

Essay

#decolonizeDNA

Relationen zwischen Epistemologie, Identität und
Datafizierung im postgenomischen Zeitalter

Vincent Kretschmer

11839784

LV-Leiter*innen:	Melanie Goisauf und Kaya Akyüz
Erstellt im Rahmen der Lehrveranstaltung:	<i>„Genetics, genomics, post-genomics?“ Körper, Wissen und Gesellschaft im Zeitalter der Genetik</i>
Abgabetermin:	12.02.2021

Einleitung

Mit dem Einläuten des postgenomischen Zeitalters wurde eine epistemologische Verschiebung innerhalb der Genom-Forschung konstatiert: Während vorher, im genomischen Zeitalter, Gene noch als einzelne funktionale Identitäten, mit einem einzelnen Phänotyp verbunden, betrachtet wurden, nimmt die Epistemologie der Postgenomik die konstitutive Pluralität und Relationalität von Welt-Beziehungen ernst. Es gibt nicht mehr „das eine Gen“, welches phänotypische Eigenschaften bestimmt. Vielmehr werden auf die Komplexität des Organismus in der Interaktion einerseits der verschiedenen Gene untereinander und andererseits der Gene mit Umweltfaktoren verwiesen, welche ein neues zeitliches und räumliches Verständnis der Genom-Forschung erfordern (Fox Keller 2015). Insofern wird argumentiert, dass im Zeitalter der Postgenomik, welche sich als postmodernes Projekt versteht, der bis dato vorherrschende Universalismus innerhalb der Genom-Forschung überwunden wird (Perbal 2015). Dies geschehe einerseits durch die Einbeziehung pluraler Epistemologien, andererseits durch die Überwindung der genozentrischer Annahmen, auch wenn dem Gen noch immer eine wichtige Bedeutung zukommt.

Dieses Essay möchte diesen Standpunkt kritisch befragen und sich damit beschäftigen, inwiefern Universalismen zu Prozessen weiterer Marginalisierung vulnerabler Gruppen innerhalb der Genomik beitragen. Der Fokus des Essays soll dementsprechend auf dem epistemologischen und ontologischen Diskurs der Genom-Forschung liegen und ersucht, diesen mittels vornehmlich dekolonialer Beiträge im Kontext der Debatten rund um #decolonizeDNA zu erweitern. Die Wahl ebenjener theoretischen Ansätze plausibilisiert sich einerseits in der Zentralität der Dekonstruktion epistemologischer und ontologischer Eurozentrismen ob kolonialer Matrizen des Wissens und der Macht, sodass sich eine neue Perspektive auf mögliche Universalismen auftut, andererseits durch die „dekoloniale Wende“, wie sie auch in den Science and Technology-Studies bereits konstatiert wird (Couldry und Mejias 2021), wobei festzustellen ist, dass diese Wende innerhalb der Genomik allenfalls nur vereinzelt angekommen ist.¹ Dieses Essay hofft, sowohl innerhalb der Genomik eine produktive Ergänzung zu leisten, insoweit auf die möglichen marginalisierenden Problematiken vorherrschender Universalismen hingewiesen wird, als auch innerhalb des dekolonialen Diskurses mit seiner weitreichenden Forderung der Dekolonialisierung des Wissens, welche nicht zuletzt auch im Diskurs um das Erbgut des Menschen eine wichtige Rolle spielt, gerade angesichts der weitreichenden Relevanz dieses Diskurses von biologischen bis zu ethischen und sozialen Fragen.

Dazu soll zunächst aus kritischer Perspektive auf die Entstehung und weiters den derzeitigen Status der Epistemologien des postgenomischen Zeitalters eingegangen werden. Darauf folgt eine kurze

¹ Trotzdem lassen sich einige dekoloniale Vorstöße feststellen, die hier exemplarisch angeführt seien: (Li 2021; Reardon 2009; TallBear 2013b; Touchette u. a. 2021). Es muss jedoch angemerkt werden, dass nicht alle dieser Publikationen sich auf die Humangenomik beziehen.

Analyse der sozialen und kulturellen Relevanz der genomischen Narrative in ihrer identitätsbegründenden Funktion, wobei anhand der Beispiele indigener Gruppen und europäischer Roma die Reproduktion rassistischer Kategorisierungen mittels der Genom-Forschung beleuchtet wird. Die Genom-Forschung wird dann in die weitreichenden Prozesse der Datafizierung des Sozialen eingebettet, welche sich über global ungleiche Machtverhältnisse auszeichnen. Das Essay schließt dann mit einer kurzen Conclusio ab, welche die wichtigsten Thesen zusammenfasst, kritische Punkte der Arbeit hervorhebt und nicht zuletzt auch das dialogische Potenzial der postgenomischen Genomik betont.

