

Soziogenomik: Ein neuer Versuch, die Soziologie zu biologisieren

Isabelle Bartram, Tino Plümecke, Peter Wehling

1. Einleitung

Bestrebungen, soziale Phänomene wie Bildungsungleichheiten, gruppenbezogene Intelligenzunterschiede oder reproduktives Verhalten durch den Rückgriff auf biologische, insbesondere genetische Faktoren zu erklären, sind bekanntlich nicht neu. In mehr oder weniger regelmäßigen Abständen, und zumeist gestützt auf neue technowissenschaftliche Möglichkeiten und Verfahren, finden sich immer wieder Versuche, Soziales als biologisch oder genetisch bedingt zu begreifen. Die entsprechenden Erklärungsansätze – von der Rasseforschung über Eugenik, Soziobiologie und evolutionäre Psychologie bis zur Verhaltensgenetik – erwiesen sich allerdings als fragwürdig und letztlich unhaltbar, weshalb sie in den Sozialwissenschaften bisher nicht Fuß fassen konnten.

In den letzten Jahren hat sich jedoch ein neues Modell zur Erklärung sozialer Unterschiede und Ungleichheiten durch genetische Faktoren etabliert, das in Teilen der Sozialwissenschaften und auch der Soziologie auf größere Resonanz zu stoßen scheint. Es firmiert unter Bezeichnungen wie »Sozial- und Verhaltensgenomik« (*social and behavioral genomics*), »Sozialwissenschafts-Genomik« (*social science genomics*) oder »Soziogenomik« (*sociogenomics, social genomics*) (Meyer et al. 2023; Mills, Tropf 2020; Freese 2018). Die Soziogenomik, wie wir sie im Folgenden nennen, erhebt den Anspruch, sowohl die Schwächen aller früheren Versuche einer Verbindung von Sozialwissenschaft und Biologie beziehungsweise Genetik zu überwinden, als auch deren fatale politische Implikationen (wie genetischen Determinismus, Sozialdarwinismus, Eugenik oder Rassismus) zu vermeiden.

Möglich geworden ist das neue Modell zuallererst durch technische Entwicklungen, besonders durch die in den letzten Jahren drastische Kostensenkung bei Genomsequenzierungen sowie durch enorm gestiegene Rechenkapazitäten bei der Auswertung großer Mengen genetischer und genomischer Daten (Mills, Trof 2020: 554). Entsprechend datenintensiv sind die zentralen analytisch-methodischen Instrumente der Soziogenomik, nämlich »genomweite Assoziationsstudien« (GWAS) und »polygene Risiko-Scores« beziehungsweise »polygenic scores« (PGS) – beide Begriffe erläutern wir unten noch genauer. Mit Hilfe dieser Analyseverfahren könne, so zwei prominente Vertreter*innen der neuen Forschungsrichtung, die Einbeziehung genetischer Daten in die Sozialwissenschaften jetzt – und erst jetzt – »deliver richer, more precise answers to old questions in psychology, sociology, economics and related fields« (Harden, Koellinger 2020: 567). Gleichzeitig sind die Soziogenomiker*innen intensiv darum bemüht, sich politisch von allen früheren, heute diskreditierten Ansätzen zur biologischen Vererbung sozialer Verhaltensweisen und Eigenschaften abzugrenzen. Ihr Ziel sei gerade nicht, bestimmte Menschen und Gruppen wegen ihrer vermeintlich schlechten genetischen Dispositionen zu stigmatisieren und zu diskriminieren, sondern ganz im Gegenteil, den in der »Gen-Lotterie« (Harden 2023) Benachteiligten Unterstützung und Gerechtigkeit widerfahren zu lassen.

Im angloamerikanischen Sprachraum und insbesondere in den USA wird das Aufkommen der Soziogenomik seit einigen Jahren von einer recht intensiven Debatte begleitet, in der innerhalb wie außerhalb der Sozialwissenschaften über die Möglichkeiten und Grenzen, Vorteile und Gefahren dieser Forschungsperspektive verhandelt wird (vgl. u.a. Bliss 2018; Freese 2018; Meyer et al. 2023). In der Bundesrepublik Deutschland dagegen ist eine Auseinandersetzung mit diesem neuerlichen Versuch, Genetik und Genomik in die Sozialwissenschaften einzuführen, bisher kaum erkennbar, auch nicht innerhalb der Soziologie. Dies mag überraschen, wurde doch vor einigen Jahren in das Sozio-oekonomische Panel (SOEP), eines der bekanntesten und wichtigsten sozialwissenschaftlichen Datenerhebungsverfahren in Deutschland, im Rahmen des sogenannten SOEP-Innovation Sample die Erfassung genetischer und genomischer Daten integriert. Am SOEP-IS 2019 haben 4.283 Erwachsene (17 Jahre und älter) sowie 875 Kinder und Jugendliche teilgenommen. Davon stellten 2.598 Personen (darunter 215 Kinder und Jugendliche) eine Speichelprobe für genetische Analysen zur Verfügung (Koellinger et al. 2021: 8). Dieses Sample wird als Gene-SOEP bezeichnet. Organisiert und ausgewertet wird es durch ein Konsortium von

Wissenschaftler*innen aus Deutschland, den Niederlanden, der Schweiz und den USA unter Leitung des in Amsterdam arbeitenden Ökonomen Philipp Koellinger und des Psychologen Ralph Hertwig vom Max-Planck-Institut für Bildungsforschung in Berlin (ebd.: 6). Mithilfe der genetischen Daten solle im Gene-SOEP aufgeklärt werden, »how social (dis)advantages are transmitted across generations and how parents, peers, teachers, and policy makers can potentially alleviate or amplify such (dis)advantages.« (ebd.: 4) Es wird also unterstellt, dass die intergenerationelle Weitergabe sozialer Benachteiligungen oder Privilegien allein mit sozialwissenschaftlichen Erklärungsmustern nicht hinreichend zu erfassen sei, sondern sich erst durch die Einbeziehung genetischer Faktoren erschließe.

Die im Gene-SOEP angestrebte systematische Integration genetischer Erklärungsfaktoren in die sozialwissenschaftliche Forschung halten wir weder für einen trivialen Vorgang, der nicht weiter erwähnenswert wäre, noch für eine unausweichliche, alternativlose Konsequenz des vermeintlichen wissenschaftlichen Fortschritts hin zu immer mehr Big-Data-Forschung. Umso erstaunlicher ist, dass dazu – zumindest unseres Wissens nach – hierzulande weder eine öffentlich-politische noch eine sozialwissenschaftliche Auseinandersetzung stattgefunden hat und der Leitung des SOEP anscheinend auch nicht daran gelegen war, eine solche Debatte zu initiieren. Einem Zeitungsartikel zufolge hat das SOEP bisher »nicht viel Aufhebens« um das Gene-SOEP gemacht, wegen der angeblich in Deutschland bestehenden besonderen Reserviertheit gegenüber der Verknüpfung von Sozialwissenschaften und Genetik (Spiewak, Bahnsen 2022). Allerdings habe die »SOEP-Spitze« lange darüber diskutiert, ob das Vorhaben nicht »zu heikel« sei.¹

Im Folgenden möchten wir zunächst rekapitulieren, wie sich Soziogenomik in den letzten Jahren als neue Forschungsperspektive herausgebildet hat und welche Erwartungen und Versprechungen mit ihr verbunden werden. Sodann erläutern wir, wie Soziogenomik »funktioniert«, was ihre zentralen Konzepte, Methoden, Fragestellungen und Vorannahmen sind. In einer ersten kritischen Bewertung untersuchen wir die soziogenomischen Wissens- und Wahrheitsansprüche genauer: Was vermag die Soziogenomik auszusagen – und was nicht? Welche problematischen Prämissen liegen ihr zugrunde, und

1 Vorbereitet und vom Wissenschaftsrat befürwortet wurde die Einbeziehung genetischer Analysen in das SOEP oder in Teile davon offensichtlich aber schon länger (vgl. Schupp, Wagner 2010; Wissenschaftsrat 2009: 26, 79 f.). Bemerkenswerterweise haben bei einer Machbarkeitsstudie in den Jahren 2008 und 2009 anscheinend einige Interviewer*innen im Sinne einer »stillen Verweigerung« die »biosoziale« Datenerhebung (einschließlich Spichelprobe) nicht vollständig durchgeführt (Schupp, Wagner 2010: 7).

wie geht sie mit genetischem Determinismus und Essentialismus um? In einem zweiten kritischen Blick konzentrieren wir uns am Beispiel von Bildungsungleichheiten auf die politischen Implikationen und Konsequenzen soziogenomischer Forschung und ihrer möglichen Umsetzung: Wann, wie und von wem sollen beispielsweise die benötigten genetischen Daten von Schul- oder sogar Kindergartenkindern erhoben werden? Welche sozialen Folgen könnte die Etablierung von Gentests auf den künftigen Schulerfolg haben? In einem abschließenden Fazit fassen wir wichtige Punkte unserer Argumentation zusammen.

