

Jan Domaradzki

Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

GENETYKA, ESENCJALIZM I TOŻSAMOŚĆ*

Jednym z symptomów nowoczesności jest dekonstrukcja tożsamości jako kategorii stabilnej i danej obiektywnie, co sprawia, że jednostki zostają pozbawione stałych odniesień, a tożsamość staje się czymś płynnym: wymaga ciągłego (re)konstruowania i (re)negocjowania. U niektórych jednostek może to powodować zwrot ku genetyce, która dla wielu staje się źródłem upodmiotowienia. Fakt, że genom przypisuje się odpowiedzialność za wiele chorób, zachowań i cech osobowości, wzmacnia esencjalne myślenie o tożsamości człowieka, która ponownie zyskuje zakorzenienie w biologii człowieka. Genetyzacja tożsamości umożliwia bowiem konstrukcję własnego ja jako „ja genetycznego”. Celem tekstu jest ukazanie, jak obecna w dyskursie genetycznym retoryka tożsamości kształtuje esencjalne myślenie o człowieku na trzech poziomach: indywidualnym, wspólnotowym i gatunkowym. Analizując trojaki rodzaj źródła: publikacje prasowe i naukowe oraz materiały promocyjne firm biotechnologicznych świadczących usługi z zakresu medycyny personalizowanej, podejmują próbę ukazania, że myślenie w kategoriach genetycznego esencjalizmu nie jest zjawiskiem generowanym wyłącznie przez media, a w proces genetyzacji tożsamości zaangażowanych jest wielu różnych aktorów, którzy wspólnie przyczyniają się do wykreowania nadmiernego szumu medialnego wokół genetyki. Celem pobocznym jest zwrócenie uwagi na społeczne implikacje genetyzacji tożsamości.

Główne pojęcia: genetyczny esencjalizm; genetyka; genetyzacja; szum medialny wokół genetyki; tożsamość.

Jedną z oznak nowoczesności jest dekonstrukcja tożsamości jako kategorii stabilnej i danej obiektywnie. Modernizacja i, będący jej efektem, pluralizm zakwestionowały bowiem obiektywność podstawowych osi, wokół których jednostki definiowały swą tożsamość i przynależność grupową: religię, rodzinę, płeć, klasę czy naród, które są dziś jedynie opcją i to jedną z wielu. Pozbawiając jednostki trwałego zakorzenienia nowoczesność oferuje zarazem szereg alternatyw, z których jednostki muszą ciągle wybierać. Wybór zresztą staje się podstawowym imperatywem nowoczesności (Bauman 2007a; Berger i Luckmann

Katedra Nauk Społecznych, Pracownia Socjologii Zdrowia i Patologii Społecznych, e-mail: jandomar@ump.edu.pl

* Pragnę wyrazić wdzięczność dwóm anonimowym recenzentom za ich wnikliwe i konstruktywne uwagi do pierwszej wersji tekstu.

1997; Giddens 2006). Problemem jest przy tym nie tyle konieczność nieustannego wyboru, ile to, że jednostka musi stale potwierdzać słuszność raz podjętych decyzji (Beck i Beck-Gernsheim 1999), co wymusza stałą refleksję nad wszelkimi opcjami prowadząc zarazem do ich relatywizacji. Wielość ofert podważa bowiem wartość każdej z nich z osobna. Wszystko to sprawia, że tożsamość staje się czymś płynnym: wymaga ciągłego (re)konstruowania i (re)negocjowania. To zaś rodzi w jednostkach napięcie, poczucie dryfowania, brak stabilności, pewności, sensu i wspólnoty. Otwartość generuje bowiem radykalne wątplenie, chaos i zagrożenie dla subiektywnie odczuwanej pewności i słuszności otaczającego świata, którą Anthony Giddens (2006) określił mianem „bezpieczeństwa ontologicznego”¹.

Pomimo tych przemian kwestie tożsamości stanowią dla wielu jednostek zagadnienie fundamentalne, co wyraża się w pytaniach: Kim jestem?, Po co jestem?, Skąd pochodzę?, Dokąd zmierzam? Jak się przy tym wydaje, dla wielu z nich genetyka może stanowić cenne źródło informacji i upodmiotowienia. Przyrost wiedzy genetycznej dostarcza bowiem nowych argumentów na rzecz twierdzenia, że tożsamość jednostki ma trwałe zakorzenienie w biologii człowieka. Stąd celem tekstu jest ukazanie, jak obecna w dyskursie genetycznym retoryka tożsamości kształtuje esencjalne myślenie o człowieku na trzech poziomach: indywidualnym, wspólnotowym i gatunkowym². Główna teza pracy głosi przy tym, że wbrew obiegowej opinii myślenie w kategoriach genetycznego esencjalizmu nie jest zjawiskiem generowanym wyłącznie przez media, a w proces genetyzacji tożsamości zaangażowanych jest wielu różnych aktorów. I choć ich motywacje mogą być różne, to wspólnie przyczyniają się oni do wykreowania nadmiernego szumu medialnego wokół genetyki (*genohype*) (Bubela i Caulfield 2004; Caulfield 2005).

W badaniu wykorzystano trojaki rodzaj źródła: artykuły prasowe, publikacje naukowe oraz materiały promocyjne firm biotechnologicznych świadczących usługi z zakresu medycyny personalizowanej. Różnorodność wykorzystanych źródeł miała pomóc ukazać, że za genetyzację dyskursu publicznego, genetyzację tożsamości i kreowanie nadmiernego szumu wokół genetyki odpowiadają: 1) entuzjastyczne doniesienia naukowców, znajdujących się pod ciągłą presją instytucji badawczych, sponsorów i przemysłu biotechnologicznego,

¹ Do zmiany sposobu myślenia o człowieku, cielesności i tożsamości przyczynili się zresztą sami badacze, którzy od kilku dekad akcentują, że nie ma w nich nic stałego, a jednostki konstruują tożsamość w codziennych relacjach społecznych, która jako projekt refleksyjny jest w ciągłym procesie stawania się (Giddens 2006). Paul Brodwin pisze wręcz o powszechnie panującym „nastroju antyesencjalnym” (Brodwin 2002: 323).

² Prezentowane badania stanowią część większego projektu poświęconego społeczno-kulturowym obrazom genetyki oraz sposobom jej ramowania w kulturze popularnej (por. Domaradzki 2016; Nelkin i Lindee 1999).

2) instytucje i czasopisma naukowe, które dążą do wzmocnienia swojej pozycji; 3) nastawione na zysk media oraz dziennikarze pragnący opublikować ważne informacje; oraz 4) przemysł biotechnologiczny liczący na komercjalizację wyników badań (Bubela i Caulfield 2004; Caulfield 2004, 2005; Caulfield i Condit 2012). Szczególne akcentowanie roli mediów może przy tym wynikać z tego, że, jak zauważają Peter Conrad i Jonathan Gabe (1999: 3), publiczny dyskurs na temat genetyki znacznie przewyższa wiarygodną wiedzę naukową. Celem pobocznym jest zwrócenie uwagi na społeczne implikacje genetyzacji tożsamości.

Przy analizie zebranego materiału posłużyłem się analizą: treści i ramową (Entman 1993; Scheufele 1999). Celem takiego podejścia było wyszukanie, wyodrębnianie i uporządkowanie różnych fragmentów, argumentacji oraz struktury relacji pojawiających się w różnych przekazach informacyjnych, a odnoszących się do tego samego zjawiska. Analiza ramowa pozwoliła więc na poszukiwanie i odkodowywanie głównych narzędzi ramowania genetyki, na które składał się zarówno tekst, jak i obraz. Podstawę teoretyczną analizy stanowiła teoria ugruntowana (Glaser i Strauss 2009).

Przed przystąpieniem do prezentacji wyników należy jednak podkreślić, że w żadnej mierze nie twierdzę, że genetyzacja tożsamości ma charakter powszechny, ani że rama esencjalna ma w dyskursie genetycznym charakter dominujący lub preferowany. Przeciwnie, różni badacze wskazują na szereg alternatywnych ram interpretacyjnych, które służą naukowcom i dziennikarzom do opisywania genetyki i biotechnologii, w tym: materialistyczną, deterministyczną, relatywistyczną, ewolucyjną i symboliczną (Carver, Waldahl i Breivik 2008) czy optymistyczną i pesymistyczną (Conrad 2001; Domaradzki 2016). Za równie błędne uznaję założenie, jakoby wszystkie jednostki w jednakowy sposób interpretowały analizowane treści. Jednostki nie są bowiem biernymi odbiorcami przekazu naukowego czy medialnego, ale biorą aktywny udział w jego interpretacji i przetwarzaniu, co sprawia, że istnieje wiele możliwych interpretacji (Miller 1998). To zaś sprawia, że obecne w przestrzeni publicznej obrazy genetyki nie są wyizolowanymi artefaktami, lecz produktami działalności kulturowej, które z jednej strony wyrażają wyobrażenia społeczne na temat genetyki, a z drugiej wyobrażenia te współtworzą (por. Nelkin i Lindee 1999; Van Dijk 1998).

Genetyczny esencjalizm i genetyzacja tożsamości³

Jednym z najważniejszych wydarzeń w dwudziestowiecznej nauce było zainicjowanie, w roku 1990 przez amerykański Departament Energii i Narodowy Instytut Zdrowia, Projektu Poznania Ludzkiego Genomu (Human Genome Project – HGP), którego celem było poznanie sekwencji 3 miliardów par zasad składających się na ludzki genom (Kevles i Hood red. 1999), a w dalszej perspektywie opracowanie kompletnej „mapy” ludzkich genów i identyfikacja tych odpowiedzialnych za choroby. Już dziesięć lat później, gdy ogłoszono pierwszy szkic ludzkiego genomu, podkreślano przy tym, że wiedza genetyczna ma istotne znaczenie dla zrozumienia natury ludzkiej, pochodzenia człowieka i naszej tożsamości gatunkowej (Pääbo 2001). Alex Mauroon określił zresztą zsekwencjonowanie genomu jako „prometejski krok w stronę samopoznania” (2001: 831; 2002). I rzeczywiście, geny uznaje się dziś nie tylko za źródło chorób, ale także cech osobowości i zachowań, co sprawia, że wielu postrzega je jako materialną podstawą tożsamości jednostki. A ponieważ DNA jawi się jako jej niezmienny i aczasowy rdzeń, to ulega ono reifikacji w ciele (Van Dijck 1999: 20). Obrazowo wyraził to współpracownik Watsona, laureat Nagrody Nobla, Walter Gilbert, wedle którego w niedalekiej przyszłości każdy będzie miał swój kod genetyczny zapisany na dysku, który „będzie mógł wyciągnąć z kieszeni i powiedzieć: *Oto istota ludzka, oto ja*” (Gilbert 1999: 96).

Perswazyjność informacji genetycznej wynika przy tym z tego, że ma ona charakter naukowy, przez co jawi się jako obiektywna i bardziej pewna niż inne formy przekazu, jak choćby ustne historie rodzinne, spisane genealogie czy pamiętniki. Stąd, jak pisze Paul Brodwin (2002: 328), również tożsamość zyskuje charakter naukowy, a przez to niepodważalny. Tym samym, w warunkach zmieniającego się świata geny jawią się jako bardziej stabilne i pewne fundamenty tożsamości niż religia, narodowość, płeć czy obywatelstwo, które można zmieniać. I właśnie dlatego Evelyn Fox Keller (2009) uznaje ideę genu za najbardziej wpływową koncepcję naukową, jaka kiedykolwiek powstała.

Ten szczególny charakter informacji genetycznej akcentują również międzynarodowe dokumenty bioetyczne. Już w 2003 roku UNESCO wydała specjalną deklarację w sprawie danych genetycznych, gdzie w artykule 3, zatytułowanym *Tożsamość osoby* stwierdza:

³ Pomijam tu *stricte* filozoficzne rozważania nad naturą tożsamości oraz jej różnorodnymi konceptualizacjami. W tej kwestii por. Nordgren 2008 i Zeiler 2007, gdzie autorzy omawiając filozoficzne koncepcje tożsamości numerycznej, narracyjnej, tożsamości rozumianej jako wyjątkowy zestaw cech i właściwości oraz tożsamości społecznej, odnoszą je do zagadnień bioetycznych.

Każdy człowiek ma własny, charakterystyczny profil genetyczny. Tożsamości danej osoby nie można jednak ograniczać do cech genetycznych, gdyż tworzą ją złożone czynniki edukacyjne, środowiskowe i indywidualne oraz więzi emocjonalne, społeczne, duchowe i kulturowe z innymi ludźmi, a jej ważnym wymiarem jest wolność.

W kolejnym zaś nadaje ludzkim danym genetycznym specjalny status⁴:

(a) Ludzkie dane genetyczne mają specjalny status, gdyż: (i) mogą określać genetyczne predyspozycje dotyczące jednostek; (ii) mogą poważnie wpływać na rodzinę, w tym na potomstwo, w skali pokoleń, a w niektórych przypadkach mogą mieć wpływ na całą grupę, do której należy dana osoba; (iii) mogą zawierać informację, której znaczenie nie zawsze jest znane w momencie pobierania próbek; (iv) mogą mieć znaczenie kulturowe dla osób lub grup (UNESCO 2003).