Zur Genese der Epistemologie des postgenomischen Zeitalters

Die Epistemologien des postgenomischen Zeitalters zu verstehen, erfordert ein profundes Verständnis der Geschichte der Genetik, welche die Grundlage der Genese des Diskurses postgenomischen Zeitalters bietet. So konstatierte Ludwik Fleck bereits vor über 80 Jahren, „[...] die heutigen Forschungsmittel sind eben Ergebnis der historischen Entwicklung, sie sind so und nicht anders durch solche und nicht andere Vorgeschichte“ (Fleck 2019:32). Das impliziert auch, dass die gegenwärtigen Erkenntnisinteressen sich nur über diskursiv über das Studium der entsprechenden Wissenschaftshistorie bestimmen lassen. Eine ebenjene Analyse scheint auch aus einer abwesenheitssoziologischen Perspektive (De Sousa Santos 2016:164–87) ein wichtiges Anliegen, insofern dadurch deutlich wird, welches Potenzial in einer postgenomischen Perspektive liegt, aber auch die produzierten Abwesenheiten aufdeckt, mit anderen Worten, das, „[which] is in fact actively produced as nonexistent, that is, as a noncredible alternative to what exists“ (De Sousa Santos 2016:171–72). Auch Foucault (2017) zeigt auf, dass Diskurse von bestimmten epistemologischen Vorannahmen geprägt sind, welche über die „Ordnung der Dinge“ diskursives Wissen erst möglich machen. Damit wird auch das postgenomische Zeitalter nicht mehr als eine Notwendigkeit verstanden, welche sich aus einer stetigen Weiterentwicklung der Genom-Forschung ergibt, sondern vielmehr als eine unter vielen Möglichkeiten, die Genomik als Wissensgebiet zu denken. Einer abwesenheitssoziologischen Perspektive folgend, lässt sich die epistemologische Entwicklung der Genetik und, allgemeiner gesprochen, der Wissenschaft, hin zu einer „Monokultur des Wissens und Rigorosität des Wissens“ (De Sousa Santos 2016:172–73) nachzeichnen. Diese Monokultur, als eine von fünf Modi der Abwesenheitsproduktion, nimmt, De Sousa Santos folgend, die Rolle der wirkmächtigsten Logik ein. Er beschreibt sie primär durch die Transformation der modernen Wissenschaften und Hochkultur nach einzigen Kriterien der Wahrheit und Ästhetik, sodass ein exklusiver Kanon der Wissensproduktion produziert wird. All jenes, was nicht innerhalb dieses Kanons anerkannt oder legitimiert werden kann, wird als Nicht-Existent deklariert. Diese Komplizenschaft, welche eine weitreichende Auswirkung auf die verschiedensten Epistemologien der Wissenskulturen

hat, vom alltäglichen bis zum wissenschaftlichen Wissen, wird insbesondere dadurch problematisch, dass sie die geopolitisch vorherrschenden kolonialen Matrizen widerspiegelt und reproduziert.

Um dies im Kontext der Epistemologien des postgenomischen Zeitalters zu konkretisieren, kann die Dominanz eines als monokulturell zu bezeichnendem Weltbild innerhalb genomischer Narrative angeführt werden. Dies wird dann deutlich, wenn eine in genomischen Diskursen vorherrschende und eindeutige Mensch-Umwelt-Spaltung festgestellt werden kann, insofern angenommen wird, dass „[...] landscapes are places *through* which humans and their molecules move and *settle*“ (TallBear 2013a:514), etwa anstelle der Annahme, dass sich der Mensch *sui generis* erst in seiner Relation zur Umwelt konstituiert. Die Annahme einer solchen Spaltung lässt sich philosophiegeschichtlich in der cartesianischen Subjektphilosophie begründet sehen, welche zeitgleich auch den philosophischen Beginn des Großprojekts der Moderne einläutete. Der bekannte Satz „*cogito ergo sum*“ stellte sich als wesentlicher Ausgangspunkt der Idee des *res cogitans* dar, einer denkenden Substanz des menschlichen Geistes, welcher es möglich ist, alle äußerlichen Dinge des *res extensa* zu erfassen und zu repräsentieren (Possamai 2013). Damit wird über das erkennende Subjekt, welches aus sich heraustritt und objektiv auf sich selbst zurückgreift, epistemologisch die Möglichkeit der objektiven Erkenntnis gewonnen. Hierbei lassen sich allerdings mehrere Problematiken feststellen. Einerseits vergisst diese Position der „subjektzentrierten Vernunft“ (Habermas 1986) auf ihre historische Kontextualisierung, etwa im Sinne des situierten Wissens (Haraway 1988), welche deutlich macht, dass dem *ego cogito* bereits eine zunehmende selbstzentrierte Subjektivität vorausgeht, oder mit anderen Worten, das *ego conquiro* (Dussel 2012:172), sodass sich die Genese cartesianischer epistemologischer Position erst aus der Affirmation und Reproduktion global ungleicher Macht-Wissens-Relationen entlang kolonialer Matrizen zu verstehen ist (Quijano 2000). Wenn in den Narrativen der Genomik also beansprucht wird, dass DNA-Analysen über wissenschaftliche Rigorosität Objektivität repräsentieren, dann bedienen sie sich ebenjenem epistemologischen Konstrukt, welches es erlaubt, die Mensch-Umwelt-Spaltung über ein relationales Weltbild zu erheben, insofern ersterem anhand rationalisierender und objektivierender Kriterien Modernität zugeschrieben wird.