2. Die Versprechungen der Soziogenomik

Die Identifikation einer vererblichen Komponente von menschlichem Verhalten und Eigenschaften wie Intelligenz oder Neigung zum Alkoholismus sowie der Versuch, diese von Einflüssen der Umwelt möglichst exakt abzugrenzen, ist seit dem 19. Jahrhundert ein zentrales Ziel genetisch orientierter (Sozial-)Forschung. Die Geschichte dieser Forschung ist einerseits gekennzeichnet durch eine lange Reihe wissenschaftlicher Fehlschläge und andererseits durch politisch äußerst problematische Implikationen wie Zwangssterilisierungen, Rassismus und Sozialdarwinismus. Vor diesem Hintergrund waren und sind alle neu aufkommenden Forschungsrichtungen in diesem Feld bestrebt, sich von den in Verruf geratenen Vorläufer*innen zu distanzieren. Sie präsentieren sich demgegenüber als wissenschaftlich innovativ und politisch fortschrittlich oder aber als *unpolitisch*. Dies gilt nicht nur für die Soziogenomik, sondern auch für die ihr unmittelbar vorausgehende Verhaltensgenetik, die sich in den 1960er Jahren herausgebildet hat und auf die wir unten noch zu sprechen kommen.

Soziogenomik erhebt den Anspruch, die Frage nach der Erbllichkeit sozialen Verhaltens und menschlicher Eigenschaften und Fähigkeiten nun endlich beantworten zu können. Ihre Vertreter*innen präsentieren den Forschungsansatz als jung und innovativ. Er profitiere von einer »genetic revolution« (Harden, Koellinger 2020: 574), dank derer »scientists are (finally) beginning to open the black box of heritability« (ebd.: 569). Als möglich erscheint dies, weil mittlerweile, 20 Jahre nach Abschluss des Humangenomprojekts, ausreichende technischen Kapazitäten verfügbar sind, um die Genomdaten großer Kohorten von Proband*innen nach statistischen Zusammenhängen

zwischen Genetik und sozialen Merkmalen zu durchforsten. Überwunden werden könne dadurch, so die Botschaft, die weitgehend erfolglose Suche nach sogenannten Kandidaten-Genen (»das Gen für...«), das heißt, der Versuch, menschliche Verhaltensweisen und Eigenschaften wie Kriminalität, Homosexualität oder Risikobereitschaft aus der Aktivität einzelner Gene zu erklären. Der innovative Ansatz der Soziogenomik basiere demgegenüber auf der Analyse kompletter Genome, wodurch statistische Korrelationen zwischen Verhaltensunterschieden und den Millionen winziger individueller Besonderheiten, die sich in jedem Genom finden, zu ermitteln seien.

Diesen methodischen und konzeptionellen Zugang verbinden Soziogenomiker*innen mit der (allerdings inkonsistent bleibenden) Abgrenzung von jeglichem genetischen Determinismus und Essentialismus. »Genetischer Determinismus – das ist vom Tisch!«, äußerte beispielsweise der Bielefelder Soziologe Martin Diewald zu Beginn seines Einführungsvortrags bei der Ad-Hoc-Gruppe »Jenseits genetischer oder sozialer Determinismen: Welche Erträge liefern genetisch informierte Studien zum besseren Verständnis des Bildungs- und Staterwerb in Gesellschaften« auf dem DGS-Kongress 2022. Auch Koellinger und die US-amerikanische Psychologin Kathryn Paige Harden (ebenfalls Mitglied des Gene-SOEP-Konsortiums) argumentieren in einem Überblicksartikel, der Sozialwissenschaftler*innen den Forschungsansatz schmackhaft machen soll, gegen einen »bio-determinism«. Sie verweisen auf die Bedeutung von Umwelteinflüssen und stellen die Frage nach sozialer Gerechtigkeit sogar ins Zentrum ihrer Begründung für die Sinnhaftigkeit ihrer Forschung:

»For example, the realization that success in life is partly the result of a genetic lottery raises new questions not only about underlying mechanisms, but also about fairness and what a desirable distribution of wealth in a society should look like.« (Harden, Koellinger 2020: 568)

Auch andere Vertreter*innen der Soziogenomik betonen, ihre Forschung könne und solle dazu beitragen, soziale Ungleichheit zu bekämpfen. So schreiben Wissenschaftler*innen aus dem Gene-SOEP, ihre Forschung sei keineswegs per se ethisch problematisch oder begünstige soziale Diskriminierung und Stigmatisierung. »Ganz im Gegenteil« könne nämlich auch argumentiert werden, »dass Nachteile, die einem Menschen durch seine »genetische Ausstattung« entstehen, von der Gesellschaft zumindest teilweise kompensiert, vielleicht sogar möglichst weitgehend ausgeglichen werden sollten« (Arslan, Koellinger, Wagner 2019).

Solche Abgrenzungsbemühungen sind nicht neu: Wie die Soziogenomik heute waren in den 1960er Jahren auch die ersten Verhaltensgenetiker*innen bestrebt, sich von der vor allem durch den Nationalsozialismus diskreditierten Eugenik und Rasseforschung zu distanzieren (vgl. Panofsky 2014: 40 ff.). Diese Abgrenzung beruhte allerdings eher auf einer naturwissenschaftlichen Basis als auf explizit politischen oder ethischen Argumenten. Zwar galten die Forschungsinteressen der Verhaltensgenetik zunächst dem vermeintlich unpolitischen tierischen statt menschlichen Verhalten, doch schon bald wandte sich die Verhaltensgenetik auch menschlichen Eigenschaften zu. Bereits 1969 sorgte der Psychologe Arthur Jensen für heftige Kontroversen, als er eine genetische Ursache für Unterschiede im durchschnittlichen Intelligenzquotienten zwischen Schwarzen und Weißen Menschen behauptete und sich dabei auf Erkenntnisse aus der Verhaltensgenetik stützte (Jensen 1969). Die öffentliche und mediale Aufmerksamkeit war groß und rief die Kritik prominenter Genetiker*innen und Psycholog*innen wie Richard Lewontin, Luigi Cavalli-Sforza und Leon Kamin hervor. Mitte der 1990er Jahre flammte der Konflikt erneut auf, als der Psychologe Richard J. Herrnstein und der Politikwissenschaftler Charles Murray in ihrem Buch »The Bell Curve« ähnliche Thesen wie Jensen veröffentlichten. Doch trotz der anhaltenden Kontroversen konnte sich das Feld der Verhaltensgenetik etablieren und zu Anfang des 21. Jahrhunderts bildete es ebenso wie die schon seit den 1920er Jahren betriebene Zwillingsforschung einen der wesentlichen Hintergründe und Entstehungskontexte der Soziogenomik (vgl. u.a. Diewald 2008, 2010).

Auch wenn Soziogenomiker*innen heute so vehement die Neuartigkeit ihrer Forschungsperspektive betonen, sind die Kontinuitäten zu früherer einschlägiger Forschung nicht zu übersehen. Mit der Eugenik teilt die Soziogenomik nicht nur das im 19. Jahrhundert aufkommende und bis zur Obsession reichende Interesse an der biologischen Vererbung menschlicher Verhaltensweisen und Eigenschaften (vgl. Rheinberger, Müller-Wille 2009), sondern auch die stillschweigende Vorannahme, menschliches Verhalten sei tatsächlich zu einem wesentlichen oder sogar überwiegenden Teil erblich, das heißt genetisch bedingt. Ähnlich wie die Verhaltensgenetik richtet die Soziogenomik ihr Augenmerk auf die genetischen Grundlagen von Verhaltensunterschieden zwischen Individuen oder Gruppen und versucht, den genetischen Anteil an solchen Unterschieden zu bestimmen und zu quantifizieren. Ganz explizit knüpft sie damit an die lange und umstrittene Tradition

der Zwillingsforschung an, mitsamt deren Abschätzungen zur Erblichkeit von Eigenschaften und sozialen Verhaltensmerkmalen.²

Verhaltensgenetik, Zwillingsforschung und verwandte Forschungslinien bilden die Kontexte, an die die Soziogenomik einerseits methodisch und konzeptionell anschließt und von denen sie sich andererseits als innovativ abzuheben bemüht. Soziogenomiker*innen betonen, erst sie seien mit neuen wissenschaftlichen Methoden wirklich in der Lage, die Erblichkeit menschlicher Eigenschaften adäquat zu erfassen. Durch den Bezug auf soziale Gerechtigkeit sowie durch anti-eugenische und anti-rassistische Äußerungen wollen sie zugleich den Eindruck erwecken, dass die Soziogenomik die politisch verheerenden Positionen und Implikationen der früheren Forschungen hinter sich gelassen habe. In den folgenden drei Abschnitten werden wir jeweils verschiedene Aspekte der Frage beleuchten, ob und inwieweit die Soziogenomik diesen selbstgesetzten Ansprüchen tatsächlich gerecht wird.

