



«Min haplogruppe»

Biology, slektskap og kulturell identitet i lys av genetisk genealogi

«My haplogroup»

Biology, kinship and cultural identity in the context of genetic genealogy

Eldar Bråten

Professor, Institutt for sosialantropologi, UiB
eldar.braten@uib.no

Eldar Bråten er professor ved Institutt for sosialantropologi, Universitetet i Bergen. Han har forsket på ulike tema med utgangspunkt i kultur og samfunn på Sentral-Java i Indonesia: islamisering, personkonstruksjoner, entreprenørskap, statlig desentralisering og kulturarv. De siste årene har Bråten også jobbet med nordiske tema, samt mer allmenne vitenskapsteoretiske spørsmål. Han har tidligere vært leder av Norsk Antropologisk Forening.

SAMMENDRAG

Artikkelen omhandler genetisk genealogi, det vil si genetisk testing som gjør det mulig for slektsgranskere å spore «opprinnelse» i historisk og førhistorisk tid. Jeg drøfter hvordan de tre vanligste metodene som tilbys – testing på Y-kromosomet, mitokondrie-DNA og autosomalt DNA – kan gi ulike premisser for utforming av slektskap, avstamning og kulturell identitet. Artikkelen relaterer til klassisk fagdebatt om biologi versus mening i konstituering av slektskap. I motsetning til kulturdeterministiske perspektiv på slektsrelasjoner som forneker enhver form for biologisk «fundament», argumenterer jeg for en mer nyansert, realistisk antropologi som i stedet undersøker biologiens relative betydning i den sosiokulturelle utformingen av slektskap.

Nøkkelord

Genetisk genealogi, Slektskap, Avstamning, Nasjonale minoriteter, Skogfinner, Biologi, Kritisk realisme

ABSTRACT

The focus of this article is genetic genealogy, i.e., genetic testing that helps hobby genealogists to trace their «origin» in historical and pre-historical time. I discuss how the three most common methods provided – testing on the Y chromosome, mitochondrial DNA and autosomal DNA – may impact on the formation of kinship, descent and cultural identity. The article engages classical anthropological debates on the role of biology versus meaning in the constitution of kinship. I deviate from deterministic cultural perspectives that deny any form of biological «fundament», arguing for a more nuanced and realistic

anthropology that rather examines the relative importance of biology in the sociocultural formation of kinship.

Keywords

Genetic genealogy, Kinship, Descent, National minorities, Forest Finns, Biology, Critical realism

Slektskap har vært et definerende fagfelt for antropologien, men også dette temaområdet ble dekonstruert på en gjennomgripende måte fra 1960-tallet av (Schackt, 2017: 57–60; Smedal, 2001: 11–19; Solheim, 2016: 18–19). I tillegg til Schneiders (1980 [1968]; 1984) og Stratherns (1988) prinsipielle oppgjør med ureflekterte antakelser om et biologisk fundament i slektskap, har vi de siste tiårene fått nye reproduktive teknologier – sæddonasjon, eggdonasjon, *in vitro* befruktning, surrogatmødre, fostervannsdagnostikk osv. – som ytterligere utfordrer forestillinger om person, relasjon og slekt (se Bonaccorso, 2009; Carsten, 2004; Melhuus, 2012; Strathern, 1992a, b, 1998). Utviklingen ser ut til å styrke en fundamental kritikk av det vestlige/moderne – og faglige – skillet mellom «natur» og «kultur» (se også Haraway & Wolfe, 2016; Latour, 1993; Sahlins, 2008).¹

Nedenfor relaterer jeg til denne debatten om det «naturgitte» i slektskap gjennom en eksplorativ drøfting av en annen bioteknologi, nemlig genetisk testing for å påvise personers «opprinnelse». Slektsgranskning er jo en populær fritidsbeskjeftigelse, og med gentesting har hobby-genealoger fått et kraftfullt verktøy i tillegg til kildestudier. Det går nå an å spore *genetisk* slektskap gjennom overlapp i DNA mellom personer, og metodene kan igjen kombineres i «genetisk genealogi», hvor genealogisk og genetisk kunnskap holdes opp mot hverandre. I tillegg til avstamning innenfor en genealogisk tidshorisont blir testpersoner også innlemmet i et mer abstrakt «slektstre» bortenfor historisk kunnskap og etterprøving – såkalt «deep ancestry». Her plasseres man i menneskehetens migrasjonshistorie, og slektskap sklir raskt over i andre kategoriseringer, som «geografisk opprinnelse» eller «kulturell» eller «etnisk» identitet.

Stadig flere slektsgranskere lar seg teste, og i denne artikkelen er jeg opptatt av denne nye epistemiske virksomhetens konseptuelle føringer. Jeg hevder at teknologien fremmer bestemte oppfatninger om slekt framfor andre. Genetisk genealogi er ikke en nøytral virksomhet, men preges av visse «iboende» tendenser, og det er disse strukturelle føringene jeg er opptatt av i artikkelen, heller enn anvendelsen av genetisk genealogi i ulike sosiale miljøer. Det å sette parentes rundt empirisk praksis på denne måten for å utforske «underliggende» premisser, er gjerne en uortodoks framgangsmåte, men den følger logisk fra det kritisk realistiske perspektivet jeg inntar, som motsetter seg ontologisk antroposentrisme, det vil si tendenser til å redusere (all) virkelighet til effekter av menneskelig virksomhet (Bhaskar, 2014). Selv om genetisk genealogi definitivt er en sosial virksomhet, betyr ikke det nødvendigvis at den fullt og helt kan forklares som sosial dynamikk. Dagens antropologiske skolering vil kanskje lokke oss til å innta dette standpunktet i en epistemologisk forstand (undersøke virkelighet *som om* den var tvers-i-gjennom sosial eller kulturell), men jeg betviler at dette er en adekvat *ontologisk* posisjon. Kritisk realisme anerkjenner egendy-

1. En stor takk til Jan Myhrvold, Olaf Smedal og NATs to anonyme konsulenter for viktige kommentarer til artikkelen.

namikk på en rekke ontologiske nivåer, også de som er objekt for naturvitenskapene, mens empirisk praksis oppfattes som et komplekst *samspill* mellom menneskelige og ikke-menneskelige påvirkninger.

I forlengelsen av dette er det også legitimt å utforske genetisk genealogi i «motsatt» retning, med referanse til de *biologiske* prosessene som teknologien trekker på, heller enn dens sosiokulturelle implikasjoner. Hva slags føringer, om noen, ligger i den *molekylære* virkeligheten som genetisk teknologi tester? Dette fokuset på biologiens betydning kan virke både aparte og provoserende; antropologien har nettopp utmerket seg ved å framheve slektskap som et sosialt, ikke biologisk, fenomen. Allikevel hevder jeg altså at hvis målsettingen er å oppnå en realistisk innsikt i slektskap, er det essensielt å anerkjenne *alle* virkelighetsnivåer og -mekanismer som måtte prege fenomenet. Jeg har ingen ambisjoner om å gjennomføre en vitenskapelig analyse av hvordan biokjemiske prosesser artikulterer med genetisk teknologi her – det ville krevd en fagkompetanse jeg ikke har. På den annen side er det ikke vanskelig å peke på aspekter ved genetisk genealogi hvor biologiske realiteter ser ut til å spille en avgjørende rolle for utforming av teknologien – og dermed hvordan biologi på en indirekte måte kan prege «slektskap» som sosiokulturelt fenomen. Jeg kommer tilbake til disse problemstillingene etter å ha redegjort for selve bioteknologien og det empiriske bakteppet for undersøkelsen.

EMPIRISK BAKTEPPE

Det etnografiske utgangspunktet for drøftingen er min interesse for Finnskogens historie og det faktum at «skogfinner» har blitt anerkjent som en nasjonal minoritet i Norge (se *Stortingsmelding Nr. 15*, Kommunal- og regionaldepartementet, 2000). Kategorien refererer til svedjebbrukere med finsk opprinnelse som utvandret til barskogbeltet i midt-Skandinavia på slutten av 1500-tallet og utover 1600-tallet (for oversikter, se Bladh, 1995; Kulbrandstad, 2014; Nesholen, 2014; Niemi, 2003; Sogner, 2003: 341–350; Wedin, 2014). Siden det er få «aktive» kulturtrekk igjen som kan identifisere skogfinner i dagens situasjon, er det et åpent spørsmål hva denne identitetskategorien kan romme, men spørsmål om «opp-rinnelse» blir uansett viktig, noe som blant annet kommer til syne i det seriøse arbeidet for å stadfeste skogfinnenes slekts- og bosetningshistorie ved hjelp av genetisk testing, ikke minst innenfor rammen av prosjektet «Forest Finn DNA».² Dette initiativet sikter mot å kartlegge slektsnavn og bosetningshistorie blant de finske migrantene, men på grunn av stor etterspørsel har navnedatabasen blitt publisert på nettet, noe som har befordret mer allmenn utforskning av skogfinske genealogier. Virksomheten er organisert under det kommersielle, amerikanske foretaket «Family Tree DNA»,³ og analysen nedenfor er basert på dette firmaets testmetoder. Som sagt har jeg ikke til hensikt å drøfte det skogfinske DNA-prosjektet som en form for sosial praksis her, men de generelle mulighetene for å tenke og praktisere slektskap og kulturell identitet som DNA-testingen åpner for. Det empiriske grunnlaget for analysen er primært egne erfaringer med gentesting i forsøket på å spore finske anelinjer.

