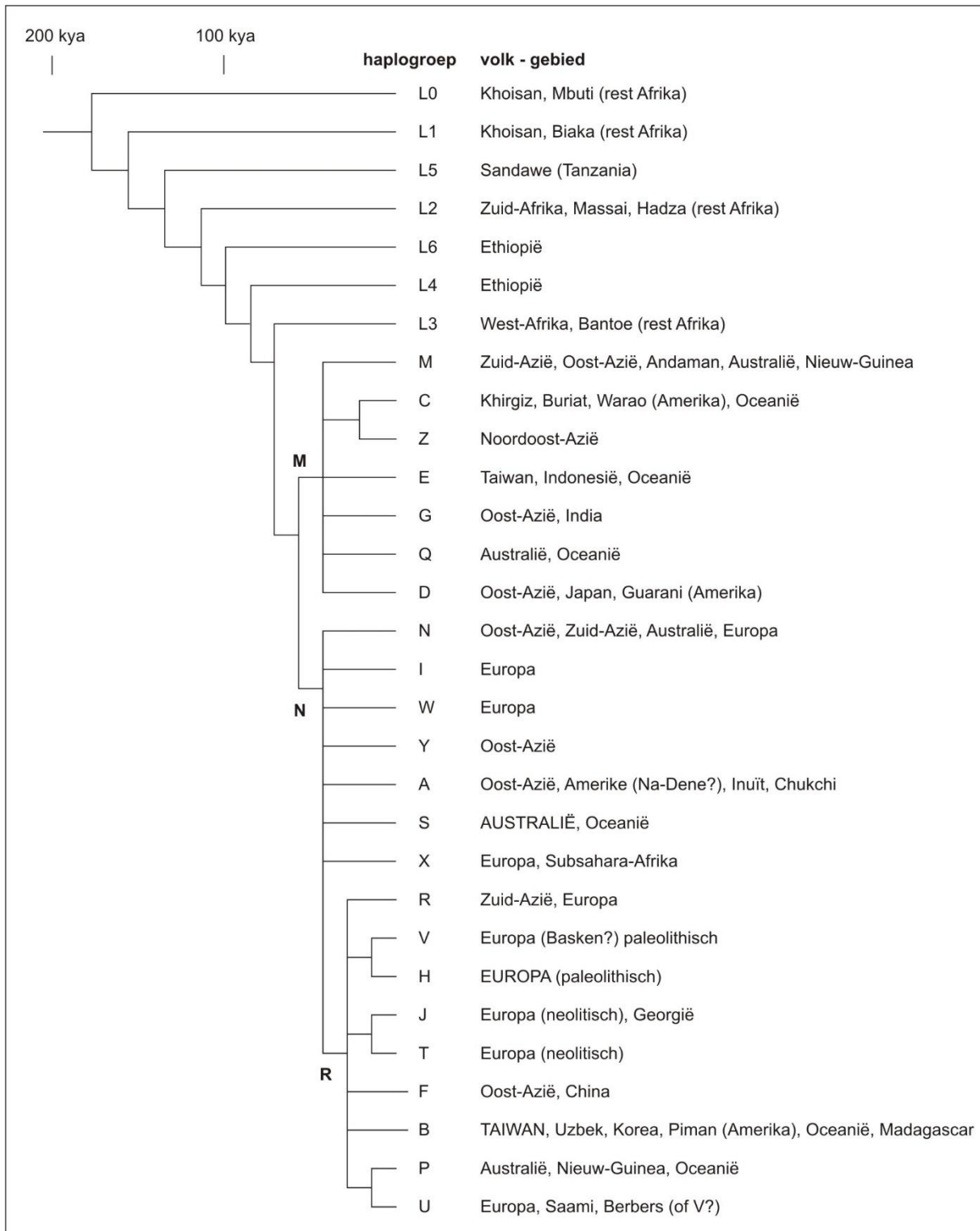
Op basis van het DNA van de nu levende mensen is een DNA-stamboom gemaakt over een periode van 80 kya tot heden. Maar voorlopig zijn er nog grote lacunes tussen de fossielen en de DNA-gegevens. Veel nieuwe

vondsten kunnen niet direct in bestaande DNA-schema's ingepast worden. Bijvoorbeeld: het oudste archeologisch materiaal in Nederland komt uit de Belvédère-groeve (300 kya), maar men weet niet welke mensachtigen dit gemaakt hebben. In zuid-China zijn fossielen van *H. sapiens* gevonden die veel ouder waren dan verwacht werd (120 – 80 kya, Liu e.a. 2015). DNA uit fossielen sluit vaak niet aan bij DNA van nu levende mensen. In Noord- en Zuid-Amerika zijn fossielen gevonden waarvan de vorm en het DNA niet aansluiten bij de huidige *native Americans* (zie sectie 3.2.2.).

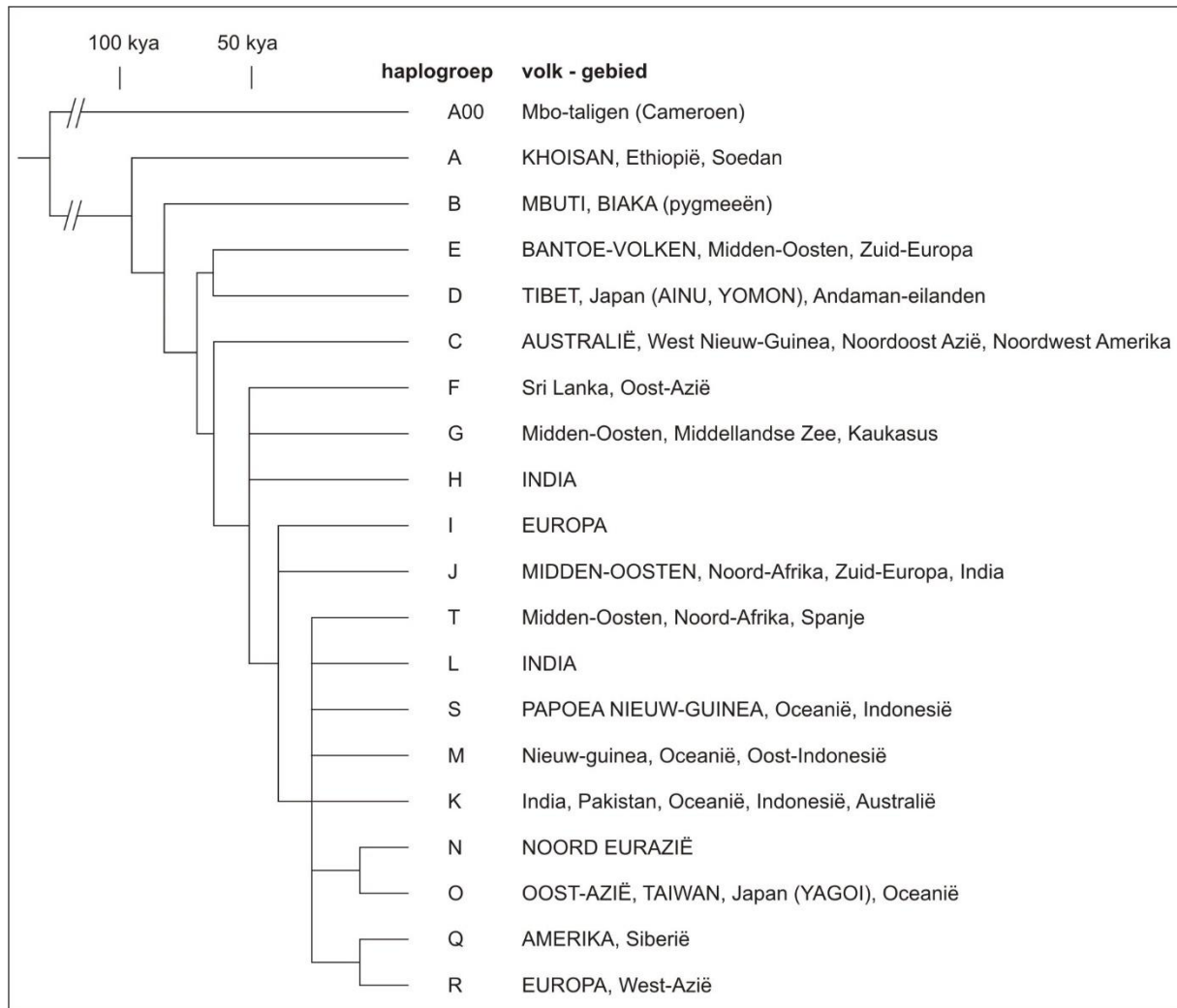
### De stamboom van het mtDNA

Mitochondriën zijn kleine organellen in iedere cel; ze bevatten DNA. Zij worden bij zoogdieren uitsluitend overgedragen van de moeder op haar dochters en zonen. Bij het mitochondriaal DNA (mtDNA) komt geen recombinatie voor (hoofdstuk 2.1.). Daardoor biedt een stamboom van het mtDNA een goed beeld van de afstamming van genen in de vrouwelijke lijn. Er is een stamboom geconstrueerd voor de haplogroepen van het mtDNA (figuur 4, Torroni e.a. 2006, van Oven en Kayser 2009). Deze stamboom wordt continu uitgebreid met nieuw ontdekte haplogroepen. In tegenstelling tot stambomen van groepen mensen, is zo'n stamboom van haplogroepen van het mtDNA in principe toetsbaar. In deze stamboom valt de diepe wortel van Afrikaanse haplogroepen op. Dat verwijst naar het mtDNA van de 'oer-moeder' (de meest recente gemeenschappelijke voorouder, *most recent common ancestor*, MRCA) of de 'mitochondriale Eva' of 'black

<sup>2</sup> De complete stamboom van Cavalli-Sforza e.a. (1988) wordt in hoofdstuk 7.2. getoond.



Figuur 4. Een stamboom van de meeste basale haplogroepen van het mtDNA van de mens - gebaseerd op een figuur van Van Oven en Kayser 2009, met de tijdsas van van Underhill en Kivisild (2007). Om de lezer (en mezelf) enige begrip bij de afzonderlijke haplogroepen te geven in een eenvoudige figuur, vermeld ik in deze figuur bij welke volken/gebieden die haplogroepen vooral voorkomen, gebaseerd op gegevens van Emery e.a. 2015, maar eigenlijk is dit onvolledige en misleidende informatie.



*Figuur 5. Een stamboom van haplogroepen van het NRY-DNA - gebaseerd op een figuur van Chiaroni e.a. (2009) en de gegevens van Mendez e.a. (2013) met de tijdsas van Underhill en Kivisild (2007). Om de lezer (en mezelf) enige associatie bij de afzonderlijke haplogroepen te geven in een eenvoudige figuur, vermeld ik in deze figuur bij welke volken/gebieden die haplogroepen vooral voorkomen, gebaseerd op gegevens van Karafet e.a. (2008), maar eigenlijk is dit onvolledige en misleidende informatie.*

*Eve'*. Men schatte toen dat de stammoeder 249 - 166 kya leefde (Brown 1980, Cann e.a. 1987, Vigilant e.a. 1991). Er zijn inmiddels veel meer haplogroepen ontdekt, maar die worden hier niet vermeld, omdat het er veel te veel zijn. Het probleem is dat mensen (inclusief ikzelf) niet in haplogroepen kunnen denken, maar wel in volken, talen en gebieden. Men kan wel per groep de verdeling van haplogroepen tonen (Kayser 2010), maar dan blijft toch nog het onoplosbare probleem van de groepsgrenzen (hoofdstuk 5.1.). Om de lezer (en mezelf) enige begrip bij de afzonderlijke haplogroepen te geven in een eenvoudige figuur, vermeld ik in deze figuur bij welke volken/gebieden die haplogroepen vooral voorkomen, gebaseerd op gegevens van Oppenheimer (2012), al komen

die haplogroepen ook in veel andere gebieden en bij veel andere volken voor, en ook al komen in die gebieden veel andere haplogroepen voor. Rond 70 - 60 kya muteerde de haplogroep L3 tot de grote haplogroepen M, N en R, die buiten Afrika over de hele wereld verspreid zijn. Er zijn gedetailleerde schema's wanneer de mtDNA haplogroepen over de aarde verspreid zijn (Forster 2004).

#### **De stamboom van het NRY-DNA**

Een groot deel van het Y-chromosoom maakt geen recombinaties met het X-chromosoom; dat noemt men het niet-recombinerende deel van het Y-chromosoom (NRY). Er zijn stambomen geconstrueerd voor de haplogroepen van het NRY-DNA (figuur 5, Hammer 1995,

### Haplotypes en haplogroepen

Nu is het mogelijk om de nucleotide-volgorde van grote stukken DNA te bepalen. Voor het volledige mtDNA gaat men uit van 16.569 baseparen. Hierin heeft men veel varianten ontdekt. Een unieke mtDNA-variant noemt men een 'haplotype'. Een haplotype bevat coderend en niet-coderend DNA (van Oven en Kayser 2008). De hoofdtakken van de mtDNA stamboom met verschillende haplotypes noemt men 'haplogroepen'. Het NRY-DNA is bijna 57 miljoen baseparen lang. Ook hier onderscheidt men haplotypes, en ook hier bevatten de haplotypes coderend en niet-coderend DNA. De hoofdtakken van de NRY-DNA stamboom noemt men ook 'haplogroepen' (Calafell en Larmuseau 2017). Als er in het mtDNA of het NRY-DNA een mutatie optreedt, ontstaat een nieuwe haplotype. Dat betreft een puntmutatie, d.i. het veranderen van één nucleotide (*single nucleotide polymorphism*, SNP), of het toevoegen of verwijderen van een stukje DNA (indels, van Oven en Kayser 2008). Door zo'n mutatie ontstaat een nieuw haplotype.

- Is zo'n mutatie ook biologisch relevant? Dat moet voor iedere mutatie apart onderzocht worden. Als er bij een SNP twee tripletten ontstaan die coderen voor hetzelfde aminozuur, dan is de relevantie van de mutatie nul. Als na de mutatie een niet-werkend eiwit ontstaat, kunnen de gevolgen voor het uiterlijk of het gedrag groot zijn, zoals bij de ziekte van Brunner (Brunner e.a. 1993).
- Is zo'n mutatie relevant voor kennis van de afstammingsgeschiedenis van mensen? Het antwoord is: JA.

### Heeft DNA zijn belofte ingelost?

Door modern DNA-onderzoek hoopten onderzoekers en het grote publiek snel een schat van betrouwbaar, relevant inzicht te kunnen krijgen over afstammingslijnen en over een wetenschappelijk onderbouwde indeling in volken. Is dat gelukt?

Door onderzoek aan mtDNA en NRY-DNA kan men snel toetsbare informatie krijgen over afstamming in de directe, uitsluitend vrouwelijke of uitsluitend mannelijke lijn. Maar overzien we daarmee 'de afstamming' van volken of van onszelf? Neen. De afstamming van volken en van onszelf is nu eenmaal te complex om überhaupt te kunnen overzien. Het is wel duidelijk dat alle volken mtDNA en NRY-DNA hebben van verschillende oorsprong. Bij de mens zijn volken en rassen dus geen eenheden die biologisch gedefinieerd kunnen worden.

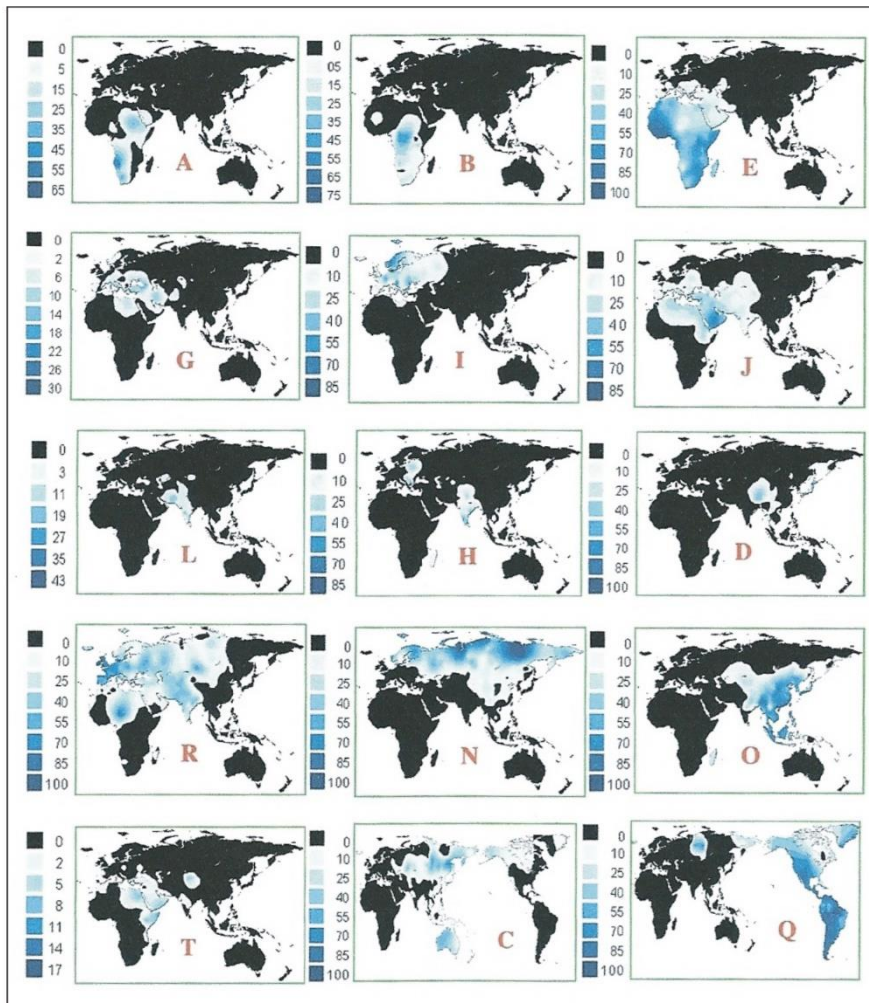
Er zijn volken met een bepaald uiterlijk, een *self-identified race/ethnicity* (SIRE), en soms met een eigen taal. Maar er zijn voorbeelden dat de DNA-variant niet overeenstemt met de SIRE. Er zijn volken in Amerika die afstammen van zwarte slaven. In sommige van deze volken hebben veel mannen een Y-chromosoom afkomstig van blanken (sectie 4.2.), maar deze mannen hebben een negroid uiterlijk en zij beschouwen zichzelf als 'zwarten' (SIRE). Deze mannen verwerpen een blanke identiteit die uit hun Y-chromosoom zou kunnen volgen. De Munda is een volk in India met een donkere huid; zij spreken de Mundari-taal uit de Australoaziatische taalfamilie. De Munda hebben vooral het R7 mtDNA uit de Indo-europese groep (Chaubey e.a.2008). Toch beschouwen zij zichzelf als Munda (SIRE) en niet als Indo-europees.