3. Wie »funktioniert« Soziogenomik?

Methoden und Konzepte

In Reaktion auf die erwähnte methodische Kritik von Kamin (1974) und anderen aus den 1970er Jahren erstellten Verhaltensgenetiker*innen immer umfassendere Datensammlungen für Zwillings- und Adoptionsstudien, um Zweifeln an ihren Datengrundlagen zu begegnen. Darin bezogen sie sowohl eine Vielzahl menschlicher Eigenschaften und Verhaltensweisen als auch Hunderte oder Tausende von Proband*innen ein, Zwillingsgeschwister wie adoptierte Personen, die äußerst umfangreiche Fragebögen zu ihren kognitiven Fähigkeiten, Persönlichkeitsmerkmalen, täglichen Gewohnheiten, Vorlieben und Abneigungen, sozialen und politischen Einstellungen und so weiter ausfüllten. Aaron Panofsky (2014) vermutet in seiner Studie zur Entwicklung der Verhaltensgenetik, dass die Inflationierung der einbezogenen Merkmale dazu diene, geradezu provokativ an fast allen nur denkbaren Verhaltensvariablen und -variationen – vom Kaffeekonsum über den Kirchenbesuch bis zum kriminellen Verhalten – eine genetische Komponente aufweisen zu können (ebd.: 148 f.). Auch für die gegenwärtige Soziogenomik ist eine solche Ausweitungstrategie prägend: Im Gene-SOEP etwa soll eine

2 Zur Kritik an der Zwillingsforschung s. unter anderem Kamin (1974), Joseph (2015; 2023).

erbliche Komponente von 55 teils gesundheitsbezogenen, teils sozio-kulturellen *traits* identifiziert werden, darunter der Konsum von Cannabis, Tabak und Alkohol, das Alter von Frauen bei der Geburt ihres ersten Kindes, das Bildungsniveau und die Risikotoleranz sowie – auch hier – die religiöse Betätigung (Koellinger et al. 2021: 17 ff.).

Das zentrale Paradigma der Soziogenomik, die *Heritabilität* von Verhaltensmerkmalen, stammt ebenfalls aus der Verhaltensgenetik und Zwillingsforschung. Heritabilität bezeichnet hier das Maß der Erblichkeit der Varianz eines Merkmals, also den Anteil, zu dem die Ausprägungsunterschiede auf genetische Variationen zurückgeführt werden können.³ Heritabilitätsschätzungen beruhen in der Zwillingsforschung auf statistischen Vergleichen genetischer Daten mit Verhaltensdaten bei eineiigen und zweieiigen Zwillingen sowie bei adoptierten und nicht-adoptierten (Zwillings-)Geschwistern (Mills, Tropf 2020: 555 f.). Grundlage für die Abschätzung ist die Hypothese, dass die genetische Komponente unter Kenntnis der verschiedenen Verwandtschaftsgrade und der jeweiligen sozialen Umwelten der Proband*innen berechenbar sei. Dabei wurden (und werden) oft sehr hohe und sicherlich überhöhte Heritabilitätswerte ermittelt, da die Umwelteinflüsse systematisch unterbewertet werden (Joseph 2023: 77 ff.). So kam eine Meta-Analyse von Zwillingsstudien aus einem Zeitraum von 50 Jahren auf einen durchschnittlichen Wert von 49 Prozent für die Heritabilität von Merkmalsunterschieden (Polderman et al. 2015). Die Wissenschaftler*innen des Gene-SOEP-Konsortiums übernehmen diesen Wert unhinterfragt und ergänzen ihn durch die Aussage, die Heritabilität gesundheitsbezogener, aber auch sozialer Eigenschaften wie Bildungsniveau und Risikoverhalten liege »typischerweise« zwischen 30 und 70 Prozent (Koellinger et al. 2021: 3). Ebenfalls mit Bezug auf die Studie von Polderman et al. behaupten die Autor*innen: »Almost all human traits are partly heritable, including health outcomes, personality, and behavioral tendencies.« (Koellinger et al. 2021: 2) Die Genetik zu ignorieren, führe nach ihrer Auffassung dazu, »that a substantial source of individual differences would remain unobserved, potentially leading to biased estimations that could prompt wrong and possibly counterproductive conclusions.« (ebd.: 3)

3 Mills und Tropf (2020: 559) weisen darauf hin, dass das statistische Konstrukt der Heritabilität häufig fehlinterpretiert wird. Es sei daher wichtig zu betonen, dass sich die Abschätzung der Heritabilität von Eigenschaften niemals auf Individuen bezieht, sondern immer nur auf die jeweils untersuchte Population (also das jeweilige Sample) und deren Umwelt (vgl. auch Panofsky 2014: 151).

Nach Abschluss des Humangenomprojekts und gestützt auf die Verfügbarkeit großer wissenschaftlicher Datenbanken und privatwirtschaftlicher Datenanbieter wie *23andme* wurde die rein statistische Auswertung von Fragebogendaten aus der Zwillingsforschung zunehmend durch genetische beziehungsweise genomweite Analysen ergänzt oder gar komplett durch diese ersetzt.⁴ Das Humangenomprojekt war im Jahr 1990 als bis dato größtes internationales wissenschaftliches Kollaborationsprojekt mit dem Ziel gestartet, das gesamte menschliche Genom zu sequenzieren. Es war getragen von der Hoffnung, dass die Kenntnis des menschlichen Genoms die Behandlung und Heilung von »every disease« ermöglichen würde und so in den kommenden Jahren auch Volkskrankheiten wie Alzheimer, Diabetes und Krebs »besiegt« werden könnten (The White House 2000). Zur Überraschung aller beteiligten Forschenden konnten im menschlichen Genom aber nur rund 23.000 Gene aufgefunden werden – also DNA-Sequenzen, die Informationen über den Aufbau des menschlichen Körpers enthalten. Den Erwartungen der Verhaltensgenetiker*innen, einzelne Gene für jeweilige Eigenschaften zu finden, versetzte dies einen herben Dämpfer, denn mit der Sequenzierung des Genoms ließ sich die Frage nach dem erblichen Anteil menschlicher Eigenschaften und Verhaltensweisen keineswegs klären. Zwar konnte eine Reihe zumeist seltener monogenetischer Erkrankungen (wie Sichelzellanämie, Mukoviszidose, Chorea Huntington) auf einzelne Varianten in der DNA-Sequenz zurückgeführt werden. Für komplexere Erkrankungen sowie für menschliche Eigenschaften (und damit auch für deren unterschiedliche Ausprägung) ließen sich bisher jedoch nur in äußerst begrenztem Umfang einzelne Gene mit einem statistisch großen Effekt identifizieren.

Von diesem Misserfolg bei der Suche nach Genen für Krankheiten und Verhaltensunterschiede ließen sich die (Verhaltens-)Genetiker*innen aber nicht aufhalten. Zu Hilfe kam ihnen die Entdeckung der Millionen minimaler

4 Eine Kombination von Zwillingsforschung und molekulargenetischen Analysen stellt das von der Deutschen Forschungsgemeinschaft geförderte, auf zwölf Jahre angelegte Projekt »TwinLife« dar, eine »verhaltensgenetische Studie zur Entwicklung von sozialer Ungleichheit«, die unter anderem von Martin Diewald geleitet wird. In der Studie werden seit 2014 Verhaltens- und Gendaten von 4.097 Zwillingsfamilien erhoben und ausgewertet. Untersucht werden Verhaltensvariablen in den sechs Bereichen: »Bildung und Bildungserfolg, Karriere und Erfolge auf dem Arbeitsmarkt, Integration und Teilhabe am sozialen, kulturellen und politischen Leben, Lebensqualität und wahrgenommene Handlungsmöglichkeiten, physische und psychologische Gesundheit sowie Verhaltensprobleme und abweichendes Verhalten« (Spinath 2023). Auch dabei wird, ähnlich wie im Gene-SOEP unterstellt, die Nichtberücksichtigung genetischer Variation führe zu »less complete but also to less precise explanations« (Hahn et al. 2016: 661).

Varianten im Genom, der Einzelnukleotid-Polymorphismen (*single nucleotide polymorphisms*, SNPs), durch immer zahlreicher durchgeführte Genomanalysen.⁵ Obwohl menschliche Genome zu rund 99,9 Prozent identisch sind, findet sich bei jedem Individuum in den mehr als drei Milliarden Basenpaaren eine Vielzahl solcher winziger Variationen. Auf deren Detektion zielten in den letzten zwei Dekaden zahlreiche genetische Studien, und in den seit 2005 durchgeführten genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) werden diese SNPs auf statistische Zusammenhänge mit Unterschieden in Krankheitsverläufen, Verhaltensweisen oder Eigenschaften hin untersucht. Eine Vielzahl an Studien fand so Tausende SNPs, die *statistisch* und jeweils nur minimal mit einzelnen (deshalb als polygen bezeichneten) Eigenschaften korrelieren (vgl. Mills, Tropf 2020: 556 ff.).

Der nächste Schritt bestand darin, Zigtausende oder teilweise gar Millionen SNPs zu sogenannten *polygenen (Risiko-)Scores* (PGS) oder polygenen Indizes (PGI) zusammenzufassen. Hierfür wurde Big Data notwendig, da nur durch eine solche Bündelung jeweils minimaler Assoziationen überhaupt ein quantitativ relevanter Zusammenhang zwischen genetischer Variabilität und spezifischen Eigenschaften beziehungsweise Verhaltensweisen erfasst werden kann. Dementsprechend verwenden aktuelle soziogenomische Studien für die Berechnung von PGS riesige Datensets aus den inzwischen in großer Zahl verfügbaren Genomanalysen. Beispielsweise ist der im Gene-SOEP verwendete PGS für Bildungserfolg (*educational attainment*) aus mehr als einer Million (exakt 1.147.926) SNPs konstruiert. Er basiert auf verschiedenen GWAS, in denen die Genome von insgesamt 1.047.538 Proband*innen ausgewertet wurden (Koellinger et al. 2021: 18).⁶

Die bei der Ermittlung von PGS verwendeten Methoden sind vor allem in der Tier- und Pflanzenzüchtung entwickelt worden. Dort dienen PGS (unter der Bezeichnung »estimated breeding value«) beispielsweise dazu, anhand genetischer Daten den zukünftigen Milchertrag potenzieller Nachkommen eines Zuchtbullen und damit dessen Züchtungswert vorherzusagen

5 Als SNP wird die Abweichung einer Nukleobase in der DNA im Vergleich zu einer Referenzsequenz bezeichnet, also das Auftreten etwa von Thymin an einer Stelle, in der im Referenzgenome ein Cytosin verzeichnet ist. SNPs treten sowohl innerhalb der codierenden als auch der nicht-codierenden DNA auf; sie können somit die Regulation der Bildung von Proteinen oder deren Zusammensetzung beeinflussen, aber auch keine Auswirkungen darauf haben.