Dem ist allerdings hinzuzufügen, dass die Entstehung des postgenomischen Zeitalters hier eine gewisse diskursive Verschiebung markiert. Während Genome lange als eine Ansammlung von Genen eines geschlossenen Systems gedacht wurden, rückt die Responsivität des Genoms zur Umwelt nun stärker in den Vordergrund. Die vielfältige Interaktion des Menschen mit seiner Umwelt mittels seines komplexen Wahrnehmungssystems wird nun zu einem weiteren wesentlichen Faktor genetischer Veränderungen. Oder, in anderen Worten: „[...] the postgenomic genome looks more like an exquisitely sensitive reaction (or response) mechanism [...] than it does the pregenomic picture of the genome as a collection of genes initiating cause chains leading to the formation of traits“ (Fox Keller 2015:25). Das führt auch dazu, dass die genomische Forschung wird nun als explizit anti-rassistisch

positioniert wird, insofern sie zeige, dass ethnische Differenz nicht aus biologischer Differenz heraus verstanden werden könne und deswegen die ethnische Diversität in den Vordergrund stelle (Tyler 2021:220). Damit ließe sich konstatieren, dass die Mensch-Umwelt-Spaltung innerhalb der neueren Genom-Forschung keineswegs eine *conditio sine qua non* ist, sondern sich mithin sogar auflöst, insofern sich die Konstante der Veränderung von Genomen nur in der Relation des Menschen mit seiner Umwelt verstehen lässt. Es kann jedoch argumentiert werden, dass die Mensch-Umwelt-Spaltung einerseits bereits deshalb nicht überwunden wird, weil nichtsdestotrotz das Denken in dichotomen Kategorien vorausgesetzt wird, um genomische Veränderungen erfassen zu können. Die Umwelt bleibt also ein austauschbarer Faktor anstelle eines konstitutiven Moments menschlichen Seins. Weiters kann argumentiert werden, dass die anhaltende Praxis der Datafizierung des Körpers, insofern genetische Tests als Datenlieferanten zur De-Kodierung des menschlichen Genoms werden, weiterhin erfordert, eine Perspektive einzunehmen, welche sich als losgelöst vom eigenen Körper und der eigenen soziale Positionalität verstehen, sodass sie vermeintlich objektiv erscheint.²

Zunächst lässt sich jedenfalls festhalten, dass die Epistemologie des postgenomischen Zeitalters höchst komplex bleibt, nicht nur hinsichtlich des wissenschaftsgeschichtlichen Ursprungs, sondern auch angesichts der beständigen Veränderungen des genomischen Wissensstands, welche eine Offenheit der unterschiedlichsten genomverändernden Faktoren erfordert. Auch aufgrund dieser Komplexität muss angeführt werden, dass allenfalls einige wenige Bruchlinien dieser Thematik beleuchtet wurden, sodass die Notwendigkeit einer profunden Analyse weiterhin gegeben bleibt. Dennoch ist zu betonen, dass dieser epistemologische Diskurs stets auf Positionen zurückgreift, welche von der Objektivität des eigenen, nach naturwissenschaftlichen Kriterien produzierten Wissens ausgehend und damit die Dominanz ebenjenes Wissens postulieren, wobei sie auf die Situierung ihres Wissens innerhalb global ungleicher Wissens-Relationen verzichten. Dies alles deutet bereits darauf hin, dass sich die genomischen Diskurse bereits genealogisch, hier allerdings in einem explizit wissenssoziologischen Sinne, in patriarchalen, rassistischen und kolonialistischen Strukturen bewegen. Nichtsdestotrotz hat dieses Narrativ weitreichende gesellschaftliche Auswirkungen, die sich einerseits in seinen universalistischen Ansprüchen und andererseits in seiner diskursiven Präsenz begründet sehen. Um dies zu veranschaulichen, soll nun darauf eingegangen werden, wie sich Identitäten mittels genomischer Narrative neu formen und welche gesellschaftlichen Konsequenzen damit einhergehen.

„Ich bin, was meine Gene sind“ – Genomische Identitätsbegründungen

Die Ansprüche der Genom-Forschung sind also hoch und lassen gleichzeitig universalisierende Tendenzen offenbar werden: Sie beanspruchen, den Menschen zu zeigen, „was sie wirklich sind“, was alles bereits in ihrer DNA festgeschrieben ist. Gleichzeitig haben sie auch in Narrativen um die eigene

² Die Problematik der Datafizierung wird weiter unten noch detaillierter beleuchtet.