Één belofte lost het DNA-onderzoek wel in: de afstammingslijnen van haplotypen, inclusief afzonderlijke mutaties, worden in een snel tempo toetsbaar vastgesteld. Er zijn al extreem veel verschillende allelen onderzocht, met uitgebreide afstammingslijnen. Die allelen moeten zich via mensen verspreiden zijn. Als twee volken eenzelfde haplogroep hebben, dan moet er een of ander afstammingsverband zijn. Maar als ze in een opzicht niet dezelfde haplogroep hebben, dan kan er toch nog een afstammingsverband zijn. De belangrijkste belofte die het DNA-onderzoek heeft ingelost, is de conclusie dat een indeling in volken (of 'rassen') geen biologische basis heeft.

Underhill e.a. 2000, *Y-Chromosome Consortium* 2002, Karafet e.a. 2008, Poznik e.a. 2016). Die bieden een goed beeld van afstamming van genen in de mannelijke lijn (hoofdstuk 2.1.). Ook bij het NRY-DNA valt de diepe wortel van Afrikaanse haplogroepen op. Voor 2013 kwam men uit bij één stamvader: de 'Y-chromosomale Adam'. Men schatte aanvankelijk dat deze Y-chromosomale Adam na de mitochondriale Eva geleefd heeft, maar door een latere ontdekking van een uniek Y-chromosoom wordt de tijd van de Y-chromosomale Adam nu

geschat op 338 kya (Mendez e.a. 2013)<sup>3</sup>. Deze afwijkende waarde wordt veroorzaakt een kruising van Moderne mensen met andere mensachtigen (wellicht *Homo erectus* of *Homo heidelbergensis*). Er zijn inmiddels veel meer haplogroepen ontdekt (Hallast e.a. 2014), maar die worden hier niet vermeld, omdat het er te veel zijn. Een stamboom van haplogroe-

<sup>3</sup> Dit relativeert ook de tijd dat de MRCA geleefd heeft: door één onverwachte ontdekking kan deze tijd veel langer worden.



Figuur 6. De verspreiding van de hoofd-haplogroepen van het NRY-DNA over de wereld (figuur van Chiaroni e.a. 2009).

pen heeft het nadeel dat bijna niemand (ook ik niet) gemakkelijk in termen van haplogroepen kan denken. Er zijn twee oplossingen voor dit nadeel:

1. hetzij de distributie van iedere haplogroep over verschillende gebieden tonen, zoals Chiaroni e.a. (2009) doen (figuur 6).
2. per bevolkingsgroep de verdeling van haplogroepen tonen, zoals Kayser e.a. (2003) doen (figuur 7), maar in dit geval blijft het onoplosbare probleem van de groepsgrenzen.

Om de lezer (en mezelf) enige begrip bij de afzonderlijke haplogroepen te geven in een eenvoudige figuur, vermeld ik in figuur 5 bij welke volken/gebieden die haplogroepen vooral voorkomen, gebaseerd op gegevens van Karafet e.a. (2008), al komen die haplogroepen ook in veel andere gebieden en bij veel andere volken voor, en komen er in die gebieden andere haplogroepen voor. Lange tijd meenden men dat de niet-Afrikaanse lijnen zich rond 70 kya afsplitsten. Er was een grote

uitbreiding van het aantal verschillende haplogroepen, die buiten Afrika over de wereld verspreid zijn (Poznik e.a. 2016).

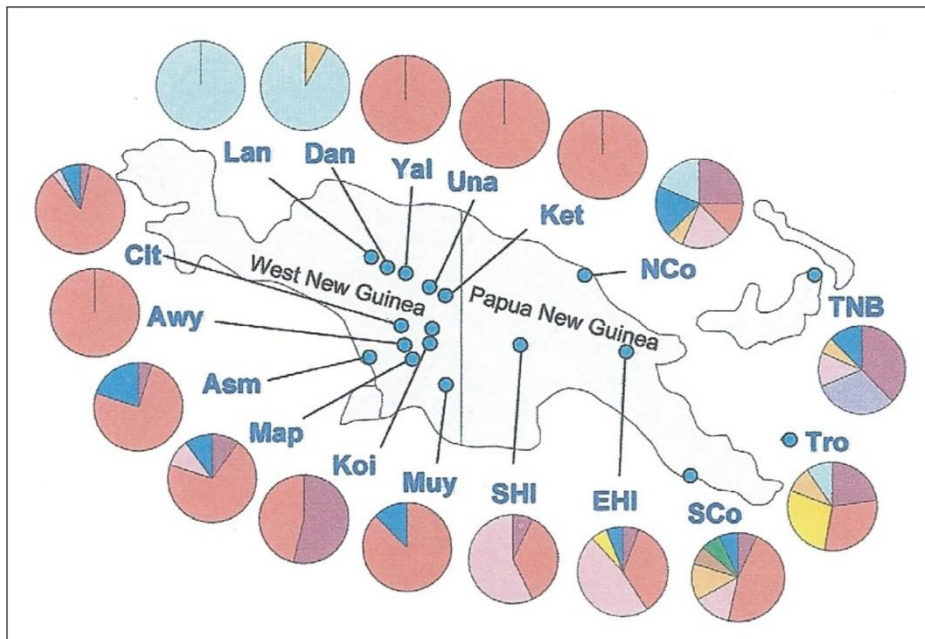
### 3. De evolutie en verspreiding van mensen over de aarde

#### 3.1. Overzicht van de verspreiding van *Homo sapiens*

##### De laatste ijstijd

Tussen 116 en 11,5 kya was de laatste ijstijd, het Weichselien glaciaal. Door de grote hoeveelheid landijs was de zeespiegel 50 - 120 m lager, waardoor veel huidige eilanden toen aan het vasteland of met elkaar verbonden waren. Engeland en Ierland zaten vast aan de rest van Europa. Oost-Siberië was verbonden met Alaska: mensen konden te voet ongemerkt Amerika 'ontdekken'. De West-Indonesische eilanden zaten aan het vasteland van Azië, genaamd Sunda. Australië, Nieuw-Guinea en





Figuur 7. De verdeling van de NRY-DNA haplogroepen bij verscheidene volken uit Nieuw Guinea; iedere kleur codeert voor een andere haplogroep. Bij sommige volken komt slechts één haplogroep voor (figuur van Kayser e.a. 2003).

Tasmanië waren één groot land, genaamd Sahul (zie figuur 9). In deze ijstijd bleef het landijs in Europa beperkt tot Scandinavië, Denemarken, Noord-Duitsland en Noord-Polen. Verder bleef Noord-Europa vrij van landijs; daar heerste toen een toendraklimaat.

### Vulkaanuitbarstingen

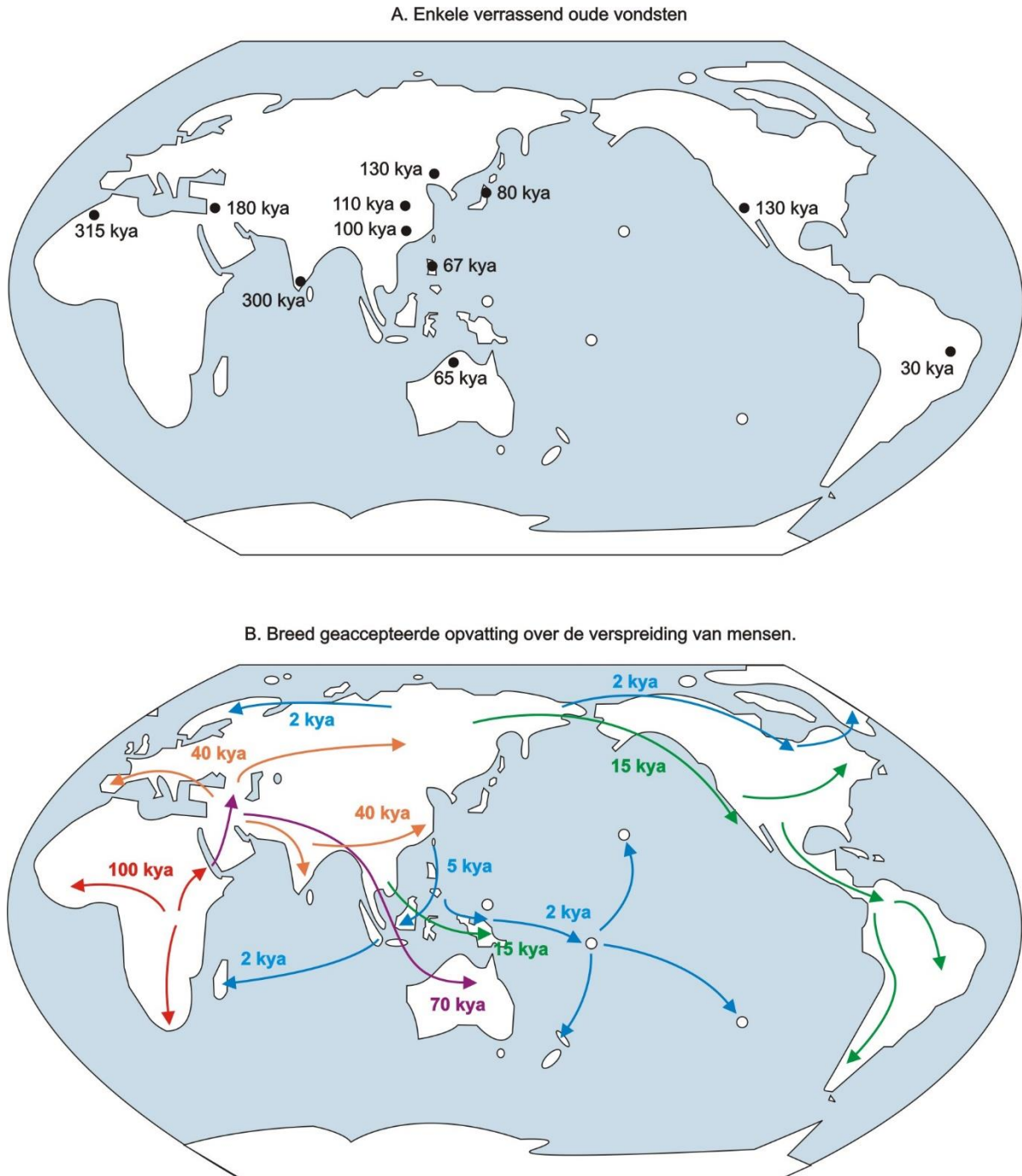
Twee uitbarstingen van supervulkanen <sup>4</sup> leken relevant voor de evolutie van de Moderne mens. Op Sumatra is er 73 kya een uitbarsting van een supervulkaan geweest, waarbij 2000 - 3000 km<sup>3</sup> materiaal werd uitgestoten. Door deze explosie ontstond een grote vulkaankrater, het Toba-meer. Men schat dat deze uitbarsting gedurende een periode van 6 - 10 jaar een vulkanische winter veroorzaakt heeft (Rampino en Self 1993a,b). Deze uitbarsting liet een laag as van 15 cm in Zuid-Azië na. Grote delen van Zuid-Azië werden ontbost (Williams e.a. 2009). Volgens sommigen zou hierdoor 90% van de mensheid geëlimineerd zijn tot een aantal van zo'n 10.000 individuen

<sup>4</sup> De energie van vulkaanuitbarstingen wordt uitgedrukt in de *Volcanic Explosivity Index* (VEI, Newhall en Self 1982); dit is een logaritmische schaal: 1 punt hoger op de schaal is 10 maal meer energie. Ter vergelijking: de grote historische uitbarstingen van de Pinatuba (1991) en de Vesuvius (Pompeï, 79 CE) hadden grootte 5, Campi Flegrei en Tambora grootte 7, en Toba grootte 8.

(Rampino en Self 1993, Ambrose 1998). Maar de gevolgen van de Toba-uitbarsting bleken minder erg.

1. In India hebben Moderne mensen vlak voor en vlak na de Toba-uitbarsting dezelfde stenen gereedschappen gemaakt; zij hebben de uitbarsting dus overleefd met culturele continuïteit (Haslam e.a. 2010, Clarkson e.a. 2012).
2. In Azië bleven de meeste dieren voortbestaan, inclusief de orangoetang, terwijl slechts enkele soorten uitstierven (Louys 2007, 2012).
3. Andere mensachtigen bleven voortbestaan, zoals *Homo erectus* en *Homo floresiensis* in Indonesië, de Neanderthaler in Europa en Azië, en de Denisovamens in Siberië.
4. Tijdens de Toba-uitbarsting leefde de grote meerderheid van de mensheid in Afrika; er zijn geen tekenen dat mensen of dieren in Afrika ernstig geleden hadden onder de Toba-uitbarsting (Lane e.a. 2013).

Er was 37 kya geleden een uitbarsting van de Campi Flegrei supervulkaan bij Napels. De aswolk hiervan is vooral naar het oosten verspreid; men neemt aan dat dit een vulkanische winter in Oost-Europa en de Kaukasus veroorzaakt. De aslaag hiervan is over grote gebieden gevonden. Mogelijk heeft deze uitbarsting bijgedragen aan de ondergang van de Neanderthalers in het Kaukasusgebied.



Figuur 8. Schematisch overzicht van de verspreiding van mensen over de aarde. De rondjes in de Stille Zuidzee staan voor de duizenden Zuidzee-eilanden. A. Enkele verrassend oude vondsten (Fleagle e.a. 2008, Liu e.a. 2015, Li e.a. 2017, Bae 2017, Hublin e.a. 2017, Hershkovitz e.a. 2018, Akhilesh 2018). B. Breed geaccepteerde migraties die leiden tot de huidige mensen. De getallen geven aan hoe lang de betreffend emigratie geleden is.

### Verassend oude vondsten

Voordat er Moderne Mensen ontstaan waren, leefden er Neanderthalers in Europa en West-Azië, Denisova-mensen in Noordoost-Azië, en *Homo erectus* in Zuidoost-Azië. De eerste Moderne Mensen zijn ongeveer 400 kya ontstaan in Afrika. De meest recente gemeen-

schappelijke voorvader wat betreft het Y-chromosoom, leefde ongeveer 338 kya (Mendez e.a. 2013, Poznik e.a. 2016). De eerste 300.000 jaar verspreidden de mensen zich over Afrika.

Aanvankelijk dacht men dat de Moderne Mens voor het eerst rond 70 kya vanuit Afrika de

wereld heeft bevolkt. Maar recent zijn allerlei oudere resten gevonden, die tonen dat groepjes mensen al veel eerder ver over de aarde geworven hebben (figuur 8a, Bae e.a. 2017). Voorlopig zijn dit nog geïsoleerde vondsten.

### Verspreiding van mensen over de aarde

Tot het jaar 2017 was er een overzichtelijk beeld over hoe de Moderne mensen vanuit Afrika de wereld bevolkt hadden: ongeveer 70 kya zouden mensen uit Afrika vertrokken zijn volgens een breed geaccepteerd verspreidingsschema (figuur 8b).

1. In Afrika werden de mensen in het zuidwesten de voorouders van de Khoikhoi en de !Kung. De mensen ten zuiden van de Sahara werden de voorouders van de Bantoe. De mensen in het noordoosten werden de voorouders van Ethiopiërs en van de Aziatische volken.
2. Rond 70 kya verlieten mensen Afrika naar Azië (Poznik e.a. 2016). Deze mensen hadden vermoedelijk haplogroep E (NRY-DNA), die later gedifferentieerd is in andere haplogroepen (Malaspinas e.a. 2016, Mallick e.a. 2016).
3. Tussen 70 en 50 kya splitsten de eerste migranten naar Australië en Nieuw-Guinea zich af (Malaspinas e.a. 2016).
4. Tussen 55 en 50 kya ontstonden er buiten Afrika veel verschillende Y-chromosoomlijnen, wat wijst op een verbreiding van de Euraziatische bevolking (Poznik e.a. 2016).
5. Rond 45 kya begonnen mensen naar Europa te migreren, en zij verdrongen geleidelijk de Neanderthalers (zie sectie 3.2.3.).
6. Mensen bevolkten Noord-Azië, en zij migreerden naar Amerika (zie sectie 3.2.2.).
7. Mensen van het huidige Taiwan gingen in boten naar het zuiden, vestigden zich in de Filippijnen, Indonesië en de kusten van Nieuw-Guinea; later bevolkten ze Oceanië en Madagaskar (zie sectie 3.2.1.).

Dat deze migraties inderdaad plaatsgevonden hebben, blijkt uit archeologisch en paleontologisch onderzoek.

### Huidskleur

Het opvallendst verschil tussen de zogenaamde rassen van de mens is de kleur van de huid. 'Rassen' worden benoemd naar hun huidskleur. Huidskleur wordt hier zeer kort besproken. Inmiddels zijn er veel genen geïdentificeerd die de kleur van de huid, haren en ogen veroorzaken (Crawford e.a. 2017, Deng en Xu 2018). De gemeenschappelijke voorouder van mens en chimpansee had waarschijnlijk donkere haren en een lichte huid. De voorouder van de mens heeft – door onduidelijke oorzaken – zijn vacht verloren. Onze voorouders hebben in

Afrika een donkere huid ontwikkeld, waarschijnlijk als bescherming tegen het tropische UV-licht, al is er ook in Afrika grote variatie in de huidskleur (Tang en Barsh 2017). Volken die dicht bij de evenaar leven in Afrika, Azië en Australië hebben een donkere huid. Later hebben volken in Zuidoost-Azië en Europa onafhankelijk van elkaar een lichtere huid geëvolueerd, waarschijnlijk doordat in een lichte huid meer vitamine D geproduceerd werd (Beleza e.a. 2013, Crawford e.a. 2017, Deng en Xu 2018).

Het is mogelijk stambomen te maken van de allelen van de afzonderlijke genen voor huidskleur, oogkleur en haren, zoals die door Crawford e.a. (2017) gepresenteerd zijn. Maar bij deze autosomale genen treedt ook recombinatie (vermenging) op. Het blijkt dat allerlei allelen verspreid zijn over allerlei volken. Geen enkel volk is 'raszuiver' wat betreft de allelen voor huidskleur. Er is vrij veel bekend over de evolutie van de allelen voor huidskleur van mensen. Sommige van die allelen zijn biologisch relevant voor andere eigenschappen, zoals de bescherming tegen UV-licht en de productie van vitamine D. Maar de huidskleur is vooral relevant voor de geschiedenis van racisme.

## 3.2. Verspreiding in enkele geselecteerde gebieden

### 3.2.1. De gebieden ten oosten van het vasteland van Azië

Tijdens de laatste ijstijd zaten de West-Indonesische eilanden aan het vasteland van Azië, genaamd Sunda. Terwijl Australië en



Figuur 9. De kustlijn van Sunda (zuidoost-Azië) en Sahul (Australië, Nieuw Guinea en Tasmanië) in de laatste ijstijd.



Figuur 10. De traditionele indeling van de eilanden van de Stille Zuidzee volgens D'Urville (1832).

Nieuw-Guinea één groot land waren, genaamd Sahul. Tussen Sunda en Sahul bleven er zee-straten, die een barrière waren voor migratie van landdieren. In die zee-straten lagen veel eilanden (figuur 9). Alleen met boten konden mensen van Azië naar Australië migreren. Tussen 70 en 50 kya hebben Moderne Mensen Sahul (= Australië, Nieuw Guinea en Tasmanië) bereikt; zij waren de voorouders van de Native australians en de Tasmaniërs. DNA-onderzoek toont dat de huidige inwoners van Australië en Nieuw-Guinea van verschillende volken afstammen.