6 Allerdings nutzen verschiedene Unternehmen und Forschungsgruppen unterschiedliche Datenbanken und Algorithmen und kommen so auch zu unterschiedlichen Ergebnissen (Babb de Villiers, Kroese, Moorathie 2020).

(Herzig, Clerget-Darpoux, Génin 2022: 3 f.). Diese Methoden zur Abschätzung von Zuchterfolgen überträgt die Soziogenomik auf Prognosen über vielfältige soziale Merkmale wie Bildungserfolg, Alter von Frauen bei der Geburt ihres ersten Kindes, politische Einstellung oder Risikoverhalten. Grundlage hierfür ist die Vorannahme, dass die Vielzahl winzigster Variationen im gesamten Genom die beobachtbaren oder messbaren Merkmals- und Verhaltensunterschiede erklären kann. Entsprechende Studien versuchen, mittels PGS abzuschätzen, wie hoch der erbliche Einfluss auf die Ausprägung einer bestimmten Eigenschaft ist. Die statistisch ermittelten Werte sind allerdings verhältnismäßig gering, vor allem sehr viel kleiner als die Heritabilitätsschätzungen, die von Zwillings- und Adoptionsstudien postuliert werden. Im Gene-SOEP lag beispielsweise der errechnete statistische Einfluss des verwendeten PGS auf Unterschiede im Bildungsstand der Proband*innen bei nur rund neun Prozent (Koellinger et al. 2021: 20). Das heißt, dass die beobachtbaren Unterschiede im verwendeten Modell nur zu neun Prozent mit den genetischen Variationen korrelieren. Andere Studien ergeben ein ähnliches Bild; so konnte ein PGS »aus der jüngsten Generation von GWAS« lediglich zwei Prozent der Varianz bei persönlichen Eigenschaften wie Risikotoleranz erfassen (Koellinger et al. 2021: 16). Die Reaktion der Soziogenomiker*innen auf die Diskrepanz zwischen diesen Werten und den Vorhersagen der Zwillingsforschung ist wenig überraschend: Es seien noch mehr SNPs und noch größere Kohorten erforderlich, um höhere Heritabilitätswerte zu erhalten.

In diesem Zusammenhang ist zu betonen, dass soziogenomische PGS nichts über kausale Zusammenhänge aussagen, sondern ausschließlich als prognostische Marker genutzt werden können (Turkheimer 2019: 46). Denn die einbezogenen SNPs beeinflussen in der Regel nicht oder zumindest nicht direkt die Ausprägung einer Eigenschaft. Sie befinden sich lediglich in der Nähe von Genomabschnitten, die mutmaßlich die jeweilige Eigenschaft beeinflussen. Vor allem bezogen auf komplexe menschliche Eigenschaften wie Intelligenz oder Schulerfolg bleiben die unterstellten kausalen Zusammenhänge zwischen genetischer Variation und der Ausprägung eines Merkmals jedoch völlig ungeklärt (vgl. Feldman, Riskin 2022: 8 f.). Als wichtig ist außerdem festzuhalten, dass sich der örtliche Zusammenhang zwischen spezifischen SNPs und bestimmten Genabschnitten durch die Rekombination des Erbguts von einer Generation zur nächsten verändern kann. Die Aussagekraft von PGS hängt daher vom genetischen Verwandtschaftsgrad der analysierten Individuen ab: Je weiter entfernt die Verwandtschaft ist oder je

heterogener die jeweiligen Herkünfte sind, desto geringer wird der prognostische Aussagewert der PGS (Ding et al. 2023; Martin et al. 2019). In der Tier- und Pflanzenzüchtung werden PGS daher nur in einzelnen Zuchtlinien mit wenigen Generationen angewandt, da die zugrundeliegenden Genomdaten sich sonst zu sehr unterscheiden und sich rein zufällige Zusammenhänge ergeben können (Heslot et al. 2012). Bei Menschen kommt hinzu, dass bei Personen, deren genetische Verwandtschaft geringer ist, sich häufig auch die jeweiligen Umweltbedingungen (wie Ernährung, Sozialstruktur, Gesundheitssystem) deutlicher voneinander unterscheiden, was die Einflüsse auf die untersuchten Verhaltensmerkmale kaum mehr kontrollierbar macht.

Die methodische Anforderung, möglichst ähnliche Genome in die Konstruktion von PGS einzubeziehen, versuchen Studien wie das Gene-SOEP dadurch einzulösen, dass sie sämtliche Proband*innen genetisch auf ihre »europäische Abstammung« hin untersuchen und Personen »of non-European ancestries« von der weiteren Analyse ausschließen (Koellinger et al. 2021: 13). Umso befremdlicher erscheint die Aussage der Studienautor*innen, das Gene-SOEP sei »the only genotyped sample that is representative of the *entire* German population« (Koellinger et al. 2021: 5, Hervorhebung von uns). Der Anspruch auf Repräsentativität wird ja gerade zugunsten des Funktionierens der Methode aufgegeben, und die Proband*innen werden mittels genetisch-geografischer Zuordnungen auf eine vermeintlich spezifische Herkunft fixiert. Das zeigt eine weitere Problematik soziogenomischer Studien, nämlich ihre nach wie vor bestehende Nähe zu ethnizierenden und rassifizierenden Kategorien. Zwar heben Protagonist*innen der Soziogenomik wie Harden (2023: 97 ff.) hervor, dass »Rassen« soziale Konstrukte und keine biologisch-genetischen Entitäten seien, zugleich evozieren sie aber immer wieder ein biologisches Verständnis von »Rassen«. Wenn Harden schreibt, die »Behauptung, es gebe keine genetischen Unterschiede zwischen Gruppen von Menschen verschiedener *racess*«, sei »schlicht falsch« (ebd.: 107), wird »Rasse« dann doch wieder als genetisch unterscheidbare Gruppe und damit als biologische Kategorie konzipiert.

4. Konzeptionelle Ambivalenzen und Widersprüche

Wie bereits zuvor die Verhaltensgenetik, so wurde auch die Soziogenomik in den letzten Jahren in der englischsprachigen Diskussion Gegenstand umfangreicher methodisch und theoretisch orientierter Kritik. Problematisierungen bringen Vertreter*innen der Genetik vor (z.B. Bird 2021; Robette, Génin, Clerget-Darpoux 2022), der Psychologie (z.B. Joseph 2022, 2023; Turkheimer 2019), der Medizin/Epidemiologie (z.B. Janssens 2019; Morris et al. 2020; Penders, Janssens 2022), der Sozialwissenschaften (z.B. Panofsky 2014; Bliss 2018; Burt 2023) sowie interdisziplinäre Arbeitsgruppen (Meyer et al. 2023). So stehen die gewählten methodischen Ansätze in der Kritik, namentlich die GWAS, die Ermittlung von PGS sowie die Anwendung und Interpretation von Zwillings-, Geschwister- und Adoptionsstudien. Beanstandet werden zudem die zumindest implizite Verwechslung von Korrelation und Kausalität, die fehlende beziehungsweise sehr geringe individuelle Vorhersagekraft von PGS sowie die gewichtigen ethischen, sozialen und politischen Implikationen dieser Art von Forschung. Überdies problematisieren Kritiker*innen reduktionistische, essentialisierende und gen-deterministische Annahmen, die Nichtbeachtung kontextueller Faktoren, von Sozialstrukturen, kulturellen und historischen Dynamiken sowie die Gefahren, die bei einer breiten Anwendung soziogenomischer Verfahren zu erwarten wären. Wir konzentrieren uns an dieser Stelle auf drei zentrale Probleme der Soziogenomik: ihre strikte Trennung zwischen Umwelt- und Genwirkungen, ihre Vernachlässigung genetischer Populationsstrukturen sowie die Unschärfen zwischen Korrelation und Kausalität.

