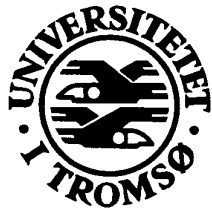


Leif Håvard Vikshåland

ARKEOLOGI OG GENETIKK

En teoretisk - metodisk studie med hovedfokus på
DNA analyse av humant arkeologisk materiale



Hovedfagsoppgave i arkeologi

Universitetet i Tromsø

Våren 2001

Forord:

Nå som oppgaven endelig ligger på bordet, er det mange som fortjener en takknemlig tanke. Først og fremst min veileder Charlotte Damm, for sin evne til å få meg inn på rett spor når jeg har vært på vei ut på viddene. Det har vært en trygghet å ha deg som veileder.

Takk til Frode Pilskog, Olaf Sverre Berntsen og Siv Anita Lundø for å ha lest gjennom oppgaven, språkvasket den og kommet med konstruktiv kritikk.

Må også si takk til Anders Götherström ved Universitetet i Stockholm, Martin Evison ved University of Sheffield og Ingolf Thuesen ved Universitetet i København for velvillig å ha sendt meg både litteratur og video. Også takk til Samfunnsvitenskapelig fakultet ved Universitetet i Tromsø, som sponset meg slik at jeg kunne reise på ancient DNA konferanse i Göttingen, Tyskland.

Takk også til alle medstudentene opp gjennom årene, både i Bergen og Tromsø. Spesielt skal Bjarte, Frode, Jan Ingolf, Kjetil og Olaf Sverre ha takk for mange gode minner opp gjennom årene. Tromsø hadde ikke vært den samme uten dere.

Må også takke familie og venner der hjemme. En spesiell takk går til min far som med sine fortellinger om vikingene gav meg interessen for hva som gjemmer seg under jorden. Min mor må også få en takk for all støtte opp gjennom årene.

Og sist, men ikke minst må jeg si takk til Siv Anita Lundø, for å ha holdt ut med meg gjennom hele denne tiden.

Og til slutt en takk til alle dere som ikke er nevnt, men som likevel har vært der!

Tromsø 10. mai 2001

Leif Håvard Vikshåland

Epost: l-havard@online.no

INNHOLDSFORTEGNELSE

FORORD:	1
1 INNLEDNING	1
1.1 BAKGRUNN FOR AVHANDLINGEN	1
1.2 PROBLEMSTILLING, AVGRENSING OG FORMÅL	1
1.3 BEGREPSAVKLARING OG DEFINISJONER	2
1.4 AVHANDLINGENS BEGRUNNELSE	2
1.5 AVHANDLINGENS STRUKTUR	4
2 HVA ER DNA?	6
2.1 BEGREPSINTRODUKSJON OG MEDISINSK REDEGJØRELSE	6
2.1.1 DNA, gener, kromosomer og kjerne DNA	6
2.1.2 Mitokondrie-DNA	8
2.2 HISTORISK BAKGRUNN	10
2.2.1 De første teorier om arv og utvikling	10
2.2.2 Oppdagelsen av DNA	11
2.3 GAMMELT DNA: METODISK INTRODUKSJON	13
2.3.1 Bakteriekloningsmetoden	13
2.3.2 PCR-metoden	14
2.3.3 Forurensingsproblematikk	18
2.4 OPPSUMMERING	19
3 ANVENDELSESOMRÅDER FOR GAMMELT DNA	20
3.1 DNA ANALYSER AV HUMANT MATERIALE	20
3.2 DNA ANALYSER AV ORGANISKE LEVNINGER ETTER DYR	22
3.3 DNA ANALYSER AV PLANTEMATERIALE	23
3.4 DNA ANALYSER AV ØVRIG GAMMELT MATERIALE	24
3.5 DNA ANALYSER FORETATT PÅ MODERNE BLODPRØVER	25
3.6 NEANDERTAL DNA	26
3.7 OPPSUMMERING	27
4 BEGRENSNINGER VED DNA ANALYSE AV HUMANT MATERIALE	28
4.1 IDENTIFISERING AV FYSISKE OG KOGNITIVE TREKK VED FORHISTORISKE MENNESKER	29
4.2 GENER, ETNISITET, IDENTITET OG FORSKJELLEN MELLOM BIOLOGISKE OG SOSIALE RELASJONER	30
4.2.1 Etnisitet	36
4.2.2 Øvrige sosialt konstruerte grupper	40
4.2.3 Forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner, samt slike relasjoners forhold til omkringliggende sosiale miljø	43
4.2.4 Jakten på kulturgener	47
4.3 ET BEHOV FOR NYE BEGREPER	54

4.4 OPPSUMMERING	56
5 MULIGHETER VED METODEN.....	58
5.1 DNA ANALYSE AV BRENTE BEIN.....	60
5.1.1 Arkeologiske eksempler	61
5.2 MOLEKYLÆR KJØNNSBESTEMMELSE.....	64
5.2.1 Det Genetiske kjønn.....	65
5.2.2 Hvordan foregår den molekylære kjønnsbestemmelse?	66
5.2.3 Arkeologiske eksempler	68
5.3 MOLEKYLÆR SLEKTSKAPSANALYSE	72
5.3.1 Innledende bemerkninger	72
5.3.2 Hvordan foregår en molekylær slektskapsanalyse?	74
5.3.3 Arkeologiske eksempler	77
5.4 SYKDOMSSTUDIER	82
5.4.1 Arkeologiske eksempler	82
5.5 MOLEKYLÆR SLEKTSKAPSANALYSE OG KRONOLOGI	83
5.6 OPPSUMMERING	84
6 DNA ANALYSE AV HUMANT MATERIALE INNEN NORSK ARKEOLOGI	85
6.1 NORSK ARKEOLOGISK SKJELETTMATERIALE	85
6.1.1 Ubrent skjelettmateriale	85
6.1.2 Brent skjelettmateriale.....	87
6.1.2 Dobbeltgraver og sekundærbegravelser	88
6.2 EKSEMPLER PÅ MATERIALE SOM KAN VÆRE EGNET FOR DNA ANALYSE	90
6.2.1 Skipsgravene fra Oseberg og Gokstad.	90
6.2.2 Gravplassen på Haug på Hadseløya.....	96
6.2.3 Gravplassen på Westness, Rosay, Orknøyene	100
6.3 OPPSUMMERING	103
7 FREMTIDSUTSIKTER OG AVSLUTTENDE KOMMENTARER.....	104
LITTERATURLISTE:	106
APPENDIX I: KILDER FOR FORURENSING AV GAMMELT DNA.....	120
APPENDIX II: RÅD FOR UTTAK AV PRØVER FOR DNA ANALYSE I FELT.....	123
APPENDIX IV: ORDLISTE.	125

LISTE OVER FIGURER:

FIG. 1: DEN SPIRALFORMEDE DNA DOBBELTRÅDEN (ETTER HAUGE 1996:37)	6
FIG. 2: mTDNA' STRUKTUR, MED FORSTØRRELSE AV DEN HYPERVARIABLE D-LOOP REGIONEN (ETTER JEHAES 1998:2).	9
FIG. 3: BOKSENE ER GENE PÅ DNA-TRÅDEN, OG I MELLOM LIGGER MELLOMGENREGIONER.	9
FIG. 4: EUROPA INNDELT I KVADRATER SOM ETNISK AVSTAND REGNES MELLOM (ETTER SOKAL MFL. 1993:57).	31
FIG. 5: KART OVER GENETISK VARIASJON I DAGENS EUROPA, TOLKET Å GJENSPEILE FORHISTORISKE FOLKEVANDRINGER.	49
FIG. 6: GRAVENE I KLEVE-RINDERN, TYSKLAND (ETTER HUMMEL & HERRMANN 1997:57).	78
FIG. 7: GRAVENE I CONDÉ SUR IFS (ETTER DELEFOSSE & HÄNNI 1997:523).	79
FIG. 8: OSEBERGSKIPET FORANKRET TIL STEIN I GRAVEN (ETTER CHRISTENSEN 1992:81).	93
FIG. 9: GEOGRAFISK LOKALISERING AV GRAVPLASSEN PÅ HAUG (ETTER SELLEVOLD 1996:7).	97
FIG. 10: SKJELETTENES STILLING I GRAVENE PÅ HAUG (ETTER SANDMO 1988:207)	99
FIG. 11: GEOGRAFISK LOKALISERING AV GRAVPLASSEN PÅ WESTNESS (ETTER SELLEVOLD 1999A:8).	100
FIG. 12: OVERSIKT OVER GRAVFELTET PÅ WESTNESS (ETTER SELLEVOLD 1999A:8).	101

1 INNLEDNING

1.1 Bakgrunn for avhandlingen

Min første introduksjon til bruken av DNA analyse innen arkeologien fikk jeg under en heller ”spicy” lunch med Dr. Surin Pookajorn fra Departement of Archaeology ved Silpakorn University, Bangkok, Thailand. Han fortalte der blant annet om et prosjekt de var i gang med i sør-Thailand. Kort fortalt var det ved utgravning av en hule som også i dag er benyttet av jeger/sankere i det sør-thailandske jungelområdet, funnet en del forhistoriske graver. DNA analyser av skjelettene i gravene var sammenlignet med DNA analyser av en nåværende Orang Asli jeger/sanker gruppe som sesongmessig benyttet hulen også i dag, og en hadde funnet ut at disse var direkte etterkommere etter individene i gravene. Dette var en historie som fikk meg til å spisse ørene, og må nok sies å være den direkte årsak til at denne avhandlingen nå ligger på bordet. Hvordan er det mulig å bevise at nålevende mennesker er direkte etterkommere etter flere tusen år gamle individer, var det første spørsmålet som falt meg inn. Kunne dette stemme, og med hvor stor grad av sikkerhet kunne en komme frem til slike konklusjoner? Ved hjemkomst til Norge gikk jeg således i gang med å samle inn relevant litteratur og sette meg inn i emnet. Det er resultatet av dette arbeidet som foreligger her. Av språklige årsaker har det dessverre ikke vært mulig for meg å referere til det arbeid som er gjort i Thailand og som sparket i gang interessen min for emnet, men jeg håper likevel å kunne gi en fullverdig gjennomgang av sentrale problemstillinger knyttet til bruken av DNA analyse på humant arkeologisk materiale.

1.2 Problemstilling, avgrensing og formål

Hovedproblemstillingen da jeg satte i gang arbeidet med denne avhandlingen, var spørsmålet om hvordan DNA analyse generelt kan bidra med informasjon innen arkeologi. For ikke å gå ut over fastsatte rammer, er det gjort en innstramning slik at avhandlingen hovedsakelig vil omfatte humant arkeologisk materiale. Dette er en vurdering som er gjort ut i fra at det er innen dette området hovedvekten av arbeidet er gjort så langt, samtidig som det er her de mest kontroversielle problemstillingene og de største utfordringene finnes. Analyser av plante- og dyremateriale kan imidlertid ikke utelates 100%. Det er viktig å få frem at også disse har et stort potensial til å være med å belyse arkeologiske problemstillinger. Spesielt interessant vil det bli den dagen arkeologer kan få DNA analysert både menneske-, dyre-, og

plantemateriale, slik en i dag får utført ¹⁴C dateringer. Dessverre ligger ikke muligheten til selv å få utført DNA analyser av humant arkeologisk materiale innenfor denne avhandlingens rammer. Det vil i stedet bli gjort en gjennomgang og diskusjon av et representativt utvalg av analyser som så langt er utført i internasjonal sammenheng. Ut i fra dette vil metodens potensial for norsk og nordisk arkeologi bli vurdert. Det vil ikke bli fokusert på problemstillinger rundt evolusjonsstudier (menneskehetens oppkomst og utvikling), da dette ikke er problemstillinger en til daglig vil møte på innen nordisk arkeologi.

1.3 Begrepsavklaring og definisjoner

Det er flere betegnelser som brukes på bevart DNA i arkeologisk materiale. På engelsk har betegnelsen "ancient DNA" etablert seg. Andre betegnelser som blir benyttet er: Gammelt DNA, fossilt DNA, post-mortem DNA og fortidig DNA. Personlig har jeg funnet "gammelt DNA" til å være den best anvendelige norske betegnelsen. Betegnelsen refererer til DNA molekyler som er bevart i gammelt biologisk materiale (Brown & Brown 1994:10). Med "gammelt biologisk materiale" menes ethvert biologisk materiale som er dødt og dermed under nedbryting. De grunnleggende metodiske problemene er nemlig de samme, enten det biologiske materialet er av nyere dato eller millioner av år gammelt (Herrmann & Hummel 1994:1ff). Med at "DNA molekylene er bevart", menes at de er intakt i sin opprinnelige form. DNA gjennomgår nemlig omfattende endringer under nedbryting av biologisk materiale. Endringer som er så omfattende at mindre enn 1% av DNA molekylene som blir amplifisert fra museumseksemplarer eller arkeologiske funn kan forventes å være uskadde (Pääbo mfl. 1989:9710). Da denne avhandlingen hovedsakelig fokuserer på analyser av gammelt DNA i sin helhet, har jeg i stor grad valgt å utelukke beskrivende betegnelser som "ancient", "gammelt", "fossilt", "post-mortem" osv. på DNA. Når det i avhandlingen snakkes om DNA, skal dette forstås som "gammelt DNA" dersom ikke annet er nevnt. Betegnelsen "gammelt DNA" er imidlertid brukt når dette har vært nødvendig ut i fra den sammenheng det står i.

1.4 Avhandlingens begrunnelse

Avhandlingen er tenkt å fungere som et hjelpemiddel både for arkeologer og genetikere som er interessert i emnet. Håpet er at begge parter her vil finne interessant og tankevekkende informasjon, og at noen potensielle misforståelser og fallgruver dermed kan ryddes av veien. Forhåpentligvis vil avhandlingen kunne fungere som en plattform for videre diskusjon om metodens relevans innen nordisk arkeologi. Håpet er at en dermed i større grad vil ha

forståelse for de muligheter og begrensinger som ligger innbefattet i metoden.

Kombinasjonen genetik og arkeologi er en potensiell eksplosiv blanding. Men det er også en kombinasjon som har potensial til å bidra med ny innsikt i forhistoriske samfunn, samtidig som gamle problemstillinger kan belyses fra nye vinkler. Spørsmålet om hvordan potensialet skal utløses er imidlertid helt og holdent avhengig av de spørsmål som blir forsøkt belyst, og hvordan resultater blir tolket og presentert. Således er det ikke kombinasjonen i seg selv som er eksplosiv. Eksplosjonspotensialet ligger i større grad latent mentalt hos de som ønsker å benytte den til å fremme egeninteresser. Både genetik og arkeologi har, blir og vil i fremtiden hver for seg bli benyttet til formål som kan betegnes som etisk problematiske. I kampen mot dette er kunnskap det beste våpen. Når bruken av DNA analyser er på vei inn i arkeologien er det derfor tvingende nødvendig at både arkeologer og genetikere har et minimum av innsikt i hverandres fagområder, slik at begge parter snakker om de samme tingene under diskusjon om emnet. En slik felles plattform vil være et viktig middel for å vanskeliggjøre mulig misbruk av metodene. Det kan nemlig synes som at mange analyser er foretatt av genetikere med begrenset kjennskap til arkeologiske problemstillinger og nyere teoretiske retninger innen faget. Når dette kombineres med mangel på kunnskap om det genetiske fagområdet blant arkeologer har man en uheldig situasjon, hvor det er stor risiko for at en skal ”snakke forbi” hverandre fordi begreper blir ilagt ulikt meningsinnhold av de enkelte parter.

Slik tilfellet ofte er når kunnskap fra to ”vitenskaper” skal kombineres, kommer en før eller siden til et punkt hvor en må godta at det representanter fra ”den andre vitenskapen” sier, mer eller mindre stemmer. Dette har for min del vært situasjonen når det gjelder redegjørelser av laboratorierutiner og utvikling av metoder til bruk under selve analysearbeidet. Dette er ting jeg ikke har forutsetning for å diskutere, og som jeg derfor har valgt å ikke fokusere på. Avhandlingen har imidlertid sin relevans ved at den forhåpentligvis kan bidra til at det punkt hvor arkeologer og genetikere er nødt til å akseptere hverandres utsagn, flyttes ørlite grunn. Håpet er at avhandlingen vil bidra til å avmystifisere en del sider ved bruken av DNA analyse i arkeologi, samtidig som det blir satt fokus på etiske og teoretiske betenkeligheter som er spesielt relevante for metodens anvendelse innen arkeologisk forskning.

1.5 Avhandlingens struktur

Hovedproblemstillingen er altså hvordan DNA analyse av humant arkeologisk materiale kan bli et relevant arbeidsverktøy til allmenn bruk, også innen norsk/nordisk arkeologi. For å belyse dette vil det først være nødvendig å gi en introduksjon til hva DNA og gener egentlig er. Dette vil bli gjort i **kapittel 2**, hvor det også vil bli gitt et historisk tilbakeblikk på den utvikling som førte frem til oppdagelsen av DNA generelt, og tilstedeværelsen av bevart DNA i arkeologisk materiale spesielt. I **kapittel 3** vil det deretter bli gitt en oversikt over arbeider hvor det er utført DNA analyser på ulike typer biologisk materiale i forbindelse med arkeologisk forskning, samt hvilke spørsmål som er forsøkt belyst. Det vil her blant annet bli gjort rede for sentrale deler av det som er blitt gjort når det gjelder analyser av humant materiale, planter, dyr og øvrig organisk materiale, i tillegg til moderne blodprøver. Fra og med **kapittel 4** vil oppgaven i sin helhet fokusere på humant materiale. Kapitlet vil i stor grad fokusere på begrensinger forbundet med DNA analyse av humant arkeologisk materiale. Dette er begrensinger sett fra en teoretisk arkeologisk synsvinkel, og går således ikke på metodiske problemer forbundet med selve laboratoriearbeidet. Forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner vil her ha en sentral plass i diskusjonen. I tillegg vil det bli diskutert noen arbeid av arkeologisk relevans som er gjort ut i fra DNA analyser av moderne blodprøver. **Kapittel 5** fokuserer på mulige ”satsingsområder” for metoden. Det vil her bli gjort rede for de områder hvor DNA analyse av humant arkeologisk materiale blir antatt å ha størst potensial til å bidra med arkeologisk relevant informasjon. Disse områdene synes å være: Analyse av brente bein, molekylær kjønnsbestemmelse, molekylær slektskapsanalyse, sykdomsstudier, og bistand under utarbeidelse av kronologier. I **kapittel 6** vil det bli gjort noen videre betraktninger rundt de muligheter DNA analyse av humant arkeologisk materiale antas å kunne bidra med innen norsk arkeologi. Dette vil bli gjort ved først å gi en redegjørelse for deler av norsk arkeologisk skjelettmateriale (både brent og ubrent), samt noen karakteristiske trekk ved materialet. Det vil deretter bli gitt konkrete eksempler på humant arkeologisk materiale der DNA analyse av levningene antas å ha mulighet for å bidra med informasjon av vesentlig interesse. Eksemplene jeg har valgt å trekke frem er: Skipsgravene fra Oseberg og Gokstad, gravplassen på Haug på Hadseløya og gravplassen på Westness, Rosay, Orknøyene. Det understrekes at disse kun er eksempler, og ikke må oppfattes som noen ”tre på topp” liste over skjelettmateriale som er egnet for DNA analyse. Det er sikkert mye materiale som vil være like godt eller bedre egnet, men dette skulle være eksempler som kan få frem ulike sider ved metodens potensial. Til slutt vil det i **kapittel 7** bli trukket noen linjer fremover i tid, samtidig som det blir gitt noen ord med på veien.

Det er tre appendix til oppgaven. I **appendix I** blir det gitt en oversikt over ulike kilder for forurensing av gammelt DNA. Det vil være svært viktig at en er oppmerksom på tilstedeværelsen av slike kilder under tolkning av analyseresultater. I **appendix II** blir det gitt en oversikt over retningslinjer for håndtering av prøver for DNA analyse i en feltsituasjon. Til slutt er det i **appendix III** lagt ved en ordliste der flesteparten av de genetiske uttrykkene som er brukt i avhandlingen blir forklart.

2 HVA ER DNA?

”Livets alfabet” og ”kodenens kode” er populære metaforer som gjerne blir brukt om DNA. Når denne ”kodenens kode” en gang er løst, vil en i teorien sitte med livets bok foran seg. Boken som inneholder oppskriften til alt jordisk liv. En bok skrevet på et språk kun bestående av fire bokstaver: ATGC. Så enkelt og så komplisert. En av hovedmålsettingene med denne avhandlingen er å gi en redegjørelse for noen av de mulighetene dette ”livets alfabet” kan tilby arkeologisk forskning. Det vil da være nødvendig å begynne med en introduksjon til noe av det begrepsapparat som vil ligge til grunn for store deler av arbeidet. Jeg vil trekke ut og formidle det mest elementære fra den medisinske bakgrunnen samt hovedlinjene i den genetiske forskningshistorien, uten å begi meg ut på noen dyptgående molekylærbiologiske redegjørelser og diskusjoner. Dette føler jeg er nødvendig, slik at det kan etableres en felles plattform for hva en egentlig snakker om når det gjelder analyser av gammelt DNA. Det vil i denne forbindelse ikke bli gått inn på rene metodiske problemer rundt laboratorierutiner og problemer forbundet med selve prosessen rundt det å trekke ut og amplifisere DNA fra organisk arkeologisk materiale. Det faller utenfor det jeg ønsker å fokusere på, og er en diskusjon jeg som arkeolog ser meg nødt til å overlate til ekspertisen innen feltet.

2.1 Begrepsintroduksjon og medisinsk redegjørelse

2.1.1 DNA, gener, kromosomer og kjerne DNA

Rent formelt står DNA for deoksyribonukleinsyre, og består av sukkeret deoksyribose, fosforsyre og fire typer nitrogenholdige baser (også kalt nukleotider). Da sukker og fosfatdelen er konstant blir DNA tråden ofte kun beskrevet som en sekvens baser. De fire basene pleier en å forkorte til A (for Adenin), T (for Thymin), G (for guanin) og C (for Cytosin) (Griffiths mfl. 1993:307, Hauge 1996:35, Ridley 1993:26). Hver av basene er gjennom sukkeret og fosforsyren koblet til en annen base, og skaper ved dette noe som visuelt kan beskrives som en spiralformet dobbeltråd. I denne dobbeltråden binder Adenin seg alltid til Thymin, og Cytosin alltid til Guanin.

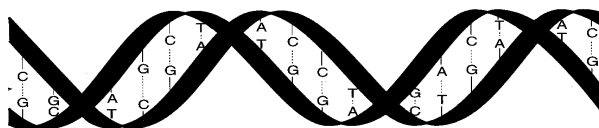


Fig. 1: Den spiralformede DNA dobbeltråden (etter Hauge 1996:37)

Det DNA tråden rent funksjonelt gjør, er å kode for 20 aminosyrer¹ som igjen bestemmer proteinenes funksjon *"the magic 20"* (Jukes 1996:34). Proteinene utgjør selve byggesteinene i menneskekroppen, og de ulike delene av kroppen har sin særskilte karakteristikk på grunn av den typen proteiner de er gjort ut av. Hud, for eksempel består hovedsakelig av et protein kalt keratin, oksygen blir fraktet rundt i røde blodceller av et protein som kalles hemoglobin, øyne er ømfintlige overfor lys på grunn av pigmentproteiner som rhodopsin osv. (Ridley 1993:23). Hvordan dette foregikk ble oppklart i 1961. Da viste Francis Crick og Sidney Brenner at for hver tredje base som en tripler får man koden for én aminosyre. Alle kombinasjoner av de 4 basene (for eksempel ACG, GTA osv.) betyr altså en aminosyre. Da det er 64 måter å kombinere 3 av 4 bokstaver på og kun 20 aminosyrer, betyr det at det til mange aminosyrer svarer mer enn én bokstavkombinasjon (for eksempel kan både kombinasjonene ACG og GTA kode for samme aminosyre). Det er slike avgrensede deler av DNA-dobbeltråden, som inneholder koden for hvordan et bestemt protein skal settes sammen, som har fått betegnelsen gener. Et gen kan altså noe forenklet sies å være et segment av DNA-dobbeltråden som koder for et bestemt protein. Dette kalles *"ett gen - ett protein modellen"*, og hvordan det fungerte fikk betegnelsen *"den genetiske kode"* (Griffiths mfl. 1993:383ff).