I choć deklaracja ta akcentuje, że tożsamość człowieka jest nieredukowalna do wymiaru genetycznego, to wielu badaczy podkreśla, że genetyka wzmacnia esencjalne myślenie o tożsamości, którą redukuje wręcz do struktur molekularnych. Alex Mauron (2001: 831; por. Dar-Nimrod i Heine 2011; Nelkin i Lindee 1999) uznaje wręcz, że ponieważ o genomie mówi się tak, jakby był niezależny od ciała i środowiska, to niczym arystotelesowskie *eidos* i chrześcijańska dusza, stał się on materialnym markerem życia i definicyjną esencją człowieczeństwa. A ponieważ pozostaje względnie stały przez całe życie jednostki, wzmacnia to przekonanie, że jest kwintesencją ludzkiej tożsamości. José Van Dijck (1999: 10) uważa zresztą, że cały HGP był wyrazem poszukiwania doskonałego człowieka, ciała i naczelnej zasady kierującej życiem. DNA jawi się jednak jako unikatowy, niezmienny i najbardziej osobisty wyraz tożsamości.

Przekaz ten wzmacniają media, które określają ludzki genom jako: genetyczną wizytówkę, paszport, profil, portret, odcisk palca, osobisty kod kreskowy, niepowtarzalny kod istnienia, ludzką czarną skrzynkę, certyfikat niepowtarzalności, a nawet biochemiczną duszę:

„Każdy człowiek ma charakterystyczną **genetyczną tożsamość**, która pozwala nie tylko nas zidentyfikować, ale także rozwikłać wiele wątpliwości z odległej i najnowszej historii” („Polityka” 41(2319)/2001: 88–89, *Genetyczny odcisk palca*).

„Oznacza to, że wszyscy jesteśmy do siebie podobni aż w 99,9 proc. **Ta dziesiąta część procentu wystarczy, aby zapewnić niepowtarzalność każdemu z nas**” („Wprost” 10(1006)/2002: 82–83, *Tajemnica indywidualności*).

„Wspaniały rozwój biologii molekularnej uplasował **geny (DNA) na szczycie ołtarza świata żywego, nadal im atrybuty wszystkich sił sprawczych określających nawet**

⁴ W kwestii tzw. genetycznego ekscjepjonalizmu por. Evans i Burke 2008; Brożek, Soniewicka, Stelmach i Załuski 2010: 154.

nasze człowieczeństwo i identyczność gatunkową („Polityka” 14(2498)/2005: 78–79, *Mądrość bez DNA*).

Poprzez stosowanie różnych metafor kreuje się przekaz, że DNA jest nośnikiem indywidualności i wyjątkowości każdego człowieka⁵. Jak zauważają Dorothy Nelkin i Susan Lindee, ponieważ genom jawi się jako niezależny od ciała, stanowi ontologiczną podstawę jednostkowej tożsamości: to z niego wyłania się prawdziwe „ja” jednostki, to on określa jej przeszłość i determinuje przyszłość (Nelkin i Lindee 1999: 2, 38; por. Dar-Nimrod i Heine 2011). Co ważne, DNA uznaje się za uniwersalny „kod życia”, który jest wspólny dla wszystkich istot żywych, od jednokomórkowców i roślin po zwierzęta i ludzi.

Podstawowym założeniem genetycznego esencjalizmu jest przy tym przekonanie, że człowiek jest po prostu zestawem genów i że istnieje konkretny ich zestaw, który warunkuje życie i przynależność gatunkową (Nordgren 2008: 258). Co więcej, ponieważ (ludzkie) DNA pozostaje względnie stałe przez całe życie jednostki, uważa się, że *in-forma*-cja (Mauron 2001: 832, 2002: 959) w nim zapisana jest kwintesencją tożsamości:

„Pomysł, że **jesteśmy** z punktu widzenia ewolucji tylko **opakowaniem dla genów**, pojawił się już w latach 60. ubiegłego wieku” („Polityka” 8(2286)/2001: 73–74, *W głąb siebie*).

„To [DNA – JD] taka „ludzka czarna skrzynka”, ponieważ **tu zapisane są wszystkie informacje dotyczące danej osoby**. Odczytanie tego wzoru za pomocą technik genetycznych pozwala stworzyć „genetyczny odcisk palca” człowieka. **Niepowtarzalny kod jego istnienia**” („Newsweek” 4/2001: 77, *Ludzka czarna skrzynka*).

„... **to właśnie ta galaretką sprawiła, że jesteś tym, kim jesteś**” („Przekrój” 9(3114)/2005: 58, *Zobacz DNA*).

„Kiedy uda się zidentyfikować owe geny, będzie je można wszczepić myszy i sprawdzić, za co są odpowiedzialne. Wtedy zrozumiemy, **w czym tkwi istota naszego człowieczeństwa**” („Newsweek” 31/2006: 64, *Jaskiniowcy, szympansy i ludzie*).

Wyrazem tego przekonania było dążenie Craiga Ventera do określenia minimalnej liczby genów niezbędnej do przeżycia organizmu, czego rezultatem było stworzenie syntetycznego genomu liczącego zaledwie 520 genów⁶. Innym tego przykładem jest poszukiwanie konkretnego „genu” czy „genów człowieczeństwa”, którym przypisuje się definitywną, esencjalną różnicę między ludźmi a innymi naczelnymi. Wśród wielu kandydatów najczęstsze to geny: FOXP2

⁵ Wbrew powszechnemu mniemaniu również język naukowy nie jest wolny od metafor. Por. Zawisławska 2011; Domaradzki 2015.

⁶ Szacuje się, człowiek ma ich około 21 000.

warunkujący rozwój mowy, ASPM wpływający na wielkość mózgu, MYH16, którego mutacja przyczyniła się do osłabienia mięśni szczęk i zmniejszenia twarzoczaszki, umożliwiając tym samym rozrost mózgu czy miR-941, który wpływa na rozwój kory mózgowej i inteligencję:

„**PDYN, FOXP2, MCPHI, HAR1** – każdy z tych genów zasługuje na zaszczytne miano genu człowieczeństwa” („Newsweek” 44/2006: 64–66, *Czym się różni człowiek*).

„Przed kilkoma tygodniami [naukowcy – JD] odkryli **gen miR-941**, którego nie mają ani szympansy, ani żadne inne zwierzęta. To najprawdopodobniej **dzięki niemu zyskaliśmy istotę naszego człowieczeństwa** – fantastyczny mózg o niespotykanych wcześniej możliwościach [...] miR-941 występuje wyłącznie u homo sapiens...” („Newsweek” 48/2012: 102–104, *Tajemniczy gen człowieczeństwa*).

Konsekwencją takiego spojrzenia na genom jest myślenie w kategoriach redukcjonistycznych, deterministycznych i fatalistycznych, czego wyrazem jest tłumaczenie licznych zachowań człowieka przez odwoływanie się do konkretnych genów, jak w przypadku zachowań agresywnych, które wiąże się z genem monoaminooksydazy typu A (MAOA) odpowiadającego za produkcję enzymu degradującego serotoninę w neuronach, a który popularnie nazywa się „genem wojownika”:

„... **człowiek rodząc się jest już częściowo zaprogramowany przez ewolucję. W jego mózgu i genach zapisane są programy rodzące agresywne uczucia i nakazujące niszczenie wszystkiego**, co stanie mu na drodze” („Polityka” 3(2435)/2004: 68–69, *Nasz gadzi mózg*).

„Genetycy, badający tę słynną z okrucieństwa rodzinę, ustalili, że **wszyscy mężczyźni mieli działający odmiennie niż u osób zdrowych gen monoaminooksydazy A, określanego genem agresji**” („Newsweek” 34/2003: 54–58, *Co nas stwarza*).

Jak zauważa Peter Conrad (1999: 213), ten miraż genów sprawia, że natura ponownie bierze górę nad kulturą. To w genach bowiem, a nie w kulturze czy środowisku upatruje się siły sprawczej ludzkich zachowań, co obrazuje przykład Maorysów, którym przypisuje się szczególną „genetyczną” waleczność i agresję (Kowal i Frederic 2012).

Drugim typowym założeniem genetycznego esencjalizmu jest twierdzenie, że geny zawierają kompletną instrukcję budowy ludzkiego organizmu i stworzenia człowieka i są „sprawcami życia” (Nordgren 2008: 258). Takie nań spojrzenie sprawia jednak, że neguje się wpływ, jaki na ekspresję informacji z DNA ma środowisko komórki oraz to zewnętrzne, a więc epigenom, co prowadzi do reifikacji genomu:

„**Do wszystkich nas** bowiem w momencie, kiedy zaistnieliśmy na tym świecie, **taką instrukcję dołączono. Mamy ją w każdej komórce swego ciała. To nasze geny.** Więc

coż prostszego w takim razie, jak odczytać to, co jest w nich zapisane: rach-ciach i wszystko o sobie wiem” („Przekrój” 49(3207)/2006: 40–43, *Wrózenie z wiedzy*).

„Ludzka nić DNA (...) ma już **zapisaną instrukcję tworzenia człowieka**, której nie da się wymazać” („Newsweek” 7/2013: 76–78, *Szeksplor zapisany w genach*).

„**Zrobił nas kwas...** Panuje powszechne przekonanie, że wszystko o żywym organizmie zapisane jest w DNA, a za wszelkie funkcje odpowiadają kodowane przezeń białka. Ostatecznie odkrycia dowodzą jednak, że **sekret człowieczeństwa – i nie tylko – tkwi w mRNA**” („Polityka” 50(2584)/2006: 80–81, *Zrobił nas kwas*).

Atrakcyjność myślenia w kategoriach genetycznego esencjalizmu wynika przy tym z tego, że wyraża on trzy podstawowe idee współczesnej kultury zachodniej: 1) przednowoczesne poszukiwanie naturalistycznego wyjaśnienia tożsamości, 2) typową dla nowoczesności wiarę w naukę oraz 3) ponowoczesny nacisk na samostanowienie (Nordgren i Juengst 2009: 158, 161; Scully, King i Brown 2013: 923). Nie powinno więc dziwić, że w ślad za Projektem Poznania Ludzkiego Genomu, zainicjowano również szereg innych, w tym Projekt Zróżnicowania Ludzkiego Genomu (Human Genome Diversity Project – HGDP)⁷ (1991), Projekt Poznania Genomu Neandertalczyka (Neanderthal Genome Project) (2006) czy Projekt Poznania Ludzkiego Mikrobiomu (Human Microbiome Project – HMP) (2007). Nadto, jeszcze przed ukończeniem sekwencjonowania ludzkiego genomu w roku 2003 na całym świecie powstało wiele firm biotechnologicznych oferujących szereg testów genetycznych bezpośrednio dla klienta, zarówno w zakresie ryzyka chorób, jak i testów na rodzicielstwo, pokrewieństwo czy pochodzenie, a które przyczyniają się do genetyzacji tożsamości (Lippman 1991: 18–19; Nordgren 2008, 2010; Scully, King i Brown 2013).

Tożsamość jednostkowa: genetyka jako piętno i rola społeczna

Rozwój komercyjnych usług z zakresu genetyki spersonalizowanej umożliwiających przetestowanie własnego materiału genetycznego w istotny sposób wpływa na genetyzację tożsamości na poziomie indywidualnym. Uzyskana dzięki testom genetycznym wiedza konstytuuje bowiem szczególną „optykę molekularną”, która kształtuje jednostkowe doświadczenie siebie w kategoriach genetycznych, a dostępne biotechnologie dostarczają szeregu narzędzi zarządzania ciałem i ekspresji własnego „ja”, jako ja genetycznego (*genetic self*). Nikolas

⁷ Projekt ten, zainicjowany przez włoskiego genetyka Luigi Cavalli-Sforzę miał na celu zgromadzenie genetycznych danych populacji na całym świecie (Cavalli-Sforza 2005). Na skutek oskarżeń o biopiractwo, neokolonializm i brak wrażliwości kulturowej projekt szybko zawieszono.

Rose pisze wprost, że genetyczny esencjalizm kładzie fundamenty pod „nową molekularną ontologię życia”, która redukuje tożsamość do poziomu molekuł i redefiniuje człowieka jako „jednostkę somatyczną” (Rose 2007, 2008; Novas i Rose 2000).

Jak zauważają Anders Nordgren i Eric Juengst, wyrazem tej tendencji jest włączenie w nazwy wielu przedsiębiorstw oferujących usługi z zakresu genetyki personalizowanej zaimka osobowego „ja” (*me*): deCODEme, 23andMe, Knome, Mycellf, Mygenome (Nordgren i Juengst 2009: 157). Jak piszą: „Nazwa *deCODEme* zdaje się oferować rozwiązanie egzystencjalnej zagadki, a nazwa firmy *Knome* nawiązuje bezpośrednio do delfickiej maksymy *Poznaj samego siebie*” (Nordgren i Juengst 2009: 159). Odwoływanie się do retoryki esencjalnej i tożsamości pozwala więc zdefiniować genomikę jako „naukę o tobie”, a testy jako drogę do „samopoznania”. Podobny przekaz jest obecny w dyskursie medialnym, gdzie można przeczytać takie oto informacje:

„DeCode oferuje stworzenie profilu genetycznego na podstawie analizy ponad miliona znanych odmian w genomie człowieka. W ten sposób **powstaje unikatowa genetyczna wizytówka klienta**, umożliwiająca określenie ryzyka zachorowania na 17 schorzeń, dla których znane są uwarunkowania genetyczne” („Polityka” 50(2633)/2007: 87–88, *Nagi człowiek*).