Identität und Geschichte eine neue Tragweite erreicht (Novas und Rose 2000). Genomische Artikulationen der Identität sind auf dem Weg, eine umfassende politische und soziale Relevanz zu erreichen. Geleitet von Konzepten wie „Gründungspopulationen“ oder genetischer Genealogien wird versucht, evolutionäre Beziehungen nachzuzeichnen und genetische Differenzmarker zu identifizieren (TallBear 2013a). So gibt es anhaltende Bemühungen, genetische Marker zu identifizieren, welche es erlauben, genetische Populationen zu geographischen Gebieten zuzuordnen. Diese Marker seien in dem Y-Chromosom oder der mitochondrialen DNA (mtDNA) zu finden (Jobling, Rasteiro, und Wetton 2016). Dies zeigt sich auch in der gesteigerten Relevanz, welche genealogischen Begründungsmechanismen der Identität zukommt, womit „[...] a practice which joins imaginative self-making and guarantees of truth about individual identity [...]“ (Nash 2002:27) gemeint ist. Die Konstruktion kultureller Identitäten über ancestrale Verbindungen und Verwandtschaften stellt insbesondere in Diskursen um politische Ansprüche auf Territorien und ethnischen Nationalismus eine Konstante dar. Kurz gesagt, „[i]ncreasingly, genomic affiliations and molecular affinities are substituting for social bonds, cultural relations, and even family ties – and so, biochemical retellings replace historical and environmental relationalities and intimacies“ (Anderson und Lindee 2020:486–87). Das wird auch offenbar, wenn neue Narrative „nationaler Genome“ (Reardon 2017:97–98) aufkommen, welche nicht nur neue, naturalisierende Vorstellungen einer nationalen Identität aufkommen lässt, sondern damit auch eine exklusive Identitäts-Sphäre schaffen, deren Zugang mittels DNA-Tests stark reguliert ist. Hierbei lässt sich Vielzahl an Studien anführen, die sich mit der Konstruktion genetischer Identität auseinandersetzen, von der wikingischen Identität (Strand und Källén 2021) über Vorstellungen britischer Indigenität (Tyler 2021) bis hin zur „genomischen Staatsbürgerschaft“ (McGonigle 2021), verbunden mit der Anstrengung von Regierungen, Staatsbürger*innen nach biologischen Kriterien zu katalogisieren und evaluieren, um nur einige, jüngst publizierte Beispiele zu nennen.³ Mit anderen Worten kann auch von einem ontologischen Reduktionismus gesprochen werden, welcher die vermeintliche Essenz des menschlichen Seins in einigen DNA-Sequenzen begründet. Diese Ansprüche als den einzigen Standpunkt der Genom-Forschung zu postulieren wäre allerdings keineswegs korrekt. Bereits eingangs wurde erwähnt, dass die es mit dem Aufkommen der Postgenomik einen epistemologischen Wandel gab, welcher differenzierte Positionen des Zusammenwirkens unterschiedlichster und relationaler Einflüsse zulässt. Allerdings bleibt oftmals eine Reflexion auf die Implikationen von der Kategorisierung als modus operandi aus.

Die Problematik der identitätsbegründenden und voraussetzungs-vollen Kategorisierungen soll anhand zweier Beispiele verdeutlicht werden. Zum einen sei auf die Forschungen zu indigenen Gruppen im

³ Als kritische Gegenposition zur genomischen Konstruktion der Identität sei hier auf Urban (2020) sowie Watt und Kowal (2019) verwiesen.

Pazifik (Anderson und Lindee 2020) und in Nordamerika (TallBear 2013a) verwiesen. Wie bereits festgehalten wurde, lassen sich Narrative genomischer Identität primär als Bestimmung anzestraler Relationen gewisser Populationen verstehen. Dementsprechend lässt sich genomische Indigenität nach ebenjener Lesart als „[...] relatively straightforward genetic descent from founder populations on particular continents“ (TallBear 2013a:516) verstehen. Die Zuschreibung indigener Differenz über eine möglichst lange geteilte Vorfahr*innenschaft lädt schnell dazu ein, bereits bekannte rassistische Differenzaxiome, wie sie etwa in der Vorstellung einer grundsätzlichen Überlegenheit einer „weißen Rasse“ begründet sind (Mbembe 2016), auf subtile Weise zu reproduzieren und ihnen im Zusammenspiel mit den neueren Diskursen der Genomik neue Tragweite zu geben. Gleichzeitig wird Zuschreibung von Indigenität damit keine individuelle, sondern genomische Frage. Als indigen gelten nur noch jene Personen, welche entsprechend den Kriterien der Forscher*innen als hinreichend biologisch verwandt mit Gründungspopulationen angesehen werden (TallBear 2013a). Das impliziert in einer multikulturellen Gesellschaft nicht nur das Verschwinden „indigener Genome“, sondern lässt auch die Identitätsbegründung der Indigenität durch historische und kollektive Erfahrungen der Kolonialisierung und Marginalisierung außer Acht. In anderen Worten, die Kategorisierung genomischer Daten der Indigenität beruht wesentlich auf bereits festgeschriebenen sozialen und kulturellen Vorstellungen, welche sich in den kolonialen Relationen zwischen Europäer*innen und Indigenen herausgebildet haben (Reardon und TallBear 2012:234). Diese ungleichen Relationen bleiben intakt, denn auch die Genome der Indigenen können als eine Ressource betrachtet werden, welche, ausgehend von imperialen Vorstellungen des globalen Südens, zur Produktion eines von dieser Lokalität losgelösten Wissensdiskurs des globalen Nordens verwendet werden (Anderson und Lindee 2020:487). Zum anderen sei die genetische Forschung zu den europäischen Roma als zweites Beispiel erwähnt. Auch hierbei beruht die Zuschreibung zur Gruppe der Roma bereits auf rassistischen und diskriminierenden Stereotypisierungen. Insbesondere in der Stichprobenauswahl wird dies zum Problem, denn „[...] researchers have frequently tried to avoid sampling people whom they considered to have ‘non-Roma’ and mixed ancestry“ (Lipphardt u. a. 2021:369).