2. <https://www.familytreedna.com/groups/forrestfinn/about>

3. <https://www.familytreedna.com/>

Det er heller ikke plass til å drøfte etiske betenkeligheter rundt genetisk genealogi, som problemer med personvern, mulige avsløringer av «familiehemmeligheter», grenseoppgangen mot medisinsk informasjon (hvorvidt DNA-områdene som testes kan kode for sykdommer etc.) og, selvfølgelig, den problematiske politiske historien til sosio-biologisk tankegods. Teknologien vekker lett assosiasjoner til raseforskning og eugenikk, og det er god grunn til å følge med på diskursive effekter av genetisk forskning. Gentesting kan åpenbart virke til å reifisere «rase» (Jobling, Rasteiro & Wetton, 2016). På den annen side vil mange testpersoner oppdage at de har en mer mangfoldig «rasebakgrunn» enn antatt, noe som kan virke til å undergrave essensialisme. I denne artikkelen er jeg derimot opptatt av andre spørsmål: Hvordan genetisk genealogi kan påvirke sosiokulturelle utforminger av slektskap, og hva slags rolle «biologi» måtte ha i denne utformingen. Jeg vil først redegjøre for de tre hovedmetodene for DNA-testing som tilbys.

DNA-TESTING I SLEKTSGRANSKING

Hensikten med DNA-testing er altså å oppdage eller verifisere antakelser om samtidige slektninger og/eller historiske og pre-historiske aner. Det er kommersielle foretak som tilbyr testene for allmennheten, og framgangsmåten for brukerne er enkel: Man kjøper en test på nettet, får et test-sett i posten (et par reagensrør og skrapepinner), tar DNA-prøver fra innsiden av kinnet, returnerer testen og venter noen uker før resultatet publiseres på brukerkonto på nettet. Derimot er testsvarene komplekse; de krever fagkunnskap for å tolkes, så de kommersielle aktørene tilrettelegger funnene med tanke på allmenn slektsgransking, og i tillegg kan testpersoner delta i internettgrupper som utforsker slekts historie i bestemte geografiske områder og/eller knyttet til bestemte etternavn. Disse gruppene ledes av skolerte personer som bruker dataene i egen forskning, i tillegg til at de bistår brukere med fortolkning av resultater.

Genetisk slektskap påvises gjennom grad av overlapp i visse sekvenser av arvematerialet mellom testpersoner. Hvis to personer har (flere og/eller lange) likeartede DNA-sekvenser, indikerer dette at de er i slekt, men testene i seg selv kan ikke spesifisere relasjonen (bortsett fra for svært nær slekt). Det umiddelbare resultatet av en test er altså ikke innplassering i noe slektstre, men informasjon om «treff» («matches»), dvs. levende kollateraler («genetic cousins») som også har latt seg teste, samt en *statistisk* angivelse av hvor langt tilbake man deler en ane med disse personene. Resultatene er derfor hverken spesifikke eller endelige. For å etablere genealogier – påvise *hvordan* personer er i slekt – må de som har samsvar i arvemateriale, kontakte hverandre og utveksle resultater fra egen kildebasert slektsgransking for om mulig å finne historiske koblinger. Videre blir genetisk genealogi en kontinuerlig aktivitet da antall «treff»/slektninger vokser etter hvert som flere lar seg teste. Dessuten utvikles også selve testmetodene, noe som muliggjør flere og/eller sikrere «treff», og ettersom innsendt DNA-materiale allerede ligger i databasen, er det enkelt å oppgradere resultatene.

Jeg hevder at de tre DNA-testene som tilbys, kan ha ulik effekt på konseptualiseringen av «slekt» og «opprinnelse», og det er nødvendig å redegjøre for de bioteknologiske premissene for denne ulikheten (for generell innføring i molekylær antropologi, se Jobling et al., 2016; Stoneking, 2017). Som kjent har de fleste mennesker 23 kromosompar i cellekjer-

nene, hvorav ett par assosieres med biologisk kjønn. Siden fokus her er slektsrelasjoner heller enn kjønn, vil jeg se bort fra kritikken mot biologisk forankret kjønnsidentitet og diskutere den genetiske dimensjonen innenfor rammen av dominante kulturelle oppfatninger: Noen personer (konvensjonelt kalt «menn») arver et Y-kromosom fra far og et X-kromosom fra mor, andre (konvensjonelt kalt «kvinner») arver et X-kromosom fra både far og mor. Ut fra disse kjønnsidentitetene kan genetiske genealoger etablere såkalte patrilinejer (eller agnatiske linjer) og matrilinejer (eller uterine linjer).

Siden Y-kromosomet altså overføres eksklusivt mellom menn, går det an å teste DNA i dette kjønnskromosomet (Y-DNA) for å etablere agnatiske linjer. Det går også an å spore genetiske forbindelser eksklusivt mellom kvinner, men ikke ved å undersøke DNA i kjønnskromosomet, for X-kromosomer overføres som sagt også fra fedre til barn. Det finnes altså ikke noe eksklusivt uterint kromosom, men «heldigvis» er det en annen form for DNA som kun overføres mellom kvinner: arvematerialet som reproducerer «energimotoren» i cellene, mitokondriene. Man kan altså teste på mitokondrie-DNA (mt-DNA) for å etablere rene kvinnelinjer. Den tredje testmetoden – på autosomalt DNA (as-DNA) – tar i bruk de resterende 22 kromosomparene og sporer forbindelser bilateralt til alle anelinjer man har arvet gener fra.

DNA i Y-kromosomet

Genetiske relasjoner mellom mannlige testpersoner etableres altså gjennom å påvise samsvar i visse utsnitt av Y-kromosomet (såkalte «markører»). DNA-materialet kopieres kontinuerlig ved reproduksjon av cellene i kroppen, og som kjent oppstår det nå og da «feil» i denne kopieringen – mutasjoner. DNA er bygd opp av koblinger mellom nukleotidmolekyler, og på et tidspunkt kan for eksempel 13 slike nukleotider i rekkefølge (såkalt «Short Tandem Repeat», STR) bli kopiert som 12 eller 14. Den nye sekvensen vil deretter bli videreført nedover generasjonene, og ved å spore slike mutasjoner i en rekke ulike DNA-sekvenser på Y-kromosomet, er det mulig å pusle sammen et bilde av genetisk slektskap gjennom mannsledd. FamilyTreeDNA anbefaler å teste seg på minst 67 STR-markører, og som nevnt oppgis resultatet som en sannsynlig slektsforbindelse innenfor et visst antall generasjoner tilbake i tid: Hvis to testpersoner er identiske på alle 67 markører, er det 95 % sjanse for at de deler en forfar innenfor 7 generasjoner (ca. 175 år tilbake i tid), 5 % sannsynlighet for at de må lenger tilbake for å finne denne, såkalte MRCA – «most recent common ancestor». Hvis de er ulike på én markør (kalt «genetisk avstand» på én), er sjansen 95 % for at de er agnatisk relatert innenfor 9 generasjoner (ca. 225 år tilbake), og så videre.

DNA i mitokondriene

Genetiske relasjoner gjennom kvinner etableres på lignende måte, og siden DNAet i mitokondriene er langt mindre omfattende enn i kromosomene i cellekjernen, testes det ofte på hele arvematerialet, ikke spesifikke utsnitt. Igjen leter man etter mutasjoner, og angivelsen av uterint slektskap er også statistisk formulert: Fullt samsvar i mt-DNA mellom testpersoner gir 95 % sjanse for felles stammor innenfor 22 generasjoner, dvs. i løpet av de siste ca.

550 år, mens ett avvik kan ta oss flere tusen år tilbake i tid. Vi noterer oss at tidshorisonten dermed er ganske ulik for Y- og mt-testing; Y-testene gir mer spesifikke resultater.

Autosomalt DNA

Endelig kan man teste på autosomalt DNA, dvs. på de 22 kromosomene i cellekjernen som ikke definerer kjønn. Umiddelbart vil man kanskje tenke at denne brede testen kan avdekke slektskapsrelasjoner på en mer presis måte, men det er ikke tilfelle. Siden en person arver halvparten av autosomalt DNA fra hver av foreldrene, og dermed i gjennomsnitt en fjerdedel fra hver av besteforeldrene, en åttendedel fra hver av oldeforeldrene og så videre, re-kombineres arvematerialet over tid slik at man raskt får en helt *tilfeldig* sammenstilling av DNA-sekvenser i kromosomene. Omstokkingen av sekvenser er dermed for stor til at man kan spore *spesifikke* slektslinjer bakover i tid med autosomale tester, slik man kan gjennom Y-DNA (som etablerer agnatisk linje) og mt-DNA (som etablerer uterin linje). Slektsgranskere kan derimot identifisere testpersoners *bilaterale* slekt (kindred) noen ledd utover gjennom denne metoden, i praksis ut til femmenninger eller seksmenninger.