### De traditionele indeling

In een poging een overzicht te krijgen van de eilanden in de Stille Oceaan, maakte D'Urville (1832) een indeling in 4 groepen (figuur 10):

1. Melanesië: Nieuw Guinea, de Bismarck en Solomon Archipel, de Nieuwe Hebriden (Vanuatu archipel), Nieuw Caledonië en Fiji; D'Urville noemde dit 'Melanesië', omdat de inwoners een vrij donkere huidskleur hebben;
2. Polynesië: hiertoe behoren de eilanden in de driehoek tussen Nieuw-Zeeland, Hawaï en Paaseiland; D'Urville noemde die 'Polynesië', omdat het veel eilanden waren;
3. Maleisië: hiertoe behoren Indonesië, de Filippijnen en de Maleisische eilanden;

4. Micronesië: onder andere de Marianen- en de Marshall-eilanden, Palau en Guam; D'Urville noemde dit 'Micronesië', omdat de eilanden relatief klein zijn.

Er leek aanvankelijk enig verband tussen deze indeling in gebieden en een indeling in taal-groepen. Veel onderzoekers meenden dat een indeling in Melanesiërs, Maleiers en Polynesiërs een biologisch onderbouwde indeling in rassen was (zie ook figuur 2 van Haeckel). Dat wordt niet ondersteund door DNA-onderzoek (zie onder).

### Nieuw-Guinea: bevolking en talen

Nieuw-Guinea is nu een groot eiland ten noorden van Australië; er zijn vrij vlakke kuststreken en in het binnenland een hoogland met bergen. Tot ongeveer 8 kya was Nieuw-Guinea met Australië verbonden. Zo'n 70 – 50 kya migreerden de eerste mensen naar Sunda, d.i. Zuidoost-Azië. Na een oversteeek over het water leverde de oudste migratie waarschijnlijk de eerste inwoners van Sahul (d.i. Australië en Nieuw-Guinea). Archeologische vondsten bevestigen dat Nieuw-Guinea en de nabije eilanden al 50 - 40 kya door mensen bewoond werden. Men neemt aan dat de eerste bewoners van Nieuw-Guinea verwant waren aan de *Native Australians*. Deze mensen zijn ongeveer 15 kya verdrongen door mensen die Papoea-

Tabel 1. De meest frequente haplogroepen in Nieuw Guinea, Taiwan, de Filippijnen, Indonesië, Oceanië en Madagaskar. Cursief: afkomstig van Nieuw Guinea; bold, afkomstig van Taiwan.

Locatie, volk	Meest frequente haplogroepen		Referenties
	NRY-DNA	mtDNA	
Nieuw Guinea (oorspronkelijke inheemsen)	<i>C2, M, S (K)</i>	M-lijn: <i>M27, M28, M29, Q1, Q2, Q3</i> N-lijn: <i>P1, P2, P3, P4</i>	Kayser e.a. 2003, Hudjashov e.a. 2007, Underhill en Kivisild 2007, Rasmussen e.a. 2011
Taiwan (oorspronkelijke inheemsen)	<b>O1, O2, O3</b>	<b>M7, B5a, B4a1a, B4a2a, F1a, E</b>	Tajima e.a. 2003, Trejaut e.a. 2005, Delfin e.a. 2011
Filippijnen/Indonesië (huidig)	<i>C, S (K), M, O</i>	M7c1c, F, F1a, <b>B4a, B5</b> , P9, P10	Kayser e.a. 2008, Mona e.a. 2009, Tabbada e.a. 2010, Delfin e.a. 2011
Oceanië (huidig)	<i>C, S (K), M, O</i>	<b>B4a1a1a1</b> , Q1, P1, P2	Scheinfeldt e.a. 2006, Kayser e.a. 2008, Soares e.a. 2011
Madagaskar (huidig)	<b>O1a, O2a</b> , (en Bantoe)	<b>B4a1a1a2, E1a, M7c1c</b> (en Bantoe)	Tofanelli e.a. 2009, Cox e.a. 2012

talen spraken. Men onderscheidt wel 740 verschillende Papoea-talen, die tot 11 groepen geclassificeerd werden (Wurm 1983). Op basis van de classificatie van deze talen vermoedt men dat de Papoea's Nieuw-Guinea in 3 golven bevolkt hebben: een golf rond 15 kya, een rond 10 kya, en de laatste 5 kya; die laatste golf leverde het grootste aantal volken en talen (Wurm 1983). Ongeveer 4 kya hebben ook migranten uit Taiwan (Austronesiërs) zich met hun talen op de kusten van Nieuw-Guinea gevestigd (zie onder). Er is veel vermenging zowel van mensen als van talen tussen de Papoea's en de Austronesiërs.

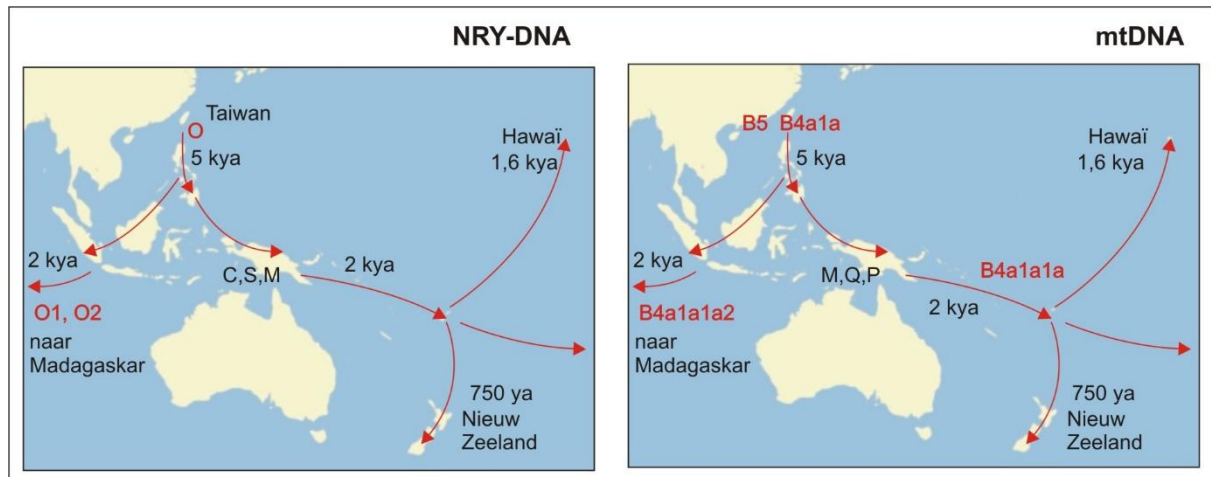
#### Nieuw-Guinea: afstamming volgens DNA

Het DNA van de Papoea's is zeer gevarieerd, zowel het NRY-DNA als het mtDNA (tabel 1). De Y-chromosomale haplogroepen C2, M en S zijn karakteristiek voor de 'oorspronkelijke' bewoners van Nieuw-Guinea. Het verband tussen de hypothetische taalgroepen en de Y-chromosomale haplogroepen is nog onduidelijk. Deze haplogroepen zijn al 50 - 40 kya afgesplitst (Underhill en Kivisild 2007). Bij sommige volken in Nieuw-Guinea hebben alle onderzochte mannen dezelfde haplogroep: zij stammen af van dezelfde man. Tegelijkertijd stammen stamleden af van verscheidene vrouwen: bij deze volken worden 7 - 28 verschillende mtDNA-haplogroepen gevonden (Kayser e.a. 2003). In het algemeen is de variatie in het mtDNA groter dan in het NRY-DNA. Dit patroon wordt verklaard door patrilokale gewoontes, exogamie voor vrouwen, polygynie, incidentele eliminatie van volken, en doordat veel mannen in stammenoorlogen en door koppensnellen omgekomen zijn.

#### Taiwan: bevolking, talen en DNA

Rond 40 kya waren de voorouders van de Aziaten naar Oost-Azië gemigreerd. In die tijd was Taiwan met het vasteland verbonden. Ongeveer 35 kya is in Oost-Azië door een mutatie de haplogroep O van het Y-chromosoom ontstaan. Dat is in Zuidoost-Azië nog een frequente haplogroep. Uit haplogroep O zijn in Zuidoost-Azië de haplogroepen O1, O2 en O3 ontstaan. Mensen met O1, O2 en O3 haplogroepen vormden de oorspronkelijke volken van Taiwan, terwijl andere haplogroepen nauwelijks hebben bijgedragen tot de oorspronkelijke Taiwanese bevolking (vergelijk Delfin e.a. 2011 met supplement bij Karafet e.a. 2008). Er leven nu nog verscheidene oorspronkelijke volken op Taiwan met eigen talen. Hun talen worden gerekend tot de Austronesische taalfamilie.

Ongeveer 40 kya is in Oost-Azië door een mutatie de haplogroep B4 van het mtDNA ontstaan. Dat is in Oost-Azië nog een frequente haplogroep. Een deel van deze mensen is naar het huidige Taiwan gegaan. Na enkele mutaties ontstonden bij de Taiwanese inheemsen de mtDNA haplogroepen B4a1a en B4a2a. De haplogroep B4a1a was zeer succesvol. Ongeveer 8 kya was het ijs van de ijstijd zoveel gesmolten dat de zeespiegel 100 m gestegen was, en Taiwan een eiland werd. De haplogroepen op Taiwan komen ook in het nabije vasteland van Oost-Azië voor, maar in lagere frequenties; op het vasteland zijn er ook haplogroepen die niet op Taiwan voorkomen.



Figuur 11. Een schematisch overzicht van de migraties van de belangrijkste NRY-DNA en mtDNA haplotypes bij Austronesische volken. Het is mogelijk om exacte uitspraken te doen over het ontstaan en de verbreiding van haplotypes, maar niet over het ontstaan en de verbreiding van volken. Ik hoop dat dit concrete hypothetische schema een aanzet is voor aanvullingen en verbeteringen.

### De Filippijnen en Indonesië

Ongeveer 5 kya begonnen de Taiwanese inheemsen uit te varen en andere eilanden te bevolken (figuur 11, Bellwood 1991). Mannen en vrouwen migreerden samen naar andere eilanden, zoals blijkt uit de verspreiding van het Taiwanees NRY-DNA en mtDNA. De gebruikelijke naam voor deze groep en hun taal is 'Austronesiërs'. Zij bereikten de Filippijnen en later de Indonesische eilanden. Deze gebieden waren al bewoond door de nakomelingen van oudere migraties. Alles wijst erop dat de Austronesiërs in deze gebieden domineerden: hun taal werd de dominante taal en veel oorspronkelijke volken werden teruggedrongen. Sommige negrito-volken op de Filippijnen (zoals de Aeta) hebben hun oorspronkelijke NRY-DNA behouden, maar bij andere is het meeste NRY-DNA van Austronesische afkomst (Delfin e.a. 2011). Toch zien ze eruit als negrito's en ze beschouwen zichzelf als lid van hun oorspronkelijke stam.

Op het Indonesische eiland Bali, had 84% van de mannen een Y-chromosoom van Austronesische afkomst, 2% was afkomstig van een oude intocht van jagers/verzamelaars, en ongeveer 12% was afkomstig van India (Karafet e.a. 2005). Ook hier hebben dus op grote schaal mensen van verschillende afkomst zich vermengd.

### De trek naar het oosten

De Austronesiërs migreerden ook naar het oosten naar Nieuw Guinea (Skoglund e.a. 2016). Daar vermengden zij zich met de oorspronkelijke bevolking, en dit mengvolk migreerde verder naar het oosten. Er was ook taaluitwisseling, zodat er vermenging ontstond

tussen Papoea- of Austronesische talen op deze eilanden en kuststroken: dit noemen we een proto-Oceanische taal.

Van 200 BCE tot 400 CE migreerden deze mensen naar eilanden in het oosten. Dit was een nautische prestatie, omdat ze over grote afstanden gevaren hadden, zonder land in zicht te hebben. Dit werd wel de 'express train to Polynesia' genoemd (Diamond 1988). Maar nu is duidelijk dat dit een geleidelijk proces was van migratie, vestiging en vermenging; nu spreekt men eerder over het 'slow boat' model (Kayser e.a. 2000, 2008). Bij de trek naar het oosten waren de migratiepatronen voor mannen en vrouwen verschillend: vooral mannen met Papoea-NRY-DNA, en vooral vrouwen met Austronesisch mtDNA zijn naar Oceanië gemigreerd (Kayser e.a. 2008, Shipley e.a. 2015, Soares e.a. 2016). De mutatie B4a1a1a daarvan is zo karakteristiek voor Polynesië, dat dit het 'Polynesisch motief' genoemd werd. Er zijn geen scherpe grenzen tussen de volken van de Melanesische, Micronesische of Polynesische eilanden in DNA, afstamming, uiterlijk of taal. Er is geen wetenschappelijke basis om deze volken te onderscheiden, maar er kunnen hooguit politieke redenen zijn om groepen eilanden tot een grotere eenheid (staat of bondgenootschap) te rekenen. De eilanden in de Stille-Zuidzee noemt men nu vaak 'Oceanië'.

### Madagaskar

De mensen in Indonesië zijn een mengvolk van Austronesische immigranten en de oorspronkelijke bevolking. Tussen de jaartallen 350 en 800 zijn mensen uit Indonesië naar Madagaskar gevaren, dat toen nog niet bevolkt was. Gezien de variatie in het mtDNA en het

NRY-DNA, schat men dat ongeveer 30 vrouwen gemigreerd zijn, en meer mannen (Cox e.a. 2012). In Madagaskar komt vooral het mtDNA haplotype B4a1a1a2 voor, wat het 'Madagaskar motief' genoemd wordt; dit is ontstaan uit het Polynesisch motief. Rond het jaar 1000 zijn Bantoos vanuit Afrika naar Madagaskar gevaren, en hebben zich vermengd met de mensen van Indonesische afkomst. De Bantoemannen hebben de Indonesische mannen grotendeels verdrongen. Indonesische vrouwen en Bantoemannen leveren de grootste bijdrage aan de huidige bevolking van Madagaskar (Pierron e.a. 2017, Brucato e.a. 2018). In Madagaskar is 61% van het mtDNA van Indonesische afkomst, en 39% van Afrikaanse afkomst (Tofanelli e.a. 2009). In de kuststreken is 70% van het NRY-DNA van Afrikaanse afkomst, en in het hoogland 50%. Het NRY-DNA van Indonesische afkomst was respectievelijk 20% en 39%. Het NRY-DNA was voor 7% - 11% van Europese oorsprong van blanke kolonisten.

### 3.2.2. Amerika

#### Amerika in de ijstijd

Tijdens de laatste ijstijd was het zeeniveau zover gedaald, dat Siberië en Alaska door een brede, ijsvrije landstrook verbonden waren; dit gebied werd Beringia genoemd. Mensen konden ongemerkt te voet over de toendra Amerika 'ontdekken'. Toen was Noord-Amerika bedekt door landijs. In het noordoosten lag de grootste ijskap, de Laurentide ijskap en in het westen de Cordillera ijskap. Lange tijd was er een ijsvrij gebied tussen deze ijskappen, maar tijdens de meest recente koude-periode (het laatste Glaciale maximum, 24 - 13 kya) waren beide ijskappen verbonden tot een grote ijsmassa, die een barrière vormde voor migrerende mensen. Men neemt aan dat juist in deze periode veel mensen in Amerika gekomen zijn.

#### Oude theorieën over het bevolken van Amerika

Er waren 4 theorieën over hoe Moderne Mensen Amerika bevolkt hebben.

1. De Beringia kustroute. Tijdens de ijstijd zijn mensen uit Siberië in bootjes langs het landijs naar het zuiden getrokken, en hebben zich uiteindelijk aan de westkust van Amerika gevestigd. Vandaar hebben ze Noord-Amerika gekoloniseerd, en verder Midden- en Zuid-Amerika.
2. De Beringia landroute. Mensen zijn vanuit Siberië over land tussen de Laurentide en de Cordillera ijskap naar het zuiden getrokken, tot het ijsvrije gebied dat nu USA heet.

Maar deze route kwam pas 12,6 kya beschikbaar (Pedersen e.a. 2016), terwijl de eerste mensen eerder Amerika bereikten.

3. De Europa-Solutrëen connectie. In gebieden van Europa was er van 22 - 16,5 kya een volk dat stenen speerpunten van de Solutrëen-cultuur maakte. Er is enige overeenkomst tussen de Solutrëen-speerpunten en de karakteristieke Clovis-speerpunten uit Amerika van 13 kya. Volgens een hypothese zijn mensen uit de Solutrëen-cultuur bijvoorbeeld vanuit de Golf van Biskaje in bootjes het ijstijd-pakijs gevolgd naar het noorden en westen met de overlevingstechnieken van de huidige Eskimo's (Stanford, geciteerd door Hall 2000, Bradley en Stanford 2004). Deze ex-Europeanen vestigden zich in Amerika met hun techniek om speerpunten te maken, die daar als Clovis speerpunten ontdekt zijn. Deze hypothese wordt niet meer aangehangen (Schurr 2004).
4. De Polynesische zeeroute. Thor Heyerdahl (1950) meende dat Polynesië vanuit Amerika door *native Americans* gekoloniseerd is. Later hield Rebecca Cann (1994) de mogelijkheid open dat Austronesische mensen vanuit Polynesië naar Amerika gevaren zijn en daar gebleven zijn; zo dacht zij de aanwezigheid van de mitochondriale haplogroep B te kunnen verklaren. Op het Polynesische eiland Rapa bleken enkele mannen Y chromosomen te hebben met de Amerikaanse haplogroep Q (Hurles e.a. 2003); dit is vermoedelijk door Peruvianen naar Polynesië gebracht. De Botocuden waren een volk aan de oostkust van Brazilië, dat uitgeroeid is door de Portugese kolonistors. In 2 van de 14 onderzochte schedels is mtDNA met het Polynesisch motief gevonden (Gonçalves e.a. 2013). Het is 't meest waarschijnlijk dat mensen 15 kya in bootjes langs de noordwestkust Amerika bevolkt hebben (Pedersen e.a. 2016). Daarnaast zijn er enkele vondsten van vroege bewoners gedaan die moeilijk passen in algemene opvattingen over het bevolken van de Amerika's (zie alinea over Paleo-indianen').

#### Amerika: classificatie van talen

De afzonderlijke stammen in Noord-, Midden- en Zuid-Amerika spreken honderden zeer verschillende talen. Een onderscheid in 3 hoofdgroepen is algemeen geaccepteerd:

1. De Eskimo-Aleoutische talen, met sprekers langs de noord-oostkust van Azië, de eilanden in de Beringstraat, de noordkust van Amerika, en de kusten van Groenland.

2. Na-Dené-talen (Athapaskan), ongeveer 40 verschillende talen, die gesproken worden door *native Americans* in Noord-Amerika.
3. De rest, dat zijn honderden Amerikaanse talen. Greenberg (1987) beschreef dit als één taalfamilie, Amerind, met 11 subfamilies.