Część testów dostarcza informacji na temat ryzyka genetycznego związaneego z chorobą dziedziczną typu mukowiscydoza, choroba Huntingtona, hemofilia czy anemia sierpowata lub genetycznymi predyspozycjami do zachorowania na nowotwór, cukrzycę czy chorobę Parkinsona. Nadto, korporacje biotechnologiczne oferują także inne testy zdrowotne, w tym farmakogenetyczne określające reakcje jednostki na leki oraz nutrigenetyczne określające potrzeby żywieniowe jednostki. We wszystkich przypadkach prowadzą one do nowego rozumienia siebie poprzez odpowiedź na pytanie, czy jestem osobą należącą do grupy ryzyka.

Istotnym jest przy tym to, że dyskurs genetyczny definiuje wiedzę genetyczną jako szczególny imperatyw, co najpełniej widać w przypadku ryzyka genetycznego, nad którym jednostka, dzięki współczesnym biotechnologiom, winna przejąć kontrolę. Ten moralny wymiar informacji genetycznej ukazuje strona lubelskiej firmy Vitagenum, gdzie czytamy:

Zostań Genoświadomym! Zapraszamy Cię do grona osób, dla których dbałość o siebie – na różnych płaszczyznach – jest równie ważna jak troska o najbliższych. Skupienie się na samym sobie to nie egoizm, ale **zdrowy egocentryzm, wypływający z rozsądku i dojrzałości**. **Vitagenum pomoże Ci w tym, abyś nauczył się optymalnie wykorzystywać swoje genetyczne predyspozycje, w zgodzie z genotypem swojego „ja”** [podkreślenia JD] (<http://vitagenum.pl>).

Redukując tożsamość jednostki do wymiaru genetycznego testy genetyczne jawią się jako narzędzie umożliwiające kontrolę nie tylko nad zewnętrzną powłoką ciała, ale i jego wnętrzem. Samo poddawanie się testom staje się zaś kolejnym wyrazem cywilizowania ciała, o którym pisał Norbert Elias⁸ (1980, 2011). Stąd apel: „Bądź ego! Zdrowie masz w genach” (<http://vitagenum.pl>).

Konsekwencją tego przekazu jest to, że wiele osób, chorych bądź należących do grupy ryzyka, definiuje się w kategoriach genetyki. Ponieważ jednak już świadomość ryzyka w istotny sposób kształtuje obraz siebie, to informacja genetyczna może się stać źródłem piętna i samonaznaczenia (Klitzman 2009). W sposób szczególny ukazuje to przypadek młodocianych opiekunów osób obciążonych chorobą genetyczną, którzy sprawując opiekę nad chorym rodzicem sami należą do grupy ryzyka, żyją w cieniu choroby i wiedzą, że w żaden sposób nie są w stanie jej zapobiec (Sparbel, Driessnack, Williams, Schutte, Tripp-Reimer, McGonigal-Kenney, Jarmon i Paulsen 2008; Williams, Ayers, Specht, Sparbel i Klimek 2009). W efekcie dokonywana na bazie genetyki samoidentyfikacja może się stać źródłem „zranionej” (*spoiled*) tożsamości w rozumieniu Goffmana (Scambler 2009). Wiedza o ryzyku utrudnia bowiem jednostkom normalne życie i planowanie przyszłości w zakresie małżeństwa, prokreacji i kariery zawodowej.

Problemem jest również to, że w wielu przypadkach prognostyczna wartość testów genetycznych bywa przeceniana. Jeśli bowiem nierzadko ryzyko ma charakter probabilistyczny, to bywa często interpretowane w kategoriach absolutnych. To zaś może generować zjawisko „genetycznej hipochondrii” (Pääbo 2001: 1220), gdy zdrowe jednostki mogą zacząć przykładać nadmierną uwagę do swojego zdrowia, antycypować objawy choroby, a nawet śmierć,

⁸ Opisany przez Eliasa proces cywilizowania polegał na pełnej samokontroli odruchów i ciała. Analizując przemiany zachowań przy stole i w sypialni, zaspokajania potrzeb naturalnych, wycierania nosa, spluwania, stosunków seksualnych i agresji Elias ukazuje praktyki podporządkowywania, dyscyplinowania i poskramiania ciała zarówno w sferze naturalnych odgłosów, jak i wyglądu, stroju, gestów, popędów, a nawet emocjonalności. Siła i skuteczność tego procesu polegała zaś, zdaniem autora, na tym, że miał on zarówno charakter wpływów zewnętrznych, jak wewnętrznych, gdzie funkcjonujące w społeczeństwie kodeksy poprawnych zachowań drogą socjalizacji ulegały internalizacji, stając się czymś nawykowym i naturalnym. I choć Elias nie przedstawia syntetycznego podsumowania, a poszczególne elementy procesu cywilizowania analizuje w różnych częściach pracy, to jego charakter społeczny opisuje następująco: „To fundamentalne ząbienie się indywidualnych planów i działań ludzkich może pociągnąć za sobą zmiany i konfiguracje, których inicjatorem i sprawcą nie był żaden pojedynczy człowiek. Z tego ząbienia się, z tej zależności wzajemnej poczynań ludzkich powstaje pewien porządek zupełnie specyficznego rodzaju, porządek przemożny, silniejszy niż wola i rozum ludzi, którzy go stwarzają. I oto właśnie ów porządek wynikły ze splotu działań ludzkich determinuje bieg przemian dziejowych; one też leży u podstaw procesu cywilizacji” (Elias 1980: 368–369, por. Elias 2011).

przedefiniować swoje role społeczne oraz relacje z bliskimi, mimo że choroba może się u nich nigdy nie rozwinąć (Finkler 2001). Przykładem jest przypadek amerykańskiej aktorki Angeliny Jolie, która dowiedziawszy się, że należy do grupy podwyższonego ryzyka spowodowanego wykryciem u niej mutacji w genie BRCA1 poddała się profilaktycznemu zabiegowi obustronnej mastektomii (Kamenova, Reshef i Caulfield 2014). Tymczasem, twierdzenie, że pewne jednostki należą do grupy ryzyka i „mogą” zachorować, można odnieść do każdego człowieka.

Oprócz wymiaru zdrowotnego tożsamość genetyczna w wymiarze indywidualnym może się odwoływać do cech osobowości i talentów, a także relacji pokrewieństwa lub pochodzenia oraz pełnionych ról społecznych. Jak czytamy na stronie jednej z firm działających na polskim rynku:

Dzięki badaniu TALENT poznasz nie tylko skalę swojego potencjału (intelektualnego, fizycznego i psychicznego), ale też sposoby na wzmocnienie słabszych stron. **Wiedza ta pozwoli Ci w zgodzie z Twoimi możliwościami wybrać np. kierunek edukacji czy zaplanować lub zmienić swoją ścieżkę zawodową.** Dowiesz się także, które grupy swoich zainteresowań powinieneś rozwijać i jaki sport uprawiać, aby odnosić sukcesy. **To sposób, by sprawdzić, jakie ukryte talenty znajdują się w Twoim DNA.** (<http://vitagenum.pl>, zakładka: Talent).

Przekaz ten sugeruje, że każdy aspekt osobowości jednostki jest zdeterminowany przez geny i jedyne, co jednostka powinna zrobić, by w pełni rozwinąć swój potencjał, to wykonać badanie, które pomoże jej odkryć prawdziwą osobowość i talenty, które „znajdują się w jej DNA”, w tym: umiejętność podejmowania decyzji, koncentracja i szybkość uczenia się, talent werbalny, zdolności językowe, nawiązywanie relacji interpersonalnych, orientacja przestrzenna czy wytrzymałość fizyczna. To zaś umożliwi jej odniesienie sukcesu w sferze zawodowej, sportowej, a nawet wychowawczej.

Inną usługą z zakresu testów niezwiązanych ze zdrowiem są badania relacji rodzinnych, w tym testy na ojcostwo lub macierzyństwo oraz genetyczne badanie pochodzenia. Wiele z nich oferuje także możliwość zsekwencjonowania całego genomu jednostki⁹. W każdym przypadku odwoływanie się do retoryki tożsamości jest podstawową strategią marketingową firm świadczących tego typu usługi:

Tu masz możliwość sporządzenia własnego, **indywidualnego profilu DNA.** [...] A może **chciałbyś po prostu dokładnie dowiedzieć się jak wyglądają Twoje cechy dziedziczne?** Z pomocą testu DNA możesz uzyskać ich pełen profil i dowiedzieć się, **jak wygląda Twoje genetyczne pochodzenie** (<http://www.test-dna.pl>, zakładka: Profil DNA).

⁹ Pierwszym, który otrzymał swój zsekwencjonowany genom był James Watson, co nastąpiło w roku 2007.

Profesjonalnie przeprowadzone badania na ojcostwo mogą udzielić odpowiedzi na takie pytania jak: „**Czy jestem biologicznym rodzicem mojego dziecka?**” [...] można być pewnym uzyskania odpowiedzi na główne pytanie: Czy jestem matką? (<http://www.test-dna.pl>, zakładka: Testy na ojcostwo/Test na macierzyństwo).

Tożsamość wspólnotowa: biosocjalność, genealogie genetyczne i genetyzacja rasy

Dostarczając biologicznych podstaw do mówienia o naturze ludzkiej i tożsamości, genetyka na nowo stawia również pytania o przynależność grupową. Podkreślając genetyczną indywidualność każdego człowieka, wskazuje się jednocześnie, że wszyscy ludzie są do siebie genetycznie podobni w 99,9%. Na fakt ten zwrócono uwagę już w 1997 roku, gdy w Powszechnej Deklaracji o Genomie Ludzkim i Prawach Człowieka, w artykule pierwszym zaakcentowano, że na podstawie genetycznego uposażenia wszyscy ludzie przynależą do tej samej wspólnoty:

„Genom ludzki jest podstawą zasadniczej jedności wszystkich członków rodziny ludzkiej i uznania ich wrodzonej godności i różnorodności” (UNESCO 1997).

W podobnym tonie wypowiadają się media, gdzie dla przykładu czytamy:

„DNA pomaga nam rozwiązać wielkie tajemnice, zrozumieć przeszłość [...] **Im więcej odkrywamy różnic między sobą, tym więcej znajdujemy łączących nas więzi**” („Newsweek” 6/2006: 70, *Geny Adama i Ewy*).

I tak, kategorie genetyczne są dziś dla wielu źródłem identyfikacji grupowej. Służą integracji, organizacji, uspołecznieniu i tworzeniu ponadlokalnych sieci wspólnot biomedycznych, które Paul Rainbow określił mianem „biosocjalności” (Rainbow 1996; Rose 2007; Rose i Novas 2004). Wokół genetyki tworzą się dziś bowiem liczne stowarzyszenia i organizacje samopomocowe, które zrzeszają nie tylko chorych i ich rodziny, ale także lekarzy i przedstawicieli innych zawodów medycznych, genetyków, bioetyków i przemysł biotechnologiczny. I choć wiele z nich ma charakter wspólnot lokalnych, jak: MATIO Fundacja Pomocy Rodzinom i Chorym na Mukowiscydozę, Polskie Stowarzyszenie Choroby Huntingtona czy Stowarzyszenie Chorych na Mukopolisacharydozę i Choroby Rzadkie, to inne przyjmują formę wspólnot ponadnarodowych, a nawet globalnych, by wskazać tylko Genetic Alliance, Alliance of Genetic Support Groups i Genetic Interest Group.

Istotne jest przy tym to, że nie są one wyłącznie grupami wsparcia, ale kładą nacisk na różne formy aktywizmu społeczno-politycznego: od działań edukacyjnych i reprezentacyjnych w gremiach ustawodawczych, wsparcie pacjentów

i ich rodzin, organizowanie konferencji, po zbieranie funduszy na badania, mobilizację jednostek do przekazywania próbek genetycznych dla celów naukowych, aktywne uczestnictwo w badaniach zmierzających do opracowywania terapii oraz działanie na rzecz ustawodawstwa bioetycznego (<http://www.huntington.pl/o-nas>). Dzięki temu stają się ważnym graczem na arenie społeczno-politycznej w zakresie zdrowia, przyczyniając się do ukonstytuowania jednostki jako projektu politycznego i wyłonienia się koncepcji „biologicznego obywatelstwa” (Novas i Rose 2000; Rose 2007; Rose i Novas 2004).