«DEEP ANCESTRY» OG HAPLOGRUPPER

I tillegg brukes altså Y- og mt-testing til å etablere «deep ancestry». Som nevnt er det behov for skriftlige kilder («paper trails») for å påvise *genealogiske* forbindelser ut fra genetiske treff, men teknologien tillater sporing av slektskap langt bakenfor denne tidshorisonten. Siden alle mutasjoner har en konkret opprinnelse i tid og rom (oppsto i én person), kan man påvise førhistoriske forgreininger av manns- og kvinnelinjer hvis man har tilgang på DNA-materiale, og dette kan nå gjenskapes fra skjelleffunn ca. 30–40.000 år bakover i tid, selv om forurensning fra andre organismer ofte skaper analyseproblemer. Kombinert med DNA-testing av levende personer i områder hvor det er grunn til å tro at mobiliteten har vært liten, klarer nå forskere å trekke opp hovedlinjene i den menneskelige migrasjonshistorien, og oversikten blir stadig mer detaljert etter hvert som tilfanget av genetisk materiale øker.

Personer som tester seg, blir plassert inn i denne globale oversikten ved å tilordnes en såkalt «haplogruppe» som angir hvilke mannlige og/eller kvinnelige hovedmutasjoner de har arvet, og på grunnlag av dette igjen hvilken migrasjonsrute personer i fars- og/eller morslinjen antas å ha fulgt. For eksempel tilhører ca. 90 % av den norske befolkningen Y-haplogruppene I1, R1a eller R1b, og dette refererer til befolkninger (menn) som vandret nordover fra Europa eller Eurasia etter siste istid. Anslagsvis 4 % av befolkningen tilhører derimot Y-haplogruppe N og nedstammer fra menn som kom østfra: fra østre Finland, og lenger tilbake fra Ural, Sibir og muligens, for ca. 20–25.000 år siden, helt fra sørlige Kina eller Sørøst-Asia (Qi et al., 2013; Rootsi et al., 2007; Zhang et al., 2016).

Det har selvfølgelig oppstått nye mutasjoner i disse agnatiske linjene underveis, noe som skaper undergrupper (såkalte «subclades») og undergrupper av undergrupper, og haplogruppe-nomenklaturet blir dermed stadig mer detaljert. For eksempel tilhører mange skogfinner haplogruppe N1c1 – definert ut fra en mutasjon som sannsynligvis oppsto i nordlige Kina i yngre steinalder. Det viser seg at også jeg hører til denne gruppen, og

mer presist er min subclade N1c1a1a1a2a1a1b, en vanlig haplogruppe blant savonere i det østlige Finland (Savolaks-området). Med andre ord, jeg har finsk avstamning gjennom mannslinja, men hvorvidt jeg kan betraktes som «skogfinsk» avhenger selvfølgelig av hvordan denne kategorien spesifiseres. Genealogisk har jeg så langt bare klart å følge farlinjen tilbake til en mann som rømte fra soldattjeneste i Sverige i 1718, men muligens utvandret hans far eller farfar fra Savolaks-området.⁴

Som nevnt er tidshorizonten for mt-testing ganske annerledes: Kollateraler som er genetisk relatert gjennom kvinneledd, må lenger tilbake i tid for å finne felles stammødre. Dette skyldes at det totalt sett har vært færre mutasjoner i mitokondrie-DNA enn i cellekjerne-DNA på veien fra de hypotetiske «ur-personer» som alle stammer fra. På den annen side er det lettere å rekonstruere mt-DNA fra arkeologiske utgravinger, og det er derfor mulig å spore avstamning gjennom kvinner lenger tilbake i tid. I praksis er det derimot ikke enkelt å etablere når og hvor alles stammor – i populær sammenheng ofte kalt «mitokondrie-Eva» – levde, men antakelig i Afrika for 100–150.000 år siden. Denne hypotetiske «Evas» genom er rekonstruert teoretisk og danner malen for klassifisering av personer som tester sitt mt-DNA i dag. Hovedpoenget er altså at mt-DNA er mindre egnet til å etablere spesifikke slektslinjer, og det kan heller ikke brukes til å avgrense skogfinsk identitet; det finnes ingen særegen finsk eller skogfinsk mt-haplogruppe.

Endelig har vi autosomalt DNA som knytter testpersoner til menneskehetens pre-historie på en annen måte; ikke gjennom innplassering i migrasjonslinjer, men gjennom en statistisk angivelse av «relativ opprinnelse». Man arver jo også mutasjoner som oppstår utenfor den rene manns- og kvinnelinjen, og selv om det er umulig å rekonstruere spesifikke anelinjer på grunnlag av dette, går det an å kategorisere mutasjonene ut fra frekvenser i ulike populasjoner. Visse mutasjoner er «typiske» for bestemte geografiske områder eller folkegrupper, og har man arvet disse, dreier det seg antakelig om en fjern slektsforbindelse. Autosomal testing gir derfor en oversikt over «genetisk komposisjon», og dette er selvfølgelig et politisk og etisk minefelt, særlig når kommersielle aktører tilbyr oversikt over «etnisk» opprinnelse. Datagrunnlaget for genetisk variasjon i befolkninger er ofte uklart eller svært begrenset, og faren for «over-fortolkning» på individnivå er betydelig (Jobling et al., 2016). Det er derimot verdt å merke seg at kategoriene primært er geografisk, ikke «etnisk» definert, og i mitt tilfelle oppgis genomet som 100 % europeisk – mer spesifikt 87 % skandinavisk, 8 % sørøst-europeisk (Italia, Hellas, Balkan) og 5 % finsk. Med dette bilaterale blikket på genetisk opprinnelse, er jeg altså mer «sørøst-europeer» enn «finsk».

«SLEKTSKAP» I KONTEKST AV GENETISK TEKNOLOGI

Hva slags følger kan så denne bioteknologien ha for utforming av slektskap? Hva slags forestillinger om slekt fremmer de ulike DNA-testene, og hvilke former for fellesskap kan konstitueres på grunnlag av genetiske (framfor klassiske genealogiske) forbindelser?

Det må understrekes at DNA-testing er en svært ny teknologi, som ble tilrettelagt for allmennheten etter tusenårsskiftet, så det er prematurt å trekke entydige konklusjoner om

4. En stor takk til Jan Myhrvold som generøst har delt sitt omfattende historiske materiale om denne personen og andre skogfinner.

empiriske effekter. Nye internett-baserte slektsfelleskap er i emning, men det er for tidlig å bedømme hva slags betydning de får. Dessuten er jeg altså primært opptatt av å forstå de interne premisene i bioteknologien heller enn sosial praksis; jeg fokuserer på de konseptuelle *mulighetene* som genetisk genealogi skaper, framfor hvordan de faktisk utnyttes. I det kritisk realistiske perspektivet jeg inntar, skaper genetisk genealogi en ny realitet i ontologisk forstand, det vil si en generativ mekanisme med visse ikke-arbitrære egenskaper (Bhaskar, 2013 [1975]; 2014 [1979]). Teknologien gir oss potensielt nye måter å tenke og praktisere slektskap på. Hvorvidt det dreier seg om en *effektiv* mekanisme, avhenger derimot av et komplekst samspill med en rekke andre forhold. I praksis kan DNA-testing ha stor, liten eller ingen betydning for utforming av «slektskap» i spesifikke sosiale miljøer (Scully, Brown & King, 2016); dette er – som antropologisk konvensjon gjerne formulerer det – «et empirisk spørsmål». Carsten (2004: 178–183) understreker det samme når det gjelder effekter av nye reproduktive teknologier; det er umulig på forhånd å bedømme hvor betydningsfulle disse teknologiene vil være når det gjelder å rekonfigurere slektskap.

Dette gjelder også for utforming av kulturell identitet. Det er ikke gitt at avstamning blir det eneste premisset for inklusjon i minoritetskategorien «skogfinne». Krysskulturelt vet vi jo at en lang rekke idiommer brukes i konstituering av fellesskap, og det er ikke utenkelig at noen av disse kan bli relevante også i skandinavisk kontekst. Man kan for eksempel fokusere på *sted* heller enn avstamning i sammenknyttingen av fortid og nåtid, slik at alle som bor (eller har bodd en viss tid) i klassiske finneområder, betraktes som skogfinner. Eller man kan gjøre forbindelsen helt uavhengig av både sted og avstamning, slik at alle som *oppfatter seg* som skogfinne, må anerkjennes å inneha identiteten. Dette er ikke «urimelige» premisser for kulturell identitet; det første kriteriet legitimeres av den sterke tilslutningen til lokal identitet i norsk kultur, den andre av både egalitære og liberalistiske idealer – i tillegg til at de nasjonale minoritetskategoriene offisielt er «selvrekruiterende». Og skulle avstamning bli det enerådende premisset for inklusjon, gjenstår allikevel spørsmålet om hvilke avstammingsprinsipper som skal vektlegges. For eksempel kan «prosentandel finsk» bli et mer tungtveiende kriterium enn agnatisk avstamning. Dette er problemstillinger om *sosial praksis* som må utforskes gjennom langsiktig feltarbeid.