Wie bereits erwähnt formulieren viele Arbeiten der Soziogenomik weitreichende Hoffnungen und Versprechungen. So stelle die Soziogenomik beispielsweise Harden und Koellinger zufolge für Sozialwissenschaftler*innen »a powerful new toolbox« bereit, mit der diese (durch die statistische »Kontrolle« auf genetische Variationen) auch Umwelteffekte bei der Herausbildung von Verhaltensunterschieden besser verstehen könnten (Harden, Koellinger 2020: 568). Grundlage dieses Versprechens bildet offenbar eine simplifizierende Dichotomie von Natur (Genen) und Umwelt, die sich in vielen Studien in gleicher Weise zeigt (vgl. Robette, Génin, Clerget-Darpoux 2022). Wissenschaftssoziologisch gesehen lässt sich hier eine Differenz zwischen Vertreter*innen der Soziogenomik einerseits und dem Basisverständnis der aktuellen Humangenetik andererseits ausmachen. So gehen zahlreiche Arbeiten der Genetik und Biologie von einem komplexen Ineinandergreifen

genetischer und umweltbezogener Einflüsse sowie von einer stetigen Interaktion beider Sphären aus – sowohl während der Individualentwicklung als auch in sozialen Settings. Viele Forschende in diesen Disziplinen verstehen Umwelt und Gene gerade nicht als voneinander getrennte Entitäten, sondern als miteinander verwoben, als »genotype-environment interaction« (Lewontin 2006: 524), was die Messung der quantitativen Beiträge zweier getrennter Bereiche als unsinnig erscheinen lässt. Mit dem Wissen, dass Umwelteinflüsse wie Erziehung, aber auch Ernährung, physische Betätigung und so weiter die körpereigene Produktion von Hormonen, die Expression von Genen (die wiederum mit weiteren Genen in Beziehung stehen) und damit die Ausprägungen von Merkmalen beeinflussen, lassen sich beide Sphären in ihren Wirkungen nicht mehr sinnvoll separieren (Feldman, Lewontin 1975; Keller 2010; Feldman, Riskin 2022). Genau aus diesem Grund mahnt der Genetiker Richard Lewontin an, die Suche nach vermeintlich besseren Methoden zur Schätzung nutzloser Quantitäten aufzugeben (2006: 525). Aufgrund des beschriebenen *entanglements* beider Einflussphasen lässt sich eben nicht einer Seite allein eine kausale Wirkung zusprechen (Krieger 2021).

Interaktionen zwischen Genotyp und Umwelt weisen Soziogenomiker*innen nicht grundsätzlich von sich. Kennzeichnend für das Feld ist jedoch, dass ihre Vertreter*innen weiterhin von einer Trennbarkeit und Quantifizierbarkeit der beiden Faktoren ausgehen. Mittels statistischer Verfahren versuchen sie, die Wirkung der Gene von den als weniger wirkmächtig erachteten Umwelteinflüssen zu isolieren. So gibt beispielsweise der Psychologe und Verhaltensgenetiker Robert Plomin in seinem Buch »Blueprint« an, er könne mittels »controlling for genetics« ermitteln, dass die DNA »matters more than everything else put together« (2019: IX). Konkret führt Plomin das etwa am Beispiel der »Vererbbarkeit von Ehescheidungen« aus: Der »major systematic factor affecting divorce« sei »genetics«. Diese verursache rund 40 Prozent der Variation (ebd.: 39).

Wenn Soziogenomiker*innen Wörter wie »affecting«, »matters« oder »cause« verwenden, gehen sie in ihren Modellen von einer hauptsächlichen oder zumindest wesentlichen *kausalen* Wirkung von Genen auf Verhaltensmerkmale aus. Die genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) und die damit erzeugten polygenen Risikoscores (PGS) stellen jedoch lediglich eine statistische Verknüpfung von Gendaten und Verhaltensausprägungen her. Dargestellt werden also *Korrelationen*, die nicht ohne Weiteres auf einen ursächlichen Zusammenhang schließen lassen. Im Unterschied zu labortechnischen Messungen, etwa des Blutdrucks, suchen Forschende bei GWAS mittels

Algorithmen nach Mustern in der Zusammenführung zweier Datensätze. PGs »are calculated, compiled or constructed through the statistical assemblage of genetic variants« (Penders, Janssens 2022: 1093). Dennoch gehen Soziogenomiker*innen davon aus, kausalen Zusammenhängen auf der Spur zu sein, obwohl sie einen kausalen Zusammenhang zwischen genetischen Variationen und den Verhaltensunterschieden in ihren Studien in aller Regel gar nicht untersuchen, auch weil es methodisch äußerst aufwendig (wenn nicht unmöglich) wäre, die biologische Wirkungsweise Tausender winziger genetischer Varianten zu erfassen (Feldman, Riskin 2022: 9).

Das Verhältnis zwischen Korrelation und Kausalität wird durch die häufig unerkannten Effekte genetischer Populationsstrukturen weiter kompliziert (Burt 2023: 14). Methodisch gehen Soziogenomiker*innen meist von einer idealen, homogenen Verteilung genetischer Varianten in den von ihnen untersuchten Bevölkerungsteilen sowie außerdem von einer rein zufälligen Partner*innenwahl aus. Eine solche Prämisse ist aus sozialwissenschaftlicher Sicht äußerst fraglich. Denn, wie viele soziologische Studien zeigen, weisen sowohl historische als auch heutige Gesellschaften eine hohe Homogamierate auf. Tatsächlich sind Partner*innenwahl und Reproduktion sozial induziert und nicht zufällig. Das hat in genetischer Hinsicht zur Folge, dass in jeder Bevölkerungsgruppe rein statistisch auch einzelne Genvarianten besonders häufig vorliegen. Die daraus entstehende genetische Populationsstruktur »can lead to genotype-phenotype associations despite no causal relationship between the genotype and the phenotype« (Morris et al. 2020: 2). Eine Studie, die genetische Merkmale mit Verhaltensvariablen korreliert, läuft daher zwangsläufig immer Gefahr, statistisch signifikante Zusammenhänge zu messen, die allein durch die Populationsstruktur und die daraus resultierenden genetischen Differenzen hervorgerufen werden.

Es ist davon auszugehen, dass den Soziogenomiker*innen diese Effekte genetischer Populationsstrukturen bekannt sind. Zudem wissen sie wie alle anderen, die sich mit Korrelationen befassen, dass diese noch keine Kausalität bedeuten. Dennoch findet sich in den soziogenomischen Darstellungen eine überraschende Fülle impliziter und expliziter kausaler Verknüpfungen. Harden und Koellinger proklamieren etwa, dass »[g]enetic effects influence most dimensions of individual differences that social scientists care about« (Harden, Koellinger 2020: 574). Dies ist eine steile These, unterstellt sie doch, dass diverse Kernthemen der Sozialwissenschaften – von sozialer Ungleichheit über politische Einstellungen, Sozialisation oder Gesundheit bis

hin zu Macht, Kultur und Identität – wesentlich durch individuelle genetische Variabilität beeinflusst seien. Sofern diese Aussage über Trivialitäten hinausgehen soll – wie etwa die, dass die Gehirnentwicklung einer genetischen Grundlage bedarf, setzt sie behauptend schon voraus, was eigentlich erst mittels geeigneter Studien zu prüfen wäre. In eben diesem Sinne schreibt Harden, »dass genetisch bedingte Unterschiede zwischen Menschen die Ursache für soziale Ungleichheit sind«, dass also genetische Variationen zu Unterschieden »in Bezug auf Bildungsabschlüsse, aber auch in Bezug auf körperliche Phänomene wie BMI, psychologische Probleme wie ADHS und andere psychische Störungen sowie mit der Reproduktion zusammenhängende Dinge wie das Alter bei der ersten Geburt« führten (Harden 2023: 149). Anstatt also eine entsprechende Forschungsfrage zu formulieren, setzt Harden – wie in der Soziogenomik üblich – eine kausale Kopplung voraus und stellt die berechneten Korrelationen als Ausdruck des behaupteten ursächlichen Zusammenhangs dar. Ähnlich hatte Martin Diewald bereits 2010 in einem programmatischen Aufsatz gefordert, »*Ausgangspunkt* einer Analyse gesellschaftlicher Chancenverteilungen« müsse die »Tatsache unterschiedlicher genetischer Veranlagungen« für den Erwerb bestimmter erwünschter oder unerwünschter sozialer Eigenschaften sein (Diewald 2010: 11, Hervorhebung von uns). Den gesellschaftlichen Umweltbedingungen kommt Diewald zufolge konzeptionell lediglich noch ein »moderierender Einfluss« (ebd.: 12) auf die Entfaltung der im Genom festgeschriebenen Entwicklungs- und Verhaltenspotenziale zu.⁷ Es sei nochmals betont, dass diese Prämissen der Soziogenomik nichts Neues sind. Vielmehr verweisen sie auf Kontinuitäten zur Eugenik des späten 19. Jahrhunderts sowie zur Soziobiologie und Verhaltensgenetik des späten 20. Jahrhunderts (Gould 1978; Rose, Lewontin, Kamin 1984).

⁷ Diewald geht so weit, zu behaupten, »(a)n die Stelle des Schicksals, in die sozialen Verhältnisse einer bestimmten Familie hineingeboren zu werden«, trete »das Schicksal, mit einer bestimmten genetischen Ausstattung geboren zu werden« (2010: 11).

5. Genetische Hierarchie statt sozialer Gerechtigkeit

Begründeten Anlass zu Skepsis und Kritik geben nicht nur die fragwürdigen Wissens- und Wahrheitsansprüche der Soziogenomik, ihre konzeptuellen Mängel, methodischen Schwächen oder der ihr zugrunde liegende genetische Essentialismus. Auch die Ziele, die mit dieser Forschungsrichtung erreicht werden sollen, bedürfen einer kritischen Betrachtung. Wie bereits erwähnt, betonen und beteuern Vertreter*innen der Soziogenomik immer wieder, dass ihre Forschungen nicht darauf ausgerichtet seien, vermeintlich naturgegebene Rangordnungen und Hierarchien zwischen Menschen zu begründen oder gar vermeintlich »minderwertige« Individuen oder Gruppen zu stigmatisieren und auszugrenzen. Angestrebt werde stattdessen mehr soziale Gerechtigkeit und (Chancen-)Gleichheit, indem die Gesellschaft die von der »genetischen Lotterie« verursachten »Nachteile aller Art [...] soweit es vernünftig ist, kompensieren« solle (Arslan, Koellinger, Wagner 2019; vgl. auch Harden 2023: 267 ff.).