Innym wyrazem genetycznej tożsamości wspólnotowej jest oferowanie przez firmy biotechnologiczne testów badających relacje rodzinne i genetyczne pokrewieństwo między jednostkami, w tym testy na ojcostwo/macierzyństwo czy badanie pochodzenia przodków. Testy tego typu są zarazem przykładem na to, jak genetyka integruje tożsamość indywidualną z jej wymiarem społecznym. Lokując bowiem jednostkę w obrębie pewnej grupy społecznej potwierdza zarazem jej społeczną rolę jako ojca/matki, brata/siostry czy dalszego krewnego. Stąd firmy biotechnologiczne obiecują, że zyskana dzięki testom wiedza na temat pochodzenia i pokrewieństwa daje odpowiedź na wiele nurtujących jednostkę pytań o tożsamość. Dla przykładu, warszawskie laboratorium [Test-DNA.pl](http://www.test-dna.pl) oferujące swe usługi online pisze o nich w następujący sposób:

„Czy mężczyzna, którego znalazłem(am) jako swojego rodzica był nim rzeczywiście w wymiarze biologicznym?” [...] Pytasz siebie często, czy jesteś ze swoim bratem lub siostrą prawdziwie spokrewniony, a więc czy posiadacie tych samych biologicznych rodziców? Można to sprawdzić dzięki naszym testom na pokrewieństwo rodzeństwa. Wiesz, że macie inne matki, ale brakuje Ci pewności czy macie wspólnego ojca? To wyjaśni test sprawdzający przyrodnie pokrewieństwo. A może interesuje Cię jako matkę, czy Twoje dzieci mają tego samego biologicznego ojca? W takim razie najlepszą opcją jest test na pełne pokrewieństwo rodzeństwa. Test na pełne pokrewieństwo rodzeństwa daje jasną odpowiedź, gdy masz wątpliwości czy jesteście biologicznym rodzeństwem... (<http://www.test-dna.pl>, zakładka: Test DNA określający pokrewieństwo rodzeństwa).

Genetyczna tożsamość wspólnotowa rozciąga się przy tym szeroko poza krąg rodziny i najbliższych krewnych. Wskazuje się bowiem, że genetyczne pokrewieństwo może łączyć jednostkę z osobami, których się o to nie podejrzewało, a nawet nie wiedziało o ich istnieniu. I tak amerykańska firma 23andMe reklamując tego typu usługi hasłem: *Odkryj krewnych na różnych kontynentach i po drugiej stronie ulicy* pyta:

Zastanawiałeś się kiedyś z kto jest z tobą powiązany? Odkryjesz tuziny, a nawet setki ludzi, którzy dzielą [z tobą] DNA i przodków. Związki, które cię z nimi łączą mogą mieć charakter bliskich relacji rodzinnych albo dalekiego kuzynostwa (<https://www.23andme.com/en-int/ancestry/>).

W ten sposób dawna retoryka odwołująca się do więzów krwi ulega wzmocnieniu, a genetyka staje się podstawą więzi rodzinnych. Genetyka poszerza przy tym krąg potencjalnych „bliskich” i „krewnych” nawet o osoby fizycznie nieobecne, co prowadzi do genetyzacji relacji rodzinnych (Finkler 2001):

„[p]orównaj swój profil z profilem krewnych lub znajomych, przekonasz się, **jak bardzo się różnisz i jak jednocześnie wiele cię z nimi łączy!**” („Polityka” 50(2633)/2007: 87–88, *Nagi człowiek*).

Trzecim wymiarem tożsamości wspólnotowej jest tożsamość genealogiczna, która oparta na przekonaniu, że DNA jest swoistym „podręcznikiem historii”, w którym zapisana jest historia wszystkich wcześniejszych pokoleń, łącząca jednostkę z przodkami z przeszłości (Tutton 2004). Określając DNA jako „genealogiczny drogowskaz”, genetyka lokuje bowiem jednostki na długim łańcuchu ludzkości, aż do pradziejów naszej linii rodowej, na końcu której odnaleźć można prarodziców ludzkości: „genetycznego Adama” i „mitochondrialną Ewę”¹⁰. Testy genetyczne stają się zaś szczególnym świadectwem pochodzenia:

„[n]aukowcy zorientowali się, że można patrzeć na **DNA** również jak na **historyczne kalendarium**. Dziedziczymy je od naszych rodziców, którzy z kolei odziedziczyli je od naszych dziadków, ci od pradziadków itd. DNA, jak to ujęto na łamach „Smithonian Magazine”, jest jak »**starożytny manuskrypt przepisywany z pokolenia na pokolenie, w którym zawarte są opowieści wykraczające poza naszą pamięć**«” („Tygodnik Powszechny” 45(3409)/2014: 59–61, *Geny po praprzodkach*).

„**Sekrety naszego pochodzenia i tożsamości kryje nić DNA** [...] kryje w sobie **informacje o naszym rodowodzie, o wszystkich wędrownkach ludów, a nawet naszej skłonności do chorób**” („Newsweek” 6/2006: 64–70, *Geny Adama i Ewy*).

Akcentując wspólne pochodzenie podkreśla się zarazem, że „z punktu widzenia genetyki, wszyscy ludzie są Afrykańczykami” (Pääbo 2001: 1219), a każdy

¹⁰ W badaniu na pochodzenie genetyczne wykorzystuje się te same metody co przy badaniach na pokrewieństwo. Jednak w przeciwieństwie do testów wykonywanych dla celów zdrowotnych, wykorzystuje się w nich niekodujące DNA (tzw. śmieciowe), z którego nie można uzyskać informacji istotnych medycznie. W przypadku mężczyzn jest to test chromosomu Y, który występuje tylko u mężczyzn i który dziedziczy się jak nazwisko, wyłącznie po linii męskiej, a w toku dziedziczenia nie podlega mieszanii i ulega tylko nielicznym mutacjom. Ponieważ liczba tych ostatnich jest proporcjonalna do czasu, w którym zaszły, umożliwiają one poznanie tzw. ojcowskiej linii genetycznej i dotarcie do „igrekowego Adama”, który, jak się szacuje, żył w Afryce 60–80 000 lat temu. Z kolei u kobiet wykonuje się test genealogiczny X, który polega na badaniu mitochondrialnego DNA, który przekazywany jest w linii matczynej pozwalając odkryć żyjącą 150–200 000 lat temu „mitochondrialną Ewę”. Ponieważ w obu przypadkach materiał genetyczny jest przekazywany potomstwu w niezmienionej formie, testy te pozwalają śledzić zmiany typowe dla pewnych regionów świata.

człowiek ma wieloetniczne pochodzenie i stanowi wręcz „mieszaninę genów”. Sugeruje się także, że testy genetyczne pozwolą odkryć przynależność do konkretnej haplogrupy, które określa się jako „pradawne klany wywodzące się od jednej z pradawnych genetycznych matek”¹¹:

„**Każdy z nas jest skomplikowaną mieszaniną genów**, pochodzących z różnych grup etnicznych” („Polityka” 9(2234)/2000: 88–89, *Biały Murzyn*).

„[s]łużą [mutacje genetyczne] za **genealogiczne drogowskazy**, zwane markerami. To one **pozwalają odnaleźć w przeszłości nie tylko samych przodków po mieczu i kądzieli, lecz także ich ojczyznę** [...] mitochondrialna Ewa żyła gdzieś między 150 a 250 tys. lat temu, a wspólny patriarcha, genetyczny Adam – między 60 a 100 tys. lat temu [...] w Afryce” („Newsweek” 6/2006: 64–70, *Geny Adama i Ewy*).

Stąd liczne przedsiębiorstwa typu: African Ancestry, DNA Tribes czy AncestryDNA oferują dziś swym klientom badania DNA na przynależność do grupy etnicznej, co dla wielu jednostek staje się źródłem upodmiotowienia i zakorzenienia w szerszej wspólnoty. Uzyskaną w ten sposób wiedzę określają zaś jako „piękne” i „napełniające dumą” doświadczenie, a nawet „objawienie”. Na stronie African Ancestry można znaleźć następujące świadectwa:

[African Ancestry] **pomogło mi odnaleźć moją przeszłość**. Znajomość mojej przeszłości **dała mi spokój. Teraz mogę powiedzieć, że jestem zarówno Mbensele z Kamerunu i rodowitym Amerykaninem**. Mogę przekazać tę wiedzę mojej córce...

Poprzez African Ancestry **odnalazłam swoje korzenie** i jestem podekscytowana tym, że mogę powiedzieć, że **z pochodzenia jestem Nigeryjką. Mam ojczyznę**.

Od dzieciństwa po dorosłość moja przeszłość szeptała do mnie prawdę i teraz mam naukowy dowód, by to potwierdzić! **Nigeryjsko-ghański Amerykanin, a nie po prostu popolity Afroamerykanin** (www.ancestry.com; zakładka Testimonials).

W podobnym tonie wyrażają się zresztą nie tylko laicy, ale także tacy celebryci, jak Spike Lee, Oprah Winfrey czy Whoopi Goldberg, którzy opisują uzyskaną wiedzę jako źródło „głębokiego poczucia braterstwa” (www.ancestry.com: zakładka Blogspot). Jednym i drugim wiedza genetyczna służy jako ostatni element układanki i potwierdza jedynie istniejące wcześniej przekonania na temat własnego pochodzenia, które „szeptała przeszłość”¹². W procesie reme-

¹¹ Klasyfikację mDNA wśród Europejczyków przeprowadził w 1996 roku włoski genetyk Antonio Torroni, który wyróżnił ich siedem grup. Inny genetyk, oksfordzki profesor Bryan Sykes (2002) określił je zaś jako „siedem córek Ewy” i nazwał następnie kobiecymi imionami: Urszula, Xenia, Helena, Velda, Tara, Katrina i Jasmine.

¹² Badania dowodzą, że esencjalizacja tożsamości w kategoriach genetycznych przeważa w społeczeństwach bardziej zróżnicowanych etnicznie i kulturowo, typu Stany Zjednoczone

diacji przeszłości informacja genetyczna zajmuje bowiem miejsce preferowane, gdyż stanowi „twardy” dowód na potwierdzenie pochodzenia jednostki (Scully, King i Brown 2013: 923; Nordgren i Juengst 2009: 158, 161). Jak głosi artykuł w jednym z tygodników:

„Ślady archeologiczne są za mało precyzyjne, by jednoznacznie wykreślić szlaki. **Jedynym sposobem, by je określić są badania genetyczne. Każdy z nas nosi genetyczny ślad swoich przodków**” („Przekrój” 23(3128)/2005: 58–59, *Sprawdź skąd pochodzisz*).

O ile więc podkreślając genetyczne podobieństwo między ludźmi i wspólne afrykańskie pochodzenie genetyka kwestionuje kategorię rasy, uznając ją za swoisty konstrukt społeczno-kulturowy, o tyle pozostaje ona istotnym wymiarem tożsamości i nasyca politykę tożsamości (Hauskeller, Sturdy i Tutton 2013). Testy genealogiczne zapewniają bowiem nie tylko poczucie wartości i autodefinicję, ale także przynależność grupową i związane z tym, choćby tylko potencjalnie, prawa i przywileje, czego przykładem jest południowoafrykańskie plemię Lemba, u którego badania genetyczne potwierdziły utrwalone w zwyczaju i tradycji twierdzenie, że są „genetycznymi Żydami” i „zaginionym plemieniem Izraela” (Parfitt 2003; Spurdle i Jenkins 1996). I choć w tym przypadku nie spowodowało to masowych migracji z Zimbabwe do Izraela czy roszczeń o obywatelstwo, to jak zauważa Brodwin, dążenie jednostek i grup do uznania ich przynależności etnicznej, rasowej czy narodowej jest wyrazem tego, że poszukiwanie własnych korzeni genetycznych nie jest wyłącznie techniką laboratoryjną, ale szczególnym aktem politycznym (Brodwin 2002: 324–325).

I w tym przypadku informacja genetyczna może być jednak mieczem obojcznym. Stanowiąc potencjalne źródło upodmiotowienia może zarazem podważać tożsamość jednostki stając się źródłem niepewności i alienacji. Potwierdza to głośny przypadek Amerykanina Wayne Josepha, który wyrósł w przekonaniu, że jest Afroamerykaninem, a po wykonaniu badań na genetyczne pochodzenie przeżył „całkowity szok”:

„Sądziłem, że mam 70 procent genów murzyńskich i 30 procent jakichś innych – mówi. Po otrzymaniu rezultatów „omal nie padł”, jak się wyraził. Dowiedział się, że ma 57 procent przodków indoeuropejskich, 39 procent indiańskich i 4 procent dalekowschodnich i ani kropli afrykańskiej krwi. **Przez blisko rok Joseph próbował się odnaleźć.** Przypominał sobie życiowe decyzje, oparte na przekonaniu, że jest Murzynem. Pierwsze małżeństwo, wybór szkoły średniej, zainteresowanie literaturą afroamerykańską. – **Przed testem byłem bezdyskusyjnym Murzynem** – mówi. – **Dziś jestem metaforą Ameryki. Nie tylko Ameryki, lecz także nas wszystkich**” („Newsweek” 6/2006: 70, *Geny Adama i Ewy*).

(Nordgren 2010; Nordgren i Juengst 2009) czy Wielka Brytania, gdzie niektóre jednostki dążą do potwierdzenia swego pokrewieństwa z Wikingami (Scully, King i Brown 2013; por. Tutton 2004).