Imidlertid er det lett å se for seg at DNA-testing *per se* vil styrke den vestlige oppfatningen om at slektskap er biologisk forankret. Virksomheten vil dermed underbygge naturalisering av slektskap, og det er primært denne formen for essensialisering som er fokus i den antropologiske debatten om genetisk genealogi (se for eksempel Brodwin, 2002; Nash, 2004, 2012; Nordgren & Juengst, 2009). Oppdagelsen av genetisk koding gjennom DNA på 1950-tallet utvidet det emiske vokabularet for å tenke slektskap. «Gener» erstattet ikke nødvendigvis «blod» som hovedmetafor for biologiske relasjoner, men forankret slektskap enda tydeligere i en biologisk «natur», og man kan hevde at denne oppfatningen befestes gjennom den vitenskapelige innrammingen av fenomenet: I dagens vestlige diskurs oppfattes gjerne «blod» nettopp som en *metafor* for slektskap, mens «gener» ikke like lett kan «avsløres» på denne måten (se Carsten, 2004: 112–113).⁵ Som i rettspraksisen kan DNA-tester nå bli det ultimate sannhetskriteriet for å bedømme versjoner av fortida, og dette kan

5. På den annen side viser Carsten (2011) også hvordan blod som en materiell, kroppslig substans fortsetter å ha betydelig symbolsk kraft.

selvfølgelig ha store sosiopolitiske følger. For eksempel kan forskyvingen utfordre urfolks krav på rettigheter forankret i geografisk opprinnelse (Nash, 2012: 676–677), og siden avstamning også mange steder er implisert i rasediskurser (se for eksempel Marks, 2008; Mevorach, 2007; Palmié, 2007; Wade, 2007), kan gentesting få svært problematiske etiske og politiske effekter.

Jeg bestrider ikke denne kritikken, men siden jeg her fokuserer på slektsgransking, er poenget at naturaliseringen også legger premisser for etablering av genealogier. Særlig gjelder dette mannslinjer. Gitt den notoriske usikkerheten som hefter ved leddene i en agnatisk linje («uoffisielle» genetiske fedre, såkalte «non-paternal events»), kan det raskt bli sprik mellom genealogier som utledes av gentester og genealogier som etableres gjennom historiske kilder og/eller personlig kunnskap om slekt. Hvis DNA-testene blir sannheten som samtidas sosiale konsensus om avstamning holdes opp mot, ser vi raskt en reduksjon av sosial patrilinearitet til biologisk patrilinearitet.

På den annen side fører ikke denne overordnede naturaliseringstendensen nødvendigvis til en *enhetlig* konseptualisering av slektskap. Jeg har forsøkt å få fram at de tre testmetodene er ganske ulike på et mer spesifikt nivå og at genetisk genealogi dermed også skaper divergerende premisser for å tenke om slektskap. For det første differensieres det klart på kjønn (se også Nash, 2004): Menn kan etablere både sin manns- og kvinnelinje gjennom å teste seg, mens kvinner bare kan etablere kvinnelinjen. De vil altså være avhengig av nære mannlige slektninger som er villig til å ta en DNA-test, for å etablere sin mannslinje – og strengt tatt vil ikke dette *være* deres genetiske mannslinje (men farens eller brorens) etter som kvinner ikke arver et Y-kromosom. Det er altså en skjevhet her i muligheten for å etablere slektskap på grunnlag av DNA: Kvinner er på et vis henvist til genetisk *søsterskap* (relativt til formødre og levende «genetic cousins»), mens menn kan spore genetisk slektskap til personer av begge kjønn.

For det andre er, som nevnt, tidshorisonten helt ulik for Y- og mt-testing, noe som innebærer at det er enklere å etablere genealogiske mannslinjer enn kvinnelinjer. I det siste tilfellet vil antall genetiske kollateraler være veldig stort, og muligheten for å spore genealogiske forbindelser tilsvarende vanskelig. Også her ligger det mulige konseptuelle føringer: Y-testing befester konkrete (dvs. spesifiserbare) slektsrelasjoner, mens mt-slektskap er langt mer altomsluttende. Dette reflekteres også i tendensen til å snakke om «Adams» etterkommere som ættelinjer (*lineages*, dvs. avstamning fra en spesifikk ane), mens «Evas» etterkommere utgjør klaner (*clans*, hvor forbindelsen til felles ane ikke kan spesifiseres).

For det tredje kan de ulike tidshorisontene også påvirke utformingen av *kulturell* identitet. I den grad genetisk avstamning blir et premiss for inkludering i bestemte kulturtradisjoner (for eksempel «nasjonale minoriteter»), kan Y- og mt-testing ha ulike effekter på hvordan man konstruerer forbindelser til fortid. Igjen gir Y-testing et mer spesifikt «språk» å tenke avstamning gjennom, dvs. testresultatene er mer differensierte enn for kvinnelinjer, og det er dermed lettere å følge sin «genetiske genese» historisk og geografisk gjennom mannslinjer.

For å oppsummere kan genetisk genealogi bevirke en privilegering av unilineært slektskap på bekostning av kognatisk/bilateral tenkning. Nash (2004) har påpekt at teknologien ser ut til å fremme en *dobbel* unilineær tenkning, siden det altså finnes metoder for å spore eksklusive manns- og kvinnelinjer. For det andre kan vi få en privilegering av patrilinearitet.

tet over matrilinearitet siden teknologien altså er best egnet til å spesifisere mannslinjer. Agnatiske linjer kan lett framstå som de mest «naturlige» slektslinjene, og dette kan ha effekt ikke bare innen slektsgranskning, men også i utformingen av kulturell identitet. Og for det tredje blir altså kvinner og menn posisjonert ulikt med tanke på slektskapets innhold. Kvinners avstamning blir mer kjønnsespesifikk enn menns (da mt-tester kun kan verifisere «medsøstre»), og dette «søsterskapet» vil måtte være mer vagt og inklusivt enn det «broderskapet» som menn kan etablere på grunnlag av agnatisk avstamning.

Alle disse slutningene bør altså kvalifiseres med formuleringen «i prinsippet». Dette er premisser i bioteknologien *per se*, og vi må anta at de har effekt på slektskap som sosiokulturelt fenomen, men da i samspill med en rekke andre mekanismer som kan befordre eller motvirke testmetodenes implikasjoner. For det første er det motstridende føringer i teknologien som sådan. Som vi har sett, oppløses også kulturelle kategorier i mannslinjene når vi beveger oss over i førhistorisk tid: Agnatisk avstamning kan virke til å etablere skogfinsk identitet innenfor den historiske tidshorizonten, men sklir over i uralsk og sibirsk opprinnelse lenger tilbake. Med andre ord, stabilisering av kulturell identitet gjennom Y-testing på ett nivå peker mot kulturell overskridelse innenfor en annen temporalitet. Videre tilbyr teknologien altså bilaterale tester som kan motvirke den naturaliseringen av mannslinjer som fremmes av Y-testene.

For det andre er det selvfølgelig en rekke eksterne faktorer som kan balansere eller kansellere teknologiens effekter. Slektsgranskere kan fortsatt utforske egen slekt (bilateralt) gjennom bruk av historiske kilder og «subjektive» narrativ hvis de ønsker. Man har et valg når det gjelder vektingen av sosialt versus genetisk definert slektskap, og det er ikke gitt at folk automatisk underkaster seg bioteknologiens føringer. For eksempel vil feministisk kritikk, eller til og med antropologiske klargjøringer av den typen jeg forsøker på her, kunne objektivere og dermed skape et grunnlag for å motsette seg tendenser til kjønnsmessig hierarkisering. Dessuten kan man hevde at slektskap som *sosialt* fenomen – dvs. faktisk samhandling mellom slektninger – har en egendynamikk som overskrider de konseptuelle spørsmålene som diskuteres her. Det er altså ikke gitt at den framvoksende bioteknologien vil ha differensierende effekter når det gjelder «kjønn i praksis»; samtidig kommer vi ikke bort fra at genetisk genealogi som en framvoksende bioteknologi legger et ontologisk grunnlag for nettopp dette.

HAPLONETTVERK

Ovenfor antyder jeg at genetisk genealogi kan skape nye *sosiale nettverk*. Den sentrale emiske kategorien her er haplogruppe-tilhørighet, som refererer til felles mutasjoner – et «mutantfellesskap» så å si. Også her er det mulig å formulere antakelser om hvordan «slektskap» kan påvirkes av den kommersielle tilretteleggingen av bioteknologien.

For det første er det interessant å undersøke hvordan testmetodene preger slektskapets «scope», ettersom vi må anta at genetisk slektskap påvirkes av de sannsynlighetsberegningene som brukes. Det gjelder særlig den bilaterale autosomale testen som gir evidens for slektskap ut til egne seksmenninger, selv om man må til nærmere slektninger for å få sikre treff. Metoden utvider dermed slektskapshorizonten betydelig sammenlignet med dagens slektsstevner, som gjerne er søskenbarntreff. Det er også en annen teknologisk nyvinning

som bidrar sterkt til denne utvidelsen, nemlig internett og sosiale medier. Genetiske kollateraler kan være spredt over hele kloden, og elektroniske medier er essensielle for å kunne danne *fellesskap* på grunnlag av bilateralt slektskap.