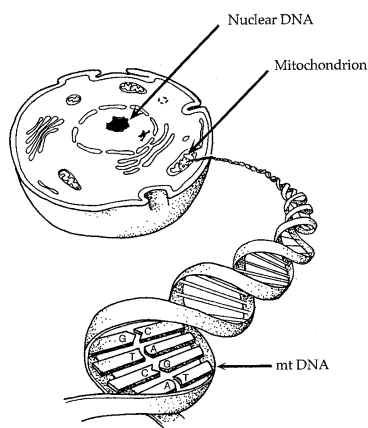
I menneskekroppen finnes det rundt 100 trillioner celler. Hver eneste en av disse (bortsett fra røde blodlegemer) inneholder hele menneskets arvestoff i form av DNA (Brown & Brown 1992:11, Goksøyr 1994:37). En celle består av en kjerne omgitt av en væske kalt cytoplasma. Mesteparten av DNA'et befinner seg inne i selve cellekjernen (såkalt kjerne-DNA), hvor til sammen 2 meter DNA ligger pakket i form av 46 kromosomer². Alle mennesker har 23 kromosom som er arvet fra sin far, satt i par med 23 kromosom som er arvet fra sin mor. 22 av disse kromosomparene er autosome (det vil si at de er felles for både kvinner og menn). Det 23. paret er kjønnskromosomet som har betegnelsen XX hos kvinner og XY hos menn. Det er via analyse direkte på dette kromosomparet at molekylær kjønnsbestemmelse blir utført.

¹ Aminosyrene er byggesteinene i proteinene.

² Et kromosom er en DNA-holdig struktur som bærer en organisme's gener.

2.1.2 Mitokondrie-DNA

I væsken som omgir cellekjernen finner en mitokondriene. Disse omdanner glukose til energi, og betegnes derfor gjerne som cellenes kraftsentrar. Det finnes nærmere ett tusen mitokondrier i hver celle, og i hver av mitokondriene finnes det igjen ca. 10 like kopier av en egen DNA sekvens bestående av 16 569 basepar inneholdende 37 gener (Brown & Brown 1992:11, Hagelberg mfl. 1991a:400, Hedges & Sykes 1992:282). I motsetning til kromosomenes kjerne-DNA som nedarves fra begge foreldrene, nedarves mitokondrie-DNA³ kun på morssiden. Som en enhet føres det videre fra mor til datter nesten helt uendret i generasjoner, men stopper opp ved hver sønn.



Ved undersøkelser av DNA fra arkeologisk materiale har det i stor grad vært mtDNA en har prioritert å arbeide med. Den viktigste grunnen til dette er nok at i motsetning til kjerne-DNA, som det bare finnes noen få av i hver celle, finnes det flere hundre mitokondrier i hver celle. Dette er den mest sannsynlige årsaken til at det har vist seg mye enklere å rutinemessig amplifisere mtDNA i forhold til kjerne-DNA fra slikt materiale (Hänni mfl. 1995:656ff).

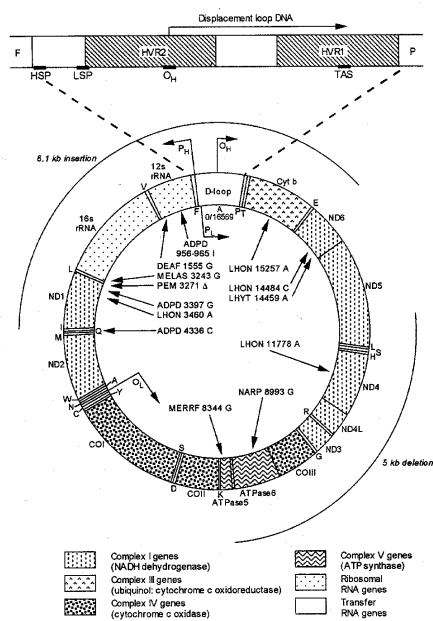
Fig. 2: Snitt gjennom celle (etter Barham mfl. 1999:129).

Fordi mitokondriene kun overføres via morslinjen, finnes det bare en type mtDNA pr. individ. Dette står i motsetning til kjerne-DNA som nedarves fra begge foreldrene, og som hvert individ dermed har to typer av (en fra hver av foreldrene). En kan dermed betegne de forbindelsene som blir avdekket via analyser rettet mot mtDNA som matrilineære genealogier (Richards mfl. 1993: 20ff).

De 37 genene i mtDNA står i rekkefølge uten noe mellomrom, bortsett fra en region på ca. 1000 basepar som kalles kontrollregionen. Denne regionen består av to hypervariable segmenter på rundt 400 basepar hver, som tilnærmet fritt kan variere i sekvensrekkefølgen uten konsekvenser for organellens funksjon. Slike variasjoner ble av Hugo De Vries gitt navnet mutasjoner. For å være av evolusjonsmessig interesse, må en mutasjon være nøytral (dvs. ikke påvirket av miljøet). Dette er tilfellet når det gjelder disse to korte segmentene (kalt hypervariable region 1 og 2), som viser den høyeste mutasjonshastighet (den første dobbel så

³ Mitokondrie-DNA vil heretter bli forkortet til mtDNA.

høy som den andre) i hele genomet (både kjerne og mitokondrie).



Selv i en homogen befolkning er det vanskelig å finne individer hvor hele den hypervariable region er identisk (unntatt slektninger på morssiden), og det finnes nesten ingen tilfeller hvor den er identisk mellom individer i ulike befolkningsgrupper. Dette har resultert i at mtDNA's hypervariable kontrollregion (spesielt region 1) uten sammenligning er den mest undersøkte innenfor studier av gammelt DNA, og resultatene kan sammenlignes med relevante data hentet fra nålevende befolkninger fra hele verden (Francalacci 1995:388ff).

Fig. 2: mtDNA' struktur, med forstørrelse av den hypervariable D-loop regionen (etter Jehaes 1998:2).

Det verdensomspennende *Human Genome project* har nylig estimert størrelsen på den totale menneskelige arvemasse til 3.2 Gigabaser (3.2 billioner nukleotider). Den store overraskelsen var her at bare mellom 1.1% og 1.4% av dette er sekvenser som koder for proteiner (altså gener), og at over halvparten av det menneskelige DNA består av ulike typer repeterende sekvenser med ukjent funksjon (Baltimore 2001:814). Disse nukleotidsekvensene koder ikke for noen aminosyrer, og kan således ikke betegnes som gener. Noe ufortjent har de dermed blitt omtalt både som "egoistisk-DNA" og "skrap-DNA". Antallet protein-kodende gener i det menneskelige genom er estimert til å være rundt 31 000, hvorav en liste på 22 000 foreløpig er publisert (op.cit.815). Disse genene varierer i lengde mellom alt fra 75 til over 2300 basepar, avhengig av kompleksiteten til den biologiske informasjonen de inneholder (Brown & Brown 1992:11).



Fig. 3: Boksene er gener på DNA-tråden, og i mellom ligger mellomgenregioner.

Selv om de ikke-kodende sekvensene ikke har vært blant de mest interessante for genetikerne frem til nå, ligger mye av den informasjonen som er av arkeologisk interesse nettopp i disse

nukleotidsekvensene mellom genene. Før dette blir utdypet mer, kan det imidlertid være fordelaktig å først gi et tilbakeblikk på deler av den utvikling som førte fram til oppdagelsen av DNA generelt, og tilstedeværelsen av bevart DNA i arkeologisk materiale spesielt.

2.2 Historisk bakgrunn

2.2.1 De første teorier om arv og utvikling

Menneskene har lenge vært klar over at barn arver enkelte av sine foreldres egenskaper og særtrekk. Det første spørsmål som stilles når en baby er født er ofte forbundet til hvem barnet ligner på. Ligner barnet på sin far eller mor, eller er det sin bestefar opp av dage?

Den greske filosofen Aristoteles (384-322 f.Kr.) gjorde seg også tanker rundt hvordan egenskaper ble overført mellom generasjonene. Hans teori var at spiren til hvert nytt individ lå ferdig i mannens sæd. Kvinnen bidro bare med næring. Frøet var i mannen, og kvinnen var åkeren som gav frøet næring. Aristoteles måtte imidlertid basere seg på det han kunne se med det blotte øyet. Først da mikroskopet ble oppfunnet kom cellene til syne for menneskene, men selve arvestoffet har forblitt et mysterium helt opp til i dag.

I 1859 utgav Charles Darwin sin berømte bok om artenes opprinnelse, og dermed fikk evolusjonsteorien sitt definitive gjennombrudd. Darwin klarte imidlertid ikke å gi en forklaring på slike iakttagelser som at barn ligner på sine foreldre, og at søsken tross dette aldri er helt like (med unntak av eneggede tvillinger). Han skriver:

”Lovene som styrer arven er helt ukjente. Ingen kan si hvorfor den samme særegenhet hos forskjellige individer av samme art, og hos individer av forskjellige arter, noen ganger nedarves og andre ganger ikke gjør det – hvorfor avkommet ofte reverterer til sin bestefar eller bestemor eller en annen, langt fjernere slektning når det gjelder visse karakterer, hvorfor en særegenhet ofte overføres fra det ene kjønn til begge kjønn eller bare til ett kjønn, vanligvis, men ikke utelukkende, til samme kjønn” (Darwin 1859:37).

Svaret på disse spørsmålene skulle bli gitt av en munk ved navn Gregor Mendel. Det Darwin ikke visste var nemlig at omtrent samtidig som han satt og arbeidet med sin evolusjonsteori, eksperimenterte Mendel med dyrking av erteplanter. Etter å ha forsikret seg om at foreldrestammene var rene, dvs. fikk avkom i flere generasjoner av samme fremtoningstype som foreldrene, krysset Mendel erteplanter med ulike egenskaper. Gjennom en serie

krysningsforsøk oppdaget han at de ulike egenskaper ble nedarvet fra hver av foreldreplantene i helt bestemte, lovmessige mønstre. Dette mønsteret har fått betegnelsen ”Mendels lover”.

For eksempel krysset han gule erter med grønne erter. Den første generasjonen etter en krysnings ble kalt F1-generasjonen, og deres avkom igjen ble kalt F2-generasjonen. I følge en da utbredt teori skulle en i første generasjon få erter med egenskaper mellom foreldrene (dvs. gulgrønne erter i dette tilfellet). Det som skjedde var imidlertid at alle ertene i F1-generasjonen ble gule. Mendel gjorde så et nytt forsøk der han lot plantene av F1-generasjonen selv-bestøve. I F2-generasjonen dukket det så opp grønne erter igjen. Mendel telte opp hvor mange erter han hadde av hver type i F2-generasjonen, og det var 6022 gule og 2001 grønne. Forholdet var nesten nøyaktig 3 til 1, hvilket det også var for de øvrige egenskapene han krysset (Griffiths mfl. 1993:21ff). Det Mendel gjorde var å observere at egenskaper ikke blandet seg, som når en blander maling av forskjellig farge, men at de forble klare og avgrensede gjennom generasjoner. Dette kunne bare skje dersom hver av egenskapene var knyttet til selvstendige arveanlegg, eller det som senere fikk navnet gener. Allerede i 1866 slo Mendel fast at hvert individ måtte inneholde to kopier av hvert gen. En av disse kopiene er arvet fra moren, den andre fra faren. Og hvert individ sender bare én kopi videre til sine avkom.

2.2.2 Oppdagelsen av DNA

DNA som substans har vært kjent helt siden 1871 da den sveitsiske kjemikeren Friedrich Miescher oppdaget nukleinsyrene RNA (ribonukleinsyre) og DNA (deoksyribonukleinsyre). I første halvdel av dette århundre ble det klart at alle celler inneholder 4 forskjellige stoffgrupper; nemlig karbohydrater, fett, proteiner og nukleinsyrer.

I 1944 viste så Oswald Avery, Colin MacLeod og Maclyn McCarthy at det er nukleinsyrene som er selve arvestoffet. Dette skjedde i et eksperiment der sykdomsegenskaper ble overført mellom bakterier av typen *Pneumococcus*. Normale Pneumokokker er virulente, dvs. at de forårsaker sykdom. Det finnes også ikke-virulente stammer som ikke forårsaker sykdom. Avery og hans medarbeidere klarte å omgjøre ikke-virulente typer til virulente ved å overføre deler av den virulente bakterien. Etterpå viste de at stoffet som inneholder denne informasjonen måtte være DNA. Verken proteiner, karbohydrater eller fett gav den samme effekten.

Den romlige strukturen til DNA ble klarlagt i 1953. Det ble da vist hvordan DNA kan inneholde informasjon om arvelige egenskaper ved hjelp av de fire nukleotidene. To amerikanske forskere ved navn Francis Crick og James Watson fant ut at DNA måtte bestå av to parallelle tråder - en dobbeltråd - spiralformet som en vindeltrapp. Det er rekkefølgen til de før omtalte 4 basene (A, T, G og C) som forteller hvilken informasjon det er som ligger i DNA-tråden. Rekkefølgen i den ene tråden bestemmer også hvordan rekkefølgen skal være i den parallelle tråden. Dette skyldes at de 4 basene danner par to og to mellom trådene. A binder seg alltid til T, og C alltid til G (Griffiths mfl. 1993:309). Når rekkefølgen i den ene tråden leses CGGTA, vil den motsvares av GCCAT, i den andre. Når celler formerer seg, deles DNA tråden på langs i to enkle tråder. De svake kjemiske forbindelsene mellom byggesteinsparene brytes, og hver tråd blir utgangspunkt for en ny dobbelspiral. Så enkelt kopieres og mangfoldiggjøres informasjonen i DNA til nye etterkommere (Goksøyr 1994:23).

I 1957 oppdaget Arthur Kornberg et enzym⁴ som er i stand til å sette sammen tråder av DNA fra enkeltnukleotider. Enzymet heter DNA-polymerase og brukes av cellene når de skal kopiere sitt DNA før celledeling. I 1961 oppdager Julius Marmur og Paul M. Doty at de to trådene i DNA kan 'smeltes' fra hverandre ved å øke temperaturen i reagensglasset til 60 - 70 grader Celsius. Den genetiske kode ble fullt oppklart i 1966. De to forskerne Gobind Khorana og Marshall Nirenberg avslørte da, uavhengig av hverandre, hvilke kombinasjoner av de 4 basene som svarer til hver av de 20 aminosyrene. I 1970 ble det oppdaget enzymer hos bakterier som er i stand til å kutte og lime DNA-tråden på helt bestemte plasser (såkalte restriksjonsenzymer). Herbert Boyer og Stanley Cohen var de første som ved bruk av disse enzymene klarte å ta et gen ut av en type bakterie og sette det inn i en annen, og med det ble den virkelige genteknologialderen innledet.

Etter denne introduksjonen til DNA generelt, vil jeg bevege meg over til det som skal være avhandlingens hovedfokus; nemlig de muligheter som ligger i å undersøke arkeologisk materiale for rester av bevart DNA. Det vil først bli gitt en introduksjon til de to metodene ”bakteriekloning” og ”PCR” som har vært mest relevant når det gjelder forskning på gammelt DNA, med vektlegging på sistnevnte som er enerådende på området for øyeblikket.

⁴ Enzymer er proteiner som kan fremme visse kjemiske reaksjoner uten selv å bli forandret.

2.3 Gammelt DNA: metodisk introduksjon

For at det skal være mulig å studere den genetiske informasjonen som finnes i bevart DNA fra arkeologisk materiale, er det nødvendig å ta genteknologi i bruk slik at de små mengdene intakte DNA molekyler kan bli mangfoldiggjort eller amplifisert til kvanta som er store nok til at instrumentene kan registrere dem. Genteknologi kan kort beskrives som teknikker som tillater at DNA isoleres, karakteriseres, modifiseres, tas opp i levende celler, mangfoldiggjøres og uttrykkes (Hauge 1996:58).

2.3.1 Bakteriekloningsmetoden

Frem til siste halvdel av 1980-tallet var kloning ved hjelp av bakterier eneste mulighet for å mangfoldiggjøre gammelt DNA til et antall som gjorde DNA analyse mulig. Metoden går i korthet ut på at en spleiser biter av DNA inn i kromosomet til et bakterievirus, hvorpå en lar bakterieviruset formere seg. Tusenvis av bakteriekolonier som hver for seg mangfoldiggjør en opprinnelig DNA sekvens blir deretter dyrket opp. Bakteriekoloniene blir så analysert for de sekvensene en er interessert i. Det vil her for eksempel være avgjørende å kunne sannsynliggjøre at det er DNA av menneskelig herkomst tilstede i prøven, og at det ikke kun er DNA fra bakterier, sopp eller lignende som har infisert materialet. En må derfor i første omgang kunne påvise DNA-sekvenser som er genuint menneskelige. Dersom dette blir gjort kan en gå videre og forsøke å finne bestemte DNA sekvenser som kan være med på å belyse de problemstillinger en er interessert i. Dette er en svært tidkrevende, omstendelig og lite effektiv prosess.

Bevart DNA ble første gang påvist i forhistorisk materiale i 1980. Det ble da tatt ut DNA av ribbeinsbrusk fra det som kalles ”den gamle fru fra Mawangtui”, et nær 2000 år gammelt lik fra en rik kinesisk keisergrav (Götherström 1997:99, Herrmann & Hummel 1994:1, Persson 1991:9). Denne artikkelen ble imidlertid kun publisert på kinesisk og gikk derfor stort sett ubemerket hen i den vestlige del av verden (Götherström 1997:99).

Den første DNA sekvensen utvunnet av gamle prøver ble publisert i den vestlige verden i 1984. Da rapporterte Russel Higuchi og Alan Wilson ved Berkeley Universitetet i California at de hadde tatt ut og klonet mtDNA molekyler fra et 140 år gammelt skinn av en quagga⁵

⁵ Quagga er en sebraart som ble utryddet i siste halvdel av 1800-tallet

(Higuchi & Wilson 1984, Higuchi mfl. 1984). Dette er den hendelse som i de fleste artikler blir betegnet som starten til forskningen på gammelt DNA. I 1985 publiserte Svante Pääbo en artikkel der han rapporterte å ha klart å trekke ut og klonere DNA av vev fra en egyptisk barnemumie ¹⁴C datert til 2430±120 BP (Pääbo 1985). Fragmentet på 3.4-kb som han fikk frem (Brown & Brown 1994:720) var imidlertid av en slik størrelse at varselklokkene burde ringt. Dette antallet er svært høyt, og inntil det motsatte er bevist må en anta at det er DNA som skyldes forurensing fra en eller annen moderne smittekilde som er presentert. Dette er og muntlig bekreftet av Dr. T. A. Brown ved Dept. of Biomolecular Science ved Universitetet i Manchester (forkortes til UMIST), som hevder at det var sitt eget DNA Pääbo klonet, og ikke mumiens (pers. med. Dr. T. A. Brown).

Alle de til nå nevnte analyser var utført på materiale som hadde ligget bevart tørt. Et viktig skritt videre ble tatt i 1986 da det for første gang ble vist at DNA også kunne finnes bevart i materiale som hadde ligget fuktig i flere tusen år. Det ble da presentert analyseresultater som viste tilstedeværelse av en liten mengde DNA av menneskelig herkomst i ca. 8000 år gammel hjernemasse i et kranium stammende fra den berømte Windover lokaliteten i Florida, USA (Doran mfl. 1986). Denne lokaliteten er en gravplass, plassert i en sump, datert til å ha vært i bruk mellom 6990 og 8120 BP. Lokaliteten har ekstremt gode bevaringsforhold for organisk materiale, og er beskrevet i en lang rekke artikler (Doran & Dickel 1988a og b, Dickel mfl. 1989, Hauswirth mfl. 1991, Hauswirth mfl. 1994, Lawlor mfl. 1991 og Tuross mfl. 1994).

2.3.2 PCR-metoden

PCR, eller "The Polymerase Chain Reaction" som forkortelsen står for, ble utviklet av amerikaneren Kary B. Mullis (Mullis 1990), og bygger på prinsipper for DNA-kopiering som tidligere var beskrevet av den norske professoren Kjell Kleppe (Goksøyr 1994:48, Hauge 1996:59). Som nevnt finnes det i DNA et kopieringsenzym med betegnelsen DNA-polymerase (kap. 2.2.2). En tar her rett og slett i bruk cellenes eget kopieringssystem for å mangfoldiggjøre (amplifisere) de DNA sekvenser som en er interessert i å undersøke. Dette kopieringsenzymet trenger et lite stykke dobbeltrådet DNA som det benytter som template (mønster). I vårt tilfelle vil det være fragmenter av gammelt DNA som er templatet. Kopieringsenzymet trenger også et stykke kunstig lagd DNA som er komplementær til templatet (en såkalt primer) til startpunkt for syntesen av den nye DNA-tråden. En velger selv ut sammensetningen av basene i primeren slik at den passer nøyaktig til det bestemte punktet på DNA-tråden som en er interessert i å amplifisere (Götherström 1997:97). Dette

gjør det mulig å undersøke materialet for konkrete DNA-sekvenser som en på forhånd har bestemt seg for. Dermed kan en for eksempel søke etter sekvenser som kun finnes i Y-kromosomet, i en av mtDNA's hypervariable regioner, eller er unike enten for mennesker, bestemte dyr eller bakterier. Det må altså på forhånd være bestemt hvilke problemstillinger en er interessert i å belyse via molekylære undersøkelser. Analysen kan dermed rettes direkte mot de nukleotidsekvensene som innehar den nødvendige informasjonen.

Oppløsningen med enzym, primer og template varmes opp i et reagensrør til det når en temperatur som gjør at de to DNA-trådene i templatene slipper taket i hverandre uten at enzymet tar skade av det. Når temperaturen senkes vil enzymet bygge en ny tråd langs hver av enkelttrådene, og dermed har en kopiert den ene dobbeltråden DNA til to stykker. Denne amplifiseringsprosessen gjentas, og for hver runde vil det skje en fordobling av den DNA-sekvensen en er interessert i å undersøke. Det er nemlig helt nødvendig å ha et visst antall kopier til stede for at instrumentene skal være i stand til å påvise dem og gjøre DNA-analysen mulig. Når det gjelder antall sykluser som bør kjøres for å få et tilfredsstillende antall kopier, hevder noen at det er tilstrekkelig med 20-30 stykker (Simpson 1996:139). Andre hevder at mellom 30 og 40 sykluser er helt nødvendig for å få pålitelige resultater. *"Don't trust them until they're over 30"* (pers. med.: Jens Rameckers). Antall sykluser som er kjørt bør være oppgitt, da dette vil ha innvirkning på resultatenes troverdighet.

PCR metoden har åpnet store muligheter for studier av gammelt DNA. Hovedårsaken er at teknikken er ekstremt følsom. Metoden fungerer nemlig selv med ekstremt små mengder intakt DNA tilstede, slik tilfellet er ved analyse av arkeologisk materiale. Blant tusener ødelagte og fragmenterte DNA molekyler plukker PCR ut de intakte molekylene og amplifiserer disse. Denne prosessen starter alltid fra minst noen dusin eller noen hundre intakte fragmenter av gammelt DNA blant tusentalls skadde og ødelagte DNA-molekyler (Pääbo 1993:63). Dette medfører at PCR metoden er mer nøyaktig enn bakteriekloning, som starter ut i fra et enkelt molekyl og dermed er mer utsatt for å gjøre alvorlige feil. PCR bringer tilbake den korrekte gamle nukleotidsekvensen fordi metodens feil, selv om de er hyppige, sjelden er alvorlige. DNA-polymerasen har nemlig den nyttige egenskap at for hvert nytt nukleotid som settes inn i den nye DNA-tråden sjekker den om det baseparer korrekt med basen i templatene. Finner det en feil, blir nukleotidet oftest kuttet ut og riktig nukleotid satt inn (Hauge 1996:39). Metoden påvirkes ikke av eventuelle kjemiske skader som måtte være påført gammelt DNA, og er den foretrukne metode ved amplifisering av slike nukleotidsekvenser (Hagelberg 1994:195, Herrmann & Hummel 1994:1). Prosedyren er så

enkel at den ofte brukes for å slå fast om biologisk arkeologisk materiale virkelig inneholder gammelt DNA. PCR passer svært godt til kjønnsbestemmelse, ettersom primere rettet mot sekvenser som er enestående for Y-kromosomet vil oppformere DNA kun fra menn (Brown & Brown 1992:16). PCR-amplifisert DNA kan også bli testet med såkalte restriksjonsenzymmer for å påvise mutasjoner som er karakteristiske for genetiske sykdommer.