Veel linguïsten meenden dat verwantschap tussen talen die zo lang gescheiden ontwikkelden, niet wetenschappelijk aangetoond kan worden. Echter, toen de verwantschap tussen *native American* volken onderzocht werd met DNA, ondersteunde dit de conclusies van Greenberg (Reich e.a. 2012). (1) Er was een hoofdingeling in 3 basale groepen: Eskimo-Aleoutisch, Na-Dané en de rest. (2) En de classificatie van 'de rest' correleerde goed met de taalfamilies van Greenberg. Het is bijzonder dat twee totaal verschillende onderzoeksmethodes tot dezelfde conclusies leiden.

### Paleo-indianen

Er waren al lang opmerkelijke morfologische en DNA-bevindingen aan oude menselijke skeletten en de huidige bewoners van Midden- en Zuid-Amerika, strijdig met het beeld dat de eerste mensen 15 kya Amerika bereikten.

- In 2017 werd een opmerkelijke vondst gepubliceerd. Er is in Zuid-California een vindplaats van botten van mastodonten. Er werden daar botten van een mastodont gevonden die 130 kya door mensen bewerkt waren (Holen e.a. 2017). Bij die vindplaats zijn ook gereedschappen gevonden. Dit is veel ouder dan enig ander teken van de aanwezigheid van mensen in Amerika. Het is nog een open vraag of *Homo sapiens* deze botten bewerkt heeft.
- In Pedra Furada in Brazilië zijn tekenen van menselijke bewoning gevonden van 30 kya, of nog ouder, dus veel ouder dan de Clovis-jagers (Nemecek 2000).
- Ook in het zuidelijk deel van Zuid-Amerika (Monte Verde en Los Todos) zijn tekenen van menselijke bewoning gevonden die zo oud zijn dat ze niet eenvoudig te verenigen zijn met Clovis-jagers van 14 kya (Nemecek 2000, Pringle 2011).
- De Olmeken waren een volk dat in het westen van Mexico aan de kust leefde van 2000 - 400 BCE zij maakten enorme stenen hoofden van 1,5 - 3,5 m groot. Het bijzondere was dat deze hoofden geen indiaans uiterlijk hadden, maar in sommige opzichten eerder Afrikaans leken, o.a. door de dikke lippen. Er is gespeculeerd dat mensen vanuit Afrika met een Afrikaans uiterlijk als eersten Amerika gekoloniseerd hebben (van Sertima 1976).

- In Zuid-Amerika zijn schedels gevonden van 12 - 7 kya die langer en smaller waren (dolichocefaal) dan de bredere (brachycefale) schedels van *native Americans* en Mongoloïden (Neves e.a. 2003, Pucciarelli e.a. 2010, Hubbe e.a. 2011). De hoofdvorm leek meer op die van *native Africans*, *native Australians* of Melanesiërs. De onderzoekers postuleren dat er vóór de *native Americans* andere volken in Amerika gekomen zijn, die zij Paleo-indianen noemen.
- In de zuidelijke punt van Zuid-Amerika zijn unieke mtDNA haplogroepen gevonden: B2I, D1g en C1b13 (Bodner e.a. 2012).
- Verscheidene individuen van stammen in het Amazone-gebied hebben DNA-patronen die vooral overeenkomen met de patronen van de oorspronkelijke bewoners van Australië, Nieuw-Guinea en de Andaman-eilanden (Skoglund e.a. 2015).

Dit alles wijst erop dat Amerika het eerst bevolkt is door andere volken en Paleo-indianen die genetisch niet verwant waren aan de huidige *native Americans*. Deze volken vertoonden grote DNA variatie.

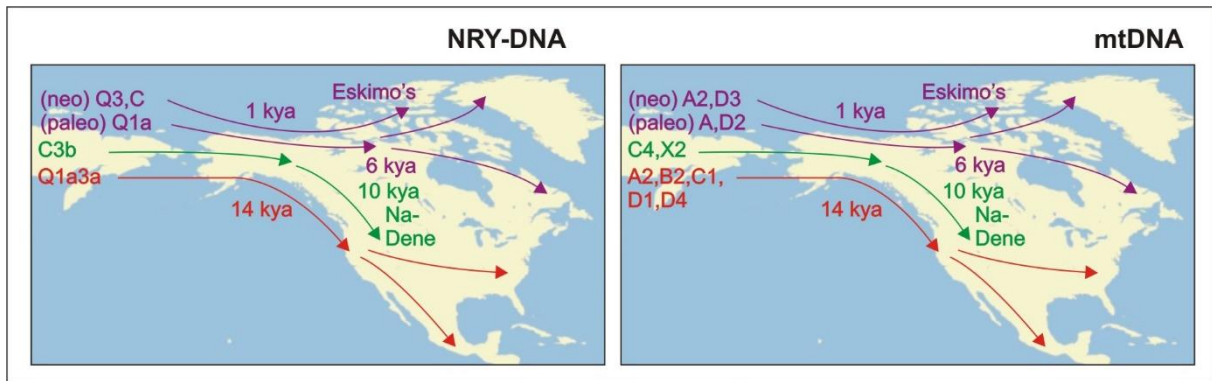
### De restgroep van *native Americans*

**NRY-DNA.** De restgroep van *native Americans* behoort tot een hoofdhaplogroep van het Y-chromosoom: 99,5% van de oorspronkelijke mannen heeft de Q1a3a1-haplogroep (Q-M3) en daarvan afgeleide haplogroepen (Bortolini e.a. 2003, Battaglia e.a. 2013). In noordoost-Amerika hebben veel *native American* mannen de West-Europese R1b-haplogroep. Er was enige discussie of de R1b-haplogroep een oorspronkelijke indiaanse haplogroep was die via Siberië en Alaska in Amerika gekomen was, of dat deze door blanke kolonisten in Amerika gekomen was. Nu meent men dat de R1b-haplogroep van blanken afkomstig was (zie onder 'Kolonisatie')<sup>5</sup>.

**mtDNA.** Bij *native Americans* is het mtDNA veel gevarieerder dan het NRY-DNA. De 4 mtDNA haplogroepen die over heel Amerika voorkomen zijn A2, B2, C1 en D1 (Gonçalves e.a. 2013, Achilli e.a. 2013). Deze haplogroepen zijn al meer dan 40 kya van elkaar gesplitst (Underhill en Kivisild 2007). Tussen stammen *native Americans* is er grote variatie in de frequentie van de afzonderlijke haplogroepen. Daarnaast zijn er nog enkele zeldzamere mtDNA haplogroepen in Amerika: X2a uitsluitend in Noord-Amerika, en D4h3a uitsluitend in Zuid- en Midden-Amerika. De haplogroepen A, B, C, D en X zijn gevonden in skeletten op oude begraafplaatsen in Noord-

<sup>5</sup> Kolonisatie heeft lelijke sporen nagelaten.





Figuur 12. Een schematisch overzicht van de migraties van de belangrijkste NRY-DNA en mtDNA haplotypes bij Amerikaanse volken. Ik hoop dat dit concrete hypothetische schema een aanzet is voor aanvullingen en verbeteringen.

Amerika, uit de tijd voordat er contact was met blanken (Stone en Stoneking 1993, Malhi e.a. 2002). Figuur 12 geeft een schematisch beeld van de verspreiding van de mtDNA haplogroepen over Amerika (figuur van Achilli e.a. 2013).

#### Afstamming van de Na-Dené native Americans

De Na-Dené-taalgroep heeft deels ander DNA dan de bovenbeschreven restgroep. Deze groep heeft NRY-DNA van de haplogroep C3b. Haplogroep C3b komt uit Noordoost-Azië, en komt uitsluitend in Amerika voor (Malhi e.a. 2008). Bij de zuidelijke Na-Dené-native Americans (Apaches en Navajo's) komt meer NRY-DNA haplogroep Q voor door vermenging met andere native Americans.

Het mtDNA van de Na-Dené groep bevatte oorspronkelijk vooral de A2-haplogroep. Dat is vooral bij de noordoostelijke Na-Dené native Americans bewaard gebleven, maar bij de zuidelijke Na-Dené-native Americans (Apaches en Navajo's) is er meer vermenging met andere vrouwen native Americans.

#### Afstamming van de Eskimo's

Ik gebruik het woord 'Eskimo'<sup>6</sup> als verzamelwoord door de mensen die sinds 6 kya Arctisch Siberië, Noord-Amerika en Groenland bewoonden. Er waren twee golven van Eskimo-volken die genetisch verschillend waren (Raghavan e.a. 2014).

**Paleo-Eskimo's** migreerden 6 kya vanuit Noordoost-Siberië naar Arctisch Amerika en Groenland. Zij worden ook wel het 'Dorset-volk' genoemd. Bij hen is de NRY-DNA haplogroep Q1a aangetroffen (Rasmussen e.a. 2010). Bij hen kwamen de mtDNA haplogroepen A en D2a1 voor (Gilbert e.a. 2008, Raghavan e.a.

2014). Rond 1300 stierven de Paleo-Eskimo's uit.

Rond het jaar 0 CE kwamen **Neo-Eskimo's** vanuit Siberië naar Arctisch Amerika; zij waren de voorouders van de huidige Eskimo-volken. Zij worden ook wel het 'Thule-volk' genoemd. Bij de huidige Eskimo's zijn de Amerikaanse NRY-DNA haplogroepen Q3 en C aangetroffen, en vermenging met de Europese haplogroepen R1, F en J (Bosch e.a. 2003). Bij de Eskimo's komen de mtDNA haplogroep A2a, A2b en D3a2a voor (Gilbert e.a. 2008, Perego e.a. 2009, 2010, Raghavan e.a. 2014). De Eskimo's in Groenland vertonen erfelijke aanpassingen aan een dieet met veel omega-3 meervoudig onverzadigde vetzuren (Fumagalli e.a. 2015).

#### Immigratiegolven in Amerika

Er zijn 5 grote immigratiegolven naar Amerika geweest (figuur 12), en vermoedelijk migraties van kleine groepjes.

1. Een vroege golf van Paleo-amerikanen. Vermoedelijk hadden zij een wilde verzameling van NRY-DNA- en mtDNA-haplogroepen die afwijkt van die van de huidige native Americans en Eskimo's, en ook een afwijkend uiterlijk.
2. Een golf van de grote meerderheid van native Americans van ongeveer 15 kya; zij waren geassocieerd met de Clovis-punten.
3. Een golf van native Americans die Na-Dené-talen spraken.
4. Een golf van Paleo-eskimo's.
5. Een golf van Neo-Eskimo's die de voorouders zijn van de huidige Eskimo's.

#### 3.2.3. Europa

##### Oude bevolking van Europa

Al zo'n 1,4 Mya leefden er mensachtigen in Europa, vermoedelijk *Homo erectus* of *Homo*

<sup>6</sup> Zie alinea 'De namen voor Eskimo's' pag. 67.

*ergaster* (Balter 2001, Toro-Moyano e.a. 2013). Zij leefden in Zuid-Europa. Later, rond 500 kya, leefden ook mensachtigen in noordelijk Europa: *Homo heidelbergensis* in Mauer (Duitsland) en Boxgrove (Engeland). De oudste tekenen van menselijke activiteit in Nederland zijn 300 kya: de werktuigen uit de Belvédère-groeve bij Maastricht. Omdat er geen menselijke fossielen gevonden zijn, weet men niet welke mensachtigen deze werktuigen produceerden. Van 180 - 34 kya leefden er Neanderthalers in Europa en in West-Azië; de Neanderthalers zijn waarschijnlijk in Eurazië geëvolueerd uit *Homo heidelbergensis*. De Neanderthalers in de Kaukasus zijn waarschijnlijk gedecimeerd door de uitbarsting van de Campi Flegrei supervulkaan bij Napels (37 kya), terwijl Neanderthalers en Moderne Mensen in Europa hiervan vrij weinig geleden hebben (Golovanova e.a. 2010, Lowe e.a. 2012). Ongeveer 34 kya verdwenen de Neanderthalers in Europa; waarschijnlijk verloren ze de concurrentie met de Moderne mensen. Maar er was enige vermenging met Moderne Mensen, zodat 2 – 5% van het DNA van westerlingen van Neanderthalers komt (hoofdstuk 2.1.).

### Oude theorieën over het bevolken van Europa

De fysisch-anthropoloog Blumenbach (1775) meende dat de eerste mensen in de Kaukasus (Georgië) woonden; dat was een regio waar men toen het Aards Paradijs uit Genesis lokaliseerde. Blumenbach beschouwde de Georgiers als de mooiste mensen. Vanuit de Kaukasus zouden mensen zich verspreid hebben over de aarde, en door invloed van het weer, voedsel en gewoontes veranderde hun uiterlijk (huidskleur, schedelvorm, lichaamslengte e.d.), zodat er uiteindelijk 5 variëteiten onderscheiden konden worden (de Kaukasische of blanke variant, de Mongoolse of gele variant, de Maleise of bruine variant, de Ethiopische of zwarte variant, de Amerikaanse of rode variant). Blumenbach geloofde in de overerving van verworven eigenschappen: door vele generaties tropische zon zou de huid steeds donkerder worden. Volgens hem was het in principe mogelijk dat andere volken onder invloed van de omstandigheden weer het uiterlijk van blanken terugkrijgen. Blumenbach formuleerde als eerste het begrip *Varietas Caucasia*. Omdat hij geloofde in de overerving van verworven eigenschappen van zijn menselijke variëteiten, is het woord 'ras' niet van toepassing. Later noemde de filosoof Meiners (1785) de blanken het '*Kaukasische Rasse*'<sup>7</sup>.

<sup>7</sup> Onderzoek aan het DNA toont dat de volken van de Kaukasus verschillend zijn, en afwijken

Er zijn twee theorieën over het ontstaan van taal en cultuur in Europa.

1. **Volksverhuizingen.** Volgens een theorie heeft een ruitervolk uit de Oekraïense steppen de Indo-Europese talen 6 kya naar Europa gebracht, de 'Kurgan immigratie' (Gimbutas 1956). Volgens een andere theorie zijn landbouwers uit Anatolië (Klein-Azië) 8 kya met hun Indo-Europese taal en hun landbouwtechniek naar Europa gemigreerd (Renfrew 1989).
2. **Culturele aanpassing.** Volgens een andere theorie zijn taal en cultuur niet overgebracht door een migrerend volk, maar zijn ze geleidelijk overgenomen door de aanwezige Europese volken. Maar dan blijven de vragen: door welke volken, en hoe zijn die volken dan in Europa gekomen?

### De talen in Europa

De taalkundige Friedrich von Schlegel (1808) zag overeenkomsten tussen de talen van Europa, Perzië en India; daarom meende hij dat de Europese volken en beschavingen uit Perzië of India afkomstig waren. Hij meende dat het Sanskriet de oertaal was waaruit alle Indo-Europese talen ontstaan zouden zijn. Hij gebruikte hiervoor het woord Arian, dat afgeleid is van het oud-Persische *airya* of *ariya*<sup>8</sup>, wat de oud-Perzen gebruikten als naam voor hun volk (Iran). Geïnspireerd door de leer van Darwin heeft de taalkundige August Schleicher (1863) een stamboom van de Indo-Europese talen gevormd (figuur 1). Bij stambomen van talen spelen dezelfde principes als bij stambomen van volken (Atkinson en Gray 2005). In de stamboom van Schleicher zijn er alleen afsplitsingen, maar talen en dialecten ontlenen elementen aan andere talen en dialecten: er zijn dus ook versmeltingen (Schmidt 1872, hoofdstuk 2.1.).

Er zijn in Europa ook enkele volken met een niet-Indo-Europese taal: de Basken en volken met Oeralische talen, zoals het Fins, het Sami (Laps), het Ests en het Hongaars (Renfrew 1989). Men neemt aan dat deze volken een andere afkomst hebben dan de Indo-Europese meerderheid.

### Fossielen van Moderne mensen in Europa

Sommige vondsten (kiezen en artefacten) wijzen erop dat de eerste Moderne Mensen 45 kya in Europa gekomen zijn (Benazzi e.a. 2011,

van de blanke Europeanen (Barbujani e.a. 1994, Nasidze e.a. 2001, 2003, Bulayeva e.a. 2003, Balanovsky e.a. 2011). Het woord Kaukasiër gebruiken voor blanken is gewoon fout.

<sup>8</sup> Daarvan is het woord 'Ariër' afgeleid, dat door de Nazi's een negatieve klank gekregen heeft.

White en Pettitt 2012, Schmidt e.a. 2013). De oudste artefacten van Moderne Mensen in Europa zijn 43,5 kya; zij zijn gevonden ten noorden van de Alpen, wat toen een koud steppegebied was (Nigst e.a. 2014). De eerste Moderne Mensen van wie in Europa complete skeletten gevonden zijn, noemde men Cro-Magnonmensen. (Iedere naam voor een volk is kunstmatig.) Zij leefden rond 37,5 kya in het Midden-Oosten, maar rond 30 kya hadden zij zich over heel Noord-Afrika en Europa, behalve Spanje verspreid (Currat en Excoffier 2005). Cro-Magnonmensen waren tengerder, en minder gespierd, maar langer dan Neanderthalers. Waarschijnlijk hebben de Cro-Magnonmensen de concurrentiestrijd met de Neanderthalers gewonnen, doordat hun technieken (wapens, kleding e.d.) meer geavanceerd waren. Ze maakten artefacten van de Aurignacien-cultuur. In Europa waren er veel prehistorische en historische vermengingen van volken: *“het grootste deel van West-Europa wordt bewoond door gemengde rassen”* (Broca 1864, p. 18, zie ook Patterson e.a. 2012).

### **NRY-DNA in Europa**

Het NRY-DNA in Europa is gevarieerd.

**Haplogroep R.** De meerderheid van de Europese Y-chromosomen behoort tot de haplogroep R. De R1a- en R1b-haplogroepen zijn zo'n 25 kya gesplitst, waarschijnlijk in het huidige Iran (Underhill e.a. 2015). In West-Europa vinden we vooral de R1b-varianten, en in Oost-Europa vooral R1a. De R1b1b2 (=R-M269) is de meest voorkomende haplogroep in West-Europa (Balaesque e.a. 2010). Deze is rond 10 kya in de Pontische steppe ontstaan. Er waren twee expansies van mensen met de R1b haplogroep. De oudste was 5,5 kya en viel samen met het begin van de bronstijd in de Pontische steppe; dit noemt men de Jamnacu-cultuur (kuilgrafcultuur of okergrafcultuur, *pit grave culture*, *ochre grave culture*). Later was er een expansie van mensen met Y-haplogroepen van 4,8 kya. In Oost-Europa viel dit samen met de touwbekercultuur (ook strijdbijl-cultuur genoemd), en in West-Europa met de klokbekeercultuur (Myres e.a. 2011, Poznik e.a. 2016). Al is het verband tussen haplogroepen en culturen nog speculatief. De R1b haplogroep heeft de andere haplogroepen in West-Europa grotendeels verdrongen. Blanke kolonisten hebben de R1b1b2 haplogroep verder over de aarde verbreid.