Badanie pochodzenia genetycznego może mieć również istotne znaczenie w kontekście medycznym. Rozwój medycyny personalizowanej sprawia bowiem, że poszukuje się genetycznych uwarunkowań chorób typowych dla pewnych grup etnicznych, gdzie dla przykładu wskazuje się, że ludność pochodzenia afrykańskiego i arabskiego jest bardziej podatna na talasemię i anemię sierpowatą, mieszkańcy Szkocji, Walii i Szwecji oraz pewnych rejonów Wenezueli i Tasmanii na chorobę Huntingtona, a Żydzi Aszkenazyjscy częściej chorują na pewne grupy nowotworów, w tym piersi i trzustki oraz chorobę Taya-Sachsa, mukowiscydozę czy zespół łamliwego chromosomu X (Brandt-Rauf, Raveis, Drummond, Conte i Rothman 2006; Collier 2012: E352). Nadto, rozwój farmakogenomiki sugeruje, że pochodzenie etniczne może mieć wpływ na działanie niektórych leków (McDowell, Coleman i Ferner 2006), przez co dąży się do opracowania tzw. leków etnicznych (*ethnic drug*), a więc preparatów leczniczych przeznaczonych dla konkretnych „ras”¹³ (Brandt-Rauf, Raveis, Drummond, Conte i Rothman 2006; Brody i Hunt 2006; Collier 2012; Kahn 2005; 2013; Roberts 2008, 2011; Rose 2008). Zwolennicy takiego podejścia akcentują bowiem, że medycyna nie powinna ignorować różnic etnicznych, a opozycja wobec leków etnicznych pogłębia jedynie nierówności w dostępie do opieki medycznej wśród grup etnicznych. Z kolei krytycy podkreślają, że pojęcie rasy nie znajduje uzasadnienia w genetyce i nie jest kategorią naukową, lecz konstruktem kulturowym, a łączenie przynależności etnicznej z chorobami genetycznymi może negatywnie wpłynąć na dostęp do testów i terapii (Pääbo 2001: 1220; Brandt-Rauf, Raveis, Drummond, Conte i Rothman 2006; Collier 2011; Roberts 2011, 2012). Inną negatywną konsekwencją może być swoista „biopolityka rasy”, która sprawia, że odwraca się uwagę od społecznych, ekonomicznych i strukturalnych uwarunkowań nierówności w zdrowiu i chorobie, w tym gorszej diety i warunków mieszkaniowych, w jakich żyją mniejszości etniczne (Roberts 2011: 19–21; Brody i Hunt 2006: 559). Oba przytoczone przykłady pokazują, że choć genetyka w dużej mierze kontestuje utrwalone w świadomości społecznej i kulturze pojęcie rasy, to z drugiej strony nadaje mu nowego znaczenia, legitymizuje jego społeczny byt i prowadzi do jej (re)medykalizacji (Duster 2007) i genetyzacji (Pálsson 2007).

¹³ Najgłośniejszym tego przykładem był zatwierdzony 23 czerwca 2005 roku przez amerykańską Agencję Żywności i Leków (Food and Drug Administration – FDA) lek BiDil firmy NitroMed, który miał być stosowany w leczeniu niewydolności serca wyłącznie u Afroamerykanów (Kahn 2005, 2013; Brody i Hunt 2006).

Tożsamość gatunkowa: człowiek jako zwierzę, neandertalczyk i bakteria

Innym skutkiem rozwoju wiedzy genetycznej jest narastające przekonanie, że w swej istocie człowiek jest zwierzęciem z rodziny *homo sapiens*. Co więcej, wskazuje się, że „genetyczne rusztowanie” wiąże człowieka ze wszelkimi formami życia na Ziemi. Już w roku 2001 genetyk ewolucyjny Svante Pääbo, dyrektor Instytutu Maksa Plancka w Lipsku stwierdził zresztą:

„Jak całkowite zsekwencjonowanie ludzkiego genomu wpłynie na sposób, w jaki myślimy o sobie? Bezsposornie, dostępność sekwencji ludzkiego DNA jest kamieniem milowym na drodze ku zrozumieniu, jak wyewoluował człowiek, ponieważ otwiera to drzwi do zakrojonych na szeroką skalę badań porównawczych. Największy wpływ będą miały takie badania, gdy ukarzą, **jak bardzo ludzie są podobni do siebie nawzajem oraz do innych gatunków**” (Pääbo 2001: 1219).

Już w latach dziewięćdziesiątych minionego wieku zainicjowano zresztą szereg skoordynowanych działań, których celem było stworzenie „map” genowych wielu zwierząt¹⁴. Pierwszy taki program w Europie rozpoczęto już w 1991 roku, a jego celem było zsekwencjonowanie genomu świni domowej (PigMap). Wkrótce potem powstały analogiczne projekty dla genomu bydła (BovMap) i psa w roku 1993 (DogMap) (Świtoński 2008). Od tego czasu zsekwencjonowano zresztą dziesiątki genomów różnych gatunków zwierząt, w tym komara i myszy (2002), szczura (2003), kury (2004), szympansa i psa (2005), pszczoły miodnej (2006), kota, konia i rezusa (2007) dziobaka (2008), świni i królika (2009), żaby (2010) czy owcy (2014). Znaczącym jest przy tym to, że każdemu z tych wydarzeń towarzyszą procentowe porównania genomów człowieka do zwierząt (Perteu i Salzberg 2010), co ma sugerować, że „wyjątkowość” człowieka ma raczej charakter ilościowy, nie zaś jakościowy. I tak podkreśla się, że ludzie dzielą 96% genów z innymi naczelnymi, a pozostałe 4% typowe wyłącznie dla naszego gatunku to w dużej mierze tzw. „śmieciowy DNA”. Nadto, wskazuje się, że z szympansem i jego bliskim kuzynem bonoboo jesteśmy genetycznie podobni aż w 98,8%, co sprawia, że niektórzy, jak antropolog Johnatan Marks (2002), pytają wręcz „Co to znaczy być w 98% szympansem?”. Wskazuje się także na genetyczne pokrewieństwo człowieka z myszą (92%), psem (82%), krową (80%) dynią (75%) czy szczurem (69%), a nawet z kapustą (57%), bananem (50%) i muszką owocową (44%).

¹⁴ Pierwszym w pełni zsekwencjonowanym genomem był genom bakterii *Haemophilus influenzae*, co nastąpiło w roku 1995. Jeszcze przed zsekwencjonowaniem genomu człowieka dokonano mapowania genomów drożdży (1996), nicienia (1998), rzodkiewnika pospolitego i muszki owocówki (2000).

Akcentowanie jedności wszystkich form życia ma zaś obalać przekonanie o wyjątkowości człowieka i wymuszać większą pokorę człowieka wobec innych gatunków¹⁵. Służy zarazem upodmiotowieniu tych ostatnich i upominaniu się o ich prawa, czemu dała wyraz współzałożycielka People for the Ethical Treatment of Animals (PETA), Ingrid Newkirk, która stwierdziła wprost: „Szczur, świnia, pies, chłopiec – wszystko to są ssaki” (za: Nelkin i Lindee 1999: 16). W podobnym tonie pisano w „Polityce”:

„Teraz już można stwierdzić, że **człowiek zbudowany jest z tej samej liczby cegieł, czyli białek, co zwierzęta. Mimo to efekt naszej konstrukcji wydaje nam się unikalny**” („Polityka” 8(2286)/2001: 73–74, *W głęb siebie*).

Przekaz o genetycznym pokrewieństwie ze zwierzętami jest chętnie powielany przez media, których krzykliwe nagłówki prasowe co rusz ogłaszają człowieka za potomka i bliskiego krewnego różnych stworzeń: *Szczur, nasz brat* („Gazeta Wyborcza” 78/2004: 14), a nawet przedstawiciela tego samego gatunku: *Krowa też człowiek* („Gazeta Wyborcza” 269/2012: 22), *Małpa też człowiek* („Przekrój” 23(3024)/2003: 41); *Szympanś też człowiekiem* („Polityka” 23(2404)/2003: 88–89), *Homo szympans* („Polityka” 12(2444)/2004: 80–83). Pojawiają się również pytania o to *Ile małpy w człowieku?* lub na odwrót *Ile człowieka w małpie* („Wprost” 15(1268)/2007: 74).

Znaczącym jest przy tym, że postępy w inżynierii genetycznej już dziś mogą wpływać na tożsamość człowieka w sensie istotowym. Znane są jednak przypadki tworzenia międzygatunkowych embrionów zwierzęco-ludzkich, gdzie dla przykładu w roku 2003 chińscy naukowcy połączyli materiał genetyczny z komórki ludzkiej skóry z komórką jajową królika, a w wyniku innych eksperymentów z powodzeniem wszczepiono ludzki materiał genetyczny w komórki krowy, szympansa czy myszy. Czyni to zasadnym pytanie o to, jak wiele ludzkich genów należałoby zmienić lub przeszczepić, by zmienić genetyczną tożsamość gatunkową człowieka? (Nordgren 2008: 258).

Innym wydarzeniem, które postawiło kwestię tożsamości gatunkowej *homo sapiens*, było wykazanie w roku 2006 przez badaczy zaangażowanych w Projekt Poznania Genomu Neandertalczyka, że dzisiejsi Europejczycy i Azjaci mogli krzyżować się z neandertalczykiem i noszą w sobie jego DNA (Green, Krause, Ptak, Briggs, Ronan, Simons, Du, Egholm, Rothberg, Paunovic i Pääbo 2006).

¹⁵ Akcentowanie podobieństw między gatunkami to tylko jeden punkt widzenia. Z drugiej bowiem strony pozostaje pytanie o dzielące nas różnice oraz o to, czy istnieje możliwość wytyczenia jasnej granicy między gatunkami. Porównanie sekwencji genomu różnych gatunków ujawniło bowiem szereg istotnych różnic w zakresie podobieństwa sekwencji nukleotydowych, gdzie, dla przykładu, sekwencje kodujące w genomie kota wykazały większe podobieństwo do tych obecnych w genomie psa (65%), bydła (62%) i człowieka (59%), aniżeli szczura (40%) i myszy (34%) (Świtoński 2008).

Swante Pääbo wyraził się o tym następująco: „Neandertalczycy nie wyginęli do końca, żyją nadal w niektórych z nas” (Pääbo 2015). Naukowcy dowodzą bowiem, że wszyscy mieszkańcy Europy i Azji nie pochodzący z Afryki mają w sobie 1–4% DNA neandertalczyka. Co więcej, Benjamin Vernot i Joshua Akey (2014) twierdzą wręcz, że jeśli zsumuje się całą populację ludzi z tego obszaru, to liczba ta wzrasta nawet do 20%. Konsekwencją krzyżowania obu gatunków jest zaś, zdaniem badaczy, to, że współcześni Europejczycy zawdzięczają wiele swoich cech właśnie neandertalczykowi. Badania Sankararamany i współpracowników dowodzą, że odziedziczyliśmy po nim takie cechy, jak: jaśniejsza pigmentacja skóry, która ułatwiła adaptację do chłodniejszego klimatu, zwiększone ryzyko pewnych chorób, w tym cukrzycy, choroby Leśniowskiego-Crohna czy marskości żółciowej wątroby (Sankararaman, Mallick, Dannemann, Prüfer, Kelso, Pääbo, Patterson i Reich 2014). Takie informacje nie tylko „rzucają” nowe światło na ewolucję człowieka, ale każą także inaczej spojrzeć na pochodzenie i wzajemne relacje obu gatunków oraz tożsamość człowieka, którego określa się jako „mieszkańca *homo sapiens* i neandertalczyka”. Obrazowo wyraził to genetyk ewolucyjny John Hawks, z University of Wisconsin, który na łamach „National Geographic” stwierdził: *To już nie są „oni” – to „my”* (Zielinski 2012). Przekaz naukowy chętnie powielają media, gdzie dla przykładu w jednym z numerów „Przekroju” czytamy, że: „Neandertalczycy są wśród nas” („Przekrój” 38(3456)/2011: 20–22), a „Newsweek” uznał go wprost za „naszego brata” („Newsweek” 41/2011: 90–93).

Trzecim projektem, który stawia pytanie o tożsamość gatunkową człowieka, jest Projekt Poznania Ludzkiego Mikrobiomu (HMP), dostarczający nowej wiedzy na temat mikroorganizmów żyjących na i w ciele człowieka. Na łamach „Genome Biology” pisząc o „naszej wyjątkowej mikrobiotycznej tożsamości” Jack Gilbert pyta wręcz:

„Co czyni nas ludźmi? Być może jest to nasza indywidualność, nasza koncepcja siebie; w ostatnich latach, dodaliśmy do tej koncepcji ujęcie złożoności **naszego mikroorganizmowego ja** (*microbial self*)” (Gilbert 2015: 97).

Sam projekt HMP został zainicjowany przez amerykański Narodowy Instytut Zdrowia 19 grudnia 2007 roku, a jego celem jest sporządzenie genetycznej „mapy” drobnoustrojów na ludzkim ciele oraz poznanie interakcji zachodzących pomiędzy człowiekiem a bytującymi na i w nim mikroorganizmami (mikrobiomem) z pięciu ośrodków ludzkiego ciała: kanału nosowego, jamy ustnej, skóry oraz układów pokarmowego i moczowo-płciowego, a także zdrowotnych konsekwencji tego oddziaływania (Olszewska i Jagusztyn-Krynicka 2012). Przyjmuje się bowiem, że wiele chorób człowieka wynika właśnie z aktywności mikroorganizmów zasiedlających ludzkie ciało. O doniosłości mikrobiomu świadczy zaś to, że nazywa się go wręcz „drugim genomem” (Zhu, Wang i Li 2010; Grice

i Segre 2012), a projekt HMP określa się metaforycznie jako drugi projekt poznania genomu człowieka.