Det er svært små mengder DNA en arbeider med når det handler om tilstedeværelse av bevart DNA i arkeologisk materiale. Autentisk amplifisert DNA består som oftest av mindre enn 500 basepar, og dersom en ved amplifiseringsprosessen får frem et antall som overstiger dette, kan det være en indikasjon på at det en sitter med er moderne DNA som stammer fra en eller annen smittekilde (Hardy mfl. 1997:609). Flere forskere har den erfaring at dersom antallet overstiger så lite som 150 basepar, kan det være en indikasjon på at smitte har funnet sted (Hagelberg & Sykes 1989, Pääbo mfl. 1989:9711).

Mengden bevart DNA som er tilstede i arkeologiske materiale avhenger ikke hovedsakelig av materialets alder, men heller av de bevaringsforholdene som har rådd i jord eller eventuell annen omkringliggende masse; temperatur, surhetsgrad, fuktighetsnivå, surstofftilgang osv. (Hagelberg & Sykes 1989:485, Hänni mfl. 1995:656, Kelman & Moran 1996:223, Pääbo 1993:62). Det er også ting som tyder på en viss variasjon i mengde bevart DNA mellom ulike typer biologisk materiale. En finner generelt minst i mykdeler, mer i bein, enda mer i enkelte brente bein, og mest i plantemateriale (Hauswirth 1994:521, Herrmann & Hummel 1994:3, Richards mfl. 1993:26, Thomas & Pääbo 1993:4, Thuesen & Engberg 1990). DNA innholdet i ubrente menneskebein er for eksempel sammenlignet med faktorer som alder, gravforhold og bevaringsgrad, og det er påvist en mulig sammenheng mellom mikrobeinnhold og mengde bevart DNA (Brown mfl. 1995:185). De bein med minst tegn på mikrobisk aktivitet hadde også de største mengdene bevart DNA. Dette kan indikere at mikrobisk aktivitet spiller en aktiv rolle ved nedbrytning av DNA i bein.

Det var altså i 1980 at det første gjennombrudd innen forskning direkte på gammelt DNA kom. Men det var først med utviklingen av PCR metoden og oppdagelsen av at ubrente bein også inneholdt bevart DNA i 1989 (se kapittel 3.1) at forskningen virkelig ”tok av”. De første årene etter dette har naturlig nok vært preget av en del prøving og feiling rundt omkring i laboratorier for å finne frem til effektive laboratorierutiner og arbeidsverktøy. Perioden må også sies å ha vært preget av et visst kappløp, der det har vært om å gjøre å ha den eldste dateringen på en type materiale (eller: bare den er eldst så spiller det liten rolle hva slags materiale den er hentet fra). Det har tydeligvis også vært viktig å først kunne publisere

vellykkede analyser av stadig nye typer materialer. Slik er det fremkommet analyseresultater av et bredt spekter gammelt organisk materiale; fra noen få år gamle skjelettrestrester til flere millioner år gamle dinosaurfossiler, planter og insekter innkapslet i rav.

En må imidlertid huske på at det ikke er arkeologiske problemstillinger som i hovedsak har ligget bak alle disse analysene av materiale som er så spredt både i tid og rom. Det har mer vært et ønske om å utprøve metoder og strekke grenser. Men som en bivirkning har dette resultert i at en del genetikere har begynt å interessere seg for arkeologi og forhistorie.

Det er altså fra enkelte hold kommet rapporter om at en har påvist DNA i flere millioner år gammelt materiale (Cano mfl. 1993, Poinar, Cano & Poinar 1993, Woodward mfl. 1994). Disse resultatene blir imidlertid nå ansett å være tilbakevist og forårsaket av mangel på fullverdige kontrollrutiner. Dette ble for første gang påpekt i en artikkel av Thomas Lindahl i 1993. Teoretiske beregninger viser nemlig at når alderen på organisk materiale overstiger ca. 50 000 år, vil DNA molekylene være så pass mye fragmentert og ødelagt at DNA analyser vil være umulig å gjennomføre. Ut i fra naturlig forfall er dermed DNA med en alder på flere millioner år en umulighet (Lindahl 1993). Også Svante Pääbo er svært tvilsom til muligheten av å utvinne DNA fra svært gammelt materiale. I et intervju med det svenske tidsskriftet *Läkartidningen* sier han bl.a. at rapporter om DNA sekvenser fra 17 millioner år gamle magnoliablader har vist seg ikke å holde mål (Lind 1994:4850). Den samme Pääbo sier i en artikkel at muligheten til å få frem DNA fra materiale eldre enn ca. 100 000 år forventes å være svært liten (Pääbo & Wilson 1991). De teoretiske beregningene samsvarer også med resultater fra en serie laboratorieforsøk på å få frem DNA av insekter innkapslet i rav, utført av en gruppe forskere ved Naturhistorisk Museum i London. Alle forsøk på å få frem DNA som også gikk igjennom kontrollrutinene var mislykkede. Det var heller ikke mulig å få frem DNA fra insekter forsegllet i kopal⁶. Konklusjonen som ble trukket var at tidligere rapporter om oppdagelse av DNA i insekter innkapslet i rav kan avvises (Austin mfl. 1997). Den mest ”berømte” av disse påvisningene av DNA i flere millioner år gamle fossiler fant sted i 1994 da Dr. Scott Woodward mfl. publiserte en artikkel hvor de hevdet å ha amplifisert autentisk DNA fra en 80 millioner år gammel dinosaurfossil (Woodward mfl. 1994). Berømmelsen varte imidlertid bare en kort stund. Flere forskere dokumenterte etter kort tid at de publiserte

6

Kopal er stivnet kvae som omdannes til rav over en periode på ca. 4 millioner år (Lindahl 1997:2).

dinosaur DNA sekvensene, mest sannsynlig var DNA av menneskelig herkomst som hadde forurenset prøvene (Allard mfl. 1995, Hedges & Schweitzer 1995, Henikoff 1995, Zischler mfl. 1995).

Den siste tiden har forskningen konsentrert seg rundt materiale som befinner seg innenfor de siste 10 000 år. Innenfor denne tidsperioden er det ingen tvil om at en kan finne bevart gammelt DNA. En har således fått noe som kan betegnes som et mer edruelig forhold til hva som egentlig kan oppnåes ved DNA analyse av forhistorisk materiale. Rundt 1992 var det en enorm optimisme innen de miljø som drev med molekylær arkeologi. Det var liksom ingen grenser for hva som kunne gjøres. Nå er imidlertid miljøet preget av mer nøkternhet og et mer realistisk forhold til metodens potensial.

2.3.3 Forurensingsproblematikk

Ironisk nok er PCR metodens styrke (sensitiviteten), samtidig dens største svakhet når det gjelder analyse av gammelt DNA. Metoden er nemlig ekstremt sårbar for forurensende eksternt DNA. Dersom ett eneste fremmed molekyl finner veien inn i prøven er det tilstrekkelig for at forurensing skal finne sted, dersom det bærer sekvenser som primerene kan binde. Skulle en eneste hudcelle fra arkeologen, osteologen, laboranten osv. lure seg med i prøven, vil det være DNA fra denne hudcellen som PCR plukker ut og amplifiserer. Dette vil skje fordi DNA molekylene i ”fremmedelementet” vil være hele og intakte, mens eventuelt DNA fra arkeologisk materiale vil være fragmentarisk. Primerene vil da velge å binde seg til de intakte sekvensene som vil være i ekstremt flertall. Dette er en realitet det er viktig å være klar over, ikke minst når det gjelder kjønnsbestemmelser og slektskapsanalyser av forhistoriske menneskelige levninger. Fra arkeologisk side er det viktig at det blir stilt krav til forholdsregler og rutiner i laboratoriet som skal utføre selve analysearbeidene. I tillegg vil det selvsagt være viktig at en selv tar forholdsregler og har rutiner for hvordan humant materiale tilsiktet DNA analyse skal behandles i en feltsituasjon.

En forutsetning for analyseresultatenes troverdighet er således at det kan sannsynliggjøres at en har amplifisert originalt bevart DNA, og ikke nyere DNA fra en eller annen forurensningskilde. For å oppnå dette mener Dr. Terence A. Brown ved UMIST at følgende kriterier bør være oppfylt:

- De samme resultatene blir frembrakt også av andre forskere i andre laboratorier.

- DNA'et er fragmentert.
- DNA'et er kjemisk skadet.
- Helt nye alleler påvises.
- Ekstraksjonene er reproducerbare (pers. med.: T. A. Brown).

Det må bemerkes at dette er svært strenge kriterier, og at det ikke er enighet innen miljøet om at alle disse kriteriene nødvendigvis må være oppfylt for at resultatene skal kunne presenteres som troverdige. Blant annet stiller mange seg skeptisk til nødvendigheten av at prøvene skal måtte analyseres i to separate laboratorier for å kunne presenteres som gyldige.

En lengre redegjørelse for forurensingsproblematikken, samt veiledning for å redusere risikoen for dette i en feltsituasjon, er å finne i appendix I og II.

2.4 Oppsummering

Det er i dette kapitlet gitt en introduksjon til noe av det begrepsapparat som vil ligge til grunn for resten av avhandlingen. Det er nemlig nødvendig at også arkeologer, i det minste i grove trekk, kjenner til hva DNA er og hvordan det overføres mellom foreldre og barn. Dersom en slik kunnskap ikke skulle være tilstede, vil det heller ikke være noe grunnlag for en konstruktiv debatt innen feltet. Det er også gitt en kort versjon av den utvikling som ledet frem til oppdagelsen av DNA, og nå også kartleggingen av det menneskelige genom. Videre er det gjort rede for den spede begynnelsen til analyser av gammelt DNA, samt de to metodene som har blitt benyttet til slike analyser, med hovedvekt på PCR metoden som i dag er enerådende på området. Når det er gjort rede for disse grunnleggende faktorene, vil neste naturlige skritt være å gi en introduksjon til sentrale deler av det arbeid som så langt er utført i forbindelse med DNA analyser av arkeologisk materiale. Hvilke typer biologisk materiale metoden er benyttet på, og hvilke spørsmål og problemstillinger som er forsøkt belyst via analysene vil således bli belyst i neste kapittel.

3 ANVENDELSESOMRÅDER FOR GAMMELT DNA

Hvilke problemstillinger kan generelt sies å ha vært utgangspunkt for analyser av gammelt DNA siden PCR metoden først ble tatt i bruk? Fra et arkeologisk synspunkt vil de fleste problemstillinger være uavhengige av om analysene gjøres på bein eller vev. Men det var først med oppdagelsen av at analysen også kunne utføres på beinmateriale at metoden ble mer enn en kuriositet for arkeologien, og konturene av det første genteknologiske hjelpemiddel til allmenn bruk i arkeologien tegnet seg. Det vil i det følgende bli gjort en gjennomgang av noen av de analyser som har blitt utført siden den gang. Hovedfokus vil være rettet mot forskning på humant arkeologisk materiale, men DNA analyser av dyr- og plantemateriale vil og bli tatt opp, da en har fått lovende resultater også her. I tillegg er det foretatt DNA-analyser på mer spektakulære typer organisk materiale, som for eksempel farge fra hulemalerier, samt blod og andre organiske rester på steinredskaper. Resultatene av disse analysene er imidlertid mer omstridt. Er det DNA som skyldes forurensing en får frem, eller er det virkelig gammelt DNA? Dette vil bli drøftet nærmere i kapittel 3.3.4.

3.1 DNA analyser av humant materiale

PCR metoden ble for første gang brukt på humant arkeologisk materiale i 1988. Tilstedeværelsen av DNA ble da påvist i hjernemasse datert til 6860 ± 110 BP, hentet fra et kranium fra Salt Spring, som i likhet med Windover lokaliteten, er en sumpgravplass i Florida, USA. Resultatene av analysene ble tolket slik at individet prøven var tatt av tilhørte en mtDNA ættelinje som frem til da var ukjent blant Amerikas urbefolkning, og som også er sjelden i resten av verden. En konklusjon som ble trukket var at koloniseringen av Amerika involverte minst tre adskilte matrilineære ættelinjer (Pääbo, Gifford & Wilson 1988).

Et av de store gjennombrudd innen forskning på gammelt DNA fant sted da en for første gang klarte å påvise tilstedeværelse av DNA i humant beinmateriale. Det var i 1989 at to artikler ble publisert omtrent samtidig, der en ved bruk av PCR metoden påviste tilstedeværelse av DNA i beinmateriale (Hagelberg & Sykes 1989, Horai mfl. 1989). Frem til da var det nemlig kun i bløtdeler at det var påvist tilstedeværelse av bevart DNA.

I denne forbindelse bør nevnes en dansk undersøkelse som også fant sted i 1989, men som ikke ble publisert før i 1990. Ingolf Thuesen og Jan Engberg ved Universitetet i København rapporterte da at de ved hjelp av bakteriekloningsmetoden hadde påvist tilstedeværelse av

menneskelig DNA både i bein- og vevsprøver tatt fra en mumie fra Quilakitsoq på Grønland. Mumien var datert til 1475±50 e.Kr. (Thuesen & Engberg 1990). Analysen var en del av et prosjekt kalt *Genetic Archaeology Project (GAP)*, og så vidt meg bekjent den første publiserte nordiske analyse av gammelt DNA. Den ble imidlertid publisert litt for sent til å bli referert blant de aller første til å påvise tilstedeværelse av DNA i gammelt beinmateriale.

Etter disse første analysene ble tilstedeværelse av bevart DNA i bein og tannmateriale påvist i flere tilfeller. Majoriteten av disse tidlige publiserte arbeidene begrenset seg i vesentlig grad til kun påvisning av DNA, samt diskusjon rundt autentisiteten til DNA materialet (Béraud-Colomb mfl. 1995, Hagelberg mfl. 1991a, Hagelberg 1994, Hagelberg & Clegg 1991, Hedges, Richards & Sykes 1995, Hummel & Herrmann 1994, Persson 1993 og Tuross 1994). Dette er for så vidt naturlig, i og med at analysene som stort sett er publisert i løpet av første halvdel av 1990 tallet, kan betraktes som pionerarbeider innen feltet.

I andre halvdel av 1990 tallet ble det bygget videre på disse arbeidene, og det ble i økende grad publisert undersøkelser som tok analysene et skritt videre. I tillegg til påvisning av tilstedeværelse av DNA ble det nå også gjort kjønnsbestemmelser (Faerman mfl. 1995, Götherström 1997, Götherström mfl. 1997b, Stone mfl.1996). I tillegg ble det utført individuelle DNA analyser for å skille mellom individer i graver, noe som dermed åpnet muligheten for å belyse blant annet slektskapsforhold og slektskapets betydning i forhistorien på en helt ny måte (Delefosse & Hänni 1997, Götherström mfl. 1997a, Götherström 2001, Hänni mfl. 1995, Jehaes 1998, Kurosaki mfl.1993, Oota mfl.1995, Schultes 2000). Her kan Götherström 2001 og Jehaes 1998 nevnes spesielt, da dette er doktorgradsavhandlinger som er skrevet med utgangspunkt i DNA analyser av arkeologisk materiale.

Metoden har også åpnet muligheten for å kunne etterspore arvelige genetiske sykdommer, og sykdommer som skyldes infeksjon av bakterier eller virus. For eksempel er det påvist en tilstedeværelse av *Mycobacterium Tuberculosis* (tuberkulose) i skjelettmateriale med en variasjon i alder fra 3600 f.Kr. til ca. 1750 e.Kr. (Arriaza mfl. 1995, Baron, Hummel & Herrmann 1996, Nuorala 1997, Salo mfl. 1994, Spigelman mfl. 1993 og Taylor mfl. 1996). Dette kan gjøres ut i fra det faktum at når et menneske som er smittet av tuberkulose dør, vil tuberkulosebakteriene forbli i skjelettet. Ved å amplifisere DNA sekvenser som er spesifikke for tuberkulosebakterier har en mulighet til å se om vedkommende var rammet av tuberkulose eller ikke. En skal imidlertid være forsiktig med å fastslå dødsårsaken til tuberkulose, da en kan ha tuberkulosebakterier i kroppen uten at sykdommen bryter ut og en dør av det. Det er

også blitt gjennomført molekylære analyser av forhistoriske individer for å undersøke tilstedeværelsen av *Mycobacterium Leprae*, eller spedalskhet som sykdommen er bedre kjent som (Haas mfl. 2000). Den arvelige genetiske sykdommen β -Thalassaemia ble i 1995 påvist i levningene av et barn fra en grav en grav i Israel. Graven hørte inn under den Ottomanske periode (16.-19. århundre) uten å være nærmere datert (Filon mfl. 1995).

Et nytt viktig skritt fremover ble tatt i 1995 da det for første gang ble publisert en artikkel hvor tilstedeværelsen av DNA i kremerte bein ble påvist. Det var forskere ved UMIST i Manchester som analyserte kremerte bein fra en eldre bronsealder gravurne, og med stor grad av sannsynlighet påviste tilstedeværelse av gammelt DNA i materialet (Brown, O'Donoghue & Brown 1995). Analysen var inspirert av at en ved samme sted nettopp hadde påvist tilstedeværelse av DNA i forkullede planterester (se avsnitt 3.3). Dette temaet vil bli tatt opp i detalj i kapittel 5.1.

I tillegg til arkeologisk materiale, er PCR metoden også brukt ved DNA analyser av nyere materiale. Det er utført analyser for å identifisere drapsofre (Ginther mfl. 1992, Hagelberg mfl. 1991b), for å identifisere levningene av tsarfamilien i Russland (Gill mfl. 1994), og i tillegg for å slå fast identiteten til en kvinne som hevdet hun var Tsar Nikolay II's datter Anastasia og på en mirakuløs måte hadde berget livet da resten av familien ble henrettet. Denne historien ble avkrefet via DNA analysene som ble foretatt bl.a. av levningene etter tsarfamilien, samt engelske Prins Phillip og flere andre nålevende slektninger av familien. Kvinnen som gjennom flere år hadde nytt stor publisitet ved å hevde at hun var prinsesse Anastasia, ble identifisert til mest sannsynlig å være en kvinne ved navn Franziska Schanzkowska⁷ (Gill mfl. 1995). Metoden er også benyttet for å få en sikker identifisering av skjelettrestene etter Josef Mengele (dødsengelen fra Auschwitz), (Jeffreys mfl. 1992), samt til identifikasjon av skjelettrestene av amerikanske soldater fra vietnamkrigen (Holland mfl. 1993) og identifikasjon av individer i massegraver av nyere dato (Boles mfl. 1995, Goodwin mfl. 1997).

3.2 DNA analyser av organiske levninger etter dyr

Et til nå tilnærmet utforsket område, er DNA analyser av beinmateriale fra ulike typer dyr, hentet fra arkeologisk kontekst. Et interessant prosjekt har imidlertid gått på analyser av kaninbein fra bronsealderlokaliteter (Hardy mfl. 1994, 1995). Prosjektet er et av de første

⁷ Etter å ha emigrert til U.S.A endret hun navn til Anna Anderson Manahan.

forsøkene der analyse av bevart DNA i arkeologisk materiale er blitt brukt for å undersøke relasjonene mellom tidlig jordbruksbefolkning og deres buskap (Hauswirth 1994:522). Et annet eksempel som bør nevnes er at en har klart å skille mellom sau og geit blant bein hentet fra yngre steinalder-, bronsealder- og jernalderlag (Loreille mfl. 1997). Akkurat dette skillet kan være interessant ut i fra et økonomisk synspunkt, da sau og geit var beskattet forskjellig i middelalderens Sverige (Götherström 1997:101). Et annet pågående arbeid som det ble gjort rede for på den fjerde internasjonale konferansen om gammelt DNA i Göttingen, tar for seg den genetiske endringen hos domestiserte arter sammenlignet med vill sau og geit i Levanten. Arbeidet baseres på analyser av DNA sekvenser i mtDNA hentet både fra moderne og gamle prøver (Kahila Bar-Gal mfl. 1997:42). Som del av sin doktorgradsavhandling ved Universitetet i Stockholm, har Anders Götherström utført molekylære kjønnsbestemmelser på levninger av hester som både er funnet i offer- og gravsammenheng fra yngre jernalder (Götherström 2001:26ff). Problemstillingen er interessant, ikke minst ut i fra den sentrale rolle hesten antas å ha spilt i deler av førkristen religiøs sammenheng. Det ble ved undersøkelsene identifisert hester av begge kjønn både i offer- og gravsituasjoner. Videre satsingsområder her vil være å finne genetiske markører som kan identifisere ulike hesteraser og avlslinjer. DNA analyser av ulike dyrearter er et spennende felt som både åpner for nye problemstillinger, samt nye vinklinger på gamle problemstillinger. Som eksempler kan det nevnes domestisering av husdyr, kontakter og forbindelser i forhistorien, og utryddede dyrearters slektskap til nålevende dyrearter.

3.3 DNA analyser av Plantemateriale

Det var allerede i 1988 at en ved hjelp av PCR-metoden for første gang påviste tilstedeværelsen av gammelt DNA i plantemateriale som stammer fra en arkeologisk kontekst (Rollo mfl. 1994:219). Analysen ble gjort på peruansk mais ¹⁴C datert til 980±95 BP (Rollo mfl. 1988).

I 1994 ble de første DNA-analyser av forkullede planterester publisert. Det var ved UMIST at forskere påviste tilstedeværelsen av DNA i forkullet korn hentet fra jernalderanlegget Danebury i England (Allaby, Jones & Brown 1994, Brown mfl. 1994). At dette lar seg gjøre åpner store muligheter innen arkeologien når det gjelder å tilnærme seg ulike problemstillinger, blant annet angående spredningen av jordbruket. Det er også foretatt DNA analyser av moderne frø av einkorn for å forsøke å påvise det regionale området hvor einkorn først ble domestisert. Resultatene av disse undersøkelsene stemmer godt overens med

arkeologiske konklusjoner om at einkorn først ble domestisert i den østlige delen av Tyrkia for så å spre seg derfra (Heun mfl. 1997). Andre arbeid rundt tilstedeværelsen av DNA i plantemateriale hentet ut fra arkeologisk kontekst er: Allaby mfl.1997, O'Donoghue mfl. 1996 og Rollo mfl. 1994.

3.4 DNA analyser av øvrig gammelt materiale

I 1991/92 ble maling fra 3-4000 år gamle hulemalerier i Texas undersøkt for DNA. Undersøkelsene var vellykkede og viste i følge forskerne at det var blitt brukt dyreprodukter av arten *artiodactyla*⁸ som bindingsmiddel i malingen (Reese mfl. 1996).

At blodrester kan være bevart på flere tusen år gamle artefakter som f.eks. pilspisser, skrapere og kniver kommer kanskje uventet på mange. Men faktum er at blodrester i flere tilfeller er funnet på forhistoriske artefakter, og eksperimenter har vist at blod kan bevares på steinredskaper over flere år (Cattaneo mfl. 1993). Mellom 1984 og 1987 foregikk det et prosjekt som undersøkte blodrester funnet i den såkalte skallebygningen på lokaliteten Cayönü Tepesi i Tyrkia. Lokaliteten er en tidlig jordbrukslandsby, som har vært i bruk mellom 7400 og 6800 f.Kr. DNA analyser ble ikke foretatt, men det ble påvist både blod av urokse, sau og geit, i tillegg til menneskeblod (Loy & Wood 1989). I 1992 ble det presentert en angivelig pålitelig metode for undersøkelse om mikroskopiske rester av blod kan finnes bevart på arkeologiske artefakter. DNA analyse ble ikke foretatt, men resultatene gav indikasjon på at det var rester av blod fra drept bison som var bevart på artefaktene (Kooyman mfl. 1992).