Bilaterale slektsgrupper er jo ikke stabile kategorier, men varierer fra person til person. Det er allikevel mulig å etablere virtuelle fellesskap ut fra identifisering av felles aner, og det vokser særlig fram slike fellesskap der genetiske kollateraler deler etternavn, dvs. kan sies å tilhøre bestemte «slekter». Dette er spesielt relevant for skogfinner som i motsetning til den norske og svenske allmennheten brukte slektsnavn allerede på 1500-tallet. For dagens etterkommere innebærer genetisk genealogi dermed en mulighet til å *oppdage* sitt «opprinnelige» slektsnavn og bli inkludert i en finsk slekt med en tilværelse på internett. Det kan dannes omfattende slektsfellesskap på dette grunnlaget, selv om vi – igjen – ser en forskyvning mot unilineær tenkning som ekskluderer mange kollateraler; de finske slektsnavnene fulgte i prinsippet patrilinejen, selv om det er mange unntak til dette (Bladh, Myhrvold & Persson, 2009; Myhrvold, 2015).

Teknisk er det også krevende å bruke autosomal testing for å etablere slektsrelasjoner, siden man sporer forbindelser ut fra innsikt i selve kromosomnivået. Man må ikke bare forstå prinsippene for rekombinasjon av arvemateriale, men også kunne *anvende* kunnskapen: bruke DNA-browsers for å identifisere overlapp på spesifikke kromosomer, differensiere mellom DNA arvet fra mors- og farsside («phasing»), kunne triangulere treff for å verifisere relasjoner osv. Det er derfor bare ihuga slektsgranskere som gir seg i kast med metodikken, og utbyttet er ofte magert. Arbeidet er også ekstremt tidkrevende ettersom personer som finner felles aner, kan være relatert på flere måter. De må derfor gå gjennom *alle* anelinjer for å stadfeste slektskapet presist; noe som innebærer å sjekke 64 aner på hver kant for treff på seksmenninger. Selv har jeg ca. 250 treff ut til seksmenninger, men så langt har jeg bare klart å finne en håndfull felles aner! Derimot var én av disse en genealogisk «nøtt» jeg hadde slitt med lenge, så autosomal testing *kan* ha verdi i klassisk slektsgransking.

For det andre er spørsmålet hvordan DNA-testingen påvirker fellesskapets *innhold*, hvilke nye former for slektskap teknologien åpner for. Jeanette Edwards' (2013) forskning på «diblings» er et fascinerende eksempel i så måte – hvordan egg- og sæd-donasjon skaper nye typer søsken («donor siblings») som hverken er «fullsøsken», «halvsøsken» eller «stedsøsken». Genetisk genealogi (i kombinasjon med andre metoder) vil gjøre det mulig for disse personene å finne sine donor-foreldre og dermed konstituere nye former for filiasjon. Spørsmål om grenseoppgangen mellom «slekt» og andre identitetsprinsipper blir også viktig her. Som nevnt sklir genealogisk slektskap raskt over i «kulturelle» eller «etniske» kategoriseringer, og selv om de kommersielle foretakene vektlegger brede geografiske avgrensninger, vil konnotasjoner til «etnisitet» lett vedvare, ettersom «genetic cousins» antas å dele migrasjonshistorie, økologisk tilpasning eller andre kulturelt definerende karakteristika langt tilbake i tid.

For det tredje er altså virksomheten organisert slik at det blir en kontinuerlig prosess: Man får stadig nye «haplo-slektninger» etter hvert som flere tester seg, og teknologien tar dermed over litt av den anstrengelsen som kjennetegner klassisk slektsgransking. Mulige slektninger dukker liksom opp av seg selv, og man interPELLERES stadig om slektskap gjennom epostmeldinger om nye genetiske treff. Allikevel må det som nevnt investeres betyde-

lig tid og arbeid i å verifisere slektsrelasjoner, og som med andre former for slektskap (se for eksempel Howells studier av utenlandsadopterte (2009)), *forplikter* også relasjoner med «genetic cousins»; noen ønsker dypere kontakt, og gitt antall kollateraler blir dette raskt en uoverkommelig forventning.

BIOLOGI VERSUS MENING I SLEKTSKAP

Det teoretiske spørsmålet er hvordan genetisk genealogi kan belyse debatten om biologi versus mening i utformingen av slektskap. Nye reproduktive teknologier utfordrer ideer om noe «naturgitt» i slektskap ved å manipulere biologiske prosesser; samtidig blir skillet mellom natur og kultur dermed mer eksplisitt (Edwards, 2009: 9; Strathern, 1992a), og denne synliggjøringen kan igjen styrke «behovet» for å forankre slektsrelasjoner i noe «gitt». For eksempel ser biologisering av slektskap ut til å kjennetegne utviklingen i Norge (Melhuus & Howell, 2009; Smedal, 2001: 34–35).⁶ I kontrast kan det virke som genetisk genealogi ikke har en slik paradoksal virkemåte siden gentester forankrer slektskap entydig i biologiske fenomener; de trekker på, heller enn manipulerer «natur». Denne bioteknologien ser altså ut til å fremme en *utvetydig* naturalisering av slektskap, og spørsmålet er hvilke egenskaper ved selve gentestingspraksisen som bevirker denne forskyvningen. Før vi kan drøfte dette, er det nødvendig å oppsummere den antropologiske debatten om «slektskap».

Som nevnt innledningsvis har vi sett en gradvis av-naturalisering av dette fenomenet gjennom faghistorien (se for eksempel Collier & Yanagisako, 1987; Holý, 1996; Schackt, 2017: 57–60; Smedal, 2001: 11–19). Antropologer understrekte tidlig at slektskap ikke er et biologisk fenomen *sui generis*, men sosialt konstituert på basis av naturlige fenomener.⁷ Ulike kulturtradisjoner representerer biologiske fenomener – særlig prokreasjon – på ulike vis i utformingen av slektskapsrelasjoner (Schackt, 2017: 17–24). Denne posisjonen kan kalles «konstruktivistisk» i den forstand at den motsetter seg biologisk determinisme; slektskap er å oppfatte som kulturelt variabelt, ikke et naturbestemt fenomen. Allikevel var slektskap *forankret* i biologiske prosesser, slik de klassiske teoretikerne så det.

Den store forskyvningen i kultur/biologi-dikotomien kom med Schneiders (1980 [1968]) studier av amerikansk slektskap, hvor han på innsiktsfullt vis påpeker det partielle i denne forestillingen – at slektskap må ha noe med biologiske forhold å gjøre.⁸ Det er i *amerikansk kultur* at slektskap (gjennom kulturelt betingede oppfatninger om substanser – «blod») forbindes med biologi; slektskap oppfattes ikke nødvendigvis slik i andre kulturelle kontekster.⁹ Schneider etablerte dermed en meta-forståelse som ga oss en fundamentalt ny

6. Tilsvarende peker Finkler på hvordan «the hegemony of the gene» (2010: 3) medfører en medikalisering av slektskap: Når sykdom defineres som et genetisk fenomen, blir «slekt» rekonseptualisert som formidleren av menneskelige plager.

7. Holy (1996: 10–16; se også Schneider, 1984: 54) viser blant annet til van Gennep (1906) og Malinowski (1913).

8. Som McKinnon og Franklin understreker (2001: 2–4), var Schneider del av bredere teoretiske strømninger på 1960-tallet. Gellner (1957) og Needham (1960) hadde også påpekt innflytelsen fra allmenne amerikanske forestillinger i det faglige studiet av slektskap (se også Barnes, 1961), og den refleksive og hermeneutiske inspirasjonen i Schneiders tenkning var del av mer allmenne reorienteringer.

9. Schneiders utlegging er langt mer kompleks, men jeg legger vekt på konsanguine relasjoner her, hvor substans-tenkningen (forestillingen om at «blod er tykkere enn vann») er definerende.

plattform for å kritisere utformingen av analytiske kategorier på feltet. Hvis slektskap kan «forankres» noe sted, er det i amerikanske emiske kategorier. Til slutt (1984) konkluderte han at slektskap dermed ikke kunne utgjøre noe eget komparativt studiefelt, men var et analytisk blendverk skapt av antropologers vestlige bakgrunn.

Ikke alle antropologer deler Schneiders gjennomgripende dekonstruksjon. Mange vil mene at hans avvisning av slektskap som empirisk fenomen var feil; etnografiske studier viser at det finnes noe slektskapsaktig i de fleste, kanskje alle, samfunn – spesielt når slektskap frigjøres fra forestillinger om biologi og studeres som former for sosial gjensidighet; som «relatedness» (Carsten, 2004; Sahlins, 2013). Videre er det fortsatt forskere som foranrer slektskap i prokreasjon eller genealogi (se særlig Scheffler, 1991; Shapiro, 2014), andre vil framheve kognitive særtrekk ved mennesket som noe «gitt» i utforming av slektskap (se særlig Bloch & Sperber, 2002), og noen er kritiske til den prinsipielle avvisningen av natur/kultur-sillet (Valeri, 1990). Schneiders *etnografiske* analyser har også blitt kritisert – vestlig slektskap er ikke så entydig «biologisk» fundert som han hevder (Edwards, 2009: 6–8). Allikevel er det korrekt å fremheve Schneiders dekonstruksjon av antropologiske slektskapsstudier som et paradigmeskifte i faget. Etter Schneider ble det umulig å studere slektskap og en rekke andre fagfelt på en «troskyldig» måte; studien frambrakte *refleksivitet* som uunngåelig utfordring i antropologiske studier av «andre».