Vor diesem Hintergrund werden Soziogenomiker*innen nicht müde, sich von früheren Versuchen abzugrenzen, die ebenfalls Genetik und Vererbung in die Sozialwissenschaften und die (Sozial-)Politik einzubeziehen versuchten. Harden geht sogar so weit, die Soziogenomik als ein »antieugenisches Projekt« zu bezeichnen und führt zur Bekräftigung unter anderem an, »weher linke politische Ansichten« zu vertreten (2023: 32, 37) – was in der Geschichte der Eugenik aber keine Seltenheit darstellt. Allerdings sei es, so hebt Harden hervor, gerade um die Gefahren der Eugenik zu bannen, zwingend notwendig, genetische Unterschiede zwischen den Individuen und ihre Auswirkungen ausdrücklich anzusprechen. Es habe daher »nichts mit Eugenik zu tun«, wenn man sagt, »dass manche Menschen, weil sie sich genetisch unterscheiden, es leichter haben, bestimmte Fähigkeiten und Fertigkeiten zu entwickeln« (ebd.: 31). Diese Aussage impliziert faktisch eine Hierarchisierung von Menschen hinsichtlich ihrer genetisch bedingten Möglichkeiten, bestimmte Eigenschaften wie Bildungserfolg, Intelligenz, Risikobereitschaft, aber auch Alkoholismus oder Kriminalität auszubilden. Genau eine solche Hierarchisierung ist aber selbst Harden zufolge der Kern eugenischer Ideologien: »Eugenische Ideologie geht davon aus, dass es eine Hierarchie gibt, bestehend aus wertvollen und weniger wertvollen Menschen; und dass die DNA den intrinsischen Wert einer Person und deren Stellung innerhalb dieser Hierarchie bestimmt« (ebd.: 30). Zwar möchten Soziogeno-

miker*innen aus den von ihnen für so relevant erklärten genetischen Unterschieden keine direkten, expliziten Schlussfolgerungen über den vermeintlichen »Wert« von Menschen ziehen. Dennoch dürfte es kaum zu vermeiden sein, dass sich eine solche gesellschaftliche Hierarchie herausbildet zwischen den Menschen, die sozial erwünschte Eigenschaften und Fähigkeiten relativ leicht erwerben können, und jenen, die sich angeblich von Natur aus damit schwerer tun.

Gleichwohl mag man den Verfechter*innen der Soziogenomik ihre hehren moralischen und politischen Ziele zugestehen. Vollkommen unbeantwortet bleibt jedoch die Frage, wie sie in kapitalistischen Leistungs- und Wettbewerbsgesellschaften verhindern wollen, dass das Wissen um die angeblich so wirkungsvollen genetischen Unterschiede zwischen Menschen nicht genau jene Diskriminierungseffekte hervorbringt, denen die Erhebung genetischer Daten angeblich gerade entgegenwirken soll. Glauben die Soziogenomiker*innen allen Ernstes, allein der Hinweis auf die *Zufälligkeit* der »natural lottery of genetic inheritance« (Harden 2021: 24), also darauf, dass kein Mensch für seine individuelle genetische Ausstattung »etwas kann« (Arslan, Koellinger, Wagner 2019), reiche aus, um die Betroffenen vor Stigmatisierung und Diskriminierung zu schützen und darüber hinaus sogar gesellschaftliche Solidarität und sozialstaatliche Unterstützungsleistungen für sie zu mobilisieren?

Hinzu kommt eine geradezu sträfliche Vernachlässigung der gesellschaftlichen Kontexte und Implikationen soziogenomischer Forschung und ihrer möglichen Umsetzung: Gänzlich unklar bleibt, wer die erforderlichen genetischen Daten wie und wann erheben und nutzen soll. Bezogen auf das Beispiel des Bildungserfolgs: Sollen sämtliche Kinder vor ihrem Schuleintritt genotypisiert werden, um dann gezielt diejenigen fördern zu können, die eine vermeintlich ungünstige genetische Ausstattung aufweisen? Oder sollen genetische Daten nur von denjenigen erhoben werden, die bereits Schwierigkeiten in der Schule haben? Soll die Genomanalyse obligatorisch sein (wenn ja, auf welcher Rechtsgrundlage?) oder, wie nach gegenwärtiger Rechtslage in Deutschland, einer Zustimmung der Eltern bedürfen?⁸ Letzteres würde in jedem Fall bedeuten, dass lediglich die genetischen Profile

8 Unter Umständen könnte hier in Zukunft auf eine bei allen Neugeborenen in Deutschland durchgeführte Genomsequenzierung zurückgegriffen werden. Die Rahmenbedingungen für ein solches Screening (zu Gesundheitszwecken) werden momentan bereits erforscht. Das Verbundprojekt »NEW_LIVES« widmet sich mit Mitteln des BMBF seit 2022 der Frage, ob »ein genomisches Neugeborenen-Screening (gNBS) eine sinnvolle Option für Deutschland« sei (Winkler 2023).

von einem geringen Teil der Zielgruppe vorliegen würden – vermutlich von Kindern, deren Eltern sich davon wie auch immer geartete positive Effekte erhoffen.⁹ Zudem ist zu fragen: Wer erhebt die hochgradig sensiblen Daten? Wo und wie lange sollen die genetischen Profile aufbewahrt und gegen Missbrauch gesichert werden? Welchen Personen oder Institutionen sollen sie zugänglich gemacht werden: Eltern, Schulbehörden, den jeweiligen Lehrkräften, spezialisierten Betreuungseinrichtungen? Wie immer diese Fragen im Einzelnen beantwortet werden, es dürfte äußerst schwierig, wenn nicht gar unmöglich sein zu verhindern, dass Kinder und Jugendliche mit einem »ungünstigen« genetischen Profil stigmatisiert und diskriminiert werden (Matthews et al. 2021). Ihr geringer Schulerfolg resultiert ja laut Gentest nicht aus unzureichenden Bildungsangeboten, Faulheit oder mangelnder Förderung im sozialen Umfeld – also aus Faktoren, die wenigstens prinzipiell als überwindbar oder partiell korrigierbar angesehen werden können. Folgt man den Behauptungen von Soziogenomiker*innen, so ist die mangelnde Leistungsfähigkeit genetisch Benachteiligter vielmehr »angeboren« und durch eine genetische Ausstattung *verursacht (caused)*, die in der Regel für unveränderlich gehalten wird. Fast alles spricht deshalb dafür, dass die Feststellung einer genetischen Disposition für geringen Bildungserfolg zu einer selbsterfüllenden Prophezeiung werden würde – und zwar völlig unabhängig von ihrem tatsächlichen Wahrheitsgehalt: Die betroffenen Kinder (und ihre Familien) würden mit Effekten des *stereotype threat* umzugehen haben, sie würden entmutigt und möglicherweise von Mitschüler*innen gemobbt, die Lehrkräfte würden von der Kenntnis der genetischen Daten unbewusst in ihrem Urteil und ihren Bewertungen beeinflusst.

Überdies gibt die statistische Korrelation zwischen genetischen Scores und Schulerfolg keinerlei Aufschluss über körperliche, mentale oder psychische Wirkungszusammenhänge. Daher sind auch die vollmundigen Versprechungen der Soziogenomik von »precision education«, also einem personalisierten, für jedes Kind »maßgeschneiderten« Lehren und Lernen (vgl. dazu Bliss 2018: 192 ff.) bisher völlig auf Sand gebaut. Nach Ansicht von Wissenschaftler*innen aus dem Umfeld des Gene-SOEP sollen die Erkenntnisse

9 Im Gene-SOEP haben etwa 58 Prozent der erwachsenen Teilnehmer*innen des Innovation Panel mittels einer Speichelprobe ihre genetischen Daten zur Verfügung gestellt. Bei den Kindern und bis zu 16-jährigen Jugendlichen aus den teilnehmenden Haushalten lag der entsprechende Anteil mit 26 Prozent deutlich niedriger (Koellinger et al. 2021: 9). Dies lässt auf eine spürbare Zurückhaltung selbst von »genetik-affinen« Eltern schließen, genetische Daten ihrer Kinder erheben zu lassen und weiterzugeben.

der Genomanalysen ohnehin eher dazu dienen, Menschen einen »angemessenen« Platz in der Gesellschaft zuzuweisen, der ihren genetisch bedingten Fähigkeiten entspricht:

»Es wäre offenbar ja unverantwortlich und grausam, von einem Kind mit eingeschränkter kognitiver Leistungsfähigkeit soviel [sic!] zu erwarten wie vom begabten Geschwisterkind. Genauso wäre es grausam, jemandem, der mit Mühe den Schulabschluss geschafft [hat,] zu empfehlen, doch zum Softwarearchitekten umzuschulen, wenn seine berufliche Tätigkeit wegautomatisiert wird.« (Arslan, Koellinger, Wagner 2019)

Von besonderer schulischer oder außerschulischer Förderung ist hier gar keine Rede mehr, allenfalls noch von der sozialstaatlichen Kompensation für die geringeren Einkommen genetisch Benachteiligter mit zweitklassigen Arbeitsplätzen. Denn, so behaupten die Autoren: »Schule bildet ohne Zweifel, aber sie kann die Effekte genetischer Unterschiede nicht völlig einebnen.« (Ebd.)