De første resultatene av DNA analyser foretatt av blodrester på steinredskaper ble publisert i 1993. Redskapene var datert til 2180±160 BP, og stammet fra en canadisk lokalitet (Loy 1993). Resultatene var forholdsvis oppsiktsvekkende sett i en arkeologisk kontekst, og har resultert i flere eksperimenter og diskusjoner. Disse eksperimentene har gitt en indikasjon på

⁸Artiodactyla: Innen denne dyrefamilien hører klovdyr som kveg, sau, geit, hjort, bison og antilope. Av disse er det to - bison og antilope som fantes i den omkringliggende fauna i den aktuelle periode.

at resultatene ikke kan betraktes for å være 100% sikre, og inntil flere eksperimenter kan gi helt sikre metoder, anbefales det å stille spørsmålsteget ved resultatene av disse analysene (Fiedel 1996).

I 1997 ble det igjen publisert en artikkel hvor en hevdet å ha trukket ut DNA fra blodrester på steinredskaper. Denne gang var redskapene (nettopp med sikte på DNA analyse) hentet ut under kontrollerte forhold fra en mellompaleolittisk lokalitet i Frankrike (Hardy mfl. 1997). Lokaliteten, ved navn La Quina, har arkeologiske kulturlag som er mellom 35 000 og 65 000 år gamle. Den har funn av store mengder fragmenterte, men godt bevarte dyrebein, fossile levninger av neandertalere og steinredskaper. Det ble trukket ut spesifikt villsvin DNA, en art som også var osteologisk representert, fra et av redskapene. Fra andre redskaper fikk en frem DNA som det ikke var mulig å artsbestemme, men som trolig stammet fra dyr tilhørende arten *Artiodactyla*.

3.5 DNA analyser foretatt på moderne blodprøver

”Out of Africa”, og ”mitochondrial Eve” er populære betegnelser på teorier som omhandler menneskehetens opprinnelse, evolusjon spredning ut over jorden. Dette er teorier som i stor grad er utarbeidet ut i fra mtDNA analyser av moderne blodprøver tatt av et bredt spekter av jordens nålevende befolkning. På en måte faller de dermed utenfor det som skal være oppgavens hovedfokus: analyse av gammelt DNA. Men de har likevel en plass i denne forbindelse, da en ut i fra DNA-analyser av moderne blodprøver har trukket slutninger om forhistorien og menneskehetens evolusjon og utvikling som har fått enorm publisitet. Det som er gjort kan kort sammenfattes slik: En tar mtDNA analyser av blodprøver fra et bredt spekter av jordens nåværende befolkningsgrupper. Deretter sammenlignes mtDNA sekvensene befolkningsgruppene imellom, og ut i fra den variasjon som blir påvist, samt det faktum at mtDNA endrer seg over tid i en hastighet som antas å være tilnærmet kjent, utarbeides det en såkalt molekylær klokke. Med utgangspunkt i evolusjonsteorien har en således regnet seg tilbake til når en teoretisk ”stammor” (som alle nålevende mennesker nedstammer fra), må ha levd. En av teoriene er at det må ha vært i Afrika for ca. 200 000 år siden (Ross 1992, Tattersal 1997, Thorne & Wolpoff 1992, Wilson & Cann 1992). Rundt dette tidspunkt skal det individ som alle dagens mtDNA variasjoner har sitt utspring fra, i følge teorien, ha levd.

Som nevnt innledningsvis, er det i en del tilfeller blitt utledet teorier om forhistoriske samfunn ut i fra blodprøver tatt av moderne befolkningsgrupper. Colin Renfrew er den mest

kjente arkeologen som har vært aktiv innen dette arbeidet. Sammen med Albert J. Ammerman og Luigi L. Cavalli-Sforza er det spesielt problemstillinger rundt indoeuropeere og introduksjonen av jordbruket til Europa det er blitt fokusert på. Dette er problemstillinger som vil bli tatt nærmere opp i kapittel 4.3.4.

3.6 Neandertal DNA

Den første vellykkede DNA analyse utført på levninger etter et individ klassifisert som neandertaler ble publisert i 1997 (Krings mfl. 1997). Individet analysen ble utført på er identisk med det aller første neandertalindividet som ble funnet, og har fått betegnelsen Feldhofer, etter funnstedet. Beinene er ikke daterte, men antas å være mellom 30 000 og 100 000 år gamle. De er altså svært gamle sett i sammenheng med metodens kapasitet, men faller likevel innenfor tidsrammen på 100 000 år som enkelte antar det er mulig å få frem vellykkede analyseresultater av DNA fra⁹. Det ble gjennomført en DNA analyse hvor det ble søkt etter bestemte sekvenser av den hypervariable region 1 på mtDNA tråden. Resultatene gav sterke indikasjoner på at det ”moderne” mennesket har utviklet seg separat fra neandertalere, og at disse døde ut uten å bidra til det ”moderne” menneskets genmasse. To år etter at disse resultatene var fremlagt ble det publisert en ny analyse av samme individ. Her ble den hypervariable region 2 på mtDNA tråden analysert, og resultatene som kom frem, støttet opp under teorien som ble satt fram etter den første analysen (Krings mfl. 1999).

I 2000 ble det publisert en analyse av et nytt neandertalindivid, denne gang fra en hule i Mezmaiskaya i nordre Kaukasus (Ovchinnikov mfl. 2000). Radiokarbondateringer har estimert levningene til å være ca. 29 000 år gamle, og således tilhørende noen av de sist levende neandertalere. Her ble det påvist mtDNA sekvenser som i stor grad samsvarte med de tidligere publiserte sekvensene, uten å være identiske med dem. Det faktum at laboratorier både i Glasgow og Stockholm uavhengig av hverandre frembrakte de samme sekvensene, styrket resultatenes validitet. Analysene plasserte begge neandertalindividene sammen i en utviklingslinje separat fra ”moderne” mennesker, noe som er tolket som en ytterligere indikasjon på at homo sapiens sapiens har utviklet seg separat fra neandertalere.

Her må det bemerkes at resultatene bekrefter at neandertalere ikke har bidratt med mtDNA

⁹ Det må med henvisning til kap. 3.1 her bemerkes at ikke alle er enig i en så vid tidsramme (Thomas Lindahl setter for eksempel grensen ved ca. 50 000 år).

dersom de amplifiserte sekvensene er typiske. I tillegg er det kun mtDNA som er blitt undersøkt. Det kan være mulig at andre kjernegener ble donert. Det må også bemerkes at analysene kun er foretatt på to individer, med de begrensinger det fører med seg. Ytterligere forskning vil her være påkrevd før sikre konklusjoner kan trekkes. Det vil ikke være overraskende dersom fremtidige forskningsresultater skulle komme frem til alternative konklusjoner.

3.7 Oppsummering

For å skissere hovedtrekkene i utviklingen fra 1989 og frem til i dag, er det i dette kapittelet gitt en oversikt over noen av de mest sentrale arbeidene rundt forskning på bevart DNA i arkeologisk materiale siden den gang. I tillegg er det gjort rede for noen generelle problemstillinger som er forsøkt belyst via genetiske analyser. Når det gjelder analyser av humant arkeologisk materiale har utviklingen gått fra kun påvisning av DNA til at det også blir utført kjønnsbestemmelser, slektskapsanalyser og sykdomsundersøkelser. Metoden er også benyttet på andre typer biologisk arkeologisk materiale (planter og dyr). I tillegg er data hentet fra moderne blodprøver også brukt for å utlede teorier om forhistoriske samfunn.

Videre i avhandlingen vil hovedfokus være rettet mot DNA analyser av humant materiale. Det vil her bli gått i dybden på noen av de begrensninger og muligheter som ligger innbefattet i metoden. I det påfølgende kapittel vil det først bli gjort rede for og diskutert arbeider som kan eksemplifisere noen av de mer problematiske sider ved bruk av metoden innen arkeologisk forskning. Her vil problemstillinger rundt forholdet mellom sosiale og biologiske relasjoner stå sentralt.

4 BEGRENSNINGER VED DNA ANALYSE AV HUMANT MATERIALE

For at en som arkeolog skal kunne benytte seg av metoden i forbindelse med undersøkelse av menneskelige levninger, er det en forutsetning at en både er klar over hvilken informasjon det er mulig å hente ut av slike analyser og hvilken informasjon det ikke er mulig å hente ut. Når et slikt grunnlag er tilstede, og resultater fra genetiske analyser kan kombineres med data hentet ut på mer tradisjonelle måter, åpnes det både for at gamle problemstillinger kan belyses fra nye sider og at problemstillinger det tidligere ikke har vært mulig å belyse, dukker opp. Her er det viktig å understreke betydningen av muligheten for å kombinere resultater fra DNA analyser av både mennesker, dyr og planter, samt sette disse resultatene i sammenheng med den arkeologiske kontekst slik den tradisjonelt blir presentert. Samtidig bør dette gjøres med utgangspunkt i relevante problemstillinger innenfor nyere arkeologisk teori.

Selv om de økonomiske kostnadene ved å utføre selve DNA analysen er på nivå med kostnaden for ^{14}C dateringer, så er arbeidet svært tidkrevende og overstiger tiden det tar å utføre ^{14}C dateringer med god margin. Identiske resultater bør kunne frembringes gjentatte ganger for at de skal kunne aksepteres som autentiske. Det kan derfor ta flere uker med arbeid å frembringe tilfredsstillende autentiske resultater, og prisnivået vil dermed havne langt over prisene for ^{14}C dateringer. En annen "kostnad" er selvsagt at det biologiske materialet som er gjenstand for DNA analyse blir ødelagt under analysen, og således er tapt for alltid. Kostnadene kan være høye og informasjonen begrenset, men i de fleste tilfeller vil dette være informasjon som det ikke er mulig å tilegne seg på andre måter. En side av vektskålen er kostnadene, en annen side er den type informasjon som kan hentes ut via genetiske analyser. Det er ikke alltid like selvfølgelig hvilken av de to sidene som skal veie tyngst (Götherström 2001:8f).

Et annet problem, som også ble nevnt innledningsvis, kan synes å være at mange analyser er foretatt av genetikere med begrenset kjennskap til arkeologiske problemstillinger og nyere teoretiske retninger innenfor faget. Dersom dette skjer i kombinasjon med at det fra arkeologisk side er liten eller ingen kunnskap om det genetiske fagområdet, har man en uheldig situasjon. Med utgangspunkt i dette vil jeg i det følgende se nærmere på noen av de mer problematiske sidene ved DNA analyse av humant materiale i arkeologisk sammenheng. Begrensninger ut i fra alder og bevaringsforhold er tidligere kommentert. Dette er rent teknisk - metodiske begrensninger som går på om det er mulig å få ut bevart DNA fra arkeologisk materiale. Men når disse begrensningene er overvunnet og DNA er påvist, finnes det også

begrensninger til hvilke problemstillinger genetiske data kan være med å belyse.

4.1 Identifisering av fysiske og kognitive trekk ved forhistoriske mennesker

Den første faktor det er nødvendig å gripe fatt i, er forestillingen om at en via DNA analyser kan påvise fysiske og kognitive trekk ved forhistoriske mennesker. Det faktum at en slik myte lever i beste velgående kan illustreres med et sitat fra bind I av: "Karmøys Historie", som kom ut høsten 1997. Her står følgende å lese:

"Vår tids forskere går inn på rester av genmateriale i de halvveis forsteinede beinrestene, og konkluderer med at det kanskje nettopp var neandertalerne som var de første bærere av de "gjeveste" egenskapene - lys hud og blå øyne!" (Hernæs 1997:12).

Som kommentar til dette kan det refereres til Per Persson ved Universitetet i Gøteborg, som er en av de arkeologene i Norden som har arbeidet mest innenfor feltet. Han sier følgende:

"Until now, however, only a few of the human genes have been mapped at the level of DNA sequence, and we cannot yet determine such obvious genetic characteristics as the colour of the skin, eyes and hair" (Persson 1993:97).

Selv med DNA analyser av moderne prøver kan en (i hvert fall i 1993) ikke si om vedkommende prøven er tatt av hadde blå øyne og lyst hår. Da kan en i langt mindre grad trekke slike konklusjoner ut fra DNA fragmenter hentet fra mellom 30 000 og 100 000 år gamle forsteinede beinrester. Som arkeolog, lever og arbeider en ikke i politiske og sosiale vakuum, og en bør således være oppmerksom på eventuelle etiske implikasjoner av sitt arbeid, slik at en ikke er med på å bygge opp under myter og fordommer. Ikke minst når det gjelder ting som å føre *de "gjeveste" egenskapene - lys hud og blå øyne* tilbake i tid. Dette er nemlig myter som i likhet med alle andre myter utelukkende har konsekvenser for dagens og morgendagens mennesker. Det er foreløpig ikke mulig å påvise verken fysiske eller kognitive trekk ved forhistoriske mennesker ut fra genetiske analyser (Brown & Brown 1992:18, Hedges & Sykes 1991:269).

Et annet ømtålig tema som dukker opp med jevne mellomrom, og som fra et arkeologisk - sosiologisk synspunkt må betegnes som svært problematisk å tilnærme seg via genetiske analyser, er identifisering av forhistoriske etniske grupper (se Nielsen, Engberg & Thuesen 1994, Ovchinnikov mfl.1999, Richards mfl. 1993 og Sokal mfl. 1993 for eksempler der dette er gjort med varierende grad av suksess). Dette er tanker en hovedsakelig finner blant

genetikere og andre med bakgrunn i en naturvitenskapelig forskningstradisjon, og som har møtt sterk motstand i majoriteten av det arkeologiske miljø, tilhørende en humanistisk forskningstradisjon. Hvordan kan en slik polarisering forklares? Er uenigheten reell, eller dreier det seg om ”skinnuenighet”, forårsaket av ulik vektlegging av begrepsinnhold og uklare bruk av formuleringer? Kan det forklares ut i fra ulik forskningstradisjon og måte å angripe problemstillinger på innenfor de to retningene? Dette er en debatt jeg finner det nødvendig å gå nærmere inn på i denne sammenhengen. Således fører denne problemstillingen oss over på en debatt rundt gener, etnisitet, identitet, og forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner.

4.2 Gener, etnisitet, identitet og forskjellen mellom biologiske og sosiale relasjoner

For å illustrere noen av problemstillingene vil jeg ta for meg to arbeid som er utført i forbindelse med forsøk på identifisering av etniske grupper relatert til arkeologi. Det første er et arbeid som på genetisk side baserer seg på prøver tatt av ulike befolkningsgrupper i Europa etter 1945 (altså moderne prøver), og er publisert i en artikkel med tittel ”Genetic Relationships of European Populations Reflect Their Ethnohistorical Affinities” (Sokal mfl. 1993). Målet med arbeidet var å undersøke hvorvidt dagens europeiske distribusjonsmønstre for allelfrekvenser gjenspeiler forhistoriske og historiske etniske gruppers bevegelser inn i og rundt i Europa (op.cit.55). Til hjelp i dette arbeidet ble det utviklet noe som betegnes som en europeisk ethnohistorisk database, ment å dokumentere 891 etniske gruppers lokalisering og bevegelser de siste 4000 år. Om denne databasen står følgende å lese:

”It consists of 6,161 records describing 891 ethnic units. Each record lists the name of a “gens” or tribe (or that of an archaeological horizon in the case of prehistorical records, or of a modern historical nation in the case of more recent ones), the major language family to which this unit belongs (if known), a point in time or time interval when the action described in the record took place, and the geographical location of the action” (op.cit.57).

Arbeidet som utgjorde grunnlaget for denne artikkelen var basert på en forenklet versjon av databasen, der kun språkfamilier var tatt med. Informasjonen fra databasen ble testet mot det nåværende europeiske mønsteret av allelfrekvenser. Ved å inndele Europa i kvadrater, ble deretter forholdet mellom ethnohistorisk avstand og genetisk avstand målt.

”In this paper, we construct vectors that represent the ethnic composition of quadrats based on population movements over the last 4,000 years. From these vectors, we develop a measure of ethnic distance between all pairs of quadrats. We next examine

whether these ethnic distances are related to observed genetic distances in Europe. Finding that they are, we investigate the relative roles of history (chronology) and geography (location) in the observed relationship” (op.cit.56).

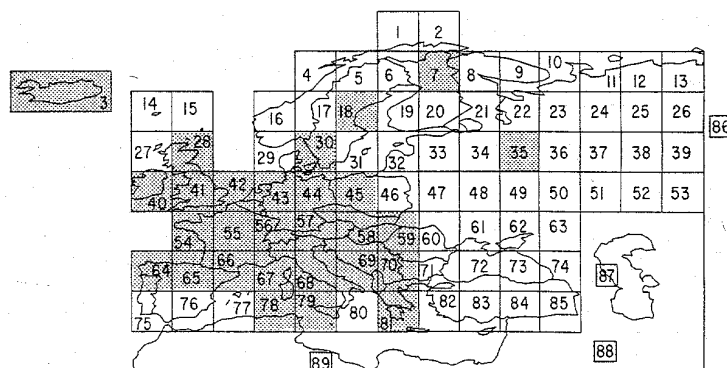


Fig. 4: Europa inndelt i kvadrater som etnisk avstand regnes mellom (etter Sokal mfl. 1993:57).

Etter å ha ”undersøkt” europeiske befolkningsgrupper og deres tilknytning til hverandre på denne måten, trekkes den slutning at ”... *geography matters and history does not*” (op.cit.66). Artikkelen konkluderer med at etnohistorisk slektskap, basert på den omtrentlige og forkortede databasen (det vil her si språkfamilier), forklarer en betydelig del av den genetiske variasjon som kan observeres blant moderne europeiske befolkningsgrupper (op.cit.69).

Det er flere kritikkverdige forhold ved dette arbeidet. Tidsperspektivet blir radert bort, og det er kun geografi som blir sagt å ha hatt innflytelse på den genetiske variasjon blant mennesker i dagens Europa. Ulike begreper som ”språkfamilier”, ”klaner”, ”stammer”, ”etniske grupper”, ”moderne nasjonalstater” og ”arkeologiske horisonter” blir likestilt med hverandre, uten noen som helst redegjørelse eller diskusjon rundt det meningsinnhold som er ilagt de enkelte begrep. Kildegrunnlaget som er benyttet for å hente ut informasjon til bruk i den etnohistoriske databasen er 191 ulike andre- og tredjehånds arkeologiske og etnohistoriske kilder og 91 historiske kart (op.cit.57), noe nærmere er ikke angitt. Jeg har ikke forutsetning for å gå inn og diskutere de ulike matematiske formlene som er benyttet, men da arbeidet fra et humanistisk synspunkt er basert på et utilstrekkelig grunnlag, der nyere forskning og teori rundt oppkomst og eksistens av ulike sosiale og kulturelle grupperinger ikke er tatt hensyn til, kan jeg ikke annet enn å stille meg tvilende til den metodiske tilnærmingen og således uenig i gyldigheten til de konklusjoner som blir trukket. Igjen finner jeg det nødvendig å minne om at våre tolkninger verken blir presentert eller eksisterer i politiske og sosiale vakuum. Bastante konklusjoner som dette kan fort misbrukes også i dagens Europa, hvor forholdet mellom

etnisk identitet og geografiske områder fortsatt forårsaker væpnet konflikt.

Det neste eksempel som vil bli trukket frem er et arbeid basert på genetiske undersøkelser av menneskelige levninger, som i 1993 ble presentert i en artikkel med tittel ”Archaeology and genetics: analysing DNA from skeletal remains” (Richards mfl. 1993). Denne artikkelen berører flere grunnleggende problemstillinger som jeg i det følgende vil komme nærmere inn på. Artikkelen stod på trykk i tidsskriftet ”World Archaeology” (Vol.25, nr.1), et nummer som var dedikert til temaet ”Biomolekylær arkeologi”, og i lederen ble følgende ordelag brukt i omtalen av arbeidet:

“The potential of studies of ancient human DNA to establish genetic affinities between individuals and groups, or to determine whether new cultural innovations in some areas are associated with individuals of 'new' genetic characters, offer exciting possibilities”
(Thomas 1993:7ff).

Det ble i artikkelen gjort rede for et da pågående arbeid, hvor det på genetisk grunnlag var forsøkt å etnisitetsbestemme individer gravlagt på en tidlig anglesaksisk gravplass i England (Richards mfl. 1993). Ut fra anatomiske trekk ved skjelettmaterialet var det tidligere utledet en teori om at en på enkelte tidlige anglesaksiske gravplasser hadde to separate befolkningsgrupper av ulik sosial rang, indikert ved begravelse med eller uten våpen. Målet var å teste denne hypotesen ved å analysere mtDNA sekvenser hentet fra individer på en slik gravplass. En ville se om det på genetisk grunnlag var mulig å klassifisere noen levninger som opprinnelig britiske, og andre som anglesaksiske innvandrere. Videre forespeilet en seg at dersom dette lot seg gjøre, ville det kanskje være mulig å identifisere genetiske markører som skilte individer tilhørende den opprinnelige britiske befolkning fra nykommerne. Med andre ord håpet en å finne nukleotidsekvenser som var særegne for hver av de to etniske gruppene, og som dermed i ettertid kunne brukes for å tildele etnisk identitet til skjelettmateriale fra perioden. Blant annet sies følgende:

“One caveat here would be the mixed ethnic composition of the subjects of the Roman Empire, since we would wish to target specifically British individuals” (op.cit.19).

Her ser vi at forfatterne anser menneskene som hørte inn under det romerske imperium for å tilhøre ulike etniske grupper, noe som ikke blir betraktet å være situasjonen for de menneskene som tilfeldigvis var født på det som vi i dag kjenner som de britiske øyer. De blir ansett for å være britiske og tilhørende én opprinnelig befolkning, uten noen nærmere begrunnelse. Ingenting blir nevnt om eventuelle klaner, stammer, etniske grupperinger og

øvrige mulige relevante sosialt konstruerte grupper av mennesker som befant seg på de britiske øyer både før, under og etter det romerske imperium. Riktignok taes det forbehold med følgende utsagn:

“There is a relevant political point to be made here. The relation, if one should be found, between a particular stretch of mtDNA and a particular ethnic affiliation would be an arbitrary one. It might well be the case that a particular DNA sequence was only found in individuals of a particular population, with a particular history: it could then be used as a marker for that population. However, in general this would be the result of chance, and in the case of mtDNA a number of quite distinctive lineages might occur in a single population, some or all of which might be shared to some degree with otherwise quite distantly related populations. We would not expect to see a one to one relationship between DNA and ethnicity” (op.cit.22).

Likevel var målet med arbeidet å finne sekvenser på den hypervariable region 1 på mtDNA tråden, som kunne brukes som etniske markører. Under analysearbeidet ble det benyttet en molekylær referansesekvens med betegnelsen ”The Cambridge European reference sequence”, som blir ansett for å være 'typisk europeisk' da den ikke er påvist utenfor Europa (ibid). De antatt gamle mtDNA sekvensene en fikk frem i undersøkelsen ble så sjekket mot denne sekvensen. Det viste seg da at flesteparten av mtDNA sekvensene en hadde fått frem innen artikkelen ble skrevet, faktisk var identiske med denne referansesekvensen. Dette faktum gav de fremkomne sekvensene liten troverdighet, og inntil noe annet er bevist blir det antatt at sekvensene skyldtes forurensing av moderne DNA. Denne antagelsen må jeg si meg enig i. Men det ble også trukket følgende slutning, som jeg mener er noe forhastet:

“The other problem with these results, of course, is that even assuming that they are genuine, they are uninformative with respect to the ethnic affiliation of the individuals they describe, because the sequence seems likely to occur widely in both the populations we are concerned with” (op.cit.23).

Dette er en sannhet med visse modifikasjoner. Dersom sekvensene mot formodning virkelig skulle være genuine kan de nemlig være svært informative med henblikk på den etniske tilhørigheten til individene i fokus. Minst to alternative tolkninger har da potensial for å bli trukket ut fra dataene:

- 1) Den opprinnelige hypotesen om to separate befolkningsgrupper er feil. Dette er selvsagt forutsatt at det dreier seg om befolkningsgrupper som skulle latt seg identifisere genetisk. Det kan virke som hypotesen som her skulle testes ikke blir betraktet som det den er, nemlig en hypotese. Vi kan altså her ha et tilfelle hvor en arkeologisk hypotese blir

mistolket som en vitenskapelig ”sannhet”, eventuelt at hypotesen over tid har gjennomgått en transformasjon og blitt til en vitenskapelig sannhet som i dag eksisterer i forkledning av en hypotese.