Schneider beredte også grunnen for den påfølgende performative vendingen i faget, særlig gjennom innflytelsen på Marilyn Strathern. Med utgangspunkt i melanesiske erfaringer framhever Strathern (1988) relasjonalt som fundamentalt i sosial konstitusjon, også som premiss for utforming av slektskap. I motsetning til vestlig ontologi som forutsetter eksistensen av separate individer som inngår i sosiale relasjoner med hverandre,¹⁰ hevder Strathern at man kan tenke at det relasjonelle «kommer først» og at det er individer heller enn individer som genereres gjennom sosialitet. Mens fødselen konstituerer personen som individ (noe «udeleg») i vestlig tankegang og dermed på et vis er relasjonaltens endepunkt – sluttproduktet av substansutveksling mellom mor og far – kan fødselen alternativt ses som bare ett punkt i den stadige relasjonelle konstitueringen av personen. Vedvarende sosialitet skaper dermed ulike former for slektskap. Strathern (1992a, b, 1998) har også forsket på nye reproduktive teknologier, som altså virker i samme retning; de utfordrer forestillinger om moderskap og farskap som noe «gitt» eller «naturlig». Hun oppsummerer utviklingen på dette feltet slik:

Europeans can look to future kinship to provide them neither with metaphors for the natural givens of human existence nor with metaphors for regeneration through the spontaneous effects of procreation (Strathern, 1992b: 61).

I Marshall Sahlins drøfting av slektskapsteoriens grunnproblemer fra 2013 blir denne teoretiske forskyvningen på et vis fullbyrdet (se også Sahlins, 2008; 2017): Boka består av to kapitler; det første heter «What kinship is – Culture»; det andre «What kinship is not – Biology». Mer fortettet kan vel ikke posisjonen uttrykkes. I Sahlins perspektiv er slektskap et kulturelt konstituert fenomen «tvers igjennom». Det finnes rett og slett ikke noen naturlig

10. Carsten (2004) kritiserer Stratherns dikotomisering og hevder at det er klare trekk av «dividuelle» personer også i vestlig slektskap.

basis – for eksempel barnefødsler – som forankrer kulturelle forestillinger. Schneider tok ikke dette skrittet, i hvert fall ikke i den første fasen av forfatterskapet. Hans poeng var at slektskap ble knyttet til biologiske fenomener i *det kulturelle domenet* av amerikansk liv; han avskrev ikke biologiske fenomener som sådan. Tvert imot, i den bredere analysen er han helt eksplisitt på biologiens betydning; han betegner flere sider ved prokreasjon som «biological facts» (1980: 116).

Senere formulerte Schneider seg mer tvetydig om biologi (Stone, 2004: 253, n.2), men synspunktene hefter ved forfatterskapet hans og kritiseres eksplisitt av teoretikere med et mer gjennomgripende konstruktivistisk perspektiv. Anklagen er at Schneider til tross for en kraftfull dekonstruksjonen av slektskap, opprettholdt et natur/kultur-skille – og dermed oppfattet slektskap som ulike former for representasjon av en «underliggende» virkelighet (Carsten, 2004: 114–116; Feinberg, 2001: 15; Franklin, 2001: 305–307; Sahlins, 2013). I kontrast innebærer «strong school» konstruktivisme at også «den underliggende virkeligheten» betraktes som kulturelt konstituert. Sahlins hevder altså at såkalte «biologiske fakta» – som barnefødsler – er like så kulturelle som alt annet, ettersom de opptrer innenfor kulturelle strukturer som er gitt forut for hver enkelt fødsel:

[H]uman birth is not ... a pre-discursive fact. ... Clearly human birth is a semiotic function of a kinship order, rather than kinship a biological sequitur of birth (Sahlins, 2013: 86–87).

I dette perspektivet framstår slektskap uten referanse til noe biologisk eller naturlig substratum. Slektskap er *helt og holdent* hva folk gjør det til i kraft av de kulturelle strukturene de har vokst opp innenfor; det er hverken noe mer eller mindre enn den formen for gjensidighet som utøves gjennom kulturspesifikke konseptualiseringer av slekt.

EN REALISTISK VENDING

Jeg godtar premisset om at slektskap på et nivå er «arbitrært» – eller, mer presist, kulturelt konstituert. Slektskap er ikke et naturgitt fenomen, men en sosial «emergent» som eksisterer i kraft av menneskelige forestillinger om gjensidighet. Dette betyr derimot ikke at slektskap utformes i et ontologisk vakuum. Forestillinger om slektskap vokser fram gjennom spesifikke og komplekse sosiomaterielle dynamikker som *overskrider selve forestillingene*, og det er problematisk å forutsette at *disse* er «uten biologi». Det er bare ved å henfalle til en ekstrem idealismeposisjon at verden kan framstå som «emics all the way down» slik Sahlins (2017) påstår, og jeg er skeptisk til de kategoriske avvisningene som følger av slike ekstreme posisjoner.

Filosofen Roy Bhaskar har påpekt at slik tenkning, som er typisk for mye vestlig filosofi etter Kant, preges av en logisk feilslutning, en «epistemic fallacy» som forveksler ontologiske og epistemologiske spørsmål (2013: 36–45). Det forutsettes at fordi mennesker aldri kan ha sikker kunnskap om virkelighet som sådan, kan man ignorere dens egeneksistens og utlegge virkeligheten i kraft av menneskelige forestillinger. Ontologiske spørsmål blir dermed, ofte på umerkelig vis, redusert til epistemologiske problemstillinger. Denne feilslutningen er en særlig utfordring for antropologien som i stadig større grad – og ikke minst takket være Schneiders innflytelse – har gjort menneskelige *forestillingsverdener* til

hovedfokus («kultur» i en symbolsk, semiotisk, diskursiv eller konseptuell forstand), og tendensen har bare blitt forsterket med den senere tids «ontologiske vending» i faget, særlig den såkalte «perspektivismen», som etter min mening (Bråten, 2015, 2016a, b) går langt i å betrakte ideasjonelt innhold *som selve virkeligheten*. Samme kritikk kan langt på vei også rettes mot Sahlins posisjon; hans tese om slektskap som tvers igjennom kulturelt tar den epistemiske posisjonen til sin ytterlighet. Han hevder altså at barnefødsler er «en semiotisk funksjon av en slektskapsorden», ikke et faktum bortenfor mening.

I kontrast vil jeg argumentere at slektskap ikke utelukkende kan analyseres i termer av menneskelig meningsskaping, men må ta hensyn til egenskaper ved de sosiomaterielle realiteter som beforder forestillinger om slekt. Hovedpoenget er at selv om disse egenskapene nødvendigvis må artikuleres kulturelt for å kunne ha effekt i menneskelig liv, kan ikke – motsatt – virkelighetens egenskaper analyseres fyllestgjørende i kraft av kulturelle «enactments» alene, slik Sahlins perspektiv ser ut til å forutsette. Slektskap kan derfor ikke være et enten/eller-spørsmål. I et realistisk perspektiv er slektskap nødvendigvis *både* kulturelt og «noe mer», og det analytiske problemet består i å utrede *relasjonen* mellom disse ulike virkelighetsområdene. Sagt på en annen måte er jeg opptatt av ontologiske premisser som utgangspunkt for å forstå epistemiske prosesser, og da mener jeg altså at vi ikke kan avskrive biologi *a priori*, slik Sahlins gjør i sitt «it's this, not that»-argument (Shryock, 2013). Den *etnografiske* oppgaven må være å forstå hvordan en rekke ulike faktorer – inkludert biologiske fenomener – samvirker i utforming av konseptualiseringer og praksis, for eksempel når det gjelder slektskap (se også Nelson, 2008; Pálsson, 2012).

Den observante leser vil derimot ha registrert at drøftingen min ikke underbygger påstanden om *biologiske* faktorer i slektskap. Jeg mener å ha vist at DNA-testing kan legge føringer for konseptualisering av slekt, men DNA-testing er ikke et eksempel på «biologi» eller «natur». Tvert imot er de testmetodene jeg har drøftet, svært avanserte former for menneskeskapt teknologi – redskaper som muliggjør studier av det molekylære nivået i livsformer. Allikevel vil jeg hevde at selv om det ikke er mulig å få kunnskap om dette nivået uten teknologi (og andre menneskeskapt mediasjoner som akkumulert kunnskap, konseptualisering av liv og natur, finansiell støtte etc.), må vi anerkjenne at det *også eksisterer et molekylært nivå med sine særegne effekter på den kunnskapen som genereres*. Det er ofte her den epistemiske feilslutningen trår inn i de mest radikale konstruktivistiske perspektivene.