**Haplogroep I.** Na de R-haplogroep is de I-haplogroep het meest frequent in Europa. In tegenstelling tot haplogroep R, is haplogroep I vooral beperkt tot Europa. Deze is vermoede-

lijk ontstaan in Europa of West-Azië. In Scandinavië, Noord-Duitsland en Nederland vinden we vooral de I1 haplogroep, en in de Balkan en Oost-Europa vooral I2. In één skelet uit Atapurca (Spanje, 3,5 - 5,5 kya) is haplogroep I2a2a gevonden (Günther e.a. 2015).

**Haplogroep N** komt nagenoeg uitsluitend in Eurazië voor. Hij is waarschijnlijk ontstaan in Noord-Azië (Rootsi e.a. 2007). In Europa is deze vooral frequent in Finland (> 60%) en Noord-Scandinavië (> 30%).

**Haplogroep J** is vermoedelijk ontstaan in het west-Azië. Hij is vooral frequent in het zuidelijk Arabisch schiereiland en in Soedan. Hij is verspreid naar Centraal-Azië en het Middellandse-Zeegebied. In Griekenland, Italië en Andalusië behoort 10 - 30% van de Y chromosomen tot deze haplogroep, maar hij komt ook voor in West-Europa.

**Haplogroep G** is in de Kaukasus ontstaan; in Europa hoort minder dan 10% van de Y-chromosomen tot deze haplogroep.

**Haplogroep H.** In een skelet uit Atapurca (3,5 - 5,5 kya) is haplogroep H2 gevonden (Günther e.a. 2015).

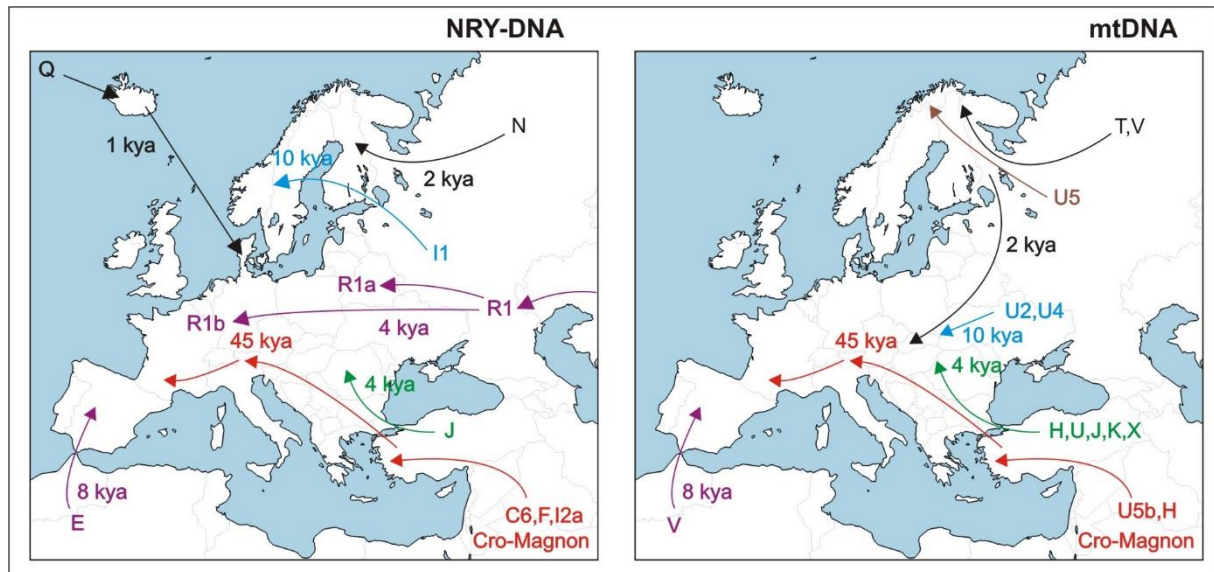
**Haplogroep E** is een karakteristieke Afrikaanse haplogroep; in Zuid-Spanje en Oost-Europa valt 5 -20% van de Y-chromosomen onder deze haplogroep. Haplogroep E is vermoedelijk rond 8 kya met jager/verzamelaars uit Afrika naar Europa gekomen (Battaglia e.a. 2008).

**Haplogroep Q** is een *native American* haplogroep, die vooral voorkomt in Amerika (> 60%), in Oost-Siberië en in Centraal-noord-Siberië. Deze komt ook voor in lage frequenties in IJsland en Noorwegen. Vikingen hebben deze haplogroep naar Europa gebracht.

### **mtDNA in Europa**

Het mtDNA is in Europa gevarieerder dan het NRY-DNA. Na het vertrek uit Afrika splitste haplogroep L3 in de lijnen M en N. Al het oorspronkelijk Europees mtDNA behoort tot lijn N, die splitste tot verscheidene haplogroepen.

**Haplogroep H** is de meest frequente mtDNA haplogroep in Europa. Voor onderzoek aan mtDNA wordt de *'Cambridge Reference Sequence'* als standaard gebruikt; deze hoort tot de haplogroep H2a2a. Cro-Magnons van 28 - 23 kya behoorden vermoedelijk tot haplogroep H (Caramelli e.a. 2003, 2008). In een Spaans graf (Barcelona) van 5,5 kya behoorden 4 van de 11 individuen tot haplogroep H (Sampietro e.a. 2007). In 2 van de 8 de skeletten uit Atapurca (5,5 - 3,5 kya) is haplogroep H3 gevonden (Günther e.a. 2015). Deze haplogroep komt in Europa vooral voor bij de Basken en in



Figuur 13. Een schematisch overzicht van de migraties van de belangrijkste NRY-DNA en mtDNA haplotypes bij Europese volken. Ik hoop dat dit concrete hypothetische schema een aanzet is voor aanvullingen en verbeteringen.

gebieden bij Baskenland, en buiten Europa bij de Toereg en de Imazighen ('Berbers').

**Haplogroep U** is waarschijnlijk in Zuidwest-Azië ontstaan. Vroege Moderne mensen in Oost-Europa waren jager/verzamelaars met mtDNA haplo type U (Bramanti e.a. 2009, Pinhasi e.a. 2012). Een jager/verzamelaar uit Kostenki (Rusland) van 30 kya had haplogroep U2 (Krause e.a. 2010). Europese jager/verzamelaars van 3 - 8 kya hoorden tot de haplogroepen U4, U5a, U5b1 en U5b2 (Bramanti e.a. 2009). Dus ook de oude Europese bevolking vormde geen homogene populatie. Opmerkelijk genoeg is er een recente haplogroep (U5b1b) die voorkomt bij de Sami (Lappen), Imazighen, en in Spanje en Italië (figuur 6, Achilli e.a. 2005). In 3 van de 8 de skeletten uit Atapurca (5,5 - 3,5 kya) is haplogroep U5 gevonden (Günther e.a. 2015). Haplogroep U komt nu nog bij 11% van de blanken voor. De haplogroep U5b1f1a is frequent bij de Basken (Palencia-Madrid e.a. 2017).

**Haplogroep J** is waarschijnlijk ontstaan in Zuidwest-Azië of de Kaukasus; hij komt voor in die gebieden, in Noord-Afrika en bij 12% van de blanken in Europa. In een Spaans graf (Barcelona) van 5,5 kya behoorde 2 van de 11 individuen tot haplogroep J (Sampietro e.a. 2007). In één skelet uit Atapurca (3,5 - 5,5 kya) is haplogroep J1c1b1 gevonden (Günther e.a. 2015).

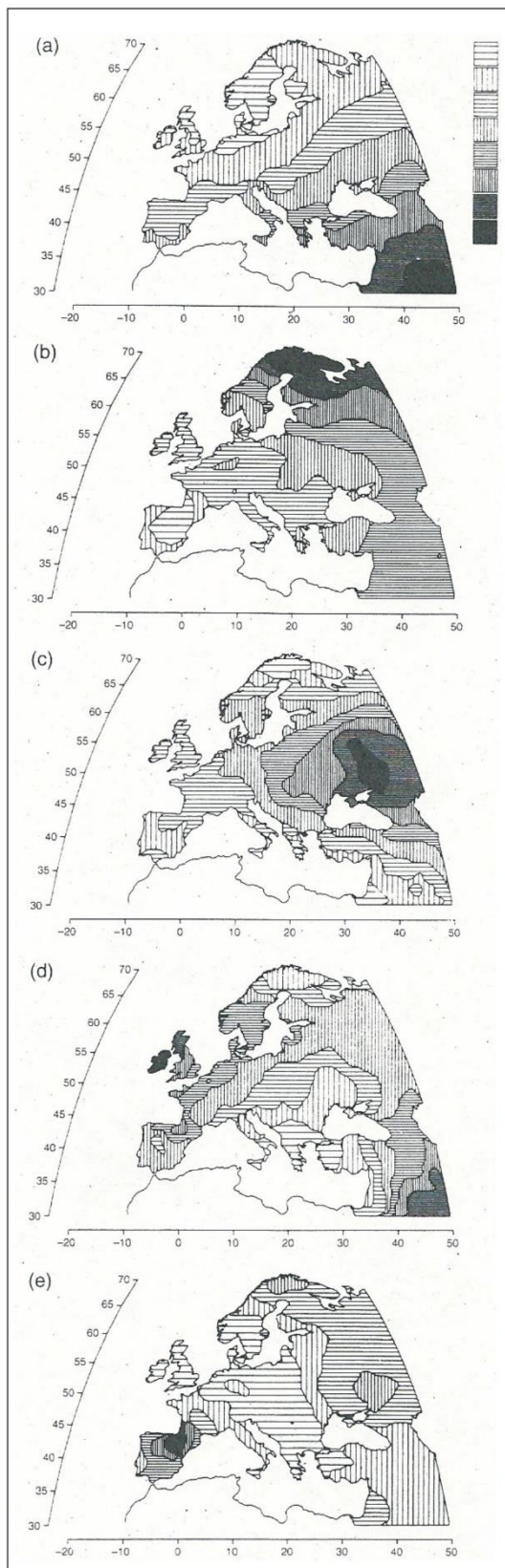
**Haplo type K** komt bij 5 - 10% van de blanken voor. Het is een vrij recente haplogroep, die gevonden is in graven in Syrië en Europa van 8 - 7,3 kya. De beroemde Tiroler ijsmummie, Ötzi, van 5,3 kya had haplogroep K1, maar

een andere variant dan de huidige K1-haplogroepen. In één skelet uit Atapurca (5,5 - 3,5 kya) is haplogroep K1a2b gevonden (Günther e.a. 2015).

**Haplogroep T** is redelijk frequent in Europa; hij komt vooral voor ten oosten van de Baltische Zee.

**Haplogroep X** is een raadselachtige haplogroep. Er zijn twee hoofdgroepen: X1 in Noorden en Noordoost-Afrika en het nabije oosten, en groep X2 in lage frequenties over een veel groter gebied in Europa, Azië en Noord-Amerika. Bij de Druzen in het Nabije Oosten zijn beide varianten vrij frequent: X1 16% en X2 11%. In één skelet uit Atapurca (5,5 - 3,5 kya) is haplogroep X2c gevonden (Günther e.a. 2015). In Amerika komen de haplogroepen X2a en X2g voor, die niet elders gevonden zijn. Haplogroep X komt weinig voor in Noord-Azië; dat is verrassend, want de meeste haplogroepen die in Amerika voorkomen, komen ook in Noord-Azië voor, en zijn via Noord-Azië in Amerika gekomen. Wel komt X2 voor bij de Altay, een Turks volk met weinig leden in Sibirië. Let wel: X2 is vooral frequent in Klein-Azië, wat nu ook vooral bevolkt is door Turken. Is X2 via de Altay in Amerika gekomen, of via een andere route? Door gedetailleerd onderzoek aan haplogroep X in huidig en fossiel materiaal kan men het ontstaan en de verspreiding van deze haplogroep traceren.

**Haplogroep V** is ook een raadselachtige haplogroep. Haplogroep V is vooral frequent bij de Sami (59%); de Imazighen (16%) en de Basken (10%). (Dit lijkt op de verspreiding van mtDNA haplogroep U5b1b, zie boven.) Haplo-



**Figuur 14.** De belangrijkste componenten bij statistische analyse van de genen van veel Europese mensen. De grijs tinten coderen voor erfelijke samenhang = verwantschap (figuur van Cavalli-Sforza 1998).

roep V is zeldzamer bij blanken (4%). Torroni e.a. (2006) hebben voorgesteld dat deze haplogroep in Noordoost-Spanje ontstaan is en vandaar verspreid naar het zuiden (Imazighen) en het noorden (Sami). Door gedetailleerd onderzoek aan haplogroep V in huidig en fossiel materiaal kan men het ontstaan en de verspreiding van deze haplogroep traceren.

**Haplogroep I** is een vrij recente haplogroep die in Europa in lage frequenties voorkomt. Deze is niet aangetroffen in Europese graven uit de steentijd, maar wel in recentere Scandinavische graven (vanaf 3 kya).

**Haplogroep R.** Van haplogroep R is R1a gevonden in Noordwest-Rusland en Polen.

**Haplogroep W** is in Europa en Zuidwest-Azië in lage frequenties aangetroffen. Bij de Koerden in Iran was de frequentie 10%.

Figuur 13 geeft een overzicht van de belangrijkste migraties van het NRY-DNA en het mtDNA naar Europa.

### Autosomaal DNA in Europa

Door vergelijking van zeer veel autosomale genen kan men de gelijkenis tussen volken en tussen gebieden onderzoeken: Cavalli-Sforza (1998) vond in Europa 5 hoofcomponenten (figuur 14), die ik hier bespreek in de volgorde van de hypothetische aankomst in Europa.

1. Men vermoedt dat Spanje tijdens de koudste episode van de ijstijd een toevluchtplaats was voor Moderne Mensen; dit waren jager/verzamelaars. Misschien waren daar ook de nakomelingen van de Cro-Magnon-mensen bij. Ook mensen uit Afrika bereikten Spanje. Na de ijstijd migreerde een deel van deze mensen naar het noorden (figuur 13). Het is nogal speculatief om nu al migraties aan haplotypes te koppelen, maar wellicht betrof dit onder andere NRY-DNA haplogroep E, en de mtDNA haplogroepen H, U en V. Mensen met mtDNA haplogroep H waren in Europa geassocieerd met de Gravettien cultuur (28 kya). (In de analyse van Cavalli-Sforza betrof dit 5% van de variatie.)
2. Na de ijstijd trokken kleine groepjes jagers-verzamelaars waarschijnlijk tussen 11 en 6 kya vanuit de Pontische steppen naar Europa (figuur 13). Wellicht betrof dit onder andere NRY-DNA haplogroepen R en I, en de mtDNA haplogroepen H, U, J en X (Bataglia e.a. 2008). (In de analyse van Cavalli-Sforza betrof dit 11% van de variatie.)
3. Ongeveer 4 kya trok een groep landbouwers uit Klein-Azië (Anatolië) naar Europa (figuur 13). Allerlei gegevens ondersteunen de theorie dat migrerende landbouwers uit Anatolië de landbouw en veeteelt naar Eu-

- ropa hebben gebracht (Chikchi e.a. 2002, Chamberlain e.a. 2007, Sampietro e.a. 2007, Collard e.a. 2010, Pinhasi e.a. 2012). Vooral deze groep heeft bijgedragen aan de huidige Europese bevolking. Wellicht betrof dit onder andere NRY-DNA haplogroepen R en J, en de mtDNA haplogroepen H, U, J en K (Di Giacomo e.a. 2004, Battaglia e.a. 2008, Balaesque e.a. 2010). Men neemt aan dat ze een Indo-Europese taal spraken en aardewerk van de bandkeramische cultuur maakten. Vergelijkend taalonderzoek bevestigt dat het Indo-Europees via Anatolië in Europa gekomen is (Gray en Atkinson 2003, Bouckaert e.a. 2012). (In de analyse van Cavalli-Sforza betrof dit 28% van de variatie; deze migratie lijkt het belangrijkste voor het bevolken van Europa.)
4. Rond 2,5 kya was de bloeitijd van de Griekse cultuur. De Grieken koloniseerden veel gebieden, vooral rond de Middellandse en de Zwarte Zee. Voorlopig kunnen deze migraties niet aan haplogroepen gekoppeld worden. (In de analyse van Cavalli-Sforza betrof dit 7% van de variatie.)
  5. Ongeveer 2 kya trok een groep mensen uit Noord-Siberië naar Noord-Scandinavië (figuur 13). Wellicht waren dit rendierherders, die een Fin-Oegrische taal spraken. Hieruit zijn waarschijnlijk ontstaan de oorspronkelijke Finnen, Sami, Esten en Hongaren. Wellicht hadden zij onder andere NRY-DNA haplogroep H, en de mtDNA haplogroep T en V. (In de analyse van Cavalli-Sforza betrof dit 22% van de variatie.)

### Vermenging in West-Eurazië

Hierboven is getoond dat haplogroepen vanuit allerlei gebieden bijgedragen hebben tot de volken van West-Eurazië. Busby e.a. (2015) geven overzichten van de recente vermengingen in West-Eurazië.

## 4. De variatie bij mensen

### 4.1. Evolutie van rassen en soorten

#### Geleidelijke evolutie

Als planten of dieren van een soort in een groot gebied leven met weinig of geen uitwisseling van genen tussen andere delen van dat gebied, dan ontstaan er nu eenmaal lokale variëteiten. Die verschillen komen door mutaties, selectie en toevallige migratie van allelen ('genetic drift'). Die lokale varianten noemt men rassen, ondersoorten of lokale populaties <sup>9</sup>

<sup>9</sup> Er is in de biologie geen verschil tussen de begrippen 'ras', 'ondersoort' of 'lokale populatie'.

(Mayr 1942, Wilson en Brown 1953), en bij de mens ook etnische groepen. Vaak is er continue overgang van het ene naar het andere ras, maar als er barrières ontstaan (zoals water, bergen of seksuele voorkeuren voor de eigen variant, of een cultureel gebod van endogamie), kunnen er rassen of ondersoorten ontstaan met eigen kenmerken. Rassen of ondersoorten met verschillende kenmerken kunnen gekruist worden zodat er vruchtbare tussenvormen ontstaan. Voor planten, dieren en mensen geldt: "... er is geen zorgvuldige, objectieve definitie van ras, waardoor rassen als exacte, niet-overlappende, discrete eenheden kunnen worden afgegrensd. Zulke criteria bestaan niet, want als ze zouden bestaan, hadden we niet te maken met rassen maar met afzonderlijke soorten." (Dobzhansky 1968, p. 165). Er zijn geleidelijke veranderingen; daarom hebben we te maken met "de inherent subjectieve en zelfs willekeurige aard van de grenzen tussen rassen." (Wilson en Brown 1953, p. 100, Winker 2010).