W wyniku kilkuletniego trwania projektu badaczom udało się ustalić, że mikroby zasiedlające człowieka mają kluczowe znaczenie dla naszego zdrowia, a ich liczba przewyższa ludzkie komórki stosunkiem 10:1, zaś liczba „nie ludzkich” genów jest większa od ludzkiego DNA stosunkiem 150:1 (Zhu, Wang i Li 2010; Turnbaugh, Ley, Hamady, Fraser-Liggett, Knight i Gordon 2007). Stąd jeden z prekursorów projektu: mikrobiolog David Relman stwierdził wręcz, że „w dziesięciu częściach jesteśmy drobnoustrojami, a w jednej ludźmi” (za: Nerlich i Hellsten 2009; Kudlow 2013). Inni określają zaś człowieka mianem „superorganizmu” (Turnbaugh, Ley, Hamady, Fraser-Liggett, Knight i Gordon 2007; Olszewska i Jagusztyn-Krynicka 2012), „poli-super-organizmu” (Seiler 2007), „super jednostki” (Hutter, Gimbert, Bouchard i Lapointe 2015), „różnorodnego ekosystemu” (Ricou 2015), „mieszanki komórek bakterii i ludzkich”, „tłumu”, „hybrydy która tylko w jednej dziesiątej składa się z komórek ludzkich”, a nawet „bardziej mikroba niż ssaka” (za: Nerlich i Hellsten 2009). Lauren Seiler kwestionuje wręcz pogląd, że organizm składa się tylko z jednego ciała i twierdzi, że większość istot żywych należy postrzegać jako superorganizmy, poliorganizmy albo poli-super-organizmy:

„Człowiek nie jest samodzielnym bytem (stand-alone being), biologiczna tożsamość człowieka składa się z tego, co biolodzy nazywają „superorganizmem”, a co ja nazywam „poli-super-organizmem”¹⁶. I tak wraz z prokariotami (bakteriami), wirusami i innymi bytami, jesteśmy połączeni w nierozzerwalną menażerię gatunków, która rozciąga się na wielu ciałach” (Seiler 2007: 243).

I dodaje:

„Człowiek nie jest wyłącznym właścicielem „własnych” genów, a nasze ciała nie są tworzone wyłącznie przez „nasze” geny” (Seiler 2007: 271).

W podobnym tonie wypowiadają się Peter Turnbaugh i współpracownicy, gdy określają człowieka „superorganizmem składającym się z części ludzkiej i mikroorganizmów” (Turnbaugh, Ley, Hamady, Fraser-Liggett, Knight i Gordon 2007: 804). Z kolei Joanna Olszewska i Elżbieta Jagusztyn-Krynicka dodają:

¹⁶ Autor definiuje go jako: jednostki biologiczne składające się z wielu ciał i wielu gatunków. Przykładem są dłań mrówki akacji współżyjące z drzewem akacji. Te pierwsze żyją pod korą drzew żywią się ich nektarem chroniąc drzewa przed roślinozercami. Innym przykładem są termyty, które same nie są w stanie trawić celulozy, ale wykorzystują do tego bakterie, grzyby i pierwotniaki, które gnieźdzą się w ich jelitach. Za najbardziej niezwykły przykład super-poli-organizmu uznaje jednak człowieka (Seiler 2007: 258–259). Jak twierdzi, jeśli człowiek jest wolny od mikroobów w chwili poczęcia, to stajemy się super-poli-organizmami w chwili narodzin, gdy zostajemy skolonizowani przez miliony bakterii matki i środowiska.

„Jeżeli rozpatrywalibyśmy organizm człowieka jako połączenie komórek ludzkich i mikroorganizmów, genom jako sumę ludzkich genów i genów mikroorganizmów, a wypadkowe właściwości metabolizmu jako mieszankę cech metabolizmu człowieka i mikroorganizmów zasiedlających go, **wyłoni się nam obraz człowieka stanowiącego spójnie funkcjonujący „superorganizm”, gdzie mikroorganizmy nadają mu cechy, których sam nie byłby w stanie rozwinąć**” (Olszewska i Jagusztyn-Krynicka 2012: 243).

O ile więc HGP akcentował deterministyczne i redukcjonistyczne rozumienie ludzkiego genomu, o tyle HMP daje odpowiedź znacznie bardziej złożoną. Człowiek zaczyna tu być bowiem definiowany w liczbie mnogiej jako „my”. Co więcej, ulega rozszerzeniu o genomy innych organizmów. Tym samym badania nad mikrobiomem zdają się jeszcze bardziej zacierać granicę między gatunkami oraz ich środowiskiem. Jak piszą cytowane autorki:

„Między innymi dzięki HMP nadszedł czas, aby wreszcie zniszczyć sztuczną barierę pomiędzy mikrobiologią medyczną a środowiskową i odnieść ogólne zasady z trudem gromadzone przez lata badań nad makroświatem do świata w skali mikro rezydującym w człowieku” (Olszewska i Jagusztyn-Krynicka 2012: 253).

Podobnie uważa Joana Ricou:

„[w] każdym z naszych licznych części, istnieje część nieludzka. A ponieważ nasz mikrobiom wywodzi się z naszego środowiska – powietrza, którym oddychamy, pokarmu, który spożywamy, przedmiotów, których dotykamy – łączy nas bezpośrednio z naszym środowiskiem i zaciera najbardziej podstawową granicę tożsamości jednostkowej: skórę” (Ricou 2015: 30).

W podobnym tonie relacjonują prace projektu media, których krzykliwe nagłówki prasowe wołają: *Wszyscy jesteście wirusami* („Przekrój” 38(3300)/2009: 62–63), a człowieka utożsamiają wręcz z bakterią („Wprost” 40(1293)/2007: 74–75) lub określają mianem *Homo bacterius* („Wprost” 49(1201)/2005: 82–83).

Zważywszy na fakt, iż człowiek jest ściśle zintegrowany ze swym mikrobiomem, wielu postuluje wręcz, że jednostkę ludzką lepiej postrzegać jako istotę symbiotyczną, wielogatunkową. Thiago Hutter i współpracownicy na łamach czasopisma „Microbiome” twierdzą, że: „Biologiczna jednostka ludzka to wspólnota *homo sapiens* i mikroorganizmów symbiontów” (Hutter, Gimbert, Bouchard i Lapointe 2015). Akcentując, że człowiek to „superjednostka” pytają zresztą, czy jeśli większość naszych komórek nie należy do nas samych to, co to znaczy być człowiekiem i co zostało z *homo sapiens*? Z kolei Nancy Moran i Daniel Sloan podkreślają, że nie da się należycie zrozumieć człowieka, jeśli nie uwzględni się jego mikroorganizmów, które ewoluują

razem z nim¹⁷ (Moran i Sloan 2015). W jednym z numerów tygodnika „Wprost” czytamy o tym następujące słowa:

„To [bakterie] nasi naturalni sprzymierzeńcy, którzy ewoluowali wraz z *homo sapiens* przez setki tysięcy lat. Można nawet powiedzieć, że **w sensie genetycznym jesteśmy bardziej bakteriami niż ludźmi!** – uważa prof. Jeffrey Gordon z Washington University” („Wprost” 49(1201)/2005: 82–83, *Homo bacterius*).

Jak się jednak wydaje, o ile uświadomienie sobie, że 90% DNA na/w ludzkim ciele nie należy do człowieka może wpłynąć na nasze postrzeganie chorób oraz stosunek do środowiska i bakterii, o tyle wątpliwym jest, by wiedza ta odbiła się znacząco na naszym rozumieniu siebie. Jak bowiem zauważają Nada Gligorov i współpracownicy, określanie człowieka jako „hybrydy ludzko-mikroorganizmicznej, która składa się z dwóch suborganizmów” jest błędne. O ile bowiem nie ulega wątpliwości, że człowiek i jego mikrobiom żyją we wzajemnej symbiozie, to ten drugi nie klasyfikuje się jako organizm. Nie reprodukuje się bowiem i nie składa się w powiązanych ze sobą części w tym sensie, że zmiana w jednej prowadzi do przewidywalnych zmian w innej części, gdyż dla przykładu o ile zażycie antybiotyku wpłynie na mikrobiom w żołądku, to nie będzie miało wpływu na mikrobiom w jamie ustnej (Gligorov, Azzouni, Lackey i Zweig 2013: 59–61).

Zakończenie

Liczne analizy potwierdzają, że w warunkach późnej nowoczesności potrzeba tożsamości należy do fundamentalnych potrzeb człowieka (Giddens 2006; Bauman 2007a; 2007b; Berger i Luckmann 1997; Nordgren 2010; Nordgren i Juengst 2009; Scully, King i Brown 2013). I choć kategorie biologiczne, w tym rasa i etniczność, więzy krwi, płeć, wygląd czy zdrowie pozostają istotnymi wymiarami tożsamości, to genetyka dostarcza szereg nowych koncepcji i instrumentów do ekspresji własnego ja jako „ja genetycznego” czy, szerzej, somatycznego. Nordgren (2010: 484) pisze o tym następująco: „Podważenie tożsamości w społeczeństwach pluralistycznych może skłonić ludzi do poszukiwania potwierdzenia ich tożsamości przez testy DNA lub odnalezienie ich „prawdziwej” tożsamości”. Twierdzenie to potwierdza powszechne wśród naukowców, firm biotechnologicznych i mediów odwoływanie się do retoryki tożsamości.

¹⁷ Już na początku XXI wieku zaproponowano zresztą tzw. hologenomiczną teorię ewolucji, która głosi, że nie jesteśmy w stanie żyć bez cudzych genów, a organizm-gospodarz i towarzyszące mu mikroby ewoluują razem, tworząc podstawową jednostkę ewolucyjną (Moran i Sloan 2015).

Genetyka może przy tym oddziaływać na tożsamość człowieka w kilku jej wymiarach, które określiłem jako indywidualny, wspólnotowy oraz gatunkowy. Atrakcyjność genetyki jako podstawy tożsamości wynika przy tym z tego, że nie jest ona wymysłem jednostki czy konstruktem społecznym, lecz jest „dana” przez naturę i odkryta przez naukę (Scully, King i Brown 2013). I choć informacja genetyczna stanowi często wyłącznie pierwszy krok w kierunku rozwiązania zagadki tożsamości, to ponieważ DNA utożsamia się z esencją człowieczeństwa i podstawą indywidualności, to jednocześnie przypisuje się mu rolę decydującą w odpowiedzi na fundamentalne pytania egzystencjalne. O doniosłości technologii genetycznych świadczy zaś fakt, że powszechnie stosuje się dziś testy genetyczne do identyfikacji tożsamości w badaniach zarodków i płodów ludzkich, relacji rodzinnych, procesach sądowych czy migracyjnych. We wszystkich tych przypadkach genetyka staje się, przynajmniej w pewnym stopniu, nośnikiem i odzwierciedleniem ludzkiej tożsamości. Co więcej, korzystają z nich nie tylko instytucje medyczne, ale także firmy ubezpieczeniowe, pracodawcy, agencje rządowe, służby policyjne i socjalne.

Za Nordgrenem (2008) warto zarazem podkreślić, że technologie genetyczne mogą wpływać na (genetyczną) tożsamość w różnoraki sposób. Po pierwsze, biotechnologie reprodukcyjne typu in-vitro, mikroiniekcja czy klonowanie mogą warunkować, który człowiek się urodzi, przez co determinują tożsamość rozumianą jako ciągłość w czasie. Po drugie, inżynieria genetyczna może wpływać na tożsamość w sensie istotowym, czego przykładem są wskazane powyżej hybrydy międzygatunkowe. Po trzecie, genetyka może zmieniać tożsamość rozumianą jako unikatowy zestaw cech i właściwości genetycznych bądź fenotypowych. Takie dostępne dziś metody, jak terapia genowa czy genetyczne udoskonalanie (*genetic enhancement*) mogą bowiem warunkować, jakie cechy będzie posiadać jednostka. Tym bardziej że w tym drugim przypadku dokonana na poziomie genetycznym zmiana może być przekazane potomstwu. Technologie genetyczne mogą wreszcie wpływać na tożsamość społeczną jednostki, czego wyrazem są testy na rodzicielstwo.