Analysen ovenfor bygger på *forskjeller* mellom de tre testmetodene jeg har presentert; jeg hevder at Y-, mt- og as-testing gir ulike premisser for konseptualisering av slektskap. Særlig har jeg framhevet at Y- og mt-testing har ulik tidshorisont, noe som skaper ulike føringer for å tenke avstamning gjennom manns- og kvinnelinjer. Det interessante teoretiske spørsmålet er i hvilke realitetsområder disse forskjellene er *lokalisert*? Hva er det som gjør at testing på Y-kromosomet gir en mer «finkornet» tidsskala enn testing på mitokondrielt DNA? Forplikter vi oss til Sahlins perspektiv, må vel svaret bli «noe kulturelt». Siden barnefødsler ikke eksisterer pre-diskursivt, kan jo heller ikke DNA gjøre det; det må være en kulturelt konstituert størrelse. Eller, mer presist: Det kan ikke være noe i DNA *som sådan* som preger forestillinger om slektskap; det må dreie seg om «a semiotic function of a kinship order, rather than ... a biological sequitur» (Sahlins, 2013: 87).

Dette er eksempel på en epistemisk feilslutning som skaper unødige analytiske problemer. I stedet for en programmatisk reduksjon av all type virkelighet til kulturell mening

bør vi heller spørre hva vi med dagens kunnskap kan anta om *samspillet* mellom biologiske og kulturelle faktorer. En slik tilnærming, fundert i filosofisk realisme, vil måtte inkorporere det naturvitenskapelig forskning oppdager om DNAets egenskaper, selv om denne kunnskapen er rudimentær (usikker og uavsluttet) og nødvendigvis sosialt og historisk betinget. I stedet for å ignorere naturvitenskapelig kunnskap eller avskrive den som en sosiokulturell effekt, må vi anerkjenne kunnskapens *objekter* som ekstrakulturelle realiteter med iboende egenskaper og dermed virkelighetseffekter. Først da kan vi utforske samspillet mellom biologi og mening i utforming av slektskap på en produktiv måte.

Inntar vi denne posisjonen, åpner det seg et studiefelt som ingen antropologer har engasjert seg i så vidt jeg vet, nemlig etnografiske analyser av naturvitenskapelig forskning på «molekylære klokker». Hele fenomenet genetisk genealogi – og min drøfting i denne artikkelen – bygger på antakelsen om at det finnes «DNA-klokker» som «tikker» med bestemte hastigheter, det vil si DNA-sekvenser som muterer med ulik «takt». Uten kunnskap om mutasjonshastighet i ulike deler av DNAet er det rett og slett umulig å etablere genetisk avstamning med sikkerhet. Gitt at dette er premiss for hele virksomheten, er det fascinerende for en utenforstående å se hvordan faglige projiseringer av «opprinnelse» endres på grunnlag av ekstern kunnskap. For eksempel påvirkes sannsynlighetsberegningene for genetisk slektskap av klassiske slektgranskeres kunnskap om genealogiske relasjoner basert på historiske kilder, og i kartleggingen av «deep ancestry» endres hypoteser om migrasjonsruter i takt med ny arkeologisk evidens. Med andre ord «kalibreres» molekulære klokker på grunnlag av kunnskap om ekstra-molekulære og ekstra-biologiske forhold slik at også dette «naturgitte» fenomenet kan virke sosialt eller kulturelt konstituert. I tillegg innvirker sosiokulturell dynamikk på studieobjektet som sådan – selve den genetiske variasjonen som ligger til grunn for utregninger av mutasjonshastighet. For eksempel fører patrilokalitet til geografisk opphoping av Y-mutasjoner, mens nomadisk ekspansjon gjennom krigføring (jf. Djengis Khan) innebærer geografisk spredning av DNA relativt til bofaste tilpasningsformer.

Til tross for at genetisk genealogi dermed er tett innvevd i sosiokulturelle forhold, gjelder det altså ikke å falle for fristelsen til epistemisk feilslutning av den grunn, i hvert fall ikke *a priori*: Det følger *ikke* at DNA-molekylet er uten formative egenskaper i og for seg. Selv om komplekse sosiokulturelle forhold preger dannelsen av *kunnskap* om DNAets mutasjonshastighet, trækker vi feil hvis vi impliserer at denne kunnskapen så å si skulle kunne påvirke *selve mutasjonshastigheten*. Vi må riktignok erkjenne at teknologi nå faktisk *kan* gripe inn i biologiske prosesser; kjerneeksemplet er som nevnt nyere reproduktive teknologier, og det samme kan skje innenfor genetisk genealogi. Hvis den framvoksende genredigeringsteknologien får fritt spillerom, er det mulig å endre selve DNA-molekylet, blant annet «redigere bort» mutasjoner i kjønnsceller og embryoer – noe som klart vil påvirke «molekylære klokker» og dermed undergrave mitt argument om mutasjonshastighet som en ontologisk stabilitet.

Allikevel vil det være absurd å hevde at nåtidens eller framtidens genteknologi skulle kunne påvirke biologiske prosesser *bakover i tid* – det vil si den mutasjonshastighet som ligger til grunn for dagens analyser innen genetisk genealogi. Innenfor denne temporaliteten må molekulære klokker tas for gitt, dvs. som ontologisk eksisterende størrelser, uavhengig av menneskelige forsøk på å forstå dem. Vi må forutsette at DNAet eksisterer, ikke bare i kraft av en molekylær struktur, men også funksjonelt i den forstand at det har særegne egenskaper og effekter i verden. Blant annet muterer spesifikke sekvenser av DNA-

molekylet med ulik hastighet slik at det er mulig å spore genetiske relasjoner i historisk og førhistorisk tid. Slik sett kommer vi ikke unna det faktum at det er «noe biologisk» også i nåtidens tilsynelatende «post-naturlige» utforming av slektskap og opprinnelse. Mer allment kan man hevde at programmatisk av-naturalisering er likeså problematisk som ureflektert naturalisering; eller, for å formulere det på en annen måte: Determinisme er en tvilsom heuristikk, enten den framstår i biologisk eller kulturell drakt.

REFERANSER

- Barnes, J. A. (1961). Physical and social kinship. *Philosophy of Science*, 28(3), 296–299. <https://doi.org/10.1086/287811>
- Bhaskar, R. (2013). *A realist theory of science*. London: Routledge.
- Bhaskar, R. (2014). *The possibility of naturalism: A philosophical critique of the contemporary human sciences*. London: Routledge.
- Bladh, G. (1995). *Finnskogens landskap och människor under fyra sekler: En studie av natur och samhälle i förändring*. Kulturgeografiska institutionen, Handelshögskolan vid Göteborgs universitet.
- Bladh, G., Myhrvold, J. & Persson, N. (2009). *Skogsfinska släktnamn i Skandinavien*. Karlstad: Karlstad University.
- Bloch, M. & Sperber, D. (2002). Kinship and evolved psychological dispositions: The mother's brother controversy reconsidered. *Current Anthropology*, 43(5), 723–748. <https://doi.org/10.1086/341654>
- Bonaccorso, M. M. (2009). *Conceiving kinship: Assisted conception, procreation and family in Southern Europe*. Berghahn Books.
- Brodwin, P. (2002). Genetics, identity, and the anthropology of essentialism. *Anthropological quarterly*, 75(2), 323–330. <https://doi.org/10.1353/anq.2002.0027>
- Bråten, E. (2015). Spørsmål om «ontologi»: Momenter til en realistisk antropologi. *Norsk antropologisk tidsskrift*, 26(2), 163–176.
- Bråten, E. (2016a). Kritisk realistisk antropologi: Eksemplifisering av et ikke-konflatorisk perspektiv. *Norsk antropologisk tidsskrift*, 27(02), 121–137. <https://doi.org/10.18261/issn.1504-2898-2016-02-04>
- Bråten, E. (2016b). Reading Holbraad: Truth and doubt in the context of ontological inquiry. I B. E. Bertelsen & S. Bendixsen (Red.), *Critical anthropological engagements in human alterity and difference* (s. 273–294). Springer.
- Carsten, J. (2004). *After kinship*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Carsten, J. (2011). Substance and relationality: Blood in contexts. *Annual Review of Anthropology*, 40, 19–35. <https://doi.org/10.1146/annurev.anthro.012809.105000>
- Collier, J. F. & Yanagisako, S. J. (1987). *Gender and kinship: Essays toward a unified analysis*. Stanford, CA: Stanford University Press.
- Edwards, J. (2009). The matter in kinship. I J. Edwards & C. Salazar (Red.), *European kinship in the age of biotechnology* (s. 1–18). Berghahn Books.
- Edwards, J. (2013). Donor siblings: Participating in each other's conception. *HAU: Journal of Ethnographic Theory*, 3(2), 285–292. <https://doi.org/10.14318/hau3.2.018>
- Feinberg, R. (2001). Introduction: Schneider's cultural analysis of kinship and its implications for anthropological relativism. I R. Feinberg & M. Ottenheimer (Red.), *The cultural analysis of kinship: The legacy of David M. Schneider* (s. 1–31). University of Illinois Press.
- Finkler, K. (2010). *Experiencing the new genetics: Family and kinship on the medical frontier*. University of Pennsylvania Press.
- Franklin, S. (2001). Biologization revisited: Kinship theory in the context of the new biologies. I S. Franklin & S. McKinnon (Red.), *Relative values: Reconfiguring kinship studies* (s. 302–325). Durham: Duke University Press.