#### Geleidelijke evolutie van mensenrassen

Er zijn geleidelijke overgangen tussen de mensenrassen: "één variëteit mensen gaat zo geleidelijk over in een andere variëteit dat je geen strikte grenzen tussen hen kunt trekken." (Blumenbach 1775). Darwin benadrukte de geleidelijke veranderingen binnen een soort: geleidelijke verandering is een essentieel element in zijn evolutietheorie. Hij sprak meerdere malen over de 'zogenaamde rassen van de mens'; daarmee benadrukte hij dat er geen scherpe grenzen tussen groepen mensen zijn, en dat er voortdurend vermenging is tussen de zogenaamde rassen. Daarom is het ook een zinloze vraag hoeveel mensenrassen er zijn. "Maar het meest zwaarwegende argument tegen de visie om de mensenrassen als afzonderlijke soorten te beschouwen, is dat zij geleidelijk in elkaar overgaan, en zover we kunnen beoordelen, komt dat niet doordat ze onderling gekruist zijn. De mensheid is uitgebreider bestudeerd dan enig ander organisme, maar toch is er de grootst mogelijke tegenstelling tussen capabele onderzoekers, of de mensheid geclassificeerd moet worden als één enkel soort of ras, of als 2 (Virey), als 3 (Jacquinot), als 4 (Kant), 5 (Blumenbach), 6 (Buffon), 7 (Hunter), 8 (Agassiz), 11 (Pickering), 15 (Bory St. Vincent), 16 (Desmoulins), 22 (Morton), 60 (Crawford), of als 63 (Burke). Deze verschillen van mening bewijzen niet dat de rassen niet als soorten beschouwd moeten worden, maar ze tonen dat de rassen geleidelijk in elkaar overgaan, en dat het nauwelijks mogelijk is een duidelijk onderscheidende eigenschap te ontdekken." (Darwin 1871, p. 226). Er was

discussie of er 2 of 63 mensenrassen zouden zijn (Ripley 1899, 1900, Deniker 1900), maar hoeveel grenzen men trekt in continue variatie is arbitrair.

### **Homo sapiens is één soort**

Auteurs zoals Haeckel (1868), De Lapouge (1899), Grant (1916), Hitler (1927) en Coon (1962), benadrukten de verschillen tussen mensenrassen. Maar Darwin (1859, 1871) toonde geleidelijke overgangen en continuïteit tussen mensenrassen. *“In een reeks vormen die geleidelijk overgaan van een mensaapachtig wezen naar de huidige mens, is het onmogelijk één punt vast te stellen waar het woord ‘mens’ gebruikt moet worden. Maar dat is niet belangrijk<sup>10</sup>. Opnieuw: het is irrelevant of de zogenaamde rassen van de mens als ‘ras’ benoemd worden, of als ‘soort’ of ‘ondersoort’, al lijkt de laatste term het meest gepast.”* (Darwin 1871, p. 235). Sinds mensenheugenis is bekend dat mensen van allerlei verschillende rassen onderling nakomelingen kunnen krijgen; die nakomelingen leken normaal vruchtbaar te zijn. Men gaat er algemeen van uit alle mensen leden van één biologische soort zijn, *Homo sapiens*; er zijn geen aanwijzingen voor het tegendeel (Dobzhansky 1962). *Homo sapiens* noem ik hier ook wel 'Moderne Mens', of simpel 'mens'. Al lang geleden zijn volken van mensen uit elkaar gegaan, maar er bleef uitwisselingen van genen tussen allerlei volken.

## 4.2. Rasvermenging bij de mens

### **Vermengingen met andere Hominiden**

Ras- en soortvermenging is ouder dan *Homo sapiens*. DNA-onderzoek toonde aan dat er enige (maar niet veel) vermenging is geweest van *Homo sapiens* met *Homo erectus*, Denisova-mensen, Neanderthalers en archaische Afrikaanse mensen (Hammer 2013, Mendez e.a. 2013, Wall e.a. 2013). Het is onbekend welke Hominiden onderling kruisbaar waren, hoewel ze een binominale Latijnse soortnaam gekregen hebben, alsof ze afzonderlijke soorten zijn. Daarom heb ik in figuur 10 van hoofdstuk 2.1. een geleidelijke overgang tussen alle Hominiden geschetst.

### **Prehistorische vermengingen**

De gegevens over de verspreiding van mtDNA en NRY-DNA over allerlei volken toont dat alle onderzochte volken de nakomelingen zijn van

vermeltingen tussen allerlei andere volken (Patterson e.a. 2012). En deze volken waren nakomelingen van vermeltingen tussen allerlei mannelijke en vrouwelijke lijnen (Günther e.a. 2015). Dat heeft gevolgen voor bespiegelingen over de variatie van mensen, en over rassen en etnische groepen. Ik presenteer enkele voorbeelden. De mensen op Madagaskar zijn het gevolg van een vermenging van mannen van vooral Bantoe-afkomst met vrouwen van vooral Indonesische afkomst (Tofanelli e.a. 2009, Cox e.a. 2012). In Noordwest-China rond de Zijderoute was er al rond 4 kya vermenging van Oost-Aziatisch en West-Europese erfelijk materiaal (Li e.a. 2010). Op basis van vergelijking van eiwitten concludeerden Cavalli-Sforza e.a. (1988) dat de Sami het product zijn van een oude vermenging van een meerderheid blanken en een minderheid Oost-Aziaten. De Canarische eilanden waren oorspronkelijk bevolkt door Imazighen ('Berbers'), maar blanke kolonisten hebben de oorspronkelijke mannen verdrongen, en de blanke mannen verwekten kinderen bij de Imazighenvrouwen (Fregel e.a. 2009). Details van de afstammingslijnen van mannen en vrouwen zijn verschillend. In de regel vormen volken een mozaïek van allelen en haplogroepen.

### **Kolonisatie**

In verschillende gebieden hebben kolonisten hun nakomelingen nagelaten. In de regel waren het mannelijke kolonisten die kinderen kregen bij inheemse vrouwen. Die 'halfbloeden' waren uiterlijk herkenbaar. Vaak bleven ze in hun geboorteland, en soms gingen ze met hun vader naar zijn geboorteland.

In de koloniale tijd verwekten Nederlandse mannen bij Indonesische vrouwen kinderen, die 'Indische Nederlanders' of 'Indo's' genoemd werden. Naar schatting betrof dit 200.000 nakomelingen. Na de onafhankelijkheid van Indonesië bleef een deel van hen in Indonesië en een deel migreerde naar Nederland. Daardoor werd de genetische samenstelling van Indonesië en Nederland veranderd.

Tot ieders verrassing hadden veel *native Americans* in Noordoost-Amerika een Y-chromosoom van blanken (R1b), soms in een hoge frequentie: Ojibwe 79%, Chipewyan 62%, Seminole 50%, Cherokee 47%, Dogrib 40% en Papago 38% (Malhi e.a. 2008). Het was wel bekend dat veel mannen *native Americans* door blanken gedood waren, maar het was niet bekend dat de blanken veel kinderen verwekt hadden bij vrouwen *native Americans* (Hammer e.a. 2006, Bolnick e.a. 2006, Malhi e.a. 2008). De mannen *native Americans* met een Europees Y-chromosoom hadden het uiterlijk van een *native American*, zij beschouwden

<sup>10</sup> Darwin zegt hier dus expliciet dat hij het irrelevant vindt welke variant in een evolutiereeks naar de mens voor het eerst 'mens' genoemd wordt. Ik ben het met hem eens.

zichzelf als volbloed *native American*, en wisten niets van hun deels blanke voorgediedenis. Van de 134 *native Americans* van wie de onderzoekers aangetoond hadden dat ze een Europees Y-chromosoom hadden, meende 98% dat ze volbloed *native Americans* (*self-identified race/ethnic identity*, SIRE) waren (Bolnick e.a. 2006).

### Slavernij en rasvermenging

Het houden van slaven is zo oud als de beschaving. Volgens Aristoteles waren sommige volken 'slaven van nature' voor de Griekse slavenhouders. Volgens Aristoteles waren ook midden- en noord-Europese volken 'geboren slaven' (Politics I, ch. 3-4 en Nicomachean Ethics VII). In de regel was er vruchtbaar seksueel contact tussen slavenhouders en slavinnen. In het westen associeert men slavernij vooral met het houden van zwarte slaven door blanke slavenhouders in Amerika. Van 1600 - 1850 hadden blanke grondbezitters in Amerika zwarte slaven. Zij verwekten kinderen bij hun slavinnen. Bij 9% - 45% van Afro-Amerikaanse mannen in de afzonderlijke staten in de USA was het Y-chromosoom van blanke afkomst<sup>11</sup>. Ook omgekeerd, maar op kleinere schaal, hebben blanke vrouwen bijgedragen tot het mtDNA van Afro-Amerikanen; van 0% tot 15% van de Afro-Amerikaanse vrouwen in de USA hadden mtDNA van blanke afkomst (Parra e.a. 1998). Soms konden de slaven aan hun lot ontsnappen. In de Guyana's vluchtten verscheidene slaven naar het oerwoud, waar ze gemeenschappen van ontsnapte slaven stichtten: marrons<sup>12</sup>. Bij de marrons in Frans Guyana was er nauwelijks menging met andere volken: het mtDNA was voor 99% Afrikaans en het Y-chromosoom voor 98% (Brucato e.a. 2010). Het andere uiterste is de Afro-Venezolaanse gemeenschap in Birongo, waar het mtDNA 100% Afrikaans was en het Y-chromosoom voor 93% Europees (Bortolini e.a. 1999). Bij een gemengde gemeenschap in het Amazone-gebied was het Y-chromosoom voor 54% Afrikaans, voor 41% Europees, en voor 5% Amerikaans; het mtDNA was voor 47% Amerikaans, en voor 53% Afrikaans (Palha e.a. 2011).

### De gevolgen van rasvermenging

Voor de medisch/biologische gevolgen van rasvermenging kan men denken aan:

- **Outbreeding depression.** Bij kruisingen tussen te ver verwante groepen is het nageslacht zwakker of onvruchtbaar. Een mild

voorbeeld hiervan bij mensen wordt elders getoond (hoofdstuk 5.2.).

- **Heterosis.** Bij het kruisen van planten- of dierenrassen zijn de nakomelingen vaak gezonder of sterker dan de individuen uit de oorspronkelijke 'zuivere' rassen (Shull 1914, 1948, Lamkey en Edwards 1999).

Onder andere De Gobineau (1853), Grant (1916), Davenport (1917) en Hitler (1927) meenden dat het 'blanke ras' erfelijk superieur was. Daarom meenden zij dat vermenging van blanken met andere rassen tot degeneratie leidt van het 'blanke bloed'. Darwin (1871) daarentegen zag geen negatieve gevolgen van rasvermenging, maar dat was toen niet grondig onderzocht. Bij het bestuderen van de gevolgen van rasvermenging spelen de vragen: hoeveel kinderen worden er geboren en hoe gedijen die gemengde nakomelingen?

1. Het aantal kinderen van interracial paren is in de USA onderzocht, waarbij de volgende 'rassen' werden onderscheiden: *white, black, Asian Indian, Chinese, Filipino, Mexican* en *Puerto Rican* (Fu 2008)<sup>13</sup>. Vaak hadden de koppels tussen rassen gemiddeld evenveel kinderen als de koppels binnen één ras, maar soms meer en soms minder. In het algemeen schreef men verschillen toe aan sociale factoren.
2. Bij het beoordelen van gezondheid en gedrags- en intellectuele eigenschappen van hybriden zijn meestal de gevolgen van erfelijkheid en discriminatie niet te onderscheiden. Het sociaal gedrag van hybriden tussen allerlei rassen in de USA is onderzocht. De hybriden scoorden ongeveer even goed als de lijnen van hun ouders op de ontwikkeling van hun identiteit, geluk, schoolprestaties, omgang met vriendjes en gevoel van eigenwaarde, maar ze vertoonden iets meer probleemgedrag (Shih en Sanchez 2005). "*Wat betreft rasvermenging, wijst alles erop dat vermenging tussen rassen al lange en onbepaalde tijd voorkomt. [...] Er zijn geen betrouwbare aanwijzingen dat rasvermenging leidt tot ongewenste effecten (afgezien van discriminatie) en daarom is er geen biologische rechtvaardiging om rasvermenging te verbieden.*" (Unesco 1952, p. 14, p. 64).
3. Er zijn zowel 'raciaal' als religieus gemengde huwelijken. Bij beide typen gemengde huwelijken, komt meer echtscheiding voor dan bij meer homogene huwelijken (Jones 1996, Kalmijn e.a. 2005).

<sup>11</sup> Slavernij heeft lelijke sporen nagelaten.

<sup>12</sup> Ook 'Bosnegers' genoemd, maar dat is, politiek incorrect.

<sup>13</sup> Iedere indeling van mensen is kunstmatig, maar sommige categorieën (zoals *Mexican* en *Puerto Rican*) zijn vreemder dan andere.



**Does race exist?**

*“De meeste (antropologen) verwerpen nu de traditionele Westerse opvatting van ras als afgegrensde, identificeerbare biologische groepen, en ze verwerpen het gebruik ervan als kwetsend.”* (Sauer 1992). Verscheidene sociaal wetenschappers claimen dat bij de mens 'rassen niet bestaan' (Montagu 1942, 1964, Lewontin 1972). De eerste vraag is dan: wat bedoel je met 'bestaan'? Je kunt een ontologisch stelsel kiezen, waarbij het predicaat 'bestaan' van toepassing is op abstracties, zoals Plato deed met zijn 'ideeën'. Of je kunt een stelsel kiezen, waarbij het predicaat 'bestaan' van toepassing is op dingen, zoals Aristoteles deed. In het denkkader van Plato bestaan rassen wel, maar in het denkkader van Aristoteles niet. In navolging van Aristoteles kiezen Mario Bunge (1979) en ik een ontologische stelsel waarin het concept 'bestaan' van toepassing is op concrete dingen in een bepaalde tijd. Dit stelsel sluit het best aan bij de natuurwetenschap (zie hoofdstuk 1.). (Natuurlijk is iedere lezer vrij om een ander ontologisch stelsel te kiezen, maar de gedachtewisseling wordt wel bevorderd als de deelnemers hun ontologisch stelsel specificeren.)

Als we dit toepassen op het abstracte begrip ras en concrete levende organismen, is de conclusie als volgt. Ras is een abstract begrip, dus in die zin bestaat ras niet. Hondenrassen bestaan niet, maar rashonden bestaan nu wel, maar niet 100 kya. Mensenrassen bestaan niet, maar blanken en 'blacks' bestaan nu wel in de volgende betekenissen: (1) er leven nu mensen die zichzelf 'black' of 'blanke' noemen (SIRE), (2) er leven nu mensen die door anderen als 'neger' of 'blanke' worden beschouwd en benoemd, (3) er leven nu mensen die het een belediging vinden als anderen hen 'neger' noemen, en (4) er leven nu mensen die het woord 'neger' uit woordenboeken willen schrappen, in de hoop daardoor discriminatie onmogelijk te maken. Vroeger, 400 kya, was *Homo sapiens* nog niet gedifferentieerd tot de huidige volken ('rassen'), maar waarschijnlijk wel tot varianten die we nu niet meer zouden herkennen.

Maar dit alles is niet goed genoeg. Genen, allelen of haplotypes zijn definieerbare dingen. Maar groepen mensen zijn niet afgrensbaar of definieerbaar. De namen voor die groepen zijn dus triviaal. Groepen mensen zijn sociale constructies, maar wel constructies met grote consequenties, zoals het vormen van bondgenootschappen, en voor het al dan niet voortbestaan van die groepen.

4. De gevolgen van uitteelt tussen blanke mensen op de vruchtbaarheid is onderzocht bij zeer grote aantallen mensen (hoofdstuk 5.2.). Het blijkt dat bij enige uitteelt (intecoëfficiënt kleiner dan 0,001) de vruchtbaarheid afneemt; die afname is consistent (en statistisch significant), maar de afname is zo klein (10%) dat het in het dagelijks leven te verwaarlozen is. Er is geen reden om huwelijken tussen de verst-verwante mensen te ontraden.

Vanaf 1692 golden in verscheidene staten in de USA wetten waardoor rasvermenging verboden werd. Nu dit verbod sinds 1967 voor de hele USA is opgeheven, zijn huwelijken tussen mensen van verschillende rassen in de USA frequenter geworden (Fu 2008).

#### 4.3. Overeenkomsten en verschillen tussen rassen

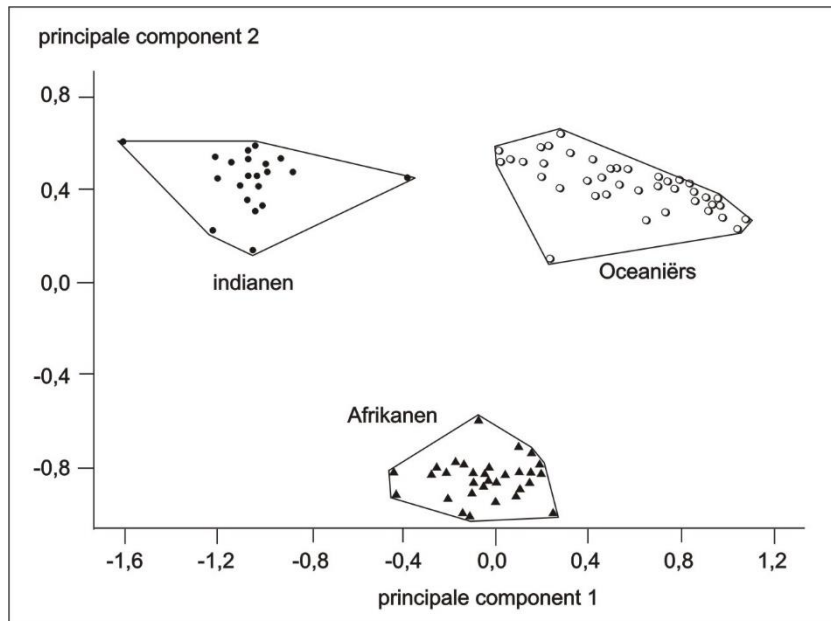
##### **Verschillen tussen en binnen 'rassen'**

Lange tijd dacht men dat de indeling van mensen in rassen wetenschappelijk onderbouwd kon worden (Blumenbach 1775, Haeckel 1868, Ripley 1899, Deniker 1900, Grant 1916, Coon 1962).

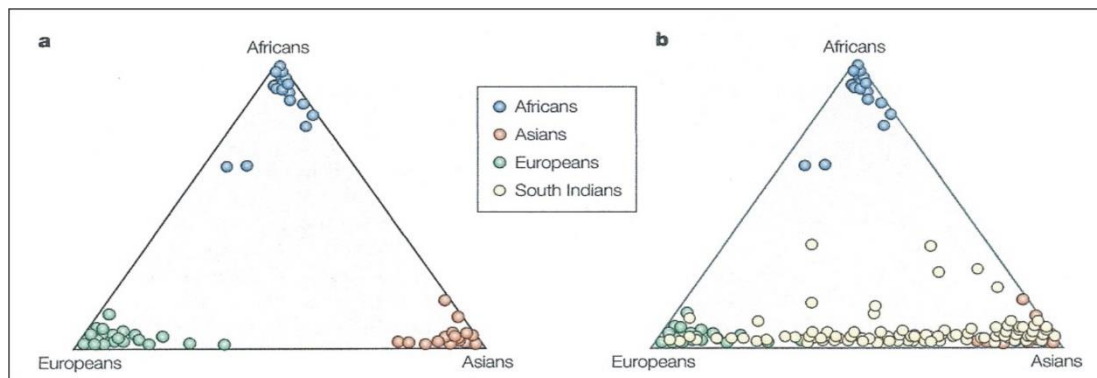
*“Het is altijd duidelijk geweest dat organismen verschillend zijn, zelfs voor de pre-darwinistische idealisten, die variatie tussen individuen opvatten als mismaakte varianten op een ideale vorm. Ook voor post-darwinisten, die variatie tussen individuen opvatten als kernelement van de evolutie, is het duidelijk dat individuen voorkomen in clusters, die we populaties, rassen of soorten noemen, wat het gevolg is van natuurlijke selectie die inwerkt op de variatie tussen individuen.”* (Lewontin 1972, p. 381).