- 2) Dersom det har eksistert to separate befolkningsgrupper, har forholdet mellom dem vært av en slik art at gruppene ikke lar seg identifisere og skille ut fra genetiske analyser av mtDNA’s hypervariable region 1.

Dette er to plausible forklaringer som begge kan være gyldige dersom sekvensene virkelig skulle vært genuine. For å vurdere sannsynlighetsgraden til hver av dem vil det imidlertid være nødvendig å gå inn i den arkeologiske kontekst og studere det tilgjengelige arkeologiske materialet i sin helhet. Det er ikke holdbart å begrense seg til genetiske undersøkelser for å teste en arkeologisk hypotese av denne art. Et annet problem er at analysen kun er foretatt på mtDNA, med den konsekvens at patrilineære slektslinjer ikke kommer til uttrykk. Dette må betraktes å være en vesentlig svakhet med henblikk på undersøkelsens formål.

Det virker som om hypotesen om to separate befolkningsgrupper er tatt for å være vitenskapelige fakta som en har satt seg som mål å føre ”harde bevis for”. Når disse ”harde bevisene” ikke er med på å bekrefte hypotesen som var utgangspunkt for undersøkelsen, blir resultatene forkastet og forklart som resultat av forurensing, uten noen nærmere diskusjon. Det arbeid som kommer til uttrykk i disse artiklene viser hvor viktig det er at arkeologer og genetikere samarbeider i situasjoner hvor det skal utledes antagelser og slutninger om forhistoriske samfunn, på grunnlag av genetiske analyser. Genetiske data blir nemlig gjerne oppfattet som udiskutable, ”harde” og ”endelige bevis”, noe som er en av hovedårsakene til at betydningen av å være seg bevisst det faktum at ingen forskning foregår i sosiale og/eller politiske vakuum, er understreket flere ganger.

“If there is a broad consensus that archaeologists and anthropologists are also inevitably politically- situated people producing historically-specific interpretations, then one corollary is that archaeologists also have a moral and political responsibility for those interpretations. We are morally-situated agents, not the producers of pristine truths, or untainted and politically-pure (or apolitical) discourses” (Pluciennik 1996:53).

I rettssaker kan resultater fra DNA analyser være nok til domfellelse eller frikjennelse. I en humanistisk, teoretisk sammenheng kan resultater fra DNA analyser (dersom de oppfattes og presenteres som ”endelige bevis”) resultere i at diskusjoner legges døde. For å motarbeide dette kreves både innspill fra humaniora og økt grad av teoretisk bevissthet fra

molekylærbiologenes side. Det er nemlig vesentlig forskjell mellom de naturvitenskapelige fakta som ligger til grunn for genetiske analyser, og hypotetiske argumenter av humanistisk karakter som ligger til grunn for arkeologers antagelser om ulike typer sosiale relasjoner i forhistorien. Dette er spesielt viktig å huske på i situasjoner hvor genetiske data skal kombineres med arkeologiske data, og disse igjen skal inngå i en syntese med hypotetiske argumenter av humanistisk karakter i forsøk på å belyse nye sider av forhistoriske samfunn. Dette er problemstillinger som vil bli tatt nærmere opp i kapittel 4.2.3.

Det må betraktes som en svakhet at det ikke i noen av artiklene som omhandler forsøk på etnisitetsbestemmelse via DNA analyse (Nielsen, Engberg & Thuesen 1994, Ovchinnikov mfl.1999, Richards mfl. 1993 og Sokal mfl. 1993), blir gjort rede for den etnisitetsforståelse som legges til grunn for analysearbeidet. I hvilken grad det i det hele tatt er mulig å påvise forhistoriske individers etniske tilknytning via analyse av levningenes DNA, er et spørsmål som heller ikke blir tatt opp til vurdering i noen av artiklene. Dette er bemerkelsesverdig i og med at det er en helt fundamental problemstilling som alt det øvrige avhenger av. For å utdype hvorfor dette er problematisk, vil det være nødvendig å si noe om etnisitetsbegrepet's historie og hvordan begrepet hovedsakelig har blitt forstått innenfor vestlig sosialantropologi og arkeologi siden det kom på banen første gang. Dette er viktig ut i fra to årsaker:

- 1) At en er oppmerksom på det reduserer risikoen for å projisere nyere, sosialt konstruerte identiteter bakover i tid til forhistoriske perioder.
- 2) Det er viktig at arkeologer og genetikere bruker samme begrepsinnhold, og dermed snakker om samme ting når etnisitet er en del av temaet. På denne måten vil en redusere risikoen for opphetede akademiske diskusjoner, forårsaket av det faktum at etnisitetsbegrepet er ilagt forskjellig meningsinnhold av de ulike parter.

Hensikten her er ikke å gi en dyptgående redegjørelse for selve etnisitetsbegrepet og hvordan en forstår etniske grupper i dag. Målet er å vise at etnisitetsbegrepet er en sosial konstruksjon som oppstod i nyere tid, og som kontinuerlig har vært under bearbeiding og endring. Det er også en viss forskjell mellom det å arbeide med nåværende etniske grupper, og det å arbeide med mulige forhistoriske etniske grupper og etnisitetsproblematikk i forhistorien. Til et visst punkt må nemlig de forhistoriske etniske gruppene en arbeider med innenfor arkeologien anses for å være arkeologiske arbeidsredskaper og resultater av moderne konstruksjoner.

4.2.1 Etnisitet

Forståelsen av etnisitet kan føres tilbake til Max Weber's sosiologiske arbeid "Economy and society" fra 1922 (Jenkins 1997:9). I følge Weber er en etnisk gruppe basert på troen om felles opprinnelse. Denne troen er en konsekvens av politisk handling, og ikke den politiske handlingens årsak. Antagelsen om å høre sammen er en konsekvens av å handle sammen. Ethvert felles kulturtrekk kan her fungere som basis og ressurs for etnisk samhörighet.

Etnisitetsbegrepet ble utviklet videre, blant annet av sosiologen Everett Hughes som i 1948 skrev "On work, race and the sociological imagination". Hughes avviste Weber's forståelse av etnisitet basert på "karakteristiske kulturelle trekk". I følge Hughes var etniske kulturelle forskjeller en funksjon av "group-ness", der eksistensen av en gruppe ikke er en refleksjon av kulturelle forskjeller. Minst to grupper må være involvert, og begge to må anerkjenne hverandre som separate grupper. Det lar seg ikke gjøre å studere en gruppe uten samtidig å studere den andre.

Innenfor arkeologi og antropologi kom etnisitetsbegrepet relativt sent i bruk sammenlignet med sosiologi. I 1975 ble det gjort en gjennomgang av 13 ledende lærebøker innen antropologi utgitt mellom 1916 og 1971, uten at det ble funnet noen indeks oppføring for "etnisk" eller "etnisk gruppe". Dersom begrepet overhodet forekom i disse bøkene, var det uten definisjon eller at det ble ilagt stor nok betydning til å bli gitt plass i indeksen (sitert i Olsen & Kobylinski 1991:6). Innen amerikansk antropologi var det faktum at etnisitetsbegrepet begynte å bli tatt i bruk, en del av et langsiktig og gradvis skifte av analytisk rammeverk fra "rase" til "kultur" til "etnisitet", og det kan også tolkes som en endring i konseptualiseringen av en av de grunnleggende enhetene i antropologisk analyse, fra "stammen" til "den etniske gruppe" (Jenkins 1997:11). De underliggende antagelsene når det gjaldt studiet av "de andre" endret seg imidlertid ikke umiddelbart, selv om en tok i bruk etnisitetsbegrepet i stedet for stammebegrepet. Det var en strukturfunksjonalistisk forståelse av den sosiale verden som var rådende innenfor antropologien på 1960-tallet. Den sosiale verden ble her betraktet som et system av mer eller mindre uproblematisk faste samfunn, eller sosiale grupper, som eksisterte som "sosiale fakta" og som følgelig kunne behandles og forstås som ting. Etniske grupper ble her betraktet som svært statiske enheter.

De siste tyve til tretti år er det to teoretiske tilnæringsmåter til etnisitetsbegrepet som har dominert litteraturen innen feltet. Disse betegnes henholdsvis som "the primordial

perspective” og ”the instrumentalist perspective” (Jones 1997:65). Sistnevnte perspektiv, gjennom arbeidene til Fredrik Barth (1969) og Abner Cohen (1974), dominerte i stor grad vestlig etnisitetsforskning på 1970 og 1980 tallet (Jones 1997:75). Det er flere likhetstrekk mellom disse to arbeidene.

“They both focus on the organizational features of ethnicity, and ethnicity is regarded as constituting the shared beliefs and practices that provide a group with the boundary maintenance and organizational dimensions necessary to maintain, and compete for, socio-economic resources. They can both then be defined as instrumentalists” (Jones 1997:74).

Men det er Fredrik Barth som har blitt stående som den som introduserte det nye perspektivet, med den konsekvens at introduksjonskapittelet til boken ”Ethnic groups and boundaries” fra 1969 har blitt den store gjenganger i litteraturreferansene til forskere som har behandlet temaet siden. I sin forståelse av etnisitetsbegrepet la Barth mer vekt på sosiale prosesser, presenterte en mer dynamisk tilnæringsmåte, og kan sees som representant for et aktørorientert perspektiv på samfunn og sosiale prosesser (Olsen 1997:160).

Det kan skisseres 5 karakteristiske trekk ved Barths’ etnisitetsmodell:

- 1) Analysen starter ut fra de sosiale aktørenes definisjon.
- 2) Fokus er på vedlikeholdet av etniske grenser: den strukturerte interaksjonen mellom ”oss” og ”dem” som finner sted på tvers av grensene.
- 3) Etnisk identitet avhenger av tilskrivelse, både av medlemmene av den etniske gruppe og av utenforstående.
- 4) Etnisitet er ikke fast; det er situasjonelt definert.
- 5) Økologiske spørsmål har spesiell innflytelse når det gjelder å avgjøre/bestemme etnisk identitet, i like stor grad som konkurranse over økonomiske nisjer spiller en viktig rolle i utviklingen av etnisitet (Jenkins 1997:18ff).

Forskning på 1970 og 1980 tallet har også i betydelig grad vektlagt de flytende og situasjonsbetingete sider både ved individuell- og gruppeidentitet. Dette er dimensjoner ved etnisitet som ble neglisjert av Barth, som betraktet etniske kategorier som altomfattende og relativt faste, til tross for bevegelsen av individer over grensene (Jones 1997:75).

Barth’s tilnæringsmåte oppmuntret imidlertid en bevegelse bort fra visse deterministiske tendenser, samtidig som vektlegging på sosial konstruksjon av etniske kategorier hindret en inntrenging av biologisk baserte rasekonsepter i sosiale analyser (Jenkins 1997:21). En

etnisitetsforståelse basert på et mer biologisk grunnlag, er nemlig et av hovedtrekkene ved "the primordial perspective", som er betegnelsen på den andre tilnæringsmåten til etnisitetsbegrepet som har dominert litteratur innen feltet de siste tjue til tretti år.

Begrepet "primordial attachments" ble utviklet i siste halvdel av 1950-tallet for å beskrive de spesielle relasjonsmessige egenskapene som er nedlagt i slektskapsbånd (Jones 1997:65). På slutten av 1970-tallet ble det innen et overhengende sosiobiologisk rammeverk argumentert for at både rase og etnisitet representerer en forlenget, eller redusert form for valg av slektskap. Ut i fra det, blir det argumentert for at etnisitet har et biologisk fundament, ikke fordi "...we have a gene for ethnocentrism, or for recognising kin; rather... that those societies that institutionalised forms of nepotism and ethnocentrism had a strong selective advantage over those that did not (assuming that any such ever existed), because kin selection has been the basic blueprint for animal sociality" (Van den Berghe 1978:403ff). Denne sosiobiologiske forståelsen av etniske grupper er blitt kritisert på flere grunnlag (se for eksempel Jones 1997:67f), og har aldri oppnådd samme grad av aksept i majoriteten av det arkeologiske og antropologiske fagmiljø som den instrumentalistiske tilnæringsmåten, som Barth har blitt stående som den fremste representant for.

De senere år er det skjedd en endring i bruken av etnisitetsbegrepet, i og med at begrepet i stor grad også er benyttet på ulike typer sosialt konstruerte grupper av mennesker i moderne vestlige samfunn. Således er begrepet ikke lenger bare en betegnelse som brukes på "de andre", (eller fremmedkulturelle som det heter i dag), men det er vist at begrepet i like stor grad er relevant som betegnelse på "oss" (det vil si ulike typer sosialt konstruerte grupper med utgangspunkt i "moderne" samfunn) (Hylland Eriksen 1992, Jenkins 1997).

Det vil ikke bli gått noe nærmere inn på moderne vestlig etnisitetsforståelse enn dette. Det som er viktig i denne sammenheng er å få frem at selve innholdet i etnisitetsbegrepet og forståelsen av hva en etnisk gruppe er, har vært i mer eller mindre kontinuerlig endring, samt gjenstand for debatt, helt siden begrepet for første gang ble konstruert og tatt i bruk. Det er derfor ytterst problematisk å gi seg i gang med å identifisere etnisk tilhørighet via genetiske analyser, spesielt dersom en ikke har tenkt igjennom hva en forstår med begrepet eller kjenner til alternative forståelser av begrepet opp gjennom tidene.

En faktor som ytterligere problematiserer muligheten for etnisk identifisering via genetiske analyser, er tilfeller hvor individer skifter etnisk tilhørighet (for eksempel ved giftemål). I

slike tilfeller kan det i samtiden være klare etniske grupper, men ingen genetiske skiller dem i mellom. Et eksempel på dette kan hentes fra de to Maasai stammene Samburu og Rendille. Disse to gruppene står materielt og kulturelt i sterk kontrast til hverandre. De har ulik økonomi (kveg kontra kameler), ulik sosial organisasjon og er av ulik språkgruppe. Til tross for denne forskjellen lever de likevel i et tett symbiotisk forhold, der ”overskuddet” av Rendille menn skifter identitet og blir Samburu, og Rendille kvinner giftes bort til Samburu. Uten dette ensidige etnisitetskiftet ville ingen av de sosiale systemene kunne opprettholdes (Spencer 1979:201ff). Muligheten for å kunne identifisere forhistoriske etniske grupperinger av denne typen via DNA analyse av forhistoriske levninger, må kunne sies å være svært begrenset.

Når alt dette er sagt, vil det også være nødvendig med synspunkter som kan indikere en mulighet for at det skulle kunne la seg gjøre å identifisere etniske grupper via analyser av individers DNA. Selv om mange av nåtidens etniske grupper er løse og fleksible, situasjonelt definert og sosialt konstruert, er det likevel mulig at det i løpet av forhistorien har eksistert svært lukkede etniske grupper der et foretrukket partnervalg over mange generasjoner har vært innad i gruppen, og eventuelle myter om felles biologisk opphav således kan sies å ha vært basert på et forholdsvis reelt grunnlag. Individer tilhørende slike grupper vil ha et markant tettere innbyrdes biologisk slektskap enn hva tilfellet vil være for individer som tilhører mer løse og fleksible grupper, som vil være disponert for større genetisk variasjon. En slik lukket etnisk gruppe vil, på grunn av tette biologiske bånd, i større grad være identifiserbar via genetiske analyser enn hva tilfellet vil være for mer løse og fleksible grupper. Muligheten for å estimere den etniske tilhørigheten til forhistoriske individer kan derfor ikke totalt avvises. Konstruksjon av slike eventuelle etniske grupper via genetiske analyser kan imidlertid kun skje indirekte, via rekonstruksjon av biologiske relasjoner mellom mennesker. Dette vil bli diskutert nærmere i kapittel 4.2.3.

Barth's modell hadde utgangspunkt i samtiden og bør ikke bli tatt for en universell og tidløs sannhet, men for det den er, nemlig en sosial teori som ubønhørlig vil bli modifisert og nyansert. Dette er viktig å huske på ved dialog med genetikere som forsøker å påvise forhistoriske etniske grupperinger via DNA analyse av menneskelige levninger. Ut fra dagens rådende etnisitetsforståelse med utgangspunkt i Barth, vil slike forsøk utvilsomt være svært problematiske. En kan imidlertid ikke utelukke muligheten for tilstedeværelse av forhistoriske etniske grupperinger av en slik art at de med en viss presentsannsynlighet kan påvises via genetiske analyser. Det bør imidlertid være en forutsetning at en har et visst kjennskap til

sosiale teorier innen arkeologi dersom en skal arbeide med slike problemstillinger, slik at arbeidet kan skje ut fra et relevant teoretisk utgangspunkt som det blir gjort rede for.

Gener er ikke determinerende for etnisk identitet, men det er et faktum at det i dag finnes gener som opptrer med svært varierende frekvens i bestemte etniske grupper i forhold til andre. Dette benytter en seg av innen rettsmedisin, og det er et viktig hjelpemiddel både når det gjelder blodoverføring og innen transplantasjonsmedisin (pers. med.: Martin Evison¹⁰). Det er imidlertid ikke påvist noen gener som eksklusivt finnes hos individer tilhørende bestemte etniske grupper og som er tilstedeværende hos alle individer som regnes for å tilhøre gruppen. Og videre:

“There is much greater variability within than between ethnic groups and even the small proportion of variation which inevitably occurs between populations does not cluster exclusively into one or another group” (Evison 1997:5).

Selv om det er mulig, med en viss prosentsannsynlighet, å genetisk estimere den etniske tilknytningen til nålevende eller nylig avdøde mennesker, møter en på helt andre og betraktelig større problemer når slik estimering skal utføres på levninger som er flere hundre, eller tusenvis av år gamle. Det kan ikke settes noe evigvarende en til en forhold mellom bestemte variasjoner på DNA-tråden og mennesker som sosialt definerer seg som gruppe. En vil her kun ende opp med å projisere historisk kjente grupper bakover i tid. Poenget jeg her forsøker å få frem kan vel kort sies å være at det i arkeologisk sammenheng vil være svært problematisk å analysere enkeltindivider for etnisk tilhørighet. Ved analyse av et større antall individer kan en muligens si noe om hvor nært biologisk knyttet individene har vært. Dette betyr imidlertid ikke at en umiddelbart kan identifisere hvilken form for sosial relasjon de har hatt seg i mellom. For å belyse problemstillinger tilknyttet denne type spørsmål, må analyseresultatene sees i relasjon til den øvrige arkeologiske konteksten. Det vil også være nødvendig å gjøre rom for alternative former for sosiale relasjoner som kan ha satt genetiske spor i materialet. Etniske grupperinger er nemlig langt fra eneste mulige sosialt konstruerte årsak til genetisk variasjon mellom mennesker.

4.2.2 Øvrige sosialt konstruerte grupper

Problemstillingen kompliseres nemlig ytterligere av muligheten for tilstedeværelse av sosialt

¹⁰ Martin Evison er ansatt ved Department of Forensic Pathology ved Universitetet i Sheffield, England.

konstruerte grupper av mennesker som ikke kan inneha betegnelsen ”etniske grupper”. Dette er grupperinger som kan ha eksistert både innad i og uavhengig av etniske grupper, og kan være betinget av for eksempel religion og/eller yrkesmessig utfoldelse. Det indiske kastesystemet er et eksempel der slike grupper har eksistert innen samme områder over lange perioder. Men å gi seg i kast med det indiske kastesystemet i denne forbindelse vil imidlertid være å begynne i feil ende. Det vil være mer hensiktsmessig å sette søkelys på sosialt konstruerte grupper av mye mindre målestokk. Et forskningsprosjekt fra Tyskland viser hvordan eksistens og sosial organisering av en slik gruppe er forsøkt belyst via genetiske analyser av menneskelige levninger (Bramanti & Hummel 1999). Utgangspunktet var byen Goslar, som på begynnelsen av 1000-tallet vokste til den største byen i Tyskland på grunn av metallurgi-industri i forbindelse med rike sølvforekomster. De som arbeidet innen dette fagfeltet ble svært viktige for byen, og fikk derfor innvilget visse privilegier. De bodde i et eget område, og på 1700-tallet fikk de sin egen kirkegård, hvor i følge dokumenter, ingen andre skulle begraves. I 1993 ble levningene av ca. 100 individer tatt opp under en utgravning av denne kirkegården. For å rekonstruere den biodemografiske situasjonen til innbyggerne i Goslar, var et interesseområde hvorvidt de som arbeidet i metallurgi-industrien kontinuerlig kom fra ulike regioner i Tyskland for å arbeide der, eller om de var etterkommere av noen få familier som overførte sin kunnskap fra generasjon til generasjon. Det ble utført en genetisk fingeravtrykk analyse (se kapittel 5.3.2 for utdypende forklaring) på DNA hentet fra levningene til 93 individer. De genetiske fingeravtrykkene en fikk frem ble undersøkt ved bruk av en statistisk tilnæringsmåte brukt innen populasjonsgenetikk (noe nærmere ble ikke angitt). For å svare på de biodemografiske spørsmålene ble de sammenlignet med en moderne kontrollgruppe bestående av nålevende ikke-beslektede tyskere. Tanken bak denne fremgangsmåten var hypotesen om at en gruppe som er genetisk tett forbundet vil være forskjellig fra kontrollgruppen som ikke har kjente tette genetiske bånd. Tilstrekkelige mengder bevart DNA ble funnet hos 30% av de undersøkte individene. Det ble påvist en signifikant genetisk forskjell mellom de undersøkte individene som gruppe, og kontrollgruppen. Statistiske tester viste at denne forskjellen ikke kunne forklares med de ca. 12 generasjonene som skilte de to gruppene, men mest sannsynlig måtte forklares med et sterkt biologisk slektskap innen Goslar-gruppen på det tidspunktet. Dette ble tolket som at det foretrukne ekteskapsvalg over flere generasjoner var innad i metallurgimiljøet. Hypotesen om at metallurgisk arbeid var en familietradisjon i Goslar, var en plausibel forklaring for de biologiske dataene som ble avdekket.

Det vil trolig aldri bli mulig, på genetisk grunnlag, å fastslå med 100% sikkerhet at

forhistoriske individer tilhørte bestemte sosialt konstruerte grupper, noe som heller ikke er mulig via tradisjonelle arkeologiske metoder. Men genetiske analyser tilbyr en ny innfallsvinkel å diskutere dette ut fra. I de tilfeller hvor problemstillinger rundt etniske grupper skal forsøkes belyst, er det imidlertid en forutsetning at det blir gjort rede for den etnisitetsforståelse som ligger til grunn for analysearbeidet. Dette vil redusere risikoen for at en snakker forbi hverandre fordi en har tillagt etnisitetsbegrepet ulikt meningsinnhold. Et annet spørsmål er i hvilken grad det er interessant å forsøke å konstruere forhistoriske etniske grupperinger via genetiske analyser, eventuelt projisere nåværende etniske grupperinger bakover i tid. Hvilket formål skal slikt arbeid tjene?

En annen faktor som må avklares i denne forbindelsen er forholdet mellom naturvitenskapelige fakta og hypotetiske argumenter av humanistisk karakter, eller sagt med andre ord; forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner, samt slike relasjoners videre forhold til omkringliggende sosiale miljø. La oss derfor se litt nærmere på disse problemstillingene.

4.2.3 Forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner, samt slike relasjoners forhold til omkringliggende sosiale miljø.