Istotne jest przy tym to, że genetyka nie eliminuje ani nie zastępuje osobistego trudu nadania sensu tożsamości. Owszem, choć informacja genetyczna jawi się jako „twardy” dowód naukowy, to w wielu przypadkach ma charakter cząstkowy i niekompletny, i trudną ją uznać za wiedzę pewną i ostateczną. Ryzyko choroby ma bowiem często charakter probabilistyczny i relatywny, pochodzenie genetyczne zaś i tak wymaga potwierdzenia przez odwołanie się do źródeł historycznych, statystycznych, a nawet archeologicznych, które pomogą zinterpretować informacje genetyczne i nadać im sens. Jak zauważają Marc Scully, Turi King i Steven Brown (2013: 923) informacja genetyczna jest więc wyłącznie jednym z elementów źródłowych, które składają się na pamięć archiwalną, dzięki której możliwe jest zrekonstruowanie i identyfikacja przeszłości. Zwraca się

także uwagę na fakt, że wartość dowodowa testów genealogicznych jest ograniczona, gdyż odnosi się raczej do populacji niż jednostki¹⁸. Stąd twierdzenie, jakoby możliwe było odczytanie ludzkiego pochodzenia z genów, jest absurdalne i określa się je wręcz mianem „genetycznej astrologii” (*genetic astrology*) (Tutton 2004:112; Scully, King i Brown 2013: 925). Wielu uważa zresztą, że propagowany przez firmy biotechnologiczne i media genetyczny esencjalizm jest wyłącznie strategią marketingową napędzającą „genealogiczny konsumeryzm” (Scully, King i Brown 2013: 925). Należy więc podkreślić, że o ile genetyka może dostarczać podstaw do identyfikacji, o tyle iluzją jest zakładanie, że same geny wyjawiają nam tajemnicę, co to znaczy być człowiekiem. Równie naiwne jest postrzeganie genetycznej historii człowieka jako historii *par excellence* oraz utożsamienie tożsamości „osobowej” z „genetyczną” (Pääbo 2001: 1220).

Ważne jest także zwrócenie uwagi na fakt, że badania genetyczne mogą zarówno utrwalić poszczególne wymiary tożsamości, jak i je podważyć stając się źródłem zranionej tożsamości, co ukazują przypadki osób przedobjawowych, ojców, którzy dowiadują się, że nie są biologicznymi rodzicami swoich dzieci czy osób, którym nie udało się potwierdzić swojego pochodzenia. Inną negatywną konsekwencją genetyzacji tożsamości jest to, że dokonując „naturalizacji” istniejących kategorii społecznych genetyczny esencjalizm może wzmacniać istniejące stereotypy dotyczące pewnych grup społecznych. Wzmacniając myślenie w kategoriach deterministycznych może wreszcie przyczynić się do (re)medykalizacji i genetyzacji rasy (Duster 2007; Pálsson 2007; Kowal i Frederic 2012).

Akcentowanie potencjalnie negatywnych konsekwencji genetyzacji tożsamości oraz roli, jaką odgrywają w tym procesie media, nie powinno jednak odwracać uwagi od tego, że aktywną rolę pełnią w tym procesie również inni aktorzy, w tym naukowcy i przemysł biotechnologiczny oraz jednostki, dla których genetyzacja może być zjawiskiem pożądanym. Warto podkreślić zwłaszcza trud tych ostatnich, dla których nierzadko kategorie genetyczne są obiektem aktywnych poszukiwań, służąc za podstawę tożsamości i oś wzajemnego grupowania się (Rainbow 1996; Rose 2007, 2008; Novas i Rose 2000).

Jak się wydaje, dyskusja nad związkiem genetyki i tożsamości wpisuje się więc w spór między determinizmem a woluntaryzmem i o to, czy kategorie biologiczne zwiększają wybór i wolność jednostek, umożliwiając ekspresję tożsamości i przynależność grupową przyczyniając się do ich upodmiotowienia, czy

¹⁸ Jak zauważają Carl Elliott i Paul Brodwin, o ile testy Y wykazują powiązanie jednostki z ojcem, o tyle tylko z jednym z czworga dziadków oraz jednym z ośmiu pradziadków, co sprawia, że test taki nie wykaże pokrewieństwa z żadną z 16 383 innych osób, z którymi jednostka jest również powiązana genetycznie, przez co informacja z nich uzyskana jest tylko częściowa (Elliott i Brodwin 2002: 1470).

też przeciwnie, umożliwiają biowładzy nowe formy nadzoru i kontroli nad populacją służąc legitymizacji i wzmocnieniu dawnych podziałów społecznych. Jak bowiem zauważają Christine Hauskeller, Steve Sturdy i Richard Tutton (2013: 884): „Siła polityki tożsamości zależy od tego, kto kontroluje wykorzystanie tych technologii oraz nadawane im znaczenia”.

Choć zaprezentowane badanie ukazuje nieopisany dotąd w polskiej literaturze dyskurs genetyczny wokół tożsamości, to ma ono również pewne ograniczenia. Po pierwsze, badania ograniczały się do artykułów prasowych, publikacji naukowych i materiałów promocyjnych firm biotechnologicznych świadczących usługi z zakresu medycyny personalizowanej. Tymczasem dyskurs genetyczny obejmuje także programy publicystyczne, publikacje internetowe oraz dzieła artystyczne, w tym produkcje filmowe, utwory literackie i teksty muzyczne (por. Nelkin i Lindee 1999; Domaradzki 2015). Stąd następne badania należałoby poszerzyć o inne formy przekazu społecznego.

Problemem jest i to, że choć głównym celem analizy dyskursu jest ocena wpływu, jaki treści w nim zawarte wywołują u różnych odbiorców i jak kształtują ich postrzeganie rzeczywistości (Carver, Wiese i Breivik 2008; Olczyk 2009; Zierkiewicz 2013: 337–338), to na podstawie przedstawionych badań trudno dać odpowiedź na pytanie o to, jak jednostki interpretują płynący do nich przekaz dotyczący genetyzacji tożsamości. Jak zaś sygnalizowałem wcześniej, błędem jest sugerowanie, że opinia publiczna biernie przyjmuje prezentowany jej sposób myślenia o genetyce i biotechnologiach. Niemniej jednak sama prezentacja obecnej w dyskursie genetycznym ramy esencjalnej może pozwolić lepiej zrozumieć proces genetyzacji tożsamości i stanowić impuls do dalszych badań nad tym, jak laicy interpretują płynący do nich przekaz dotyczący genetyki.

Inne ograniczenia wynikają z metodologii jakościowej, która jest z natury subiektywna, gdzie już dobór cytowanych źródeł oraz wybór przytaczanych z nich fragmentów może wywoływać wrażenie pewnej dowolności. Również przyjęta w pracy perspektywa badawcza mogła narzucić pewną ich interpretację, która przy przyjęciu innych celów i założeń zjawiska mogłaby być inna (por. Kmita 1971). Nadto, pewnym zarzutem może być brak analiz ilościowych, co uniemożliwia udzielenie odpowiedzi na pytanie „jak często” i stawia pytanie o reprezentatywność przedstawionych tu wyników.

Niemniej jednak, przy niewielkiej liczbie badań na ten temat, zaletą prezentowanego badania jest to, że ukazuje ono, przynajmniej w pewnym stopniu, jak dyskurs genetyczny wokół tożsamości prowadzi do jej genetyzacji oraz że w proces ten są zaangażowane nie tylko media.

Literatura

- Bauman, Zygmunt. 2007a. *Płynne czasy. Życie w epoce niepewności*. Warszawa: Sic!
- Bauman Zygmunt. 2007b. *Tożsamość. Rozmowy z Benedetto Vecchim*. Gdańsk: Gdańskie Wydawnictwo Psychologiczne.
- Beck, Ulrich i Elisabeth Beck-Gernsheim. 1999. *Individualization and „Precarious Freedoms”. Perspectives and Controversies of a Subject-orientated Sociology*. W: A. Elliot (red.). *Contemporary Social Theory*. Oxford: Blackwell Publishers, s. 156–168.
- Berger, Peter i Thomas Luckmann. 1997. *Modernidad, pluralismo y crisis de sentido. La orientación del hombre moderno*. Barcelona: Paidós
- Brandt-Rauf, Sherry I., Victoria H. Raveis, Nathan F. Drummond, Jill A. Conte i Sheila M. Rothman. 2006. *Ashkenazi Jews and Breast Cancer: The Consequences of Linking Ethnic Identity to Genetic Disease*. „American Journal of Public Health” 96(11): 1979–1988.
- Brodwin, Paul. 2002. *Genetics, Identity, and the Anthropology of Essentialism*. „Anthropological Quarterly” 75(2): 323–330.
- Brody, Howard i Linda M. Hunt. 2006. *BiDil: Assessing a Race-based Pharmaceutical*. „Annals of Family Medicine” 4(6): 556–560.
- Brożek, Bartosz, Marta Soniewicka, Jerzy Stelmach i Wojciech Załuski. 2010. *Paradoksy bioetyki prawniczej*. Warszawa: Wolter Kluwers.
- Bubela, Tania M. i Timothy A. Caulfield. 2004. *Do the print media „hype” genetic research? A Comparison of Newspaper Stories and Peer-reviewed Research Papers*. „Canadian Medical Association Journal” 170(9): 1399–1407.
- Carver, Rebecca, Ragnar Waldahl i Jarle Breivik. 2008. *Frame that Gene. A Tool for Analysing and Classifying the Communication of Genetics to the Public*. „EMBO Reports” 9(10): 943–947.
- Caulfield, Timothy. 2004. *Biotechnology and Popular Press: Hype and the Selling of Science*. „Trends in Biotechnology” 22(7): 337–339.
- Caulfield, Timothy. 2005. *Popular Media, Biotechnology, and the ‘Cycle of Hype’*. „Houston Journal of Health Law and Policy” 5(2): 213–233.
- Caulfield, Timothy i Celeste Condit. 2012. *Science as a Source of Hype*. „Public Health Genomics” 15(3–4): 209–217.
- Cavalli-Sforza, Luigi Luca. 2005. *Opinion: The Human Genome Diversity Project: past, present and future*. „Nature Reviews Genetics” 6(4): 333–340.
- Collier, Roger. 2012. *A Race-based Detour to Personalized Medicine*. „Canadian Medical Association Journal” 184(7): E351–E353.
- Conrad, Peter. 1999. *A Mirage of Genes*. „Sociology of Health and Illness” 21(2): 28–241.
- Conrad, Peter. 2001. *Genetic Optimism: Framing Genes and Mental Illness in the News*. „Culture, Medicine and Psychiatry” 25(2): 225–247.
- Conrad, Peter i Jonathan Gabe. 1999. *Introduction: Sociological Perspectives on the New Genetics: An Overview*. W: P. Conrad i J. Gabe (red.). *Sociological Perspectives on the New Genetics*. Oxford: Blackwell Publishers, s. 1–12.

- Dar-Nimrod, Ilan i Steven J. Heine. 2011. *Genetic Essentialism: On the Deceptive Determinism of DNA*. „Psychological Bulletin” 137(5): 800–818.
- Domaradzki, Jan. 2015. *DNA i jego metafory*. „Respectus Philologicus” 27(32): 74–84.
- Domaradzki, Jan. 2016. *Genetyka behawioralna w polskim czasopiśmiennictwie w latach 2000–2014*. „Psychiatria Polska” 50(6) [1251–1271].
- Duster, Troy. 2007. *Medicalisation of Race*. „Lancet” 369(9562): 702–704.
- Elias, Norbert. 1980. *Przemiany obyczajów w cywilizacji Zachodu*. Warszawa: PIW.
- Elias, Norbert. 2011. *O procesie cywilizacji*. Warszawa: WAB.
- Elliott, Carl i Paul Brodwin. 2002. *Identity and Genetic Ancestry Tracing*. „British Medical Journal” 325(7378): 1469–1471.
- Entman, Robert M. 1993. *Framing: Toward Clarification of a Fractured Paradigm*. „Journal of Communication” 43(4): 51–58.
- Evans, James P. i Wylie Burke. 2008. *Genetic Exceptionalism. Too much of a good thing?* „Genetics in Medicine” 10(7): 500–501.
- Finkler, Kaja. 2001. *The Kin of the Gene: The Medicalization of Family and Kinship in American Society*. „Current Anthropology” 42(2): 235–263.
- Giddens, Anthony. 2003. *Stanowienie społeczeństwa. Zarys teorii strukturacji*. Poznań: Zysk i S-ka.
- Giddens, Anthony. 2006. *Nowoczesność i tożsamość. „Ja” i społeczeństwo w epoce późnej nowoczesności*. Warszawa: WN PWN.
- Gilbert, Walter. 1999. *A vision of a Grail*. W: D. J. Kevles i L. Hood (red.). *The Code of Codes: Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*. Cambridge/London: Harvard University Press, s. 83–97.
- Gilbert, Jack A. 2015. *Our Unique Microbial Identity*. „Genome Biology” 16(1): 97.
- Glaser, Barney G. i Anselm L. Strauss. 2009. *Odkrywanie teorii ugruntowanej. Strategie badania jakościowego*. Kraków: Nomos.
- Gligorov, Nada, Jody Azzouni, Douglas P. Lackey i Arnold Zweig. 2013. *Personal Identity: Our Microbes, Ourselves*. W: R. Rhodes, N. Gligorov i A. P. Schwab (red.). *The Human Microbiome: ethical, legal and social concerns*. New York: Oxford University Press, s. 55–70.
- Green, Richard E., Johannes Krause, Susan E. Ptak, Adrian W. Briggs, Michael T. Ronan, Jan F. Simons, Lei Du, Michael Egholm, Jonathan M. Rothberg, Maja Paunovic i Svante Pääbo. 2006. *Analysis of One Million Base Pairs of Neanderthal DNA*. „Nature” 444(7117): 330–336.
- Grice, E. A. i J.A. Segre. 2012. *The Human Microbiome: Our Second Genome*. „Annual Review of Genomics and Human Genetics” 13: 151–170.
- Hauskeller, Christine, Steve Sturdy i Richard Tutton. 2013. *Genetics and the Sociology of Identity*. „Sociology” 47(5): 875–886.
- Hutter, Thiago, Carine Gimbert, Frédéric Bouchard i François-Joseph Lapointe. 2015. *Being Human is a Gut Feeling*. „Microbiome” 3: 9.
- Kahn, Jonathan. 2005. *Misreading Race and Genomics after BiDil*. „Nature Genetics” 37(7): 655–656.
- Kahn, Jonathan. 2013. *How a Drug Becomes „Ethnic”: Law, Commerce, and the Production of Racial Categories in Medicine*. „Yale Journal of Health Policy, Law, and