Das Ziel und Ideal, das mit der Feststellung genetischer Unterschiede zwischen Menschen erreicht werden soll, ist laut Harden, »Unterschiede ohne Hierarchie« anzuerkennen (2023: 245 ff.). Allerdings machen schon die gerade zitierten Aussagen von Arslan et al. deutlich, dass es ein Irrglaube ist, anzunehmen, man könne genetische Differenzen als ausschlaggebenden Faktor für unterschiedliche Befähigungen von Menschen markieren, *ohne* damit soziale Hierarchien zu etablieren.¹⁰ Menschen nach ihren genetischen Dispositionen für sozial erwünschte Eigenschaften (kognitive Leistungsfähigkeit etc.) zu kategorisieren (entsprechend der Zuweisung eines niedrigen beziehungsweise hohen polygenic score), ist bereits per se eine Hierarchisierung und Abwertung der genetisch weniger Begünstigten.¹¹ Dass Soziogenomiker*innen nicht gewillt oder nicht in der Lage sind, diese Implikationen ihrer Forschung wahrzunehmen und angemessen zu reflektieren, ist ein schwerwiegender Einwand gegen diese Art der Forschung, aber auch gegen ihre Versprechen von Gerechtigkeit und der Anerkennung gesellschaftlicher Diversität.

10 Hardens moralischer Appell: »Wir sollten zwei Dinge *nicht* verwechseln: ein Ergebnis, das die Gesellschaft als *wertvoll* erachtet, und eine Person, die *schätzenswert* ist« (Harden 2023: 268, Hervorhebungen im Original), nimmt sich demgegenüber bemerkenswert hilflos aus.
11 Vgl. allgemein zum digitalen Scoring als einer neuartigen Form der Statuszuweisung und Ungleichheitserzeugung Mau (2023).

6. Fazit: Mit Technikoptimismus zu neuen alten Gendeterminismen

Soziogenomik stellt den neuesten Versuch dar, genetische Bestimmungsfaktoren für soziale Verhaltensweisen und Eigenschaften aufzudecken sowie ihre Effekte zu quantifizieren und von sozialen Einflüssen abzugrenzen. Dabei behaupten die Soziogenomiker*innen, die Schwächen und Fehlschläge einschlägiger früherer Bemühungen durch die Auswertung riesiger Datenmengen sowie durch neue technische Verfahren wie genomweite Assoziationsstudien (GWAS) und polygene Risikoscores (PGS) überwinden zu können. Die in den vorhergehenden Forschungsansätzen der Verhaltensgenetik oder der Soziobiologie noch paradigmatische Suche nach ursächlichen Genen für bestimmte Merkmalsunterschiede ersetzt die Soziogenomik durch die statistische Korrelation zwischen Millionen minimaler genetischer Variationen und einem Potpourri von Verhaltensvariablen. Feldman und Riskin erkennen darin ein Muster in der Geschichte der einschlägigen Forschung: Das Scheitern der vorherigen Ansätze bildet den Antrieb für immer neue Versuche mit Hilfe immer neuer Technologien. »There's always a new approach waiting in the wings. This time it's »genome-wide association studies of people's« »single-nucleotide polymorphisms««. (Feldman, Riskin 2022: 3)

Von ihrem selbstgesetzten Anspruch, mithilfe von GWAS und PGS erstmals die »black box« der biologischen Vererbung von sozialen Eigenschaften und Fähigkeiten öffnen zu können, ist die Soziogenomik allerdings weit entfernt. Überdies ist die (statistische) Vorhersagekraft von PGS, etwa für unterschiedlichen Erfolg von Menschen im Bildungssystem, recht überschaubar. Sie bleibt deutlich hinter derjenigen von sozio-ökonomischen Faktoren wie Schichtzugehörigkeit oder Bildungsabschlüssen der Eltern zurück. Der Anspruch, bildungspolitische oder pädagogische Maßnahmen an solchen Biomarkern auszurichten, kann deshalb nur als unverantwortlich zurückgewiesen werden (Matthews et al. 2021).¹²

Überdies transportiert die Soziogenomik allen Distanzierungen zum Trotz die konzeptionellen Einseitigkeiten und politischen Ambivalenzen verwandter früherer Forschungsansätze weiter mit. Das gilt vor allem für die merkwürdige binäre Gegenüberstellung von Genen und Umwelt sowie für die Vorstellung, die jeweiligen Einflüsse der beiden auf die Herausbildung menschlicher Eigenschaften ließe sich voneinander isolieren und sogar in

¹² Selbst im Bereich der Medizin und Krankheitsprävention ist die Nutzung von PGS keineswegs unumstritten (GeneWatch UK 2023).

ihren jeweiligen Anteilen exakt beziffern. Vertreter*innen der Soziogenomik (miss-)verstehen die Gene dabei als festen, letztlich unveränderbaren Ausgangspunkt (Diewald 2010) individueller Entwicklung, während sie Umweltfaktoren als weiche, die genetischen Prägungen allenfalls abschwächende oder verstärkende Einflüsse konzipieren. Die vorgebliche Abkehr der Soziogenomik vom genetischen Determinismus und Essentialismus erweist sich damit als bloße Rhetorik. Zwar betonen viele ihrer Protagonist*innen immer wieder, dass auch Umweltfaktoren eine Rolle spielen, doch am Ende sind für sie stets die Gene entscheidend: Sie seien »schicksalhaft für den Lebensverlauf« (Harden 2023: 282) und wichtiger »than everything else put together« (Plomin 2019: 9). Die etwa von Harden (2023: 245) proklamierte Anerkennung sozialer Unterschiede »ohne Hierarchie« ist zwar in der Tat ein wichtiges politisches und gesellschaftliches Ziel. Doch unterminieren und konterkarieren die Soziogenomiker*innen selbst dieses Ziel, indem sie Diversität auf genotypische Unterschiede reduzieren und behaupten, diese seien ausschlaggebend für die Ausprägung sozial erwünschter oder unerwünschter Eigenschaften. Zugleich blenden sie die damit einhergehende Gefahr genetisch begründeter sozialer Hierarchien vollständig aus.

Als treibenden Faktor der mit Versprechungen aufgeladenen soziogenomischen Forschung identifiziert auch Panofsky einen »technologischen Optimismus« (2014: 177). Dieser begründe das Vertrauen der Soziogenomiker*innen darauf, dass aktuelle technologische Erweiterungen es ihnen ermöglichen, die vergangenen Fehlschläge zu überwinden. Die Antwort auf früheres Scheitern lautet daher, »that researchers need to invest more money in higher-resolution technologies and to collect larger samples of research subjects« (ebd.). Die gegenwärtigen Bedingungen der Forschungsförderung lassen in der Tat erwarten, dass künftig erhebliche Mittel und technische Ressourcen für GWAS- und PGS-basierte soziogenomische Forschung mobilisiert werden. Auch die mediale Aufmerksamkeit für derartige Forschung wird vermutlich zunehmen. Überdies umgibt sich die Soziogenomik gerne mit der Aura vermeintlich objektiver, faktengestützter Big-Data-Wissenschaft und verspricht, die Sozialwissenschaften zu verbessern, wogegen genuin soziologische Forschung als einseitig, verzerrt und schlicht falsch abgewertet (Koellinger et al. 2021: 3) und ihre Förderung sogar als »Diebstahl« von Steuergeldern eingestuft wird (Harden 2023: 217). Für manche Sozialwissenschaftler*innen mag es attraktiv erscheinen, auf den Zug der vermeintlich innovativen soziogenomischen Forschung aufzuspringen. Die Soziologie ist deshalb gefordert zu klären, ob sie in der Soziogenomik tatsächlich eine

sinnvolle oder gar notwendige Erweiterung bisheriger soziologischer Forschung sehen oder ob sie diese neue Forschungsrichtung und ihre Implikationen eher zum Gegenstand kritischer soziologischer Analyse machen will.¹³ Zu dieser überfälligen Debatte möchte unser Beitrag einen Anstoß geben.

Literatur

- Arslan, Ruben C. / Koellinger, Philipp D. / Wagner, Gert 2019: Genetische Analysen implizieren keineswegs Unmenschlichkeit – im Gegenteil. Medienbeitrag vom 21. Januar 2019. https://www.diw.de/de/diw_01.c.612066.de/nachrichten/genetische_analysen_impliziert_unmenschlichkeit_im_gegenteil.html, letzter Aufruf am 14. August 2023.
- Babb de Villiers, Chantal / Kroese, Mark / Moorthie, Sowmiya 2020: Understanding polygenic models, their development and the potential application of polygenic scores in healthcare. *Journal of medical genetics*, vol. 57, no. 11, 725–732.
- Bird, Kevin A. 2021: No support for the hereditarian hypothesis of the Black-White achievement gap using polygenic scores and tests for divergent selection. *American journal of physical anthropology*, vol. 175, no. 2, 465–476.
- Bliss, Catherine 2018: *Social by Nature. The Promise and Peril of Sociogenomics*. Redwood City: Stanford University Press.
- Burt, Callie H. 2023: Challenging the Utility of Polygenic Scores for Social Science: Environmental Confounding, Downward Causation, and Unknown Biology. *Behavioral and Brain Sciences*, vol. 46, e207.
- Diewald, Martin 2008: Zwillingen- und Adoptivkinder-Stichproben als soziologischer Analyse? Zum Ertrag verhaltensgenetischer Ansätze für sozialwissenschaftliche Fragestellungen und Erklärungen. Berlin: DIW.
- Diewald, Martin 2010: Zur Bedeutung genetischer Variation für die soziologische Ungleichheitsforschung. *Zeitschrift für Soziologie*, 39. Jg., Heft 1, 4–21.
- Ding, Yi / Hou, Kangcheng / Xu, Ziqi / Pimplaskar, Aditya / Petter, Ella / Boulier, Kristin / Privé, Florian / Vilhjálmsson, Bjarni J. / Olde Loohuis, Loes M. / Pasaniuc, Bogdan 2023: Polygenic scoring accuracy varies across the genetic ancestry continuum. *Nature*, vol. 618, no. 7966, 774–781.
- Feldman, Marcus W. / Lewontin, Richard C. 1975: The heritability hang-up. *Science*, vol. 190, no. 4220, 1163–1168.