Bis dato halten diese problematischen Selektionspraktiken innerhalb der Genom-Forschung an, welche der Stigmatisierung sozialer Gruppen durch die Vorannahmen der Forscher*innen die Türen öffnen und damit ebenso den Anspruch, eine „objektive“ Dekodierung der menschlichen DNA zu leisten, welche frei von sozialen Einflüssen sei, konterkariert. Es wird deutlich, dass sich hier in Diskursen bewegt wird, welche zwar einen gewissen dispositiven Raum haben, aber keineswegs von den vorherrschenden diskursiven Matrizen losgelöst sind. Das dekonstruiert auch die antirassistischen Positionierungen genomischer Forschung, denn, “while biological anthropologists and geneticists commonly state desires to build an antiracist future, often they do so on conceptual and material terrains that leave intact old links between whiteness and property.” (Reardon und TallBear

2012:S234). Zudem könnte auch von einer neuen Form des “identitären Rassismus” (Echeverría 2016:63) gesprochen werden, der sich im exklusiven genomischen Identitätsdiskurs begründet, insofern die legitime Zuschreibung zu einer Identität bereits auf der Operation mit rassistisch vorgeformten Kategorisierungen beruht. Es bleibt also wichtig zu betonen, „[...] that claims to working under the premise of ‘pure science’ of genomics are untenable as the social is present by default [...]” (Goisauf, Akyüz, und Martin 2020:7).

Die Datafizierung der Sozialen und ungleiche genomische Datenverhältnisse

Im größeren Kontext der Datafizierung des Sozialen lässt sich hier eine drängende Problematik ausmachen. So gehen mit ebenjenen problematischen Kategorisierungen extraktivistische Praktiken der Appropriation von Daten einher. Hierbei werden die Genome der Mitglieder vulnerabler und marginalisierter Gruppen, einhergehend mit der Vorstellung der Bewahrung menschlicher Diversität (u.a. Anderson und Lindee 2020:496), zu Objekten des Forschungsinteresses, allerdings zumeist, ohne einen hinreichenden Dialog mit jenen Person, welche ihre DNA zur Verfügung stellen, zu suchen oder sie in entsprechende Forschungsprozesse als Akteur*innen einzubinden. Noch immer ist die Praxis, Daten auch ohne entsprechenden Konsens und Einverständniserklärung zu verwenden, gängig (Lipphardt u. a. 2021:369). Dementsprechend ist das Telos, die Differenz des Humangenoms datafiziert zu erfassen, keineswegs ein Phänomen, welches alle Menschen in gleichem Ausmaß trifft. Wie bereits gezeigt wurde, während seitens der Forscher*innen ihre eigenen wissenschaftlichen oder kommerziellen Interessen verfolgen, kommt die andere Seite nur die Rolle des*der Datenlieferant*in zu, ohne dass sie im produzierten Wissen und hinreichend mitgedacht werden.

Dies spiegelt sich im „data universalism“ (Milan und Treré 2019) wider, welcher implizit vorausgesetzt wird, insofern die Datafizierung des menschlichen Körpers erfordert, dass das Humangenom standardisiert erfassbar ist. Die universalistische Postulation standardisierter Daten zeigt sich, wenn genomische Daten zu „digitalen Phänotypen“ (Jain u. a. 2015), womit die digitale Darstellung individueller Gesundheitsdaten gemeint ist, transformiert werden. Diese digitalen Spiegelbilder der Selbst-Repräsentation verwenden die erhobenen Daten zur präzisen Erfassung gesundheitlicher Risiken. Dazu rekurren sie allerdings auf spezifische, teils auch problematische Stichprobenverfahren, statistische Normen, genomische Differenzmarker und nicht zuletzt auch andere, bereits vorhandene Phänotypen, welche wesentlichen Einfluss auf die digitale Selbst-Repräsentation haben (Green und Svendsen 2021). Um eine digitale Phänotypisierung zu erfahren, werden damit personalisierte Daten, eingebettet in globale Politiken des *Big Data*, zur Voraussetzung. Allgemeiner gesagt, die genomische Repräsentation des Selbst erfordert die Datafizierbarkeit. Wer nicht datafizierbar ist, dessen Genom existiert nicht, es ist die *conditio sine qua non*. Der

Universalismus der Daten geht also mit der Entstehung einer neuen Klasse der „data poor“ (Milan und Treré 2020) einher, welche aufgrund fehlender oder misrepräsentierter Darstellungen invisibilisiert werden. Nicht zuletzt lässt sich auch plausibel argumentieren, dass diese datazentrierte Rationalität Ausdruck einer Kolonialität der Macht ist, welche die soziale Ordnung anhand datenbasierter normativer Kategorien bestimmt und damit die Existenz alternativen und pluriverser Welten negiert (Ricaurte 2019). Couldry und Mejias (2019a; 2019b; 2021) bieten mit ihrem Konzept des „data colonialism“ ein Analyseinstrument, um diese asymmetrischen Daten-Beziehungen zu verstehen. Sie konstatieren, „[d]ata colonialism combines the predatory extractive practices of historical colonialism with abstract quantification methods of computing“ (Couldry und Mejias 2019a:337), und berufen sich zudem darauf, dass soziale Beziehungen sich, einhergehend mit den Prozessen der Digitalisierung, zentral aus Beziehungen zwischen Daten konstituieren. Obschon Couldry und Mejias sich primär mit den Daten, welche aus digitalen Plattformen generiert werden, auseinandersetzen, scheint dieses Konzept auch im Kontext genomischer Daten durchaus anwendbar. Sie konfrontieren die heutigen globalen Daten-Beziehungen mit den Funktionen des historischen Kolonialismus und thematisieren einen neuen „Landraub“ (Couldry und Mejias 2021:3), welche sich nun, analog zum historischen Landraub der Kolonialnationen, auf die Gewinnung eines Mehrwerts mittels der Aneignung von Daten fokussiert. Dabei werden insbesondere digitale Gesundheitsdaten zum Opfer des neuen Extraktivismus (Couldry und Mejías 2020).