Vervolgens bestudeerde Lewontin de variatie in 17 eiwitten bij veel volken verspreid over 7 'hoofdrassen'. De meeste variatie (85%) was binnen de populaties, 8% binnen een ras, en 6% tussen de rassen. De biologische conclusie van Lewontin was: *“Het is duidelijk dat we relatief grote verschillen waarnemen tussen rassen en subgroepen van mensen, vergeleken met de variatie binnen deze groepen.*

*Maar dat is een bevooroordeelde waarneming, terwijl menselijke rassen en populaties opmerkelijk gelijkaardig zijn, als men let op random gekozen erfelijke verschillen. Het grootste deel van de variatie komt door verschillen tussen individuen.”* (Lewontin 1972, p. 397). Lewontin stelde voor om bij mensen het woord 'ras' en alle verwijzingen naar 'rassen' te vermijden.



Figuur 15. De resultaten van principal component analysis van bloedeiwitten van Afrikanen, native americans en Oceaniërs (figuur van Mitton 1978, hertekend).



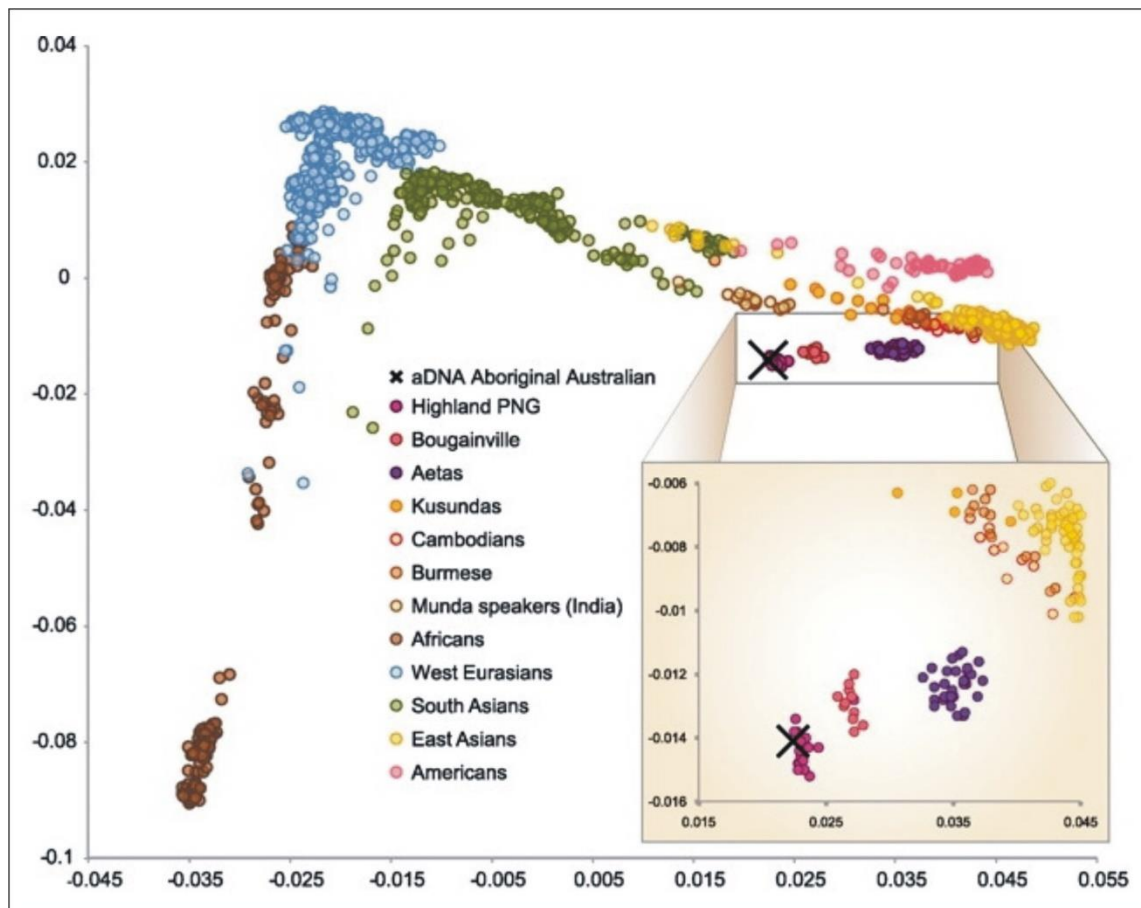
Figuur 16. De resultaten van principal component analysis van Alu-insertions. A. Data van Afrikanen, Aziaten en Europeanen. B. Als A, maar nu zijn data van Indiërs toegevoegd. (Figuur van Bamshad e.a. 2004.)

### Toch biologisch verschil tussen rassen?

Er is kritiek gekomen op het standpunt van Lewontin (Mitton 1977, 1978, Edwards 2003). Als men weet dat een bepaalde mutatie bij een volk is ontstaan, is de aanwezigheid van die mutatie een eenduidig teken voor afkomst van dat volk. In het NRY-DNA wijst het Amerikaanse-motief (Q1a3a) eenduidig naar Amerikaanse afkomst en het West-Europese motief (R1b1b2) naar West-Europese afkomst. In het mtDNA wijst het Polynesische-motief (B4a1a1) eenduidig naar afkomst uit Oceanië. Let wel: (1) dit verwijst naar gebieden van afkomst, maar niet naar lidmaatschap van een volk; bijvoorbeeld blanke kolonisten hebben het West-Europese NRY-DNA motief over veel volken verspreid. Bovendien: (2) afwezigheid van die

mutatie pleit niet tegen lidmaatschap van dat volk. Toen men afzonderlijke traditionele genen bestudeerde, kon men inderdaad geen rassen identificeren, maar toen men gelijktijdig de varianten in meerdere genen bestudeerde, kon dat wel<sup>14</sup>. Mitton (1978) onderzocht bloedeiwitten in 92 populaties van Afrikanen, *native Americans* en Oceaniërs (figuur 15). Hij kon rassen differentiëren zonder overlap uitsluitend op basis van bloedeiwitten, maar hij merkte wel op dat de figuur complexer wordt, als meer rassen worden ingesloten. Ook anderen kregen met deze methode clusters zonder overlap (Excoffier e.a. 1987, Edwards 2003).

<sup>14</sup> *Principal component analysis* (Hedrick 1971).



Figuur 17. De resultaten van *principal component analysis* van het hele genoom van mensen van veel verschillende volken. (Figuur van Rasmussen e.a. 2011.)

Bamshad e.a. (2004) onderzochten genetische variaties die veel bij mensen voorkomen (Alu-inserties). In een figuur met Afrikanen, Europeanen en oost-Aziaten zijn er strikt gescheiden clusters (figuur 16A), maar als men ook gegevens van Indiërs opneemt, vallen hun datapunten tussen en samen met die van de Europeanen en de oost-Aziaten (figuur 16B). In deze analyse bij deze groepen is er dan wel veel overlap. Inmiddels heeft men grote delen van het genoom onderzocht (*genome-wide association studies*, GWAS) bij zeer veel volken, en dat levert plaatjes op waarbij lokale populaties netjes clusteren en gescheiden zijn van andere populaties (figuur 17, Schuster e.a. 2010, McEvoy e.a. 2010, Rasmussen e.a. 2010, 2011, Jinam e.a. 2012). Er was discussie of bij zo'n analyse vooral clusters gevonden worden op basis van afstamming of op basis van afstand tussen leefgebieden.

- Als er relatief veel vermengingen tussen volken is, worden de clusters vooral bepaald door afstanden van de leefgebieden.
- Als er weinig vermengingen tussen volken is, worden de clusters vooral gevormd door afstamming.

In zuidelijk Afrika leven de Khoikhoi, !Kung en Bantoe naast elkaar met enige vermenging, maar toch werden in de analyse deze volken uitgesplitst (Schuster e.a. 2010). Voor dergelijk onderzoek moet men twee types keuzes maken. (1) Welke genen onderzoekt men? Men kan genen selecteren waarop men het duidelijkst verschil tussen rassen verwacht, of men kan willekeurige genen bestuderen. Om duidelijk groepen te onderscheiden heeft men veel meer willekeurige genen nodig dan speciaal geselecteerde genen (120 willekeurig vs. 20 geselecteerd, Risch e.a. 2002). En (2) van welke individuen onderzoekt men de genen (zie volgende alinea)?

#### 'Ras' als evolutie-stadium

In het algemeen geldt dat er geleidelijke overgangen tussen mensenrassen zijn, en dat er altijd rasvermenging is geweest. Hoe is het dan mogelijk dat met *principal component analysis* netjes gescheiden clusters gevonden worden, zoals in de figuren 15-17? Als binnen een soort lokale populaties gedurende een aantal generaties min of meer geïsoleerd evolueren, worden die populaties erfelijk en uiter-

lijk verschillend van elkaar. Die verschillen zijn er al voordat er voortplantingsbarrières zijn. Er ontstaan uiterlijk herkenbare lokale populaties, voordat er discrete soorten ontstaan zijn. We zien hier dus evolutie in werking. Excoffier e.a. (1987) melden expliciet dat zij hun proefpersonen hebben geselecteerd op raszuiverheid ('*ethnic homogeneity*')<sup>15</sup>. Omdat ik vermoedde dat dit ook voor andere publicaties gold, heb ik daar navraag naar gedaan; daartoe moest ik 'raszuiverheid' operationaliseren. "*U presenteert een figuur, zoals ik die zou verwachten als de individuen die de data leverden, geselecteerd zijn op 'zuiverheid', hetzij op het karakteristieke uiterlijk van hun etnische groep, of dat zij claimen alleen voorouders van hun etnische groep te hebben, of dat zij en hun voorouders lange tijd in hetzelfde gebied hebben geleefd. Als de individuen die de data leverden, het product van rasvermenging waren, zou ik veel meer overlap tussen de data-punten verwachten. [...] Is mijn gok correct dat voor deze analyse individuen geselecteerd zijn die relatief 'zuivere' representanten van hun groep zijn.?*" Mait Metspalu uit de groep van Rasmussen en Stephan Schuster bevestigden dat mijn vermoeden juist was (Schuster e.a. 2010, Rasmussen e.a. 2010, 2011). Als je de analyse baseert op individuen die generaties lang geïsoleerd hebben geleefd, of op individuen die geselecteerd zijn op 'raszuiverheid', krijg je afzonderlijke clusters als uitkomst. Dan moet men niet de conclusie trekken dat 'rassen bestaan' (als men überhaupt al kan zeggen wat men daarmee bedoelt, zie tekstkader '*Does race exist?*'). Wel kan men zeggen dat evolutie binnen een soort leidt tot verschillende lokale populaties, met soms tussenvormen en de mogelijkheid tot latere versmelting, voordat er nieuwe soorten zijn ontstaan. Als volken relatief geïsoleerd evolueren, ontstaan al binnen een tijdsbestek van 100 generaties (2000 jaar) zulke verschillen dat er verschillende clusters ontstaan bij *principal component analysis*. Die clusters kunnen gevonden worden, al lang voordat er voortplantingsbarrières zijn.

#### **Self-identified race/ethnicity - SIRE en DNA**

Voor een onderzoek konden 3636 mensen in de USA kiezen tot welk ras zij zichzelf rekenden (SIRE). Ze konden kiezen uit de rassen/etnische groepen *Caucasian (non-Hispanic white)*, *Afro-American (non-Hispanic black)*, *Hispanic ('Mexican')*, *Chinese*, *Japanese* en '*other*', terwijl *native-Americans* niet voorkwa-

men in dit onderzoek<sup>16</sup>. Het eigen oordeel werd vergeleken met DNA-markers, die in dit geval voor meer dan 99% overeenstemden met het SIRE (Risch e.a. 2002, Tang e.a. 2005). Een gelijkaardig onderzoek is verricht aan meer dan 100.000 personen afkomstig van allerlei gebieden, waarvan 93,8% zich tot één etnische groep rekende, en 6,2 tot twee of meer etnische groepen. Bij *principal component analysis* ontstonden er verscheidene groepen, maar met overlap (Banda e.a. 2015). De conclusie is NIET dat deze indeling in 'rassen' bevestigd wordt door biologische gegevens, maar de conclusie is dat mensen in een cultuur zichzelf en anderen indelen zoals die cultuur dat voorschrijft, en dat zo'n SIRE meestal overeenstemt met een geselecteerde reeks DNA-markers. Maar met andere DNA-markers zoals NRY-DNA komt men soms uit bij een ander ras dan het SIRE (zie sectie 4.6.)

#### 4.4. Eliminaties

##### **Eliminatie van volken en haplotypes**

Hierboven is een nogal positieve beschrijving gegeven van het ontstaan van volken. In hoofdstuk 2.1. zijn verscheidene Hominiden benoemd, die nu niet meer leven. Het is onduidelijk of zij vooral uitgestorven zijn of geëvolueerd tot andere soorten/variëteiten. In de tekst is terloops genoemd dat in verscheidene gebieden oudere bewoners of oudere haplotypes 'verdwenen' zijn. Dat geldt voor Europa, Nieuw-Guinea, Zuid-Amerika en de Paleo-Eskimo's. Het is de vraag of deze 'verdwenen' volken nog DNA-resten hebben nagelaten in de nog levende mensen, zoals ook de 'uitgestorven' Neanderthalers DNA in de huidige mensen hebben nagelaten. Maar in het algemeen geldt dat het uitsterven van volken<sup>17</sup> onderdeel van de geschiedenis van de mensheid is (zie ook hoofdstuk 6.2.).

Hierboven is een nogal positieve beschrijving gegeven van het ontstaan van nieuwe haplotypes. Maar met het verdwijnen van volken verdwijnen ook allelen. Hierboven is ook gemeld dat mannen van een kolonisor kinderen verwekten bij de oorspronkelijke bevolking. Daarbij werden de allelen van de oorspronkelijke bevolking gereduceerd of geëlimineerd, terwijl het oorspronkelijke volk als volk bleef bestaan. Dat zagen we hierboven bij nakomelingen van *native African* slaven, *native Americans* in

<sup>15</sup> Hetzelfde geldt voor het onderzoek van Cavalli-Sforza e.a. (1988).

<sup>16</sup> Iedere indeling van mensen is kunstmatig, maar sommige categorieën (zoals *Hispanic*) zijn vreemder dan andere.

<sup>17</sup> Het uitroeien van buurvolken is ook onderdeel van de lotgevallen van chimpansees (hoofdstuk 6.2.).

Noordoost-Amerika, Austronesiërs in Madagaskar, de negrito-volken in de Filipijnen, en bij Imazighen op de Canarische eilanden.

Het verdwijnen van volken en allelen is normale evolutie. Soms gaat 'normale evolutie' gepaard met discriminatie, onderdrukking, geweld of volkenmoord.

#### 4.5. Vermenging van volken

##### Chauvinisme

Het zit in de aard van veel mensen om te denken in tweedelingen: 'wij' en 'de anderen'. Mensen hebben positieve vooroordelen over de eigen groep, en negatieve vooroordelen over de anderen. Speciaal als er groepen worden onderscheiden op basis van afstamming of 'ras', leidt dat tot gevoeligheden, omdat vernedering van 'de anderen' gebruikelijk is, en men niet van afstamming kan veranderen.

##### Hoe benoemen we halfbloeden?

Als er rasvermenging is, is het de vraag hoe men de nakomelingen benoemt. In situaties dat men te maken had met slechts twee deelnemende 'rassen', zijn daar wel pogingen toe ondernomen.

**Blank vs. Zwart.** Bij vermengingen tussen 'blanken' en 'zwarten' in de USA kwam men tot het volgende schema (Brown 2001, p. 16).

Fractie 'zwart bloed'	'ras'
< 1/8 (= 0)	white
1/8	octoroon
1/4	quadroon
1/2	mulatto
3/4	griffe
7/8	scata
> 7/8 (= 1)	negro

In de praktijk rekende men iemand met 1/8 of meer 'zwart bloed' tot de 'blacks'. En iemand met 1/8 of minder 'zwart bloed' tot de 'blanken'. Deze indeling is gemaakt door blanken en uit de indeling blijkt hun racisme. Een neutraal persoon zou iemand die half blank en half zwart is, als een halfbloed beschouwen, en mensen die meer dan half blank zijn, als blank. In een sfeer van rassendiscriminatie vroegen mensen zich af of ze wel 'blank genoeg', en of ze niet 'te zwart' zouden zijn. Het dominante 'ras' wilde de eigen 'raszuiverheid' benadrukken en halfbloeden zoveel mogelijk benoemen als afwijkend.

**Duitsers vs. Jood.** De Nazi's wilden de Joden zoveel mogelijk elimineren. Onderdeel daarvan waren de rassenwetten van Neurenberg uit 1935. Daarin werd vastgelegd wie 'Duitsers' en wie 'Jood' was, en welke huwelijken toegestaan waren. Zij gebruikten voor het onder-

scheid tussen 'Duitsers' en 'Joden' een gelijkwaardig schema als hierboven voor het onderscheid tussen blanke en zwarte. Mensen met 25% of meer 'joods bloed' op basis van afstamming werden als 'Jood' beschouwd. Zolang we met slechts twee 'rassen' te maken hebben, kan je nog zeggen 50% is halfbloed, < 50% is het ene 'ras', en > 50% is het andere 'ras'. Maar zo eerlijk en zo logisch delen mensen anderen niet in. In de praktijk hebben we met veel verschillende 'rassen' te maken, en dan wordt het onmogelijk de halfbloeden te benoemen. Gegeven alle eerdere rasvermengingen, is een logische naamgeving van 'halfbloeden' onmogelijk. Er zijn dus goede redenen om niet te willen proberen nakomelingen naar het 'ras' van de voorouders te benoemen.

#### 4.6. De namen voor volken

Volken zijn geen afgrensbare groepen. Er zijn in het algemeen fundamentele, onoplosbare problemen om groepsgrenzen vast te stellen (LeVine en Campbell 1972, p. 81-113). Het is niet mogelijk om volken wetenschappelijk onderbouwd in te delen. En het is niet mogelijk om volken politiek-correct in te delen, zodat de meeste betrokken mensen daarmee instemmen

##### Continue overgangen, discontinue namen

Evolutie is een proces van geleidelijke veranderingen op basis van zeer veel plotselinge sprongen of discontinuïteiten (mutaties). Als we een continu proces in woorden willen beschrijven, dan moeten we afzonderlijke (= discontinue) woorden gebruiken voor de afzonderlijke stadia. Dus het beschrijven van een continu proces in onvermijdelijk discontinue woorden is kunstmatig en misleidend. Maar, helaas, er is geen andere manier om continue processen te beschrijven in woorden.