Innen arkeologisk forskning er det materiell kultur som er direkte fokus for store deler av studiene. Men i dag er det ikke materiell kultur i seg selv som er av primær interesse for mange arkeologer. Siden 1960-tallet har problemstillinger rundt hvordan materiell kultur indirekte kan bidra med informasjon om sosiale aspekter ved forhistoriske samfunn hatt en sentral posisjon innen vestlig arkeologi. En kan si at arkeologisk gjenstandsmateriale gjennomgår en transformasjonsprosess der de omdannes til objekter det blir tolket sosiale, økonomiske, religiøse og/eller politiske data ut fra. Gjenstandene har forlatt den verden de var ment og konstruert for, og har entret en ny verden der andre verdier og meninger blir ”lest” inn i dem. Hva sier f.eks. disse gjenstandene oss om samfunnets økonomi og ideologi? Kan den materielle kultur si oss noe om samfunnsstruktur og mellommenneskelige relasjoner? Slike, og lignende problemstillinger, er det som en i dag forsøker å belyse innen store deler av arkeologien. Dette er noe en bør være seg bevisst når en setter seg som mål å ”skrive historier” om sosiale relasjoner i forhistoriske samfunn, ut fra tolkninger av genetiske data.

Undersøkelsen hvor det ble forsøkt å etnisitetsbestemme menneskelige levninger på genetisk grunnlag (Richards mfl. 1993)¹¹, må tolkes slik at det er en struktur-funksjonalistisk tilnærming til etnisitetsbegrepet som kommer til uttrykk. Det blir her tatt utgangspunkt i to sosialt konstruerte grupper av mennesker, kjent fra skriftlige kilder. Disse gruppene forsøkes å etterspores genetisk, uten at det blir tatt hensyn til eventuelle andre sosialt konstruerte grupper som samtidig kan ha eksistert i området uten å være eksplisitt nevnt i det eksisterende, tilgjengelige skriftlige kildematerialet. Samtidig aksepteres stilltiende den antagelse at de to gruppene en forsøker å etterspore har vært separate grupper så mange generasjoner bakover i tid, selv fra perioden kort etter romerrikets fall, at det har gitt genetisk utslag i materialet. En slik tilnæringsmåte til etnisitetsbegrepet har sin klare parallell i den kulturhistoriske teoretiske retningen innen arkeologien, der det ble satt likhetstrekk mellom materiell kultur og sosialt konstruerte grupper av mennesker som ble betraktet som svært statiske og lukkede enheter, og uttrykker samtidig liten vektlegging på fortidens kompleksitet. I dette tilfellet blir det imidlertid ikke bare satt likhetstrekk mellom materiell kultur og sosialt konstruerte grupper av mennesker, men det samme blir også gjort mellom individenes DNA og sider ved deres sosiale og kulturelle identitet. Individider med bestemte nukleotidsekvenser

¹¹ Se kapittel 4.2.

ønskes å betegnes som britiske, mens individer med andre sekvenser ønskes å betegnes som innvandrere. I tillegg blir dette gjort uten noen diskusjon rundt forholdet mellom alternative former for sosiale relasjoner og de biologiske relasjoner som eventuelt vil bli avdekket via genetiske analyser.

Likedan er det problematisk når det som del av SIV-prosjektet (Svealand I Vendel- og Vikingatid) i Sverige blir gjort søk etter etniske markører i menneskelige levninger, og resultatene blir presentert som indikasjon på tilstedeværelse av ulike folkegrupper på et av båtgravfeltene som var mål for undersøkelsene (Götherström 1999:61). Maria Arvidsson, som er en av de som har utført DNA analyser av menneskelige levninger fra båtgravfeltet i Tuna, nøyer seg med følgende to setninger i sin omtale av det arbeidet som skal gjøres:

”För att undersöka det samiska inslaget på båtgravfältet skall molekylära analyser göras av en allel i genomet. Denna allel förekommer i Sverige endast hos den samiska befolkningen” (Arvidsson 1999:35).

Her blir det igjen satt likhet mellom fragmenter av individers DNA og deler av deres sosiale og kulturelle identitet, uten noen nærmere problematisering av temaet. I dette tilfellet er det de to sosialt konstruerte grupperingene ”svensker” og ”samer” som blir ført bakover i tid. Jeg må og stille meg skeptisk til påstanden om at den gjeldende allel ikke påtreffes hos noen individer som i dag, sosialt identifiserer seg som svenske, samtidig som jeg savner informasjon om hvor stor prosentandel av de som i dag sosialt identifiserer seg som samiske det er som har denne allelen. I tillegg må det stilles spørsmål til hvorvidt det vil være grunnlag for å føre disse prosentandelene over 1000 år bakover i tid.

Resultatene av disse undersøkelsene ble publisert i Anders Götherström sin doktoravhandling ved Universitetet i Stockholm våren 2001 (Götherström 2001). Da analyseresultatene av de aktuelle alleler ble sammenlignet med moderne svenske og samiske referanseprøver viste det seg at en allel (lokalisert til en markør med betegnelse DYS388 i Y-kromosomet) fra gravfeltet i Alsike, kun ble funnet i den samiske referanseprøven og ikke i den svenske. Den mest sannsynlige forklaring på dette blir her presentert å være at individet som var bærer av denne allelen hadde en eller annen form for nordlig skandinavisk genetisk bakgrunn, i det minste på farssiden. Til forskjell fra de tidligere refererte redegjørelsene for dette arbeidet, blir det nå nemlig gjort et viktig skille. Götherström presiserer nemlig forskjellen mellom **genetisk tilhørighet** og **kulturell tilhørighet** i sin avhandling. Dette er et viktig skille som det er riktig å foreta ved DNA analyse av humant arkeologisk materiale. Et slikt skille tillater

diskusjon av forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner, samtidig som det åpner opp for muligheten til å vurdere alternative sosiale/kulturelle gruppers innvirkning på de genetiske dataene. Under arbeid med denne avhandlingen har jeg kommet frem til at det vil være nødvendig å foreta en lignende oppdeling. Det vil bli gjort nærmere rede for denne oppdelingen i kapittel 4.3. Götherström vektlegger at resultatene ikke betyr at samiske personer ble gravlagt på gravfeltet i Alsike for over 1000 år siden. Det betyr simpelthen at det på et eller annet tidspunkt har forekommet en tilsiktet eller ikke tilsiktet seksuell reproduksjon mellom en av forfedrene til denne personen og en person med samme mannlige forfedre som dagens samer. Konklusjonen som trekkes er:

“For this to happen at all, some people from the northern parts must have had contact with the upper class Early Medieval society in central Svealand” (op.cit.26).

Når resultatene blir presentert i populærvitenskapelige media synes det imidlertid å ha skjedd en endring. I det svenske arkeologiske internettidsskriftet »Artefact» blir disse resultatene presentert på følgende måte:

”Götherström har hittad DNA som avslöjar att det till och med finns människor i gravarna som inte har samma etniska tillhörighet som resten av familjen. Klanerna har varit öppna nog att ta in folk som de tyckte sig ha nytta av” (Artefact nr. 4, 2001).

Her må ”journalisten” ha foretatt en svært selektiv lesning av Götherström sitt arbeid, slik jeg kan forstå det. Det er jo nettopp en slik konklusjon det blir understreket at det ikke er mulig å trekke ut fra resultatene. En annen faktor som også bør nevnes er at den gjeldende allelen (som betegnes som typisk samisk) også er påvist i en undersøkelse av tysk befolkning fra 1999 (Götherström 2001:26, Sasaki & Shiono 1999). En må være åpen for at fremtidige analyser vil frembringe resultater som ytterligere vil fremheve det komplekse forholdet mellom genetisk og kulturell tilhørighet.

Via analyser av DNA er det genetiske data og eventuelle videre genetiske relasjoner mellom mennesker som blir direkte belyst. Men for at disse data skal være av interesse for en moderne arkeologi, bør de i likhet med materiell kultur, gjennomgå en transformasjonsprosess slik at det blir mulig å tolke sosiale data ut fra dem. En må stille spørsmål om hvordan genetiske data og relasjonene som avdekkes dem i mellom, kan bidra med informasjon av sosial-, økonomisk-, og/eller politisk karakter i den aktuelle region og periode. Problemstillinger rundt forholdet mellom genetiske og sosiale relasjoner bør dermed ha en

sentral plass når det handler om bruk av DNA analyse av humant arkeologisk materiale. Dette kan begrunnes ut i fra det enkle faktum at genetiske relasjoner ikke er ensbetydende med sosiale relasjoner. I likhet med studier av fortidige/forhistoriske samfunnsforhold via analyser av materiell kultur, er genetiske analyser et arbeidsverktøy som har potensial til indirekte være med å belyse fortidige/forhistoriske samfunnsforhold.

For å eksemplifisere problemet kan vi ta utgangspunkt i en tenkt situasjon: Sett at genetiske analyser av menneskelige levninger fra en begrenset periode i et begrenset område indikerer tilstedeværelse av en gruppe individer med nære biologiske bånd. De gjeldende individer kan få arbeidsbetegnelse ”genetisk gruppe”. Spørsmålet som da må stilles er i hvilken grad det kan settes likhetstrekk mellom en slik konstruert genetisk gruppe og en fortidig/forhistorisk sosialt konstruert gruppe. Samtidig må en vurdere sannsynligheten for at en slik sosialt konstruert gruppe virkelig har eksistert og ikke kun er resultat av en moderne konstruksjon. Og ikke minst: Hvordan skal en kunne identifisere hvilken type sosialt konstruert gruppe (etnisk-, slekt-, yrke-, kaste-, eller sosial klasse) det eventuelt er snakk om? I denne forbindelse må en mulig samtidig eksistens av flere sosialt konstruerte grupper innenfor samme geografiske område, tas med i vurderingen. Dette kan være grupper som mer eller mindre innvevd i hverandre har fungert på ulike nivå. Spesielt når en arbeider med forhistorisk materiale vil slike problemstillinger være sentrale, og det vil være helt grunnleggende for arbeidets troverdighet at de blir diskutert. Skulle Richards mfl. under analysearbeidet ha påvist signifikante genetiske forskjeller i materialet ville det likevel vært feilaktig å forklare forskjellene med ulik etnisk tilhørighet, uten samtidig å diskutere tilstedeværelsen av andre sosialt konstruerte grupper og deres eventuelle innvirkning på resultatene.

Et forslag til løsning kan være at genetiske data, på samme måte som arkeologisk gjenstandsmateriale, må gjennomgå en transformasjon der de blir til sosiale data som sees i sammenheng med den hele arkeologiske kontekst. ”Harde” genetiske data, som viser biologiske relasjoner mennesker i mellom, blir dermed satt inn i en sosial sammenheng, og kan således være med å belyse sosiale relasjoner og samfunnsorganisering tilbake i tid. Dette blir gjort mulig, ikke minst ut i fra at en søker svar på andre spørsmål enn hvilken etnisk tilknytning individene som er mål for undersøkelsen har. Det er svært mange problemstillinger som vil være enklere og mer interessante å belyse via genetiske analyser enn spørsmålet om etnisk tilhørighet. Som konklusjon kan en si at problemstillinger relatert til etnisk tilhørighet ikke bør være det som en i første omgang gir seg i kast med når DNA

analyse av humant materiale skal utføres i arkeologisk sammenheng.

4.2.4 Jakten på kulturgener

Med sin kulturkretslære så kulturhistoriske arkeologer på gjenstander som om de var på reise gjennom verden, og bestemte gjenstandskombinasjoner ble assosiert med folkegrupper (Olsen 1997:138, Trigger 1996:124ff). Arkeologer inspirert av hermeneutikk og poststrukturalisme ser på materiell kultur som om den er på reise gjennom tiden, hvor den på samme måte som litterære tekster, kontinuerlig blir møtt av nye lesere som stadig ”leser” nye verdier og meninger inn i den (Olsen 1997:114). Innen genetik ser en i dag på gener som om de er på reise gjennom både tid og rom. Dette er i og for seg uproblematisk, og i større grad enn mange andre felt er det faktisk korrekt med tanke på hvordan DNA overføres mellom generasjonene. Det finnes gener og genkombinasjoner som opptrer med større frekvens i bestemte geografiske områder i forhold til andre, og som det dermed kan tegnes distribusjonskart over. Problemet oppstår når utvalgte genkombinasjoner nærmest blir likestilt med historisk kjente folkeslag som deretter projiseres bakover i tid, og variasjoner i sammensettingen av genkombinasjoner over geografiske områder blir forklart som resultat av folkevandringer. På samme måte som kulturhistoriske arkeologer fulgte ”vandringene” til potteskår og leirkar som nærmest ble ansett for å representere folkegrupper, har enkelte populasjonsgenetikere hatt en tendens til å gjøre det samme med genene og deres geografiske distribusjon. Teoriene til Albert J. Ammermann & Luigi L. Cavalli-Sforza er eksempler hvor dette er blitt gjort ut fra analyser av moderne blodprøver. Selv om disse teoriene ikke er utarbeidet på grunnlag av analyser av gammelt DNA, er det likevel nødvendig å omtale dem i denne forbindelse, da fellestemaet er genetik og arkeologi. I tillegg er det teorier som har fått til dels stor publisiteten i populærpressen, men som har visse iboende etiske betenkeligheter.

Ammermann & Cavalli-Sforza er hhv. arkeolog og genetiker. På begynnelsen av 1970-tallet benyttet de seg av enkelte utvalgte tilgjengelige ¹⁴C dateringer for å måle hvordan tidlig jordbrukslokaliteter spredte seg fra sørøst til nordvest i Europa over tid (Ammermann & Cavalli-Sforza 1971 & 1973). I følge målingene de benyttet seg av skjedde dette med en relativ konstant hastighet. De foreslo at det tilsynelatende mønsteret de hadde avdekket kunne fortolkes som demografisk diffusjon. Dette er den såkalte ”wave of advance” modellen, hvor tanken er at jorddyrkende befolkningsgrupper overtok stadig nye områder på bekostning av jeger/sankerne, som ble fortrent. Med utgangspunkt i innovasjonssentre der jordbruk oppstod, foregikk det i følge teorien en demografisk diffusjon av jordbrukere, som i en

saktegående prosess kontinuerlig la nytt land under seg.

De bakenforliggende tankene er at jordbrukets oppkomst ville resultere i økt tilgang på mat, noe som igjen ville føre til befolkningsvekst. Det blir her antatt at en jordbruksøkonomi vil ha større mulighet for jevn distribusjon av mat i løpet av året. Noe som igjen ville lindre den sesongmessige matmangelen, som her antas å ha vært en viktig dødsårsak, direkte og indirekte, i jeger/sanker kulturer. Nedgang i dødelighet i en befolkningsgruppe vil uavhengig av økning av fødselshyppighet, resultere i en demografisk ekspansjon av individer tilhørende denne befolkningsgruppen. Disse individene vil bringe med seg sin fordelaktige kultur, og således er "the wave of advance" i gang. Måten en ser for seg at dette har foregått på er en sakte, kontinuerlig ekspansjon der befolkningsoverskuddet resulterer i at det hele tiden blir opprettet nye jordbruksbosetninger i kort avstand fra hverandre (Ammermann & Cavalli-Sforza 1971:687).

I følge den demografiske diffusjonsmodellen vil en slik sluttet ekspansjon av jordbrukere (dersom den fant sted), resultere i markante endringer på genetisk nivå i den europeiske befolkning. Om den geografisk-genetiske distribusjon dette ville ha resultert i, sier de følgende:

"A further corollary of demic diffusion should be considered. The population wave of advance accompanying the spread of early farming has a high probability of being reflected in the genetic composition of the resulting populations. If the early farmers or 'neolithics' forced out or exterminated all the 'mesolithics' in an area, the genetic type after diffusion would be pure Neolithic" (Ammermann & Cavalli-Sforza 1973:353).

I 1984 ble boken "The Neolithic Transition and the Genetics of populations in Europe" utgitt (Ammermann & Cavalli-Sforza 1984). Her ble det presentert geografiske kart over fordelingen av utvalgte gener blant dagens europeiske befolkningsgrupper som ytterligere bevis for teoriens gyldighet. Om sine genkart over Europa sier de følgende:

"Once such maps were obtained, they showed an interesting relationship with patterns expected under the demic hypothesis for the spread of early farming in Europe. From the viewpoint of the geneticist, order began to emerge from what had been a chaotic and uninterpretable accumulation of genetic facts. The underlying patterns were apparently connected with major cultural developments in the past that had left a deep imprint on the genetic structure of populations, and the patterns persisted during the course of those populations subsequent histories" (op.cit.7ff).

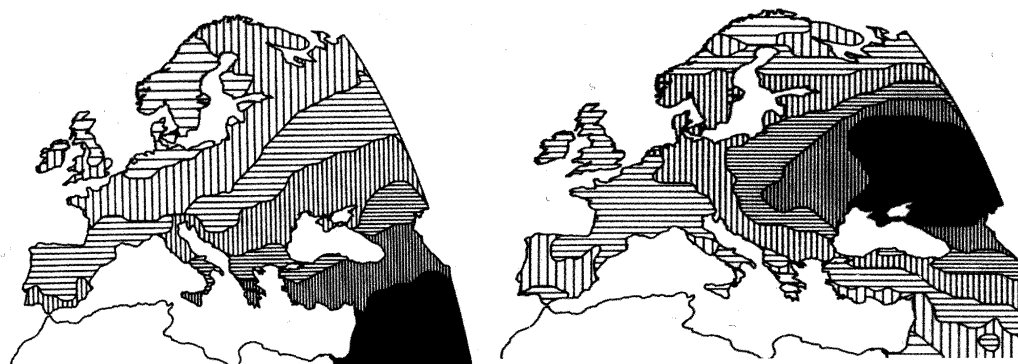


Fig. 5: Kart over genetisk variasjon i dagens Europa, tolket å gjenspeile forhistoriske folkevandringer.

Kartet til venstre (5a) er tolket som å gjenspeile demografisk diffusjon av jordbrukere ved overgangen Mesolitikum – Neolitikum. Kartet til høyre (5b) er tolket som å gjenspeile en folkevandring av nomader fra Volga-Don området mot vest og nordvest (etter Cavalli-Sforza mfl. 1993:641).

I 1994 ble boken ”The History and Geography of Human Genes” utgitt (Cavalli-Sforza mfl. 1994). Her blir det ut fra analyser av moderne blodprøver, tegnet historisk-geografiske kart over ulike genkombinasjoners spredning over verdens kontinenter. Genetisk variasjon blir deretter diskutert med referanser til etniske grupper, kontinent for kontinent.

Ammermann & Cavalli-Sforza’s demografiske diffusjonsmodell er kritisert på flere grunnlag, både av lingvister, antropologer, genetikere og arkeologer¹². Det vil her bli gitt en samlet oversikt over denne kritikken, samtidig som det vil bli rettet søkelys mot noen av de mer etisk betenkelige sidene ved teoriene, da dette så langt ikke har vært gjenstand for særlig grad av debatt.

En forutsetning for modellen er at den sosiale kontakt mellom jordbrukere og jeger/sankere var av en slik karakter at den ikke gav merkbare genetiske spor (det vil si at det foretrukne partnervalg mennesker i mellom, var innad i de to gruppene) (Ammermann & Cavalli-Sforza 1971:687). Dette forutsetter igjen, slik jeg ser det, at jordbrukere og jeger/sankere i samtiden gjensidig identifiserte hverandre som to ulike sosiale grupper. Det vil si at sosial identifisering i stor grad ble knyttet opp mot økologisk/økonomisk tilpasning, der skillet ble satt mellom jordbrukere og jeger/sankere. Et skille mellom ”oss” og ”dem”, av en slik karakter at det

¹² Det kan her være på sin plass å nevne at Ammermann & Cavalli-Sforza’s teorier ble sterkt kritisert og tilbakevist av nesten samtlige foredragsholdere i symposiet ‘Genetics in Archaeology’ på World Archaeology Congress i Cape Town, Sør-Afrika, januar 1999.

overskygget alle andre skiller og umuliggjorde partnervalg på tvers av gruppene. Muligheten for ulik økologisk/økonomisk tilpasning innen sosialt konstruerte grupper er ikke tilstede i denne modellen. Det vil si at en ser helt bort fra muligheten for at samme sosialt konstruerte gruppe kan ha inkludert både jorddyrkere og jeger/sankere, eventuelt individer som benyttet seg av begge tilpasningsmåter. Samtidig utelukkes muligheten for flyt av individer mellom gruppene, og bildet av svært statiske og lukkede sosialt organiserte grupper av mennesker begynner å ta form. En kan ikke utelukke at faktorer som vi i dag ikke kjenner til, kan ha hatt like stor eller større innflytelse på sosial identifisering, over den lange tidsepoken og det store geografiske området det her er snakk om.

Ammermann og Cavalli-Sforza setter som en videre forutsetning for dataenes gyldighet at det i begynnelsen var en tilstrekkelig klar genetisk forskjell mellom de neolittiske og mesolittiske befolkningene, og at denne forskjellen ikke er berørt av senere migrasjoner eller andre evolusjonsmessige årsaker (ibid). Hvorfor det i begynnelsen skulle være en markant genetisk forskjell mellom de mesolittiske grupper som først tok opp jordbruk og øvrige mesolittiske grupper, blir imidlertid ikke kommentert.

Forklaringen kan muligens finnes i en antagelse om at den kulturelle innovasjon, som overgangen til jordbruket var, hadde sin årsak i noe som betegnes som ”biologisk innovasjon”? Forholdet mellom biologisk og kulturell innovasjon blir nærmere utdypet i artikkelen ”Demic expansions and human evolution” (Cavalli-Sforza mfl. 1993). Her åpnes det med å si at geografiske ekspansjoner er forårsaket av vellykkede innovasjoner, biologiske eller kulturelle, som favoriserer lokal vekst og bevegelse (op.cit.639). Det blir deretter gjort rede for hvordan forhistorisk demografisk diffusjon lar seg gjenspeile ved genetiske analyser av nålevende mennesker over hele verden.

I samme leder i det arkeologiske tidsskriftet ”World Archaeology” som jeg har referert fra tidligere, står følgende å lese om den demografiske diffusjonsmodellen, slik den blir presentert i denne artikkelen:

”A global approach to the use of genetic (including molecular) data for understanding past patterns of human dispersals has been made by Cavalli-Sforza et al. (1993). They suggest that successful innovations, whether biological or cultural (min understrekning), lead to local population growth - and to outward movement of populations carrying those innovations with them. (It is claimed that these patterns of

outward migration can be traced by gradients of genetic frequencies, and Cavalli-Sforza et al. (1993: figs. 1-5) have produced a series of genetic maps... for the major continents, showing their 'genetic geography'. The resulting gene maps show one or (in some cases) more regions in which gradients map-outs as patterns of concentric rings focused on areas which could be the centres from which population dispersal happened in the past). The potential of such approaches for studying past human migrations is very exciting” (Thomas 1993:7ff).

Det er her med andre ord gjort å argumentere for en teori om at det innad i noen befolkningsgrupper, langt tilbake i tid har funnet sted bestemte vellykkede biologiske og/eller kulturelle innovasjoner, som igjen har ført til en ekspansjon av disse kulturelt og/eller biologisk innovative befolkningsgruppene på bekostning av mindre innovative befolkningsgrupper. Fra kulturkjernen hvor den vellykkede biologiske og/eller kulturelle innovasjonen fant sted, har så disse innovative folkeslag bredt seg utover som ringer i vannet. Dette skal være ettersporbart gjennom analyser av blodprøver fra nålevende mennesker. Av disse kan altså enkelte grupper (i følge teorien), føres tilbake til kulturelt og/eller biologisk innovative forhistoriske folkegrupper, da de er bærere av det som i følge teorien må kunne betegnes som ”kulturgener”. Betegnelsen ”kulturgener” er ikke hentet ut fra løse luften. I sin artikkel ”A population model for the diffusion of early farming in Europe”, fortelles det nemlig at betegnelsen ”wave of advance” er hentet fra artikkelen ”The wave of advance of advantageous genes” i tidsskriftet ”Annals of Eugenics” fra 1937 (Ammermann & Cavalli-Sforza 1973:347), en artikkel som også det også blir referert til i 1993 (Cavalli-Sforza mfl. 1993:645). Det vil her ikke bli gått noe nærmere inn på eugenikk og det misbruk av genetiske undersøkelser som hovedsakelig fant sted før 2. verdenskrig¹³, men det virker som om det er i disse tradisjonene at Ammermann & Cavalli-Sforza i stor grad har sine røtter. For å underbygge dette ytterligere vil jeg vise til boken ”The genetics of Human Populations” (Cavalli-Sforza & Bodmer 1971). I kapittel 12 ”Eugenics, Euphenics and Human Welfare” er det her et underkapittel med tittel ”Race and Society”. Her blir det referert til resultater fra en IQ test gitt til sorte grunnskoleelever i sørstatene i USA. Disse resultatene blir sammenlignet med noe som betegnes som ”...a 1960 based »normative« sample of the United States white population” (Cavalli-Sforza & Bodmer 1971:793f). Her kommer de blant annet frem til at den gjennomsnittlige forskjellen i IQ mellom sorte og hvite er 21.1%, og at 95.5% av de sorte har IQ som ligger under gjennomsnittet til den hvite befolkningen i USA (op.cit.794).