Abschließend lassen sich zwei Bruchlinien des „data colonialism“ der genomischen Forschung anführen: Erstens auf epistemologischer Ebene unter der Dominanz eines rationalistischen-universalisierenden Wissens- und Erklärungssystems westlicher Provenienz. Es lässt sich also argumentieren, dass bereits in die Epistemologie der genomischen Daten strukturelle Ungleichheiten eingeschrieben sind. Zweitens lassen sich konkrete ungleiche globale Machtverhältnisse ausmachen, welche sich in der asymmetrischen Datafizierung des Genoms widerspiegeln. Zusammenfassend kann gesagt werden, dass der „data colonialism“ der Genomik entlang einer ungleichen und abismalen Linie (De Sousa Santos 2021:83) verläuft, welche Bevölkerungen zwischen dem Humanen und Subhumanen spaltet, oder anders gesagt, zwischen jenen, dessen Daten appropriiert werden und jenen, die von ebendiesen Daten profitieren. Diese Linie, so lässt sich konstatieren, verläuft entlang eines globalen Nord-Süd-Gefälles, wobei dies nicht nur geographisch, sondern auch metaphorisch für „[...] the global, systemic and unjust human suffering caused by capitalism, colonialism, and patriarchy [...]“ (De Sousa Santos 2016:222–23) verstanden sei, sodass sich der globale Norden genauso im geographischen Süden wiederfinden kann, oder der globale Süden im geographischen Norden, wie dies bei dem Beispiel der europäischen Roma festzustellen wäre.

Conclusio

Das Anliegen dieses Essay war jedenfalls, einen neuen und interessanten Ansatz vorzulegen, welcher die Thematiken der Epistemologie, Identität und Datafizierung im postgenomischen Zeitalter auf produktive Weise verbindet. Hierbei sollte im Rekurs auf dekoloniale Positionen eine kritische Perspektive ob global ungleicher Wissenssysteme entwickelt werden. Dazu wurde zunächst gezeigt werden, inwiefern Weltanschauungen westlichen Ursprungs in die Epistemologien des postgenomischen Zeitalters eingeschrieben sind, sei dies über die dichotome Vorstellung einer Spaltung zwischen dem Menschen und der Natur oder über vorherrschende rationalistisch-universalisierende Erklärungsmodelle. Darauf folgte eine Analyse der neuen Praktiken der Identitätsbegründung mittels genomischer Diskurse, wobei einerseits die soziale und kulturelle Relevanz der Diskurse der Genom-Forschung und andererseits konkrete Beispiele der genomischen Artikulation von Identität dargelegt wurden. Dabei wurde ein besonderes Augenmerk auf die Reproduktion kolonialistischer Kategorisierungen gelegt, welche das Phänomen des identitären Rassismus qua genomischen Narrative begründen. Abschließend wurden dies mit den Prozessen der umfassenden Datafizierung des Sozialen kontextualisiert. Im Rekurs auf die rezente Debatte um den „data colonialism“ wurde dargestellt, wie ungleiche Daten-Relationen in der datafizierten Erfassung des Humangenoms in global ungleiche Machtverhältnisse eingebettet sind, welche ihre Spuren in den Wissenssystemen des historischen Kolonialismus haben.

Den Anspruch zu stellen, eine umfassende Analyse all jener Thematiken zu bieten, scheint jedoch schon ob der schier thematischen Komplexität verwegen. Viele wichtige Fragen konnten allenfalls kurz gestreift werden und viele Thematiken blieben unbeleuchtet. Eine wichtige Dimension wäre beispielsweise die Entstehung eines neuen „Biokapitalismus“ (Fox Keller 2015) mit dem Aufkommen der personalisierten Genomik, was ein Thema mit hoher Relevanz für die hier behandelten Inhalte wäre, insofern sie eng miteinander verwoben sind. Genauso ist es relevant, die durchaus vorhandenen emanzipatorischen Potenziale der Genomik für marginalisierte Gruppen genauer zu beleuchten. Angesichts der Kürze des vorgelegten Essays soll dies allerdings in einer zukünftigen Arbeit thematisiert werden. Weiters ließe sich kritisieren, dass das theoretische Analysekonstrukt der dekolonialen Theorien den kritisierten rationalistischen Universalismus der Genom-Forschung durch einen gleichermaßen problematischen Universalismus kolonialistischer Machtstrukturen ersetzt und damit andere Mechanismen der Ungleichheit außer Acht lässt. Außerdem werden empirische Arbeiten allenfalls exemplarisch zur Unterstützung theoretischer Argumente herangezogen, sodass einige Thesen durchaus fern der derzeitigen Diskurse der Genom-Forschung verortet scheinen und zumindest eine weitere, fallbezogene Arbeit notwendig ist. Nicht zuletzt wurde in der dargelegten Kritik bereits verschiedene epistemologische Vorannahmen getroffen, welche nicht weiter reflektiert werden, sodass auch das hier lancierte Wissen situiert bleibt. All diesen Kritiken kann und will diese Arbeit sich

nicht entziehen. Es muss allerdings betont werden, dass hier keineswegs eine umfassende dekoloniale Kritik der Genom-Forschung dargelegt werden sollte, vielmehr sollen, ganz im Wortsinn des Essays als Versuch, Anregungen dargeboten werden, die verschiedenen ineinander verschlungenen Wege, unter denen sich sicherlich auch einige Sackgasse finden, aufzunehmen und gegebenenfalls weiterzudenken. Ob dies gelungen ist, muss allerdings die Leser*innenschaft beurteilen.