- Ethics” 4(1): 4:1–46. <http://digitalcommons.law.yale.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1072&context=yjhple>.
- Kamenova, Kalina, Amir Reshef i Timothy Caulfield. 2014. *Angelina Jolie’s Faculty Gene: newspaper coverage of a celebrity’s preventive bilateral mastectomy in Canada, the United States, and the United Kingdom*. „Genetics in Medicine” 16: 522–528.
- Keller, Evelyn Fox. 2009. *The Century of the Gene*. Harvard: Harvard University Press.
- Kevles, Daniel J. i Leroy Hood (red.). 1999. *The Code of Codes: Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*. Cambridge, MA/London: Harvard University Press.
- Klitzman, Robert. 2009. „Am I my genes?”: *Questions of Identity among Individuals Confronting Genetic Disease*. „Genetics in Medicine” 11(12): 880–889.
- Kmita, Jerzy. 1971. *Z metodologicznych problemów interpretacji humanistycznej*. Warszawa: PWN.
- Kowal, Emily i Gerald Frederic. 2012. *Race, Genetic Determinism and the Media: An Exploratory Study of Media Coverage of Genetics and Indigenous Australians*. „Genomics, Society and Policy” 8: 1–14.
- Kudlow, Paul. 2013. *Ten Parts Bacteria, One Part Human*. „Canadian Medical Association Journal” 185(5): 377–378.
- Lippman, Abby. 1991. *Prenatal Genetic Testing and Screening: Constructing Needs and Reinforcing Inequities*. „American Journal of Law and Medicine” 17(1–2): 15–50.
- Marks, Jonathan. 2002. *What it Means to Be 98% Chimpanzee*. Berkeley: University of California Press.
- Mauron, Alex. 2001. *Is the Genome the Secular Equivalent of the Soul?* „Science” 291(5505): 831–832.
- Mauron, Alex. 2002. *Genomic Metaphysics*. „Journal of Molecular Biology” 319(4): 957–962.
- McDowell, Sarah E., Jamie J. Coleman i R.E. Ferner. 2006. *Systematic Review and Meta-analysis of Ethnic Differences in Risks of Adverse Reactions to Drugs Used in Cardiovascular Medicine*. „British Medical Journal” 332 (7551): 1177–1181.
- Miller, Jon D. 1998. *The Measurement of Scientific Literacy*. „Public Understanding of Science” 7(3): 203–223.
- Moran, Nancy A. i Daniel B. Sloan. 2015. *The Hologenome Concept: Helpful or Hollow?* „PLoS Biology” 13(12): e1002311.
- Nelkin Dorothy i Lindee M. Susan. 1999. *The DNA Mystique. The Gene as a Cultural Icon*. New York: W. H. Freeman and Company.
- Nerlich, Brigitte i Iina Hellsten. 2009. *Beyond the Human Genome: Microbes, Metaphors and what it Means to be Human in an Interconnected Post-genomic World*. „New Genetics and Society” 28(1): 19–36.
- Nordgren, Anders. 2008. *Genetics and Identity*. „Community Genetics” 11(5): 252–266.
- Nordgren, Anders. 2010. *The Rhetoric Appeal to Identity on Websites of Companies Offering Non-health-related DNA Testing*. „Identity in the Information Society” 3(3): 473–487.

- Nordgren, Anders i Eric T. Juengst. 2009. *Can Genomics Tell Me Who I Am? Essentialist Rhetoric in Direct-to-Consumer DNA Testing*. „New Genetics and Society” 28(2): 157–172.
- Novas, Carlos i Nikolas Rose. 2000. *Genetic Risk and the Birth of the Somatic Individual*. „Economy and Society” 29(4): 485–513.
- Olczyk, Tomasz. 2009. *Politrozrywka i popperswazja: reklama telewizyjna w polskich kampaniach wyborczych XXI wieku*. Warszawa: Wydawnictwa Akademickie i Profesjonalne.
- Olszewska, Joanna i Elżbieta Katarzyna Jagusztyn-Krynicka. 2012. *Human Microbiome Project – mikroflora jelit oraz jej wpływ na fizjologię i zdrowie człowieka*. „Postępy Mikrobiologii” 51(4): 243–256.
- Parfitt, Tudor. 2003. *Constructing Black Jews: genetic tests and the Lemba – the ‘Black Jews’ of South Africa*. „Developing World Bioethics” 3(2): 112–118.
- Pääbo, Svante. 2001. *The Human Genome and Our View of Ourselves*. „Science” 291(5507): 1219–1220.
- Pääbo, Svante. 2015. *Neandertalczyk. W poszukiwaniu zaginionych genów*. Warszawa: Prószyński i S-ka.
- Pálsson, Gísli. 2007. *How Deep is the Skin? The Geneticization of Race and Medicine*. „BioSocieties” 2(2): 257–272.
- Pertea, Mihaela i Steven L. Salzberg. 2010. *Between a Chicken and a Grape: Estimating the Number of Human Genes*. „Genome Biology” 11(5): 206.
- Rainbow, Paul. 1996. *Artificiality and Enlightenment’. From Socio-biology to Bio-sociality*. W: P. Rainbow. *Essays on the Anthropology of Reason*. Princeton: Princeton University Press, s. 91–111.
- Ricou, Joana. 2015. *Other Selves: An Artistic Study of the Microbiome*. O’Reilly Media. Winter (<http://cfcul.fc.ul.pt/publicacoes/artigos/2015/BioCoderWinter2015-OtherSelves.pdf> [15.01.2016]).
- Roberts, Dorothy E. 2008. *Is race-based medicine good for us?: African American Approaches to Race, Biomedicine, and Equality*. „The Journal of Law, Medicine and Ethics” 36(3): 537–545.
- Roberts, Dorothy E. 2011. *What’s Wrong with Race-based Medicine?: Genes, Drugs, and Health Disparities*. „Minnesota Journal of Law, Science and Technology” 12(1): 1–21.
- Rose, Nikolas. 2007. *The Politics of Life Itself: Biomedicine, Power, and Subjectivity in the Twenty-first Century*. Princeton, NJ: Princeton University Press.
- Rose, Nikolas. 2008. *Race, Risk and Medicine in the Age of ‘Your Own Personal Genome’*. „BioSocieties” 3(4): 423–439.
- Rose, Nikolas i Carlos Novas. 2004. *Biological Citizenship*. W: A. Ong, S. J. Collier (red.). *Global Assemblages: Technology, Politics, and Ethics as Anthropological Problems*. Oxford: Blackwell Publishing, s. 439–463.
- Sankararaman, Sriram, Swapan Mallick, Michael Dannemann, Kay Prüfer, Janet Kelso, Svante Pääbo, Nick Patterson i David Reich. 2014. *The Genomic Landscape of Neanderthal Ancestry in Present-day Humans*. „Nature” 507(7492): 354–357.

- Scambler, Graham. 2009. *Health-related Stigma*. „Sociology of Health and Illness” 31(3): 441–455
- Scheufele, Dietram A. 1999. *Framing as a Theory of Media Effects*. „Journal of Communication” 49(1): 103–122.
- Scully, Marc, Turi King i Steven D. Brown. 2013. *Remediating Viking Origins: Genetic Code as Archival Memory of the Remote Past*. „Sociology” 47(5): 873–890.
- Seiler, Lauren H. 2007. *What are we? The Social Construction of the Human Biological Self*. „Journal for the Theory of Social Behaviour” 37(3): 243–277.
- Sparbel, Kathleen JH, Martha Driessnack, Janet K. Williams, Debra L. Schutte, Toni Tripp-Reimer, Meghan McGonigal-Kenney, Lori Jarmon i Jane S. Paulsen. 2008. *Experiences of Teens Living in the Shadow of Huntington Disease*. „Journal of Genetic Counselin” 17(4): 327–335.
- Spurdle, Amanda B., Trefor, Jenkins. 1996. *The Origins of the Lemba „Black Jews” of Southern Africa: evidence from p12F2 and other Y-chromosome markers*. „American Journal of Human Genetics” 59(5): 1126–1133.
- Sykes, Bryan. 2002. *Siedem matek Europy*. Warszawa: Amber.
- Świtoński, Marek. 2008. *Postępy genomiki zwierząt domowych*. „Nauka” 1: 27–43.
- Turnbaugh, Peter J., Ruth E. Ley, Micah Hamady, Claire Fraser-Liggett, Rob Knight i Jeffrey I. Gordon. 2007. *The Human Microbiome Project: Exploring the Microbial Part of Ourselves in a Changing World*. „Nature” 449(7164): 804–810.
- Tutton, Richard. 2004. *They Want to Know Where they Came From”: Population Genetics, Identity, and Family Genealogy*. „New Genetics and Society” 23(1): 105–120.
- UNESCO. 1997. *Powszechna Deklaracja o Genomie Ludzkim i Prawach Człowieka*: http://www.unesco.pl/fileadmin/user_upload/pdf/Powszechna_Deklaracja_o_Genomie_Ludzkiem_i_Prawach_Czlowiek__8230_.pdf [15.01.2016].
- UNESCO 2003. *Międzynarodowa deklaracja w sprawie danych genetycznych z dnia 16 października 2003*: http://www.unesco.pl/fileadmin/user_upload/pdf/Deklaracja_o_danych_genetycznych_PL.pdf [15.01.2016].
- Van Dijck, José. 1998. *Imagination. Popular Images of Genetics*. New Hampshire and London: Palgrave Macmillan.
- Van Dijck, José. 1999. *Cloning Humans, Cloning Literature: Genetics and the Imagination Deficit*. „New Genetics and Society” 18(1): 9–22.
- Vernot, Benjamin i Joshua M. Akey. 2014. *Resurrecting Surviving Neandertal Lineages from Modern Human Genomes*. „Science” 343(6174): 1017–1021.
- Williams, Janet K., Lioness Ayers, Janet K. Specht, Kathleen J. Sparbel i Mary Lou Klimek. 2009. *Caregiving by Teens for Family Members with Huntington Disease*. „Journal of Family Nursing” 15(3): 273–294.
- Zawisławska, Magdalena. 2011. *Metafory w języku nauki. Na przykładzie nauk przyrodniczych*. Warszawa: Wydawnictwa Wydziału Polonistyki UW.
- Zeiler, Kristin. 2007. *Who am I? When do „I” become another? An analytic exploration of identities, sameness and difference, genes and genomes*. „Health Care Analysis” 15(1): 25–32.

- Zhu, Baoli, Xin Wang i Lanjuan Li. 2010. *Human Gut Microbiome: The Second Genome of Human Body*. „Protein and Cell” 1(8): 718–725.
- Zielinski, Sarah. 2012. *Neanderthals ... They're Just Like Us?* National Geographic News: <http://news.nationalgeographic.com/news/2012/10/121012-neanderthals-science-paabo-dna-sex-breeding-humans/> [data wejścia: 15.04.2016].
- Zierkiewicz, Edyta. 2013. *Prasa jako medium edukacyjne. Kulturowe reprezentacje raka piersi w czasopiśmie kobiecych*. Kraków: Impuls.

Netografia

- <http://vitagenum.pl> [data wejścia: 1.02.2016].
- <http://www.test-dna.pl> [data wejścia: 1.02.2016].
- <http://www.huntington.pl/o-nas> [data wejścia: 1.02.2016].
- <https://www.23andme.com/en-int/ancestry/> [data wejścia: 1.02.2016].
- <https://www.dna-worldwide.com/ancestry-dna-test> [data wejścia: 1.02.2016].
- <http://www.africanancestry.com/testimonials/> [data wejścia: 1.02.2016].
- <http://www.ancestry.com> [data wejścia: 1.02.2016].

Genetics, Essentialism and Identity

Summary

One of the symptoms of modernity is deconstruction of identity understood as a solid and objective category. Consequently, as individuals lack points of firm reference, identity itself becomes fluid: it requires permanent (re)construction and (re) negotiation. For some individuals, this may result in a turn towards genetics, which for many becomes a source of empowerment. Because genes are ascribed responsibility for many diseases, behaviours and personality traits, essentialist thinking about human identity is reinforced, which again becomes rooted in human biology. Thus, geneticization of identity makes a construction of one's self as 'genetic self' possible. This paper aims to describe how the rhetoric of identity that is present in genetic discourse shapes the essentialist thinking about human being on three levels: the individual, the collective and the species. By analyzing three types of sources (press articles, scientific papers and advertising materials from biotechnological companies which offer personalized genetics services), I will show that thinking in terms of genetic essentialism is not generated solely by the media and that there are many other actors who are engaged in the process of geneticization of identity. This article concludes with a brief discussion of the social implications of geneticization of identity.

Key words: genetic essentialism; genetics; geneticization; identity; genotype.