¹³ For mer om dette anbefales bøkene *The Science and Politics of Racial Research* av William H. Tucker fra 1994, og *The Mismeasure of man* av Stephen Jay Gould fra 1981.

Her er det flere alvorlige svakheter, som det kun kort vil bli grepet fatt i: (1) Det blir ikke gjort rede for når den såkalte IQ testen på de sorte skolebarna ble utført (om det var i 1960 eller 1860). (2) Resultatene av en test utført på sorte barn i grunnskolen i sørstatene i USA, et samfunn som på den tiden fortsatt praktiserte apartheid, blir uten betenkning sammenlignet med resultater fra den gjennomsnittlige hvite befolkningen i hele USA. (3) Skolebarnas resultater presenteres som gjeldende for sorte amerikanere generelt.

Dette var en liten avstikker fra hovedtemaet i kapittelet, men jeg følte likevel det var nødvendig for å gi et innblikk i den bakgrunn disse forskerne har, og den tradisjon de representerer.

Ammermann & Cavalli-Sforza's arbeider har som sagt, blitt møtt av kritikk fra en rekke ulike faggrupper. Fra antropologisk side er det påvist en rekke svakheter ut fra en heller lemfeldig omgang med etnisitetsbegrepet, samt den iver etter å slå sammen ulike folkegrupper som kommer til uttrykk i deres bok "The History and Geography of Human Genes" fra 1994 (Moore 1995, Williams 1998). I tillegg til den kritikk som kommer frem i disse artiklene kan det og nevnes at i sin oversikt over de 49 afrikanske befolkningsgruppene som er blitt undersøkt på det afrikanske kontinent, blir to grupper ved navn Fulani og Peul listet opp (Cavalli-Sforza mfl. 1994: Fig. 3.5.1, Fig. 3.5.3 og appendix III). Dette er bemerkelsesverdig i og med at forskjellen kun ligger i at Fulani og Peul er henholdsvis engelsk og fransk betegnelse på samme folkegruppe (pers. med.: MacEachern 1998). I tillegg vitner det om en noe overfladisk kjennskap til de ulike folkegruppene som ligger til grunn for undersøkelsen.

Den kanskje mest markante arkeologiske kritikken har kommet fra en gruppe arkeologer som argumenterer for at det arkeologiske materialet fra Vest- og Nord-Europa heller indikerer en situasjon hvor lokale jeger/sankergrupper selv tok opp jordbruk, etter å ha lært teknikken av jorddyrkende nabogrupper (Zvelebil & Zvelebil 1988). Denne modellen vektlegger menneskers evne til omstilling og står i sterk kontrast til den demografiske diffusjonsmodellen med sin forestilling om biologisk og/eller kulturelt overlegne folkegrupper, som fra innovasjonssentrene sprer seg utover som ringer i vannet. En svakhet ved debatten kan være at de to leirene henter sine arkeologiske eksempler fra ulike regioner av Europa. Mens Zvelebil & Zvelebil refererer til arkeologisk materiale fra Vest- og Nord-Europa, støtter Ammermann & Cavalli-Sforza seg i stor grad på materiale fra Sør-Europa. Dette er imidlertid en indikasjon i seg selv på at én neolittiseringsmodell ikke kan betraktes å være gyldig for hele regionen.

Arkeologiske undersøkelser indikerer utvilsomt at neolittiseringsprosessen er mye mer komplisert og variert enn hva Ammermann & Cavalli-Sforza gir uttrykk for. De opprinnelige kartene deres over ¹⁴C dateringer fra tidlig jordbrukslokaliteter er også åpne for kritikk med hensyn til hva som ble datert (Zvelebil 1986). Nyere data bekrefter ikke en konstant hastighet på spredningen, men leder isteden oppmerksomheten hen mot variasjoner i tempoet til spredningen av forskjellige neolittiske karaktertrekk i det vestlige middelhavsområdet, samt at spredningen i sentraleuropa har foregått hurtigere enn antatt (selv om nye dateringer anslår at denne LBK spredningen også var av varierende hastighet, spesielt i de marginale områdene (Pluciennik 1996:36).

Den demografiske diffusjonsmodellen mislykkes i å forklare ulik hastighet i oppkomsten av neolittiske karaktertrekk, samt det åpenbare tidsintervall som er til stede før nye ressurser og jordbruk ble dominerende i ”neolittiske” økonomier. Disse to faktorene burde begge vært tilnærmet null under den demografiske diffusjonsmodellen. Det ville under denne modellen vært naturlig å forvente at de ekspanderende jordbrukerne flyttet til nye områder medbringende hele ”jordbrukspakken”. I tillegg er den demografiske diffusjonsmodellen anti-historisk da den i svært liten grad tar hensyn til tidsperspektivet. En forutsetning for denne modellen er som nevnt at samtlige øvrige demografiske endringer som har funnet sted i Europa (både før og etter overgangen til jordbruket), har vært av mindre betydelig karakter enn den eventuelle sluttede ekspansjon av en jorddyrkende befolkning.

Modellen er også tilsynelatende knyttet opp mot tankegangen til den tyske arkeologen Gustav Kossina, som i ettertid har blitt fremhevet som den fremste representant for den kulturhistoriske teoretiske retningen. Bruce Trigger skriver i sin bok ”Arkeologiens idéhistorie” bl.a. følgende om Gustav Kossina og den kulturhistoriske metode:

”Likeså godkjente han Klemms oppdeling i Kulturvolker, eller kulturelt skapende folk, og Naturvolker, eller kulturelt passive folk. For Kossina ble dette en distinksjon mellom indoeuropeere, med germanerne i spissen, og alle andre folkeslag..... Fordi høyerestående kulturer var en følge av biologisk overlegenhet, kunne disse bare spre seg fra ett område til et annet ved folkevandringer, ikke ved diffusjon” (Trigger 1996:126).

Her ser vi igjen en antagelse om ”biologisk overlegenhet”, som muligens er ment å være forårsaket av ”biologiske innovasjoner”, med henvisning til Ammermann & Cavalli-Sforza.

Det er også blitt argumentert mot Ammermann & Cavalli-Sforza sin demografiske diffusjonsmodell fra genetisk side (Richards mfl. 1996). Med utgangspunkt i de tre hovedteoriene for introduksjon og spredning av jordbruk i Europa (demografisk diffusjon, kulturell diffusjon og pionerkolonisering), ønsket en å undersøke hvilken (om noen), av disse modellene som best er i stand til å forklare dagens distribusjon av mtDNA slektsgrupper i Europa. Ved undersøkelse av variasjoner i mtDNA's hypervariable kontrollregion hos 821 individer fra Europa og Midtøsten ble det skilt ut 5 større slektsgrupper med ulikt internt mangfold og separasjonstidspunkt. Disse gruppenes mangfold og geografiske spredning innen Europa og Midtøsten ledet til den konklusjon at forfedrene til majoriteten av slektsgruppene gjorde sitt inntog i Europa allerede tidlig i paleolitikum. Et sett slektsgrupper med utgangspunkt i Midtøsten, gjorde sitt inntog i Europa ved et mye senere tidspunkt. I motsetning til Ammermann & Cavalli-Sforza's resultater ble det i denne undersøkelsen ikke funnet bevis for tilstedeværelse av noe tydelig nordvest - sørøst stigningsforhold i materialet, hvilket indikerer at neolittiseringsprosessen var mye mer komplisert enn hva som blir tatt rom for under den demografiske diffusjonsmodellen. Resultatene støtter mer opp under teorien om pionerkolonisering.

Hvordan kan uoverensstemmelsen mellom resultatene i denne undersøkelsen og resultatene som fremhever den demografiske diffusjonsmodellen forklares, når begge baserer seg på genetiske bevis? En forklaring kan ligge i de ulike utregningsmetoder for molekylære klokker som er benyttet. En datasimulering som tok for seg alternative hypoteser for hvordan Europa ble befolket, indikerte nemlig at det var lite som skilte de resultatene en ville få ut fra en ekspansjon fra Midtøsten til et Europa spredt befolket av jeger/sankere som ble absorbert og/eller fortrent, sammenlignet med en ekspansjon til et tidligere ubebodd Europa (Barbujani mfl. 1995). Det kan derfor være teoretisk mulig at de resultatene Ammermann & Cavalli-Sforza kom frem til ikke er forårsaket av demografisk diffusjon av en innvandrende jordbruksbefolkning, men heller kan forklares ut fra en tidlig paleolittisk kolonisering av forfedrene til store deler av dagens europeiske befolkning. Grunnen til at dette er tolket som å være forårsaket av demografisk diffusjon av innvandrende jordbrukere, kan således skyldes feil under beregning av molekylære klokker.

4.3 Et behov for nye begreper

Ut fra de eksempler og problemstillinger som er kommet til uttrykk i dette kapittelet har jeg kommet frem til en del slutninger som kan fungere som en plattform for videre arbeid:

* Etniske grupper er sosiale konstruksjoner, og varierer med tid og sted.

* Begrepet ”etnisk gruppe” er og en sosial konstruksjon som varierer med tid og sted. En kan ikke ta for gitt at etniske grupper alltid har eksistert. Betegnelsen ”etnisk gruppe” er trolig ikke den mest operative på mange typer sosialt konstruerte grupper.

En aksept av disse faktorer bør resultere i en forståelse for at det vil være uhyre problematisk å benytte seg av etnisitetsbegrepet i forbindelse med DNA analyser av humant arkeologisk materiale. Flere arkeologer har kritisert bruken av etnisitetsbegrepet innenfor arkeologien, og stilt spørsmålsteget ved hvilken grad begrepet er et relevant analytisk verktøy. Blant annet sier Bruce Trigger følgende:

”Much as ethnicity has fascinated culture-historical archaeologists for over a century, and central as it has been to archaeology's relation with its public and with politicians, it is doubtful that this is a concept that archaeology can or should address, except with respect to times and places for which significant amounts of historical and linguistic data are available” (Trigger 1994:103).

Også jeg vil foreløpig avvise bruk av etnisitetsbegrepet i forbindelse med DNA analyser av humant arkeologisk materiale.

* Årsaken til uenigheten mellom noen arkeologer og en del genetikere angående muligheten til å kunne identifisere etniske grupper i forhistorien på genetisk grunnlag, kan i stor grad skyldes ulike teoretiske utgangspunkt med forskjellig oppfattelse av hva etnisitetsbegrepet innebærer.

* Det kan ikke settes noe evigvarende en til en forhold mellom bestemte variasjoner på DNA tråden og mennesker som sosialt definerer seg som gruppe.

* Genetiske relasjoner er ikke det samme som sosiale relasjoner.

Skal en via DNA analyser av humant arkeologisk materiale forsøke å identifisere forhistoriske grupper av mennesker bør betegnelsene ”etnisitet” og ”etnisk gruppe” forkastes som relevant analytisk arbeidsverktøy. Det vil dermed være nødvendig å finne andre, mer relevante analytiske arbeidsverktøy en kan benytte seg av. Og spørsmålet må stilles om hvilke

andre betegnelser det er som kan inneha en slik funksjon? Via analyser av DNA er det genetiske relasjoner som avdekkes. Disse relasjonene kan imidlertid ikke settes i et rent en til en forhold med sosiale relasjoner. Ut fra det vil jeg foreslå begrepene ”genetisk gruppe” og ”sosial konstruert gruppe” som relevante analytiske arbeidsverktøy å ta utgangspunkt i. Hvilken betydning bør så legges i disse to begrepene?

Den genetiske gruppe: Dette er en gruppe som kan settes sammen ut i fra det genetiske forholdet mellom de undersøkte individer. Den genetiske gruppe kan, og vil nødvendigvis ofte variere fra den sosialt konstruerte gruppe, da det her ikke blir tatt hensyn til sosiale normer (skikk og bruk / vaner o.l.) som har, eller kan ha eksistert, og som har endret seg over tid. Ideelt sett kan en her konstruere ”slektstrær” mellom barn og deres biologiske foreldre over flere generasjoner. Ved DNA analyser av humant arkeologisk materiale vil en ha mulighet til å belyse enkeltindividers genetiske bakgrunn. Den genetiske bakgrunn må ikke forveksles med kulturell bakgrunn.

Den sosialt konstruerte gruppe: En sosialt konstruert gruppe kan innta mange former og inneha ulike funksjoner. Slektsgupper, mer eller mindre lukkede yrkesgrupper, sosiale klasser, etniske grupper samt nasjoner kan være eksempler på sosialt konstruerte grupper av mennesker av ulik størrelse og med ulik funksjon. Det vil være svært varierende muligheter til å identifisere og rekonstruere sosialt konstruerte grupper av mennesker via genetiske analyser, blant annet fordi det ikke kan settes noe en til en forhold mellom genetiske grupper og sosialt konstruerte grupper. Samtidig kompliseres problemene ytterligere av muligheten for samtidig tilstedeværelse av flere ulike typer sosialt konstruerte grupper, der enkeltindivider kan ha vært knyttet til flere grupper samtidig. Hvordan en skal kunne sannsynliggjøre rekonstruksjoner av reelle sosialt konstruerte grupper av mennesker via genetiske analyser vil være et altoverskyggende spørsmål i denne forbindelse.

Når etnisitetsbegrepet er forkastet, og det er etablert to alternative analytiske arbeidsverktøy til bruk i denne sammenheng, er tiden kommet for å se nærmere på hvilken informasjon som er reell mulig å hente ut via analyser av gammelt DNA.

4.4 Oppsummering

Det har i dette kapitlet blitt fokusert på arkeologisk relevante problemstillinger som det synes problematisk å belyse via analyser av humant DNA. Eksempler på dette er forsøk på

identifikasjon av fysiske og kognitive trekk ved forhistoriske individer, og forsøk på å finne genetiske markører som kan identifisere forhistoriske sosialt konstruerte grupper av mennesker. I tillegg er det også gitt eksempler på flere arbeider som ut fra DNA analyser av moderne blodprøver har kommet med relativt vidtrekkende hypoteser om forhistoriske samfunn. Forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner har stått sentralt i dette kapitlet. Det har vært viktig å få frem at de genetiske relasjoner som eventuelt vil bli avdekket ved DNA analyser av humant arkeologisk materiale, ikke er ensbetydende med sosiale relasjoner. Ut i fra dette er det vist at det ved DNA analyser av humant arkeologisk materiale kan være hensiktsmessig å gjøre et skille mellom **genetiske grupper** og **sosialt konstruerte grupper**. Skillet er spesielt viktig ved arbeid som inkluderer forsøk på molekylær plassering av individer innen større sosialt konstruerte grupper av mennesker.

5 MULIGHETER VED METODEN

Analyser av DNA er i stand til å yte informasjon av arkeologisk relevans på flere nivåer. Metoden kan benyttes både ved undersøkelse av enkeltlokaliteter, og ved tilgang på større mengder data også for å utlede mer vidtrekkende hypoteser om forhistoriske perioder. Til nå har imidlertid svært vidtrekkende hypoteser blitt utledet fra minimale mengder med data. Dette gjelder både konklusjonen om at koloniseringen av det amerikanske kontinent involverte minst tre matrilineære ættelinjer, og konklusjonen om at neandertalerne forsvant uten å ha videreført sine gener til ”moderne” mennesker. Begge disse slutningene ble opprinnelig sluttet etter analyse av kun ett individ.

Det har i flere tilfeller blitt satt opp oversikter over hvilke nivåer DNA analyse av arkeologisk materiale kan bidra med informasjon på (Brown & Brown 1994, Herrmann & Hummel 1994:2, Thomas 1993:6ff). Felles for disse er at det er gjort en oppdeling i tre nivåer med noe varierende innhold. Bernd Herrmann og Susanne Hummel har for eksempel gjort følgende oppdeling:

- 1) *Tilgang til genetisk informasjon på det individuelle nivå.*
- 2) *Tilgang til genetisk informasjon på infrabefolkningsnivå*
- 3) *Tilgang til genetisk informasjon på interbefolkningsnivå* (Herrmann & Hummel 1994:2).

Enhver DNA analyse må nødvendigvis starte på det individuelle nivå. Selv om de stammer fra samme individ må hver enkelt prøve analyseres isolert, og det er på et slikt individuelt nivå alt rent praktisk arbeid foregår. Er det mulig å få frem originalt bevart DNA fra denne konkrete prøven er spørsmålet en hver gang må begynne med. Ved analyse av arkeologisk beinmateriale har det vist seg at en i underkant av 50% av forsøkene har hatt suksess med å amplifisere gammelt DNA (Arvidsson 1999, Oota mfl.1995). Det er derfor viktig å ha en tilstrekkelig mengde prøver til rådighet under analysearbeidet, da det realistisk sett ikke bør forventes å bli oppnådd positivt resultat i mer enn 50% av tilfellene ut i fra dagens metodiske situasjon. Etter hvert som antall relevante analyseresultater øker kan en gradvis bevege seg opp nivåmessig. Men arbeid med befolkningsstudier krever forholdsvis store mengder sammenlignbare relevante data. Derfor er hovedvekten av det arbeid som til nå er gjort på dette nivået utført på moderne prøver, og kommer således ikke direkte inn under studier av gammelt DNA. Arbeid med DNA fra humant arkeologisk materiale vil imidlertid kunne tilby en tidshorisont til denne type arbeid, noe som så langt har vært mangelvare. Debattene rundt

hvilken grad neandertalere og ”moderne” mennesker er genetisk forbundet, og hvordan introduksjonen og spredningen av jordbruket i Europa foregikk, er tilfeller som vil dra nytte av den informasjon en slik tidshorisont vil kunne tilby. Når det gjelder introduksjon av jordbruk kan vi for eksempel se for oss en tilnærmet ideell situasjon hvor det ble stilt store ressurser tilgjengelig for molekylære analyser. En kunne da utført slektskapsanalyser mellom individer som er antatt tilhørende hhv. senmesolittisk og tidligneolettisk befolkning. Skjelettrestene av domestiserte husdyr kunne på lignende vis blitt analysert for å belyse spørsmål rundt hvor domestisering fant sted, og hvordan domestiserte dyr spredte seg. Foregikk det for eksempel domestisering av utemmede dyr i utallige regioner, eller skjedde dette i et fåtall regioner som domestiserte dyr deretter ble ”distribuert” ut fra? Kan spredningsveier og kontaktnett etterspores? Samme type problemstillinger kan belyses via analyser av kultivert korn. Hvordan spredte selve kornet seg. Kan spredningsveien etterspores? Er det ved analyse av et større antall materiale fra tidligneolettiske boplasser mulig å etterspore spredning av kultivert korn, domestiserte dyr, samt belyse eventuelt biologisk slektskapsforhold mellom boplassene? Vi kan enda bare ane hvilke muligheter som ligger latent i metoden. I det følgende vil det bli forsøkt gitt et lite innblikk i disse mulighetene, ved å referere og kommentere en del av analysene som til nå er utført på humant materiale.

Det har altså vært vanlig å gjøre en oppdeling i tre nivåer, slik Hummel & Herrmann har gjort. En svakhet ved denne oppdelingen er imidlertid at analyseresultater ofte vil gi informasjon på flere nivåer samtidig. Det kan derfor være fruktbart at det i tillegg til dette også blir gitt en oversikt over de områdene hvor DNA analyser av humant arkeologisk materiale har størst potensial for å bidra med informasjon av arkeologisk interesse, samt hvordan dette kan la seg gjøre. Disse områdene finner jeg å være som følger:

- Identifisering og individbestemmelse av skjelettdeler.
- Molekylær kjønnsbestemmelse.
- Slektskapsanalyse (rekonstruksjon av matrilinære og patrilineære slektsledd).
- Sykdomsstudier.
- Kronologi
- Befolkningsgenetikk.
- Evolusjonsstudier.

Etter at det i forrige kapittel er blitt sett på begrensninger for benyttelsen av genetiske data innenfor arkeologien, vil det i det følgende bli gått mer i dybden på de områdene hvor jeg

anser at DNA analyse av humant arkeologisk materiale har størst potensial for å bidra med informasjon av arkeologisk interesse i norsk og nordisk sammenheng. Problemstillinger vedrørende befolkningsgenetikk og evolusjonsstudier vil således ikke bli berørt i denne forbindelse. Innledningsvis vil jeg først kommentere de muligheter som åpner seg ved at det har vist seg mulig å gjennomføre DNA analyse av enkelte typer brente bein.

5.1 DNA analyse av brente bein

Mens det i dag er et ubestridt faktum at det er mulig å påvise DNA i flere tusen år gammelt ubrent arkeologisk materiale, er situasjonen for brent materiale noe annerledes. Muligheten til å få ut DNA fra brente bein har nemlig lenge vært ansett for ikke å være til stede. Dette er en antagelse som er trukket ut i fra den oppfatning at brente bein ikke lenger er organiske. En har antatt at alle proteiner (collagen) som inneholder DNA har blitt ødelagt under kremasjonsprosessen. Dette resulterte nylig i at rettsmedisinsk institutt ved Universitetet i Oslo avsto å forsøke å ekstrahere DNA fra brente grisebein. Rettsmedisinsk institutt var i utgangspunktet positive, men avsto invitasjonen etter å ha konsultert Per Holck ved anatomisk institutt som hevdet at det ikke kan oppnås resultater med brente bein fordi collagen blir destruert ved varmpåvirkning over 150 °C. Det her nevnte tilfellet gjelder en eksperimentell kremasjon av gris som ble gjennomført ved Arkeologisk Museum i Stavanger. Denne kremasjonen viste imidlertid at ikke alle bein med nødvendighet blir eksponert for varme under en kremasjon, og at hele kjøttstykker overlevde over 19 timer på bålet (Gansum upub.).

En annen faktor i forbindelse med Holck's skepsis til å ekstrahere DNA fra brente bein, ut fra den begrunnelse at collagen blir destruert ved varmpåvirkning over 150 °C, må nevnes her. I sin doktorgradsavhandling "Cremated Bones" (Holck 1987)¹⁴, deler Holck kremerte bein opp i 4 grupper etter hvilken grad beina er brent. I første gruppe (grad 0) plasseres kremerte bein som neppe har vært utsatt for en varmpåvirkning på over 150 °C. Totalt 6,5% av det undersøkte norske kremasjonsmaterialet (1082 graver) blir av Holck selv plassert i denne kategorien (Holck 1987:92ff). Det er overraskende at en slik forespørsel blir avvist nettopp på dette grunnlaget, når Holck selv vurderer det slik at deler av kremasjonsmaterialet ikke har vært utsatt for varmpåvirkning sterk nok til å destruere collagen. I tillegg må en og vurdere muligheten for at det kan finnes lommer med bevart DNA inne i brente bein som på utsiden

¹⁴ Se kapittel 6.1 for mer om denne avhandlingen.

har vært utsatt for sterkere varmepåvirkning enn 150 °C.

Holck tar utgangspunkt i en tradisjonell antagelse om at det først og fremst er i collagen at en vil finne DNA i bein. Dersom collagen blir destruert ved en ytre varmepåvirkning som overstiger 150 °C, vil det være logisk å anta at det ikke vil være mulig å få frem DNA fra bein som har vært utsatt for en høyere temperatur enn dette. Stadig flere undersøkelser indikerer imidlertid at denne hypotesen må vurderes på nytt. Det vil i det følgende bli gitt en redegjørelse for noen sentrale undersøkelser som har vært med på å endre oppfattelsen om hvorvidt det vil være mulig å foreta DNA analyser av brente bein.