De geschiedenis leert dat pogingen om een andere groep te benoemen vaak het begin zijn van discriminatie.

Ik wil graag de verspreiding van mensen over de aarde begrijpen en bespreken, maar ik heb geen zin om eindeloos te bakkeleien over definities en namen, omdat dat toch onoplosbaar is. Maar... als we überhaupt willen spreken over de evolutie en historie van groepen mensen, dan kan dat alleen door die groepen te benoemen. Een naamgeving moet voldoen aan twee vereisten:

1. het moet getuigen van respect voor de benoemde volken,
  2. het moet de communicatie bevorderen.
- Volken geven hun eigen leden vaak een naam die in hun taal 'de mensen' betekent, en niet-leden worden 'de anderen' genoemd.

### Mutaties; discontinue overgangen

Het ontstaan van mutaties is wel een discontinu proces. En daarmee zijn ook haplogroepen discontinu, dus daarvoor kunnen we terecht (discontinue) woorden gebruiken. De enige exacte oplossing is spreken in termen van haplogroepen, maar dat begrijpt niemand – inclusief ikzelf: mensen kunnen niet denken in termen van al die haplogroepen.

### Beledigende termen - geuzennamen?

Zijn woorden op zich beledigend? Een uiting kan al dan niet beledigend bedoeld zijn. En een uiting kan al dan niet beledigend opgevat worden. Een scheldwoord is altijd beledigend bedoeld, maar degenen die uitgescholden zijn, kunnen dat scheldwoord gebruiken in een positieve betekenis om zich te onderscheiden. Vanaf 1516 vielen de Lage Landen onder het gezag van de katholieke Spaans-Habsburgse keizer Karel V. Vanaf 1550 vaardigde Karel V en zijn opvolger Filips II wetten uit om het protestantisme te bestrijden. Op 5 april 1566 verzochten 200 Nederlandse edelen in het 'Smeeksbrief der Edelen' de Spaanse landvoogdes de geloofsvervolging te beëindigen. Zij waarschuwden de Spaanse landvoogdes dat de vervolging tot opstand kon leiden. De landvoogdes werd door haar raadgever gerustgesteld: "*N'ayez pas peur, Madame, ce ne sont que des gueux*" (vertaling: "Wees niet bang, mevrouw, het zijn slechts bedelaars."). De protestantse opstandelingen namen de naam 'Geus' over voor hun beweging. "*J'ai bu à la santé des Gueux! Vive le Gueux!*", "Ik heb op de gezondheid van de bedelaars (geuzen) gedronken! Leve de bedelaars (geuzen)!" Vervolgens noemden de opstandelingen zichzelf 'Geus'. Dit is de oorsprong van het Nederlandse woord 'geuzennaam'. Zover ik weet, hebben andere talen geen woord voor 'geuzennaam'; in het Engels zegt men wel '*proud nickname*'.

In 1828 was er in de USA een presidentsverkiezing tussen de democraat Andrew Jackson en de republikein John Quincy Adams. De aanhangers van Adams scholden Jackson uit voor een 'jackass' (= mannetjesezel of klootzak). Jackson was geamuseerd door de vergelijking met een ezel, omdat ezels een groot doorzettingsvermogen hebben (= koppig zijn). Hij besloot de ezel als zijn symbool te gebruiken, zoals een geuzennaam. Daarmee werd de ezel het symbool voor de democratische partij.

Het woord 'nikker' (of '*nigger*') werd aanvankelijk gebruikt als scheldwoord voor zwarte mensen. Ik ben geamuseerd als sommige Afro-Amerikanen voor zichzelf de term '*nigga*' gebruiken als geuzenterm.

Iedere naam voor een groep kan als belediging worden gebruikt, en iedere belediging kan als een geuzennaam worden omarmd.

### Namen voor mensen in Afrika

Ik ken een blanke arts die 20 jaar in Tanzania gewerkt heeft. Ik vroeg hem hoe de oorspronkelijke bewoners daar zichzelf noemden. Die vraag bracht hem in verwarring. De oorspronkelijke bewoners noemen zichzelf 'Tanzanianen' of het Swahili-woord voor mensen ('*watu*'), of ook met de naam van hun stam (bijvoorbeeld '*wasukuma*'). Inheemse Tanzaniaan hebben een licht denigrerende term voor blanken: '*wazungu*'. Als een Tanzaniaan een extra donkere huidskleur heeft, noemen andere Tanzaniaan hem '*mweusi*' ('zwarte'), wat vooral plagend was. "*Mensen zijn zeer vindingrijk om minuscule verschillen te vinden op basis waarvan zij anderen kunnen verachten.*" (Pinker 1994, p. 242). De Tanzaniaan hadden geen behoefte aan een woord voor 'de oorspronkelijke bewoners van Afrika ten zuiden van de Sahara'<sup>18</sup>. Men denkt (ten onrechte) te weten wat bedoeld wordt met 'de oorspronkelijke bewoners van Afrika ten zuiden van de Sahara'.

De 'Apartheid' was het officiële systeem in Zuid-Afrika van rassenscheiding van 1948 tot 1990. Om 'rassen' te scheiden moesten 'rassen' benoemd worden. Er werden 3 groepen onderscheiden: blank, zwart en gekleurd. Huwelijken en seks tussen rassen werden verboden. Deze namen waren bedoeld om te discrimineren, maar meteen bleek dat veel mensen niet in deze 3-deling pasten. En de blanke Zuid-Afrikaanse regering wilde Chinese en Japanse diplomaten en zakenlieden dezelfde rechten geven als blanken.

De zwarte Zuid-Afrikaanse bisschop en Nobelprijswinnaar Desmond Tutu was verrast dat hij in de UK door blanken met respect werd behandeld – dat had hij niet eerder meegemaakt. Voorlopig gebruik ik de term *native Africans*<sup>19</sup> voor zwarte mensen die in Afrika wonen.

<sup>18</sup> Het begrip 'oorspronkelijke bewoners' is onduidelijk. Afrika is achtereenvolgens bevolkt door allerlei Hominiden, *Sahelanthropus*, *Ororin*, *Ardipithecus*, *Australopithecus*, *Homo erectus*, de archaische *Homo sapiens*, en Khoikhoi, !Kung, pygmeeën en *black Africans*. Er is geen oorspronkelijke bevolking. Je kunt alleen zeggen door welke volken Afrika in die-en-die tijd bewoond werd.

<sup>19</sup> Alle woorden hebben gevoelswaarde. Tegenwoordig is '*native*' een neutrale term die hetzelfde betekent als 'geboortig uit'. Daarmee betekent het hetzelfde als 'inboorling', wat een negatieve klank heeft.

### Het woord 'neger'

Speciaal de naam 'neger' ligt de laatste tijden gevoelig. 'Neger' (of het Engelse *'negro'*) is nu een van de meest problematische woorden (<https://en.wikipedia.org/wiki/Negro>). Maar in de zestiger jaren gebruikten zwarte leiders, zoals Patrice Lumumba, Malcolm X en Martin Luther King het woord *'negro'* als neutrale beschrijvende term voor hun groep mensen, en zij gingen ervan uit dat iedereen vanzelfsprekend begreep wat ze bedoelden. Tegenwoordig vermijdt men het woord 'neger' zoveel mogelijk.

### Khoikhoi en !Kung

In zuidelijk Afrika leeft een herdersvolk, dat zichzelf **Khoikhoi** noemde (= 'mensen mensen' of 'echte mensen'); de blanke Zuid-Afrikanen noemden hen 'Hottentotten'. De Khoikhoi hadden een buurvolk van jagers/verzamelaars, die zichzelf de **!Kung**<sup>20</sup> noemde. De Khoikhoi gebruikten de naam 'San' voor de !Kung, wat 'buitenstaander' betekent. De blanke Zuid-Afrikanen noemden hen 'Bosjesmannen'. Veel westerlingen vinden 'San' de politiek-correcte term, maar de !Kung zelf gebruiken nu liever de namen '!Kung' of de gezennaam 'Bosjesman'. Soms gebruiken wetenschappers de naam Khoisan als overkoepelende term voor de Khoikhoi en de !Kung, maar dat is gewoon onjuist, want het zijn volken met verschillend uiterlijk, een verschillende taal en een verschillende leefwijze, die ook zichzelf verschillend vinden, en die sinds 100 kya nogal gescheiden afstammingslijnen hebben (Soodyall en Jenkins 1992). Het is de vraag of het van voldoende kennis - en van voldoende respect - getuigt om één naam te willen gebruiken voor Khoikhoi en !Kung.

### Namen voor mensen in Australië

Er is geen heldere, elegante naam voor de oorspronkelijke bevolking van Australië. De afzonderlijke stammen hebben steeds namen voor de eigen stam en voor de buurstammen, terwijl westerlingen algemeen de naam *'Aboriginal'* (= inboorling) gebruiken als overkoepelende term. Het woord 'inboorling' betekent 'autochtoon', maar 'autochtoon' klinkt neutraal, terwijl 'inboorling' denigrerend klinkt. Voor de oorspronkelijke bevolking van Australië gebruik ik de term *'Native Australian'*.

<sup>20</sup> Een uitroepteken voor een naam staat voor een klikklank.

### 'Berbers'

In de oudheid keken de Grieken neer op alle omringende volken, en ze noemden die volken 'barbaren', wat een klanknabootsing was van hun taal die voor Grieken onbegrijpelijk gebrabbel was. Uiteindelijk werd 'barbaar' in allerlei talen een scheldwoord. Daarvan afgeleid is de naam 'Berber' voor de oorspronkelijke bewoners van de Maghreb (Noordwest-Afrika), die zichzelf 'Imazighen' (= 'vrije mensen') noemen, en die een eigen taal hebben. Ik gebruik het woord 'Imazighen'.

### Namen voor mensen in Amerika

Toen de Columbus voor het eerst in Amerika aankwam (Europeanen noemen dat de 'ontdekking van Amerika'), meende hij dat hij in India was, en noemde de inwoners *'Indios'*.

**Nederlands.** Het Nederlandse woord 'indiaan'<sup>21</sup> is afgeleid van *'indios'*. In het Nederlands leidt dat niet tot verwarring, omdat het woord 'indiaan' niet voor een ander volk gebruikt wordt. Maar er kwam een ander probleem: in het Nederlands gebruikt men de term 'Indiër' zowel voor inwoner van India als van het huidige Indonesië.

**Amerikaans/Engels.** Het Amerikaans/Engelse woord *'Indian'* is afgeleid van *'indios'*. Ook in het Amerikaans/Engels was het woord *'Indian'* ingeburgerd. Dat was wel een probleem, omdat hetzelfde woord gebruikt werd voor inwoners van India. Om het nog erger te maken, gebruikten Amerikanen de vreemde termen *'Asian Indian'* of *'eastern Indian'* voor Indiër. In het land India verwijst het woord *'Indian'* naar een nationaliteit en niet naar een etnische groep.

Er is een ander bezwaar tegen de woorden 'indiaan'/'*indian*': de betrokken mensen noemen zichzelf liever niet zo. In het naïeve spraakgebruik zegt men dat de Amerika's bevolkt zijn door 'indianen' en 'Eskimo's' (volgens de alinea). Er is geen algemeen geaccepteerde term voor indianen, waarmee zij ook zichzelf benoemen. Een wetenschappelijk onderbouwde tweedeling van indianen is in Na-Dene-sprekenden en de rest. In de USA spreekt men van *'Native Americans'*, in Canada van de *'First Nations'*, en in Caribische eilanden van de *'indigenous people'*. In Midden-Zuid-Amerika benoemen de mensen zich naar hun volk, of met de overkoepelende term *'pueblos indigenas'* (inheemse mensen), terwijl ook de term *'indio'* vaak gebruikt wordt.

<sup>21</sup> In het Nederlands schrijft men 'indiaan' met een kleine letter, omdat het niet de eigennaam van een volk is, maar verwijst naar een groep volken.

### Namen voor 'Eskimo's'

Langs de noordkusten van Amerika, de west- en noordkust van Alaska, de kusten van Groenland en de kust van Noordoost-Siberië leven verscheidene volken die door hun uiterlijk en leefwijze wel als één groep beschouwd worden. Rond 1650 meenden Franse kolonisten dat Cree-indianen dit volk 'esquimaux' noemden<sup>22</sup>. De Cree-woorden *askamiciw* of *askipiw* zouden 'rauw vlees eter' betekenen, maar dit is omstreden. 'Eskimo' is lang de ingeburgerde, neutrale naam voor deze volken geweest. Velen vinden het nu niet politiek-correct om het woord 'Eskimo' te gebruiken. De Canadese overheid en de noord-Canadese volken zijn overeengekomen om het woord 'Inuit' te gebruiken (*Inuit Circumpolar Conference* 1977). Velen menen dat 'Inuit' de politiek-correcte term voor alle Eskimo's is, maar dat is vooral de voorkeursterm van de Canadese Eskimo's. De oostelijk Eskimo's op Groenland noemen zich liever 'Kalaallit', en de westelijke Eskimo's in Alaska en Siberië noemen zichzelf liever 'Inupiat' en 'Yupik'. Sommige van hen gebruiken liever de geuzennaam 'Eskimo' dan 'Inuit'. Het gedoe rond het woord 'Eskimo' krijg je nu eenmaal als je een niet-definieerbare groep toch probeert te benoemen – vooral als dit een emotioneel beladen onderwerp betreft, zoals 'ras' of afstamming.

### Namen voor mensen in Europa

Omdat onderzoekers in het verleden meenden dat de voorouders van de inheemse Europeanen in de Kaukasus leefden, gebruikten ze het begrip 'Kaukasische ras' voor de Europeanen. Nu weten we dat de Europeanen van verschillende gebieden afkomstig zijn (sectie 3.3.3.). Onderzoek aan het mtDNA, NRY-DNA en autosomaal DNA toont verder dat de volken van de Kaukasus niet met de Europeanen één volk vormen (Barbujani e.a. 1994, Nasidze e.a. 2001, 2003, Bulayeva e.a. 2003, Balanovsky e.a. 2011, Tarkhishvili e.a. 2014). De Europeanen hebben zo'n diverse oorsprong dat ze biologisch niet als één volk beschouwd kunnen worden. Hoewel Europeanen niet een biologisch-identificeerbare groep vormen, gebruik ik toch het woord 'blanke' in dit boek, om überhaupt te kunnen communiceren. Sommige critici vinden dat het woord 'blanke' te veel met zuiverheid geassocieerd is; daarom prefereren zij het woord 'witte', terwijl ook 'bleekgezicht' een heldere term is. Verder spreek ik van 'Euro-Americans') en 'Euro-SouthAfricans'.

## 5. Besluit

### Geen stamboom van de mensheid

Darwin claimde: "Onze classificaties zullen uiteindelijk zoveel mogelijk stambomen worden." (Darwin 1859, p. 486"). Dat geldt voor stambomen van soorten en hogere classificatie-eenheden, zoals families, ordes en klassen. Maar er kan geen overzichtelijke stamboom van rassen (of ondersoorten) binnen een soort gemaakt worden als er vermenging tussen de rassen is. Dan wordt de stamboom gewoon te complex. Er kunnen wel stambomen van het mtDNA en het NRY-DNA gemaakt worden, maar deze kunnen niet samengevoegd worden tot één stamboom van de mensheid. "In de late 1980-er jaren begonnen er artikelen te verschijnen die de evolutie van de mens, onderlinge verschillen, migraties enz. afleidden uit analyses van het kern- en mitochondriaal DNA, en latere ook (van het niet-recombinerende deel) van het Y-chromosoom. In dit verband interpreteerden sommigen het genoom als een 'historisch archief van de mensenrassen'." (Gissis 2008, p. 441). Het DNA is wel een historisch archief, waarin bijvoorbeeld weerspiegeld zijn de verbreiding van het Mongoolse rijk, de Bantoe-expansie, slavenhandel door Europeanen en Arabieren, en het Europese kolonialisme. Maar het DNA is geen wetenschappelijke basis voor het onderscheid tussen volken, want daarvoor waren er altijd te veel oude en recente vermengingen (Hellenthal e.a. 2014). "Rassen zijn in feite verre van puur en daardoor is iedere classificatie van rassen arbitrair, onvolmaakt en problematisch." (Bodmer en Cavalli-Sforza 1976). Bij de mens hebben we te maken met mengvolken, die het product zijn van oude vermengingen met andere Hominiden, en van allerlei recentere vermengingen van de tijd nadat mensen zich over de aarde verspreid hebben. Er is al lang wetenschappelijke consensus dat het begrip 'ras' niet biologisch onderbouwd is (Unesco 1952, Wagner e.a. 2017).

### Mensen zijn onverbeterlijke groepsdieren

De meeste primaten leven in stabiele sociale groepen (Shultz e.a. 2011). Onderdeel van stabiel groepsleven is leden van de *in-group* bevoordelen, en de leden van de *out-group* benadelen of negeren (hoofdstuk 5.1.). Dergelijk gedrag zien we ook bij chimpansees. Mensen zijn onverbeterlijke groepsdieren die geïnteresseerd zijn in hun verwanten, in hun eigen afkomst en in de afkomst van anderen. Mensen delen hun soortgenoten nu eenmaal in als leden van de *in-group* en leden van *out-groups*. (Meestal is men gelijktijdig lid van verscheidene *in-groups*: bijvoorbeeld op basis van religie,

<sup>22</sup> Ook Darwin noemde hen 'Esquimaux'.



politiek, werkgever, geslacht en beroep.) Mensen vormen nu eenmaal groepen, en een belangrijk criterium voor groepsvorming zijn uiterlijke gelijkenis en vermoede afstamming, wat overlappende criteria zijn.

Dit boek gaat over de aard van de mens. Welnu, onderdeel van de aard van de mens is dat mensen denken in termen van bekende personen en van vreemden: in termen van groepen, waarbij men de eigen groep bevoordeelt en allerlei *out-groups* benadeelt. Volken hebben scheppingsverhalen, en in die scheppingsverhalen wordt steeds het eigen volk als uniek voorgesteld met een heldere, eenduidige, gunstige oorsprong. (Er is een Eskimo-volk met de mythe dat het 'blanke ras' de nakomelingen zijn van een paring van een Eskimo-vrouw met een hond (Haeberle 1981, p. 239).)

Men gelooft in groepen op basis van afstamming en uiterlijk. Uit het mtDNA en NRY-DNA blijkt echter dat alle volken een voorgeschiedenis van vermenging hebben. Het idee dat een volk één heldere oorsprong heeft is aantoonbaar een onjuiste mythe. Alle mensen zijn een product van vermenging van allerlei volken.

Maar... het is onderdeel van de aard van de mens te denken in termen van verwantschap, familie, afstamming en 'ras'. Men blijft geloven in groepen die hun samenhang ontlene aan een gemeenschappelijke afkomst. Zelfs als wetenschappers aantonen dat er geen strikte groepsgrenzen zijn, en dat er veel vermenging geweest is en nog is, blijven mensen geloven in het unieke van de eigen groep.