13 Einer kritischen Perspektive und Diskussion bedarf es auch deshalb, weil die ersten Firmen (bisher vor allem in den USA) bereits die Berechnung von PGS anhand von Genomdaten als kommerzielle »Direct-to-consumer«-Leistung anbieten – sogar zur Auswahl von Embryonen bei der künstlichen Befruchtung.

- Feldman, Marcus W. / Riskin, Jessica 2022: Why Biology Is Not Destiny. The New York Review of Books, April.
- Freese, Jeremy 2018: The Arrival of Social Science Genomics. *Contemporary Sociology*, vol. 47, no. 5, 524–536.
- GeneWatch UK 2023: Polygenic risk predictions: health revolution or going round in circles? Cambridge: GeneWatch UK.
- Gould, Stephen J. 1978: Sociobiology: the art of storytelling. *New Scientist*, no. 80, 530–533.
- Hahn, Elisabeth et al. 2016: What Drives the Development of Social Inequality Over the Life Course? The German TwinLife Study. Twin research and human genetics: the official journal of the International Society for Twin Studies, vol. 19, no. 6, 659–672.
- Harden, Kathryn P. 2021: The Genetic Lottery. Why DNA Matters for Social Equality. Princeton: Princeton University Press.
- Harden, Kathryn P. 2023: Die Gen-Lotterie. Wie Gene uns beeinflussen. Bern: Hogrefe.
- Harden, Kathryn P. / Koellinger, Philipp D. 2020: Using genetics for social science. *Nature human behaviour*, vol. 4, no. 6, 567–576.
- Herzig, Anthony F. / Clerget-Darpoux, Françoise / Génin, Emmanuelle 2022: The False Dawn of Polygenic Risk Scores for Human Disease Prediction. *Journal of personalized medicine*, vol. 12, no. 8.
- Heslot, Nicolas / Yang, Hsiao-Pei / Sorrells, Mark E. / Jannink, Jean-Luc 2012: Genomic Selection in Plant Breeding: A Comparison of Models. *Crop Science*, vol. 52, no. 1, 146–160.
- Janssens, A. Cecile J. W. 2019: Validity of polygenic risk scores: are we measuring what we think we are? *Human molecular genetics*, vol. 28, no. R2, R143–R150.
- Jensen, Arthur R. 1969: How Much Can We Boost IQ and Scholastic Achievement? *Harvard Educational Review*, vol. 39, no. 1, 1–123.
- Joseph, Jay 2015: The trouble with twin studies. A reassessment of the research in the social and behavioral sciences. New York: Routledge.
- Joseph, Jay 2022: A Blueprint for Genetic Determinism. *The American Journal of Psychology*, vol. 135, no. 4, 442–454.
- Joseph, Jay 2023: Schizophrenia and Genetics. The End of an Illusion. New York and London: Routledge.
- Kamin, Leon J. 1974: The Science and Politics of I.Q. New York: John Wiley & Sons.
- Keller, Evelyn Fox 2010: The mirage of a space between nature and nurture. Durham NC: Duke University Press.
- Koellinger, Philipp D. et al. 2021: Cohort Profile: Genetic data in the German Socio-Economic Panel Innovation Sample (Gene-SOEP). *bioRxiv*, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.11.06.467573v1>, letzter Aufruf am 28. September 2023.

- Krieger, Nancy 2021: *Ecosocial Theory, Embodied Truths, and the People's Health*. Oxford: Oxford University Press.
- Lewontin, Richard C. 2006: The analysis of variance and the analysis of causes. *International Journal of Epidemiology*, vol. 35, no. 3, 520–525.
- Martin, Alicia R. / Kanai, Masahiro / Kamatani, Yoichiro / Okada, Yukinori / Neale, Benjamin M. / Daly, Mark J. 2019: Clinical use of current polygenic risk scores may exacerbate health disparities. *Nature genetics*, vol. 51, no. 4, 584–591.
- Matthews, Lucas J. / Lebowitz, Matthew S. / Ottman, Ruth / Appelbaum, Paul S. 2021: Pygmalion in the genes? On the potentially negative impacts of polygenic scores for educational attainment. *Social Psychology of Education*, vol. 24, no. 3, 789–808.
- Mau, Steffen 2023: Digitale Scorings als Statusmarker. Eine ungleichheitssoziologische Annäherung. *Berliner Journal für Soziologie*, 33. Jg., Heft 3, 255–287.
- Meyer, Michelle N. et al. 2023: Wrestling with Social and Behavioral Genomics: Risks, Potential Benefits, and Ethical Responsibility. *Hastings Center Report* 53, S2–S49.
- Mills, Melinda C. / Tropf, Felix C. 2020: Sociology, Genetics, and the Coming of Age of Sociogenomics. *Annual Review of Sociology*, vol. 46, no. 1, 553–581.
- Morris, Tim T. / Davies, Neil M. / Hemani, Gibran / Smith, George D. 2020: Population phenomena inflate genetic associations of complex social traits. *Science advances*, vol. 6, no. 16, eaay0328.
- Panofsky, Aaron 2014: *Misbehaving Science. Controversy and the Development of Behavior Genetics*. Chicago: University of Chicago Press.
- Penders, Bart / Janssens, A. Cecile J. W. 2022: Do we measure or compute polygenic risk scores? Why language matters. *Human Genetics*, vol. 141, no. 5, 1093–1097.
- Plomin, Robert 2019: *Blueprint. How DNA makes us who we are: with a new afterword for the paperback edition*. Cambridge, Massachusetts: The MIT Press.
- Polderman, Tinca J. C. / Benyamin, Beben / Leeuw, Christiaan A. de / Sullivan, Patrick F. / van Bochoven, Arjen / Visscher, Peter M. / Posthuma, Daniëlle 2015: Meta-analysis of the heritability of human traits based on fifty years of twin studies. *Nature Genetics*, vol. 47, no. 7, 702–709.
- Rheinberger, Hans-Jörg / Müller-Wille, Staffan 2009: *Vererbung. Geschichte und Kultur eines biologischen Konzepts*. Frankfurt am Main: Fischer.
- Robette, Nicolas / Génin, Emmanuelle / Clerget-Darpoux, Françoise 2022: Heritability: What's the point? What is it not for? A human genetics perspective. *Genetica*, vol. 150 3-4, 199–208.
- Rose, Steven / Lewontin, Richard C. / Kamin, Leon J. 1984: *Not in Our Genes. Biology, Ideology and Human nature*. New York: Pantheon Books.
- Schupp, Jürgen / Wagner, Gert G. 2010: *Zum ›Warum‹ und ›Wie‹ der Erhebung von (genetischen) ›Biomarkern‹ in sozialwissenschaftlichen Surveys*. Berlin: DIW.

- Spiewak, Martin / Bahnson, Ulrich 2022: Genetik: Die Macht der Herkunft. Mit neuen Methoden erforschen Wissenschaftler, wie stark das Erbgut unser Leben bestimmt – sei es bei Schulerfolg, Karriere, Charakter oder Suchtverhalten. *Zeit online*, 11. Mai 2022. <https://www.zeit.de/2022/20/genetik-dna-erbgut-verhalten-umfeld-forschung>, letzter Aufruf am 26. Oktober 2023.
- Spinath, Frank M. 2023: TwinLife – Eine verhaltensgenetische Studie zur Entwicklung von sozialer Ungleichheit, <https://www.twin-life.de/studie-twinlife>, letzter Aufruf am 6. Juli 2023.
- The White House 2000: Human Genome Announcement at the White House. President Bill Clinton's remarks on June 26, 2000, concerning completion of the first survey of the human genome, <http://www.genome.gov/10001356>, letzter Aufruf am 8. November 2023.
- Turkheimer, Eric 2019: The Social Science Blues. *Hastings Center Report*, vol. 49, no. 3, 45–47.
- Winkler, Eva 2023: NEW_LIVES: Genomic Newborn Screening Programs. <https://www.klinikum.uni-heidelberg.de/new-lives-genomic-newborn-screening-programs>, letzter Aufruf am 31. Oktober 2023.
- Wissenschaftsrat 2009: Stellungnahme zum Status und der zukünftigen Entwicklung des Sozio-oekonomischen Panels (SOEP). Berlin, Aachen, 13. November 2009. https://www.wissenschaftsrat.de/download/archiv/9503-09.pdf?__blob=publicationFile&v=3, letzter Aufruf am 26. Oktober 2023.