Abschließend sei gesagt, dass der Weg der Humangenomik, trotz der hier vorgelegten Kritik, ein produktiver Weg sein kann, den Mensch in seiner Diversität zu erfassen und verstehen. Das setzt jedoch voraus, jeden Menschen als einen solchen Menschen anzuerkennen, in seiner letztendlich unauflösbaren Differenz, und jedem muss das Recht auf die Existenz in der Differenz einzuräumen. Das macht es notwendig, wichtige Fragen aufzuwerfen: Wie lassen sich Differenzerfahrungen in der Genomik artikulieren? Wer kann welche Arten von Differenz im Diskurs der Postgenomik artikulieren? Und nicht zuletzt, welche Differenzerfahrungen lassen sich nicht artikulieren? Dies zu thematisieren, sensibilisiert auch für strukturelle Ungleichheiten und ungleiche Machtverhältnisse, welche Marginalisierungen nach sich ziehen können. Deshalb, und auch ob des immensen gesellschaftstransformativen Potenzials, erscheint es unerlässlich, dass sich die kritischen Sozialwissenschaften weiterhin intensiv mit diesen Themen beschäftigen, das Bild der Humangenomik als vermeintlich „objektive“ Wissenschaft dekonstruieren und jenes Wissen damit entsprechend situieren. Diese Arbeit sollte dazu einen Beitrag leisten. Erst dann scheint ein Dialog der Genomik, aus ihrem historischen Standpunkt heraus, mit anderen Wissensformen möglich, welcher den Weg für eine inklusive und plurale Zukunft bieten kann.

Literatur

- Anderson, Warwick, und M. Susan Lindee. 2020. „Pacific Biologies: How Humans Become Genetic“. *Historical Studies in the Natural Sciences* 50(5):483–97. doi: 10/gn3cmx.
- Couldry, Nick, und Ulises Ali Mejias. 2019a. „Data Colonialism: Rethinking Big Data’s Relation to the Contemporary Subject“. *Television & New Media* 20(4):336–49. doi: 10.1177/1527476418796632.
- Couldry, Nick, und Ulises Ali Mejias. 2019b. *The costs of connection: how data is colonizing human life and appropriating it for capitalism*. Stanford, California: Stanford University Press.
- Couldry, Nick, und Ulises Ali Mejías. 2020. „Health data and global power inequalities: challenging the world data order“. *Revista Eletrônica de Comunicação, Informação e Inovação em Saúde* 14(4). doi: 10.29397/reciis.v14i4.2243.
- Couldry, Nick, und Ulises Ali Mejias. 2021. „The Decolonial Turn in Data and Technology Research: What Is at Stake and Where Is It Heading?“ *Information, Communication & Society* 1–17. doi: 10.1080/1369118X.2021.1986102.
- De Sousa Santos, Boaventura. 2016. *Epistemologies of the South: Justice against Epistemicide*. London New York: Routledge.

- De Sousa Santos, Boaventura. 2021. *El futuro comienza ahora: de la Pandemia a la utopía*. Madrid: Akal.
- Dussel, Enrique. 2012. „Anti-Cartesianische Mediationen. Über den Ursprung des philosophischen Gegendiskurs der Moderne“. in *Die Moderne im interkulturellen Diskurs: Perspektiven aus dem arabischen, lateinamerikanischen und europäischen Denken*, herausgegeben von H. Schelkshorn und J. Ben-Abdeljelil. Weilerswist: Velbrück Wissenschaft.
- Echeverría, Bolívar. 2016. *Modernidad y blanquitud*. México, D.F: Ediciones Era.
- Epstein, Steven. 2009. „Beyond the Standard Human“. S. 35–53 in *Standards and their stories: how quantifying, classifying, and formalizing practices shape everyday life*, herausgegeben von M. Lampland und S. L. Star. Ithaca: Cornell University Press.
- Fleck, Ludwik. 2019. *Entstehung und Entwicklung einer wissenschaftlichen Tatsache: Einführung in die Lehre vom Denkstil und Denkkollektiv*. 12. Auflage. Frankfurt am Main: Suhrkamp.
- Foucault, Michel. 2017. *Die Ordnung der Dinge: eine Archäologie der Humanwissenschaften*. 24. Auflage. Frankfurt am Main: Suhrkamp.
- Fox Keller, Evelyn. 2015. „The Postgenomic Genome“. S. 9–31 in *Postgenomics: perspectives on biology after the genome*, herausgegeben von S. S. Richardson und H. Stevens. Durham: Duke University Press.
- Goisauf, Melanie, Kaya Akyüz, und Gillian M. Martin. 2020. „Moving Back to the Future of Big Data-Driven Research: Reflecting on the Social in Genomics“. *Humanities and Social Sciences Communications* 7(5). doi: 10/gn47dq.
- Green, Sara, und Mette N. Svendsen. 2021. „Digital Phenotyping and Data Inheritance“. *Big Data & Society* 8(2):205395172110367. doi: 10.1177/20539517211036799.
- Habermas, Jürgen. 1986. *Der philosophische Diskurs der Moderne: zwölf Vorlesungen*. 3. Auflage. Frankfurt am Main: Suhrkamp.
- Haraway, Donna. 1988. „Situated Knowledges: The Science Question in Feminism and the Privilege of Partial Perspective“. *Feminist Studies* 14(3):575. doi: 10.2307/3178066.
- Jain, Sachin H., Brian W. Powers, Jared B. Hawkins, und John S. Brownstein. 2015. „The Digital Phenotype“. *Nature Biotechnology* 33(5):462–63. doi: 10.1038/nbt.3223.
- Jobling, Mark A., Rita Rasteiro, und Jon H. Wetton. 2016. „In the Blood: The Myth and Reality of Genetic Markers of Identity“. *Ethnic and Racial Studies* 39(2):142–61. doi: 10.1080/01419870.2016.1105990.
- Li, Fay-Wei. 2021. „Decolonizing Botanical Genomics“. *Nature Plants* 7(12):1542–43. doi: 10/gn3cm4.
- Lipphardt, Veronika, Mihai Surdu, Nils Ellebrecht, Peter Pfaffelhuber, Matthias Wienroth, und Gudrun A. Rappold. 2021. „Europe’s Roma People Are Vulnerable to Poor Practice in Genetics“. *Nature* 599(7885):368–71. doi: 10/gnmbw4.
- Mbembe, Achille. 2016. *Kritik der schwarzen Vernunft*. 5. Auflage. Berlin: Suhrkamp.
- McGonigle, Ian. 2021. *Genomic Citizenship the Molecularization of Identity in the Contemporary Middle East*.