- Gellner, E. (1957). Ideal language and kinship structure. *Philosophy of Science*, 24(3), 235–242. <https://doi.org/10.1086/287539>
- Haraway, D. J. & Wolfe, C. (2016). *Manifestly Haraway*. University of Minnesota Press.
- Holý, L. (1996). *Anthropological perspectives on kinship*. London: Pluto Press.
- Howell, S. (2009). Return journeys and the search for roots: Contradictory values concerning identity. I D. Marre & L. Briggs (Red.), *International adoption: Global inequalities and the circulation of children* (s. 256–270). New York: New York University Press.
- Jobling, M. A., Rasteiro, R. & Wetton, J. H. (2016). In the blood: the myth and reality of genetic markers of identity. *Ethnic and racial studies*, 39(2), 142–161. <https://doi.org/10.1080/01419870.2016.1105990>
- Kommunal- og regionaldepartementet (2000). *Stortingsmelding nr. 15 (2000–2001): Nasjonale minoriteter i Noreg – Om statleg politikk overfor jødar, kvenar, rom, romanifolket og skogfinnar*. Oslo.
- Kulbrandstad, L. A. (2014). Hva vil det si å være skogfinne i dag? I A. B. Lund & B. B. Moen (Red.), *Nasjonale minoriteter i det flerkulturelle Norge* (s. 165–177). Bergen: Fagbokforlaget.
- Latour, B. (1993). *We have never been modern*. Cambridge, MA: Harvard University Press.
- Malinowski, B. (1913). *The family among the Australian aborigines*. London: Hodder.
- Marks, J. (2008). Race: Past, present, and future. I B. A. Koenig, S. S.-J. Lee & S. S. Richardson (Red.), *Revisiting race in a genomic age* (s. 21–38). New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
- McKinnon, S. & Franklin, S. (2001). *Relative values: Reconfiguring kinship studies*. Durham, NC: Duke University Press.
- Melhuus, M. (2012). *Problems of conception: Issues of law, biotechnology, individuals and kinship*. Berghahn Books.
- Melhuus, M. & Howell, S. (2009). Adoption and assisted conception: One universe of unnatural procreation. An examination of Norwegian legislation. I J. Edwards & C. Salazar (Red.), *European kinship in the age of biotechnology* (s. 144–161). Berghahn Books.
- Mevorach, K. G. (2007). Race, racism, and academic complicity. *American Ethnologist*, 34(2), 238–241. <https://doi.org/10.1525/ae.2007.34.2.238>
- Myhrvold, J. (2015). Slektsnavn på Finnskogen. I G. Alhaug & A.-K. Pedersen (Red.), *Namn i det fleirspråklege Noreg* (s. 239–252). Oslo: Novus.
- Nash, C. (2004). Genetic kinship. *Cultural Studies*, 18(1), 1–33. <https://doi.org/10.1080/0950238042000181593>
- Nash, C. (2012). Genetics, race, and relatedness: Human mobility and human diversity in the geographic project. *Annals of the Association of American Geographers*, 102(3), 667–684. <https://doi.org/10.1080/00045608.2011.603646>
- Needham, R. (1960). Descent systems and ideal language. *Philosophy of Science*, 27(1), 96–101. <https://doi.org/10.1086/287716>
- Nelson, A. (2008). Bio science: Genetic genealogy testing and the pursuit of African ancestry. *Social Studies of Science*, 38(5), 759–783. <https://doi.org/10.1177/0306312708091929>
- Nesholen, B. (2014). Skogfinnene i Norge – historie og kultur. I A. B. Lund & B. B. Moen (Red.), *Nasjonale minoriteter i det flerkulturelle Norge* (s. 55–68). Bergen: Fagbokforlaget.
- Niemi, E. (2003). Kapittel 4: Skogfinnene – en stat i staten? I K. Kjelstadli (Red.), *Norsk innvandringshistorie: I nasjonalstatens tid 1814–1940* (bd. 2, s. 106–127). Oslo: Pax Forlag.
- Nordgren, A. & Juengst, E. T. (2009). Can genomics tell me who I am? Essentialistic rhetoric in direct-to-consumer DNA testing. *New Genetics and Society*, 28(2), 157–172. <https://doi.org/10.1080/14636770902901595>
- Palmié, S. (2007). Genomics, divination, «racecraft». *American Ethnologist*, 34(2), 205–222. <https://doi.org/10.1525/ae.2007.34.2.205>
- Pálsson, G. (2012). Decode Me! Anthropology and personal genomics. *Current Anthropology*, 53(S5), S185–S195. <https://doi.org/10.1086/662291>
- Qi, X., Cui, C., Peng, Y., Zhang, X., Yang, Z., Zhong, H., ... Wang, Y. (2013). Genetic evidence of

- paleolithic colonization and neolithic expansion of modern humans on the tibetan plateau. *Molecular biology and evolution*, 30(8), 1761–1778. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst093>
- Rootsi, S., Zivotovskiy, L. A., Baldovič, M., Kayser, M., Kutuev, I. A., Khusainova, R., ... Ilumäe, A.-M. (2007). A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. *European Journal of Human Genetics*, 15(2), 204–211. <https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5201748>
- Sahlins, M. (2008). *The Western illusion of human nature*. Prickly Paradigm Press Chicago.
- Sahlins, M. (2013). *What kinship is – and is not*. Chicago: The University of Chicago Press.
- Sahlins, M. (2017). In anthropology, it's emic all the way down. *HAU: Journal of Ethnographic Theory*, 7(2), 157–163. <https://doi.org/10.14318/hau7.2.020>
- Schackt, J. (2017). *Slektskap, familie og kjønn: Antropologiske perspektiver*. Oslo: Cappelen Damm Akademisk.
- Scheffler, H. W. (1991). Sexism and naturalism in the study of kinship. I M. di Leonardo (Red.), *Gender at the crossroads of knowledge: Feminist anthropology in the postmodern era* (s. 361–382). Berkeley, CA: University of California Press.
- Schneider, D. M. (1980). *American kinship: A cultural account*. University of Chicago Press.
- Schneider, D. M. (1984). *A critique of the study of kinship*. Ann Arbor: University of Michigan Press.
- Scully, M., Brown, S. D. & King, T. (2016). Becoming a Viking: DNA testing, genetic ancestry and placeholder identity. *Ethnic and racial studies*, 39(2), 162–180. <https://doi.org/10.1080/01419870.2016.1105991>
- Shapiro, W. (2014). Contesting Marshall Sahlins on kinship. *Oceania*, 84(1), 19–37. <https://doi.org/10.1002/occe.5033>
- Shryock, A. (2013). It's this, not that: How Marshall Sahlins solves kinship. *HAU: Journal of Ethnographic Theory*, 3(2), 271–279. <https://doi.org/10.14318/hau3.2.016>
- Smedal, O. H. (2001). Innledning: Modeller, fenomener og realiteter. I S. Howell & M. Melhuus (Red.), *Blod–tykkere enn vann* (s. 9–44). Bergen: Fagbokforlaget.
- Sogner, S. (2003). Kapittel 17. Over Kjølen. I K. Kjelstadli (Red.), *Norsk innvandringshistorie: I kongens tid 900–1814* (bd. 1, s. 333–355). Oslo: Pax Forlag.
- Solheim, J. (2016). Bringing it all back home–familien som generativ kulturell formasjon i det moderne. *Norsk antropologisk tidsskrift*, 27(01), 7–21. <https://doi.org/10.18261/issn.1504-2898-2016-01-02>
- Stone, L. (2004). The demise and revival of kinship. I D. Parkin & L. Stone (Red.), *Kinship and family: An anthropological reader* (s. 241–256).
- Stoneking, M. (2017). *An introduction to molecular anthropology* John Wiley & Sons.
- Strathern, M. (1988). *The gender of the gift: Problems with women and problems with society in Melanesia*. Berkeley: University of California Press.
- Strathern, M. (1992a). *After nature: English kinship in the late twentieth century*. Cambridge; New York: Cambridge University Press.
- Strathern, M. (1992b). *Reproducing the future: Essays on anthropology, kinship and the new reproductive technologies*. Manchester: Manchester University Press.
- Strathern, M. (1998). Surrogates and substitutes: New practices for old? I J. Good & I. Veoldy (Red.), *The Politics of postmodernity* (s. 182–209). Cambridge University Press.
- Valeri, V. (1990). Both nature and culture: Reflections on menstrual and parturitional taboos in Huauulu (Seram). I J. M. Atkinson & S. Errington (Red.), *Power and difference: gender in Island Southeast Asia* (s. 235–272). Stanford University Press.
- van Gennep, A. (1906). *Myhtes et legendes d'Australie*. Paris: Guilmoto.
- Wade, P. (2007). *Race, ethnicity, and nation: Perspectives from kinship and genetics*. Berghahn Books.
- Wedin, M. (2014). *Skogsfinnarna i Skandinavien*. Falun: Finnbygdens Förlag.
- Zhang, Y., Li, J., Zhao, Y., Wu, X., Li, H., Yao, L., ... Zhou, H. (2016, 09/01/online). Genetic diversity of two Neolithic populations provides evidence of farming expansions in North China. *Journal Of Human Genetics*, 62, 199. <https://doi.org/10.1038/jhg.2016.107>