Omtrent 2/3 av bein er uorganisk og 1/3 er organisk. Over 90% av proteinet i den organiske delen er collagen (Götherström 2001:10). Det er dette en tradisjonelt har antatt at det vil være størst mulighet å ekstrahere DNA ut fra. Men kanskje er det ikke i collagen at en først og fremst skal lete etter DNA i brente bein. Eksperimenter på forhistorisk beinmateriale har gitt indikasjon på at en vil finne bevart DNA også i den uorganiske delen av beinsubstansen (Persson 1992). Det har vært kjent siden 1950-tallet at DNA binder seg til det uorganiske mineralkrystallet hydroksyapatitt, som utgjør majoriteten av den uorganiske delen av beinsubstansen. Denne hypotesen er senere bekreftet av andre undersøkelser (Götherström & Liden 1996, Götherström 2001). Anders Götherström finner i sin undersøkelse at det er samsvar mellom mengde bevart collagen og mengde bevart DNA, men samsvaret mellom graden av bevaring av DNA og graden av bevaring av hydroksyapatitt er enda sterkere. Det er altså en mulighet for at dette krystallet kan gi DNA en eller annen form for beskyttelse mot ødeleggelse, og i sterk grad være medvirkende til at DNA kan finnes bevart også i brente bein.

5.1.1 Arkeologiske eksempler

Den første indikasjon på at gammelt DNA kunne ha overlevd varmepåvirkning, og således finnes bevart i brent materiale kom i 1994. Det ble da publisert en artikkel der et forskerteam ved UMIST¹⁵ rapporterte om en vellykket påvisning av DNA i forkullet hvetekorn fra jernalderanlegget Danebury i England (Allaby mfl. 1994). Utgangspunktet for arbeidet var at det visuelt var observert stor grad av variasjon blant forkullet korn. Noen korn var fullstendig karbonisert og ødelagt, mens andre mer eller mindre hadde bevart sin opprinnelige form og

¹⁵ University of Manchester, Institute of Science and Technology.

cellestruktur. Forskergruppen lyktes i å få frem to nukleotidsekvenser som begge var utledet fra gener som er særegne for hvete. Den visuelle observasjonen, samt resultatene av DNA analysen, resulterte i en hypotese om at det i forkullet materiale vil være mulig å finne bevart DNA "forseglet" i ikke-forkullede lommer som har overlevd innhyllet i karbonisert, og således beskyttende materiale.

Inspirert av disse resultatene gikk en ved samme institusjon i gang med å undersøke muligheten for å få frem DNA fra brente bein. En antok at dersom DNA kunne overleve de høye temperaturene som det forkullede kornet hadde vært utsatt for, ville det og være mulig at det kunne overleve en kremasjonsprosess. Det ble da påvist tilstedeværelse av DNA i kremerte bein, hentet fra en gravurne datert til eldre bronsealder (Brown mfl. 1995). Forsøkene viste også at de kremerte beina inneholdt 20-100 ng DNA g⁻¹. Dette resultatet var uventet i følge teamet, da maksimum mengde DNA de tidligere hadde påvist i ubrente bein var 20 ng g⁻¹, hvorav mesteparten av beina inneholdt mye mindre enn dette. Samme forskergruppe hadde tidligere sammenlignet DNA innholdet i ubrente bein med faktorer som alder, gravmiljø og bevaringsgrad (kapittel 2.3.2). Resultatene som kom frem her indikerte at mikrobisk aktivitet spiller en viktig rolle under nedbryting av DNA i bein. En ødeleggelse av størsteparten av det organiske materialet i bein under kremasjonsprosessen kan resultere i at en påfølgende mikrobekolonisering blir forhindret ved at næringsstoffene som mikrobenes livnærer seg av ikke lenger er tilstede (op.cit.185ff).

Brente bein vil således kunne inneholde større mengder bevart DNA enn ubrente bein, stikk i strid med tidligere antagelser. På det grunnlaget ble det utledet en hypotese om at det på samme måte som i forkullet korn kan være mulig at det i brente bein eksisterer bevart DNA i "lommer" med organisk materiale som har overlevd kremasjonsprosessen, og som innhyllet i ikke-organisk materiale ligger beskyttet mot mikrober.

Under den fjerde internasjonale kongressen om gammelt DNA i 1997 ble det gjort rede for et annet forskningsprosjekt som omhandlet DNA analyse av brente bein (Ovchinnikov mfl. 1997). En hadde her tatt for seg brente bein fra to ulike typer kremasjonsgraver, samt utført eksperimentell kremasjon av grisebein. Den første kremasjonsgraven var en skytisk grav fra 4. århundre f.Kr. Tilstanden til beinene tydet der på en "lav temperatur kremasjon", med rekonstruert temperatur i intervaller mellom 200–500 °C. En lyktes i dette tilfellet ikke med å få frem DNA. Den andre analysen ble utført på tenner hentet fra en kremasjonsgrav på en nordrussisk gravplass datert til 10. århundre e.Kr. Disse tennene hadde store makro- og

mikroskopiske endringer pga. varmepåvirkning, og kremasjonen ble tolket som en ”høy temperatur brenning” med temperaturer i intervaller mellom 800 – 1000 °C. Her ble overraskende nok et fragment på 130 basepar amplifisert fra to tenner. Samme forskergruppe hadde i sitt arbeid også utført eksperimentell kremasjon av grisebein, med temperaturer fra 100 til 700 °C. Det lyktes her å få frem grise-spesifikt DNA fra de av beina som var blitt utsatt for en varmepåvirkning fra 100 til 450 °C.

Ved Arkeologiska Forskningslaboratoriet i Stockholm er det blitt utført flere undersøkelser rundt spørsmålet om brente bein kan inneholde DNA. Konkret kan her nevnes en undersøkelse som ble gjennomført i 1997-98. Som et delprosjekt under forskningsprosjektet SIV (Svealand i Vendel- og Vikingatid) ble det utført DNA analyse av blant annet kremerte bein fra Viken og Helgø gravfeltene. Resultatene viste at det var brente bein fra Viken gravfeltet som gav best resultat ved DNA analyse, ikke ubrente bein, slik en tradisjonelt skulle antatt (Randolph 1998). Disse resultatene kommer jeg nærmere inn på i kapitlet om kjønnsbestemmelse.

Ved universitetet i Tübingen, Tyskland, er det utført molekylære undersøkelser av kremasjonsgraver som inneholder både menneske- og dyrebein, med det formål å finne mtDNA sekvenser som er spesifikke for mennesker og bestemte dyr (Pusch mfl. 2000). Det ble undersøkt til sammen 6 graver med dateringer på mellom 2000 BP og 5000 BP. Resultatene viste at en prøve var forurenset, to påviste gammelt DNA av menneskelig opprinnelse, og i 4 av prøvene ble det påvist dyre spesifikke mtDNA sekvenser. Det ble her påvist sikre mtDNA segmenter av sau og gris, samt et segment som kan stamme fra hest (Pusch mfl. 2000:246). I tillegg til at det ble tatt svært gode forholdsregler mot forurensing, var det tidligere ikke blitt foretatt analyse av materiale fra dyr i det laboratoriet hvor undersøkelsene ble utført, noe som er med på å underbygge troverdigheten til resultatene.

Anders Götherström har som del av sin doktorgradsavhandling ved Universitetet i Stockholm foretatt en rekke undersøkelser rundt muligheten for å analysere brente bein for DNA (Götherström 2001). I en serie forsøk med eksperimentell kremasjon av grisebein fikk han systematisk frem DNA fra bein som i opptil 2 timer var blitt eksponert for varme på inntil 300 °C (op.cit.9ff). Götherström konkluderer i sin avhandling med at:

“DNA may be extracted from cremated as well as non-heated bones, given that the cremated bones were never exposed to 300 °C or above” (op.cit.18).

Det må her bemerkes at de eksperimentelle undersøkelsene til Götherström var utført på bein der kjøttet på forhånd var fjernet, hvorpå beina deretter var kappet opp. Ved å utsette bein for direkte varmepåvirkning på denne måten vil en antagelig få andre resultater enn om beina skulle ha blitt brent med kjøttet på. Den eksperimentelle kremasjonen av gris som ble utført av Gansum mfl. viste at hele kjøttstykker fantes bevart på beina, selv etter 19 timer på bålet. Kanskje vil DNA i bein som brennes før skjelettering være mer beskyttet mot destruksjon, og tåle mer varmepåvirkning enn DNA i bein som blir brent etter skjelettering?

De her nevnte forskningsresultater indikerer at DNA-analyse med stor suksess kan utføres på en del brente bein. Mer analysearbeid vil imidlertid trolig være nødvendig før en kan oppnå endelig aksept i hele forskningsmiljøet. Skulle resultatene bli stående, tegner det seg et bilde av et nytt og spennende arbeidsverktøy som kan åpne for forskning, vinklinger og analyser av problemstillinger som tidligere ikke har vært mulig innen arkeologien. Problemstillinger relatert til kjønnsbestemmelser og slektskapsanalyser står her i fremste rekke. Det vil således være påkrevd med en nærmere redegjørelse for prinsippene bak slike undersøkelser, og hvordan de blir utført.

5.2 Molekylær kjønnsbestemmelse

Kjønnsbestemmelse av menneskelige levninger er en viktig del av arkeologisk forskning, og en forutsetning for at det skal være mulig å foreta helhetlige analyser av forhistoriske samfunns sosiale og biologiske strukturer. Det muliggjør at levekår (for eksempel kosthold) kan sammenlignes mellom kjønnene, i tillegg til at en kan belyse hvorvidt for eksempel kulturelle og/eller religiøse forhold kan ha fulgt, eller gått på tvers av kjønnsgrenser.

Det er to metoder som tradisjonelt har vært benyttet til kjønnsbestemmelse innen arkeologien. Disse er: 1) Osteologisk bestemmelse av biologisk kjønn ut fra en visuell vurdering av levningene der dette er mulig. 2) Arkeologisk kjønnsbestemmelse ut fra gjenstandsvurderinger, i de tilfellene der levningene er av en slik karakter at osteologisk kjønnsbestemmelse ikke er mulig. Her under kommer kremasjonsgraver, skjeletter som er sterkt fragmenterte og levninger av små barn. I motsetning til osteologisk kjønnsbestemmelse hvor biologisk kjønn blir vurdert, er det ”sosialt kjønn” som blir vurdert i slike tilfeller. Jeg har her valgt å bruke betegnelsen ”vurdere” i stedet for ”bestemme” når det gjelder å komme frem til hvilket kjønn forhistoriske individer har hatt. Dette er gjort ut i fra den erfaring at de

ulike metoder kan gi motstridende resultater. Vi skal i det følgende se at molekylær kjønnsbestemmelse i enkelte tilfeller har gitt resultater som er motstridende til tidligere osteologiske og arkeologiske kjønnsbestemmelser. Tove Hjørungdal gir i sin avhandling ”Det skjulte kjønn”, en rekke eksempler på at gjenstander som tradisjonelt er betegnet som ”mannlige”, og sådan blitt benyttet for arkeologisk kjønnsbestemmelse, også er påvist i kvinnegraver. Samtidig er gjenstander som ofte er blitt benyttet til å definere kvinnegraver, som synåler og perler, funnet både i manns- og kvinnegraver (Hjørungdal 1991:71f). Ut i fra slike tilfeller, samt det faktum at det i ulike regioner, i enkelte perioder av forhistorien synes å være en overvekt av mannsgraver, er det stilt spørsmål rundt gyldigheten til de data som legges til grunn for osteologiske kjønnsbestemmelser (Götherström mfl. 1997). I artikkelen til Götherström mfl. diskuteres blant annet problemer som kan oppstå dersom standardreferansene for osteologisk kjønnsbestemmelse er basert på relativt moderne data, hentet fra postindustrielle levninger hvor det biologiske kjønn allerede er kjent. Dersom slike standardmål ukritisk blir benyttet på forhistorisk materiale resulterer det i at målene blir ilagt en allmenn generell gyldighet som de nødvendigvis ikke innehar. Det blir i artikkelen hevdet at et generelt mer robust skjelett blant forhistoriske kvinner således kan resultere i en tilsynelatende økning av antallet menn i enkelte forhistoriske perioder. Det blir ut i fra dette satt spørsmålstegn ved hvilken grad osteologiske metoder vil være i stand til å identifisere kvinner som var mer fysisk aktive enn de postindustrielle individene som blir brukt som referansemål. Slike problemstillinger må ansees å være mer aktuelle jo mer skjelettene er fragmentert.

Molekylære kjønnsbestemmelser vil kunne tilføre arkeologien en ny dimensjon. Det vil gi anledning til kontroll av levninger som tidligere er vurdert å tilhøre et bestemt kjønn, samtidig som en med relativ stor grad av sikkerhet vil få mulighet til å bestemme det genetiske kjønn til typer av menneskelige levninger som det tidligere ikke har vært mulig å kjønnsbestemme ut fra skjelettmaterialet (kremasjonsgraver, barnegraver, sterkt fragmenterte skjeletter). La oss derfor gå mer inn i dybden på den molekylære kjønnsbestemmelse og se hva metoden innebærer.

5.2.1 Det Genetiske kjønn

Ved molekylær kjønnsbestemmelse kommer en tredje definisjonsfaktor inn i bildet i tillegg til biologisk og sosialt kjønn, da det her er genetisk kjønn som blir bestemt. En må være oppmerksom på at genetisk kjønn strengt tatt ikke er 100% ensbetydende med biologisk

kjønn, og at disse to faktorene således kan holdes adskilt fra hverandre. Det finnes veldig liten genetisk forskjell mellom menn og kvinner. Genetikere har tradisjonelt klassifisert forskjellen i at kvinner har to X kromosom, mens menn har ett X og ett Y kromosom. De senere år er det imidlertid avdekket svakheter med denne klassifiseringen. Det finnes nemlig enkelte kjønnsreverserte individer med det motsatte biologiske kjønn's kromosomer, det vil si kvinner med XY kromosom og menn med XX kromosom (Klug & Cummings 1996:158ff). Dette fenomenet påtreffes imidlertid i dag kun i 1 av 20 000 – 25 000 tilfeller (Götherström 1997), så sannsynligheten for å treffe på nettopp et slikt individ i analysene anses for å være svært liten. Hvordan dette forholdet var langt tilbake i tid vet en imidlertid enda ikke, og det er en faktor som bør tas i betraktning når molekylær kjønnsbestemmelse skal gjennomføres. En må imidlertid anta at biologisk og genetisk kjønn vil være i overensstemmelse i langt de fleste tilfellene. Det er imidlertid ikke alltid like enkelt å holde alle betegnelsene fra hverandre. Ian Hodder skriver følgende i sin bok "The archaeological process - an introduction":

"Geneticists have come to recognise that a simple opposition between XX (female) and XY (male) is difficult to maintain. Individuals exist with XX, XXY, XXXY and XXXXY chromosomes" (Hodder 1999:114).

Jeg vet ikke hvor overraskende det er at det eksisterer individer med XX kromosomer. Dette utgjør tross alt kjønnskromosomene til ca. 50% av jordens befolkning. Hodder mener nok å si at det eksisterer menn med XX kromosomer, altså kjønnsreverserte individer, men kanskje er det fremdeles symptomatisk for deler av det arkeologiske miljø at individer = menn?

Et større problem enn kjønnsreverserte individer er trolig at molekylær kjønnsbestemmelse i følge undersøkelser kan gi feil resultat i ca. 5% av tilfellene (Hanaoka & Minaguchi 1996). I tillegg må en ta i betraktning muligheten for at resultatene skyldes forurensing av DNA fra en ekstern smittekilde. Flere prøver av samme materiale, sammen med sikre kontrollrutiner, bør imidlertid i stor grad redusere de to sistnevnte faktorenes innflytelse på resultatene. Når metoden er vellykket gir den således en sikrere bestemmelse av biologisk kjønn enn hva osteologisk og arkeologisk kjønnsbestemmelse kan tilby.

5.2.2 Hvordan foregår den molekylære kjønnsbestemmelse?

Molekylær kjønnsbestemmelse er vanligvis basert på analyse av sekvenser på Y-kromosomet. Dersom slike sekvenser blir påvist gjentatte ganger vil alt være vel, og individet vil med stor sikkerhet kunne betegnes til genetisk å være mann. Men om Y-spesifikke sekvenser ikke blir

påvist, så betyr ikke det automatisk at individet genetisk sett er kvinne. For å konkludere med det må en først påvise sekvenser som er spesifikke for X-kromosomet. Da vil en i større grad kunne trekke en slik slutning, fordi levningene faktisk inneholder bevart kjerne DNA.

Det er foreløpig etablert 3 ulike metoder for kjønnsbestemmelse av humant arkeologisk materiale via analyse av DNA (Götherström mfl. 1997:72). Molekylær kjønnsbestemmelse baseres, som nevnt, vanligvis på analyse av sekvenser som er spesifikke for Y-kromosomet. Den første metoden baserer seg på analyse av en sekvens som er lokalisert på Y-kromosomets lange arm og repetert minst 800 ganger, og har flere ganger blitt benyttet med suksess ved molekylær kjønnsbestemmelse (Hummel & Herrmann 1994, Lidén mfl. 1997). Bruken av denne sekvensen er imidlertid kritisert fordi noen menn kan mangle denne ”armen” uten at det har noen innvirkning på fenotypen, samtidig som noen kvinner også kan bære den. Som alternativ er det foreslått bruk av alfasatelittsekvensen, som består av flere relativt korte X og Y spesifikke repeterende sekvenser (Fattorini mfl. 1993, Witt & Erickson 1989). Ved analyse av denne sekvensen kan både X og Y spesifikke markører bli brukt i samme prøve. En tredje mulighet er å benytte seg av en test som er basert på amelogenin sekvensen. Dette er også en sekvens som befinner seg både på X og Y kromosomet, og er del av et gen som koder for tannemalje. Det er også her utviklet en metode for molekylær kjønnsbestemmelse der en kan amplifisere X og Y spesifikke markører i samme prøve. Metoden blir benyttet i stadig oftere grad, og er kanskje den metode som har høyest suksessprosent (Stone & Stoneking 1996, Sullivan mfl. 1993). Det beste vil imidlertid være å kombinere metodene, noe som vil redusere risikoen for å feil kjønnsbestemmelse, samtidig som det øker sannsynligheten for at opprinnelig gammelt DNA i det hele tatt skal bli påvist. I flere undersøkelser er nettopp dette blitt gjort med stort hell (Lidén & Götherström 1997, Ovchinnikov mfl. 1998, Vernesi mfl. 1999).

5.2.3 Arkeologiske eksempler

Med molekylær kjønnsbestemmelse åpnes blant annet følgende muligheter innen arkeologien:

- Kontroll av materiale som er osteologisk kjønnsbestemt.
- Kontroll av materiale som er arkeologisk kjønnsbestemt.
- Kjønnsbestemmelse av graver som det ikke er mulig å kjønnsbestemme verken arkeologisk eller osteologisk. For eksempel sterkt fragmenterte skjeletter, enkelte kremasjonsgraver og barnegraver.

Jeg vil i det videre ta for meg en del eksempler på arbeid som er blitt gjort i forbindelse med molekylær kjønnsbestemmelse av menneskelige levninger i arkeologisk sammenheng. Jeg har forsøkt å gjøre et kvalitativt utvalg ved å trekke frem en del arbeider hvor de molekylære analysene har blitt satt i sammenheng med tradisjonelle arkeologiske metoder, og det har blitt søkt svar på problemstillinger som er relevante innenfor dagens arkeologi, samtidig som resultatene er diskutert ut i fra øvrig arkeologisk kontekst.

Molekylær kjønnsbestemmelse har stort potensial for å bidra med informasjon relatert til studiet av genderrelasjoner i ulike perioder av forhistorien. Et arbeid som har benyttet metoden til dette er Helena Malmström sin undersøkelse av kvinner og båtgraver i Badelunda og Alsike i Sverige (Malmström 1996). Utgangspunktet var spørsmålet om hvordan kvinner kunne spores i det arkeologiske kildemateriale som var tilgjengelig når det gjaldt svenske båtgravfelt. Dette ble forsøkt belyst ut i fra tre kriterier (1) molekylær kjønnsbestemmelse, (2) båtlengde og (3) den gravlagte sin plassering i båten. De to båtgravfeltene som var mål for undersøkelsen var Tuna i Badelunda (som er det største kjente svenske båtgravfelt med kun kvinner i båter), og Tuna i Alsike hvor både menn og kvinner er gravlagt i båt. 3 av 8 graver fra Badelunda, og 1 av 2 kvinnelige graver fra Alsike ble valgt ut for molekylære undersøkelser. Ved analyse av alfasatellitsekvensen ble samtlige 4 utvalgte graver molekylært bestemt til å være kvinnelige, hvilket også var i overensstemmelse med de

tidligere arkeologiske og osteologiske kjønnsbestemmelsene. Ut i fra sine undersøkelser stiller imidlertid Malmström spørsmål til noen av de kriteriene som benyttes til arkeologisk kjønnsbestemmelse. Hun påpeker spesielt antagelsen om at ringnåler og ringspenner vanligvis finnes i mannsgraver, selv om de i sjeldne tilfeller også har blitt påtruffet i kvinnegraver. Begge kvinnegravene fra Alsike inneholder nemlig ringnåler/spenner, mens det for Badelunda sin del er en grav som inneholder en sikker ringnål/spenne, og en grav med en mulig ringnål/spenne. Dette betyr at det i 30-40% av kvinnegravene fra Badelunda og Alsike finnes ringnåler eller ringspenner. Ut i fra det faktum stiller hun spørsmålstegn til hvordan disse artefaktene (i det minste på disse gravfeltene) skal kunne indikere mannsgraver. En annen faktor som blir benyttet som kjønnsindikator, er mengden perler tilstede i en grav. Tilstedeværelse av 3 eller flere perler har ofte blitt tolket som å indikere kvinnegrav, mens 1-2 perler vanligvis blir tolket som å indikere mannsgraver (Hjørungdal 1991:71, Petré 1993:149). Det er imidlertid flere eksempler på at dette nødvendigvis ikke stemmer (Gansum 1999:472ff). Den ene av de tre undersøkte gravene fra Badelunda inneholdt ringnål, kniv og 1 perle, hvilket lett vil resultere i en klassifisering som mannsgrav. Den molekylære kjønnsbestemmelse gav imidlertid helt klare indikasjoner på at den gravlagte genetisk sett var kvinne. I tillegg til de molekylære kjønnsbestemmelsene, har Malmström i sitt arbeid også sett på hvor i båtene de gravlagte er plassert, og hun har funnet en klar tendens til at kvinner er plassert midtskips og menn er plassert akter. En ytterligere kjønnsindikator, når ikke annet er tilstede kan være båtens lengde. Ved analyse av 40 ubrente båtgraver viste det seg at over 60% av de undersøkte ”mannsbåtene” var lengre (mellom 8 og 13 meter) enn den lengste båten en kvinne ble gravlagt i. Derfor vil sannsynligheten være større for at en båt på over 8 meter inneholder en gravlagt mann, og således kan benyttes som kjønnsindikator.

Malmström sin undersøkelse gir en god indikasjon på hvordan molekylære kjønnsbestemmelser kan benyttes som arkeologisk hjelpemiddel på lik linje, og sammen med andre tradisjonelle verktøy.

I enkelte tilfeller der molekylær kjønnsbestemmelse er utført på tidligere kjønnsbestemt materiale er det som sagt blitt påvist uoverensstemmelse mellom den molekylære- og den tidligere kjønnsbestemmelsen (Arvidsson 1999, Götherström 1997, Götherström mfl.1997, Lidén mfl.1997 og Randolph 1998 er eksempler hvor dette er tilfellet).

I undersøkelsen til Randolph, som tidligere er nevnt ut i fra det faktum at DNA var ekstrahert fra brente bein, ble det blant annet undersøkt to kremasjonsgraver. Ut fra arkeologiske

vurderinger var begge gravene antatt å inneholde kvinner. Disse vurderingene, som lå noen år tilbake i tid, var trolig basert på funn av henholdsvis 12 og 14 perler i gravene. De kremerte levningene i graven som inneholdt 14 perler var osteologisk vurdert til muligens å være mannlige, mens de kremerte levningene i graven som inneholdt 12 perler, osteologisk var ubestemmelige. I begge tilfellene indikerte de molekylære undersøkelsene at de gravlagte genetisk sett var