- Milan, Stefania, und Emiliano Treré. 2019. „Big Data from the South(s): Beyond Data Universalism“. *Television & New Media* 20(4):319–35. doi: 10.1177/1527476419837739.
- Milan, Stefania, und Emiliano Treré. 2020. „The Rise of the Data Poor: The COVID-19 Pandemic Seen From the Margins“. *Social Media + Society* 6(3):1–5. doi: 10.1177/2056305120948233.
- Nash, Catherine. 2002. „Genealogical Identities“. *Environment and Planning D: Society and Space* 20(1):27–52. doi: 10.1068/d314.
- Novas, Carlos, und Nikolas Rose. 2000. „Genetic Risk and the Birth of the Somatic Individual“. *Economy and Society* 29(4):485–513.
- Perbal, Laurence. 2015. „The Case of the Gene: Postgenomics between Modernity and Postmodernity“. *EMBO Reports* 16(7):777–81. doi: 10.15252/embr.201540179.
- Possamai, Fábio Valenti. 2013. „Nature and Culture Dualism: Genesis of an Obsolete Dichotomy“. *Philosophy Study* 3(9):836–42.
- Quijano, Anibal. 2000. „Colonialidad del Poder y Clasificación Social“. *Journal of World-Systems Research* 342–86. doi: 10.5195/jwsr.2000.228.
- Reardon, Jenny. 2009. „“Anti-Colonial Genomic Practice?” Learning from the Genographic Project and the Chacmool Conference“. *International Journal of Cultural Property* 16(2):205–12. doi: 10.1017/S0940739109090158.
- Reardon, Jenny. 2017. *The postgenomic condition: ethics, justice, and knowledge after the genome*. Chicago: The University of Chicago Press.
- Reardon, Jenny, und Kim TallBear. 2012. „“Your DNA Is Our History”: Genomics, Anthropology, and the Construction of Whiteness as Property“. *Current Anthropology* 53(S5):S233–45. doi: 10.1086/662629.
- Ricaurte, Paola. 2019. „Data Epistemologies, The Coloniality of Power, and Resistance.“ *Television & New Media* 20(4):350–65. doi: 10.1177/1527476419831640.
- Strand, Daniel, und Anna Källén. 2021. „I Am a Viking! DNA, Popular Culture and the Construction of Geneticized Identity“. *New Genetics and Society* 40(4):520–40. doi: 10.1080/14636778.2020.1868988.
- TallBear, Kim. 2013a. „Genomic Articulations of Indigeneity“. *Social Studies of Science* 43(4):509–33. doi: 10.1177/0306312713483893.
- TallBear, Kim. 2013b. *Native American DNA: tribal belonging and the false promise of genetic science*. Minneapolis, MN: University of Minnesota Press.
- Touchette, Lyne, Jean-Michel Beaudoin, Nathalie Isabel, Nancy Gélinas, und Ilga Porth. 2021. „How to Put Forest and Conservation Genomics into Motion for and with Indigenous Communities?“ *The Forestry Chronicle* 97(3):300–314. doi: 10.5558/tfc2021-031.
- Tyler, Katharine. 2021. „Genetic Ancestry Testing, Whiteness and the Limits of Anti-Racism“. *New Genetics and Society* 40(2):216–35. doi: 10.1080/14636778.2020.1811656.
- Urban, Alexander. 2020. „“...This Has to Do With My Identity. And I Don’t Want to Make it Totally Transparent.” Identity Relevance in the Attitudes of Affected People and Laypersons to the

Handling of High-Throughput Genomic Data". *Frontiers in Sociology* 5:532357. doi: 10.3389/fsoc.2020.532357.

Watt, Elizabeth, und Emma Kowal. 2019. „What's at Stake? Determining Indigeneity in the Era of DIY DNA". *New Genetics and Society* 38(2):142–64. doi: 10.1080/14636778.2018.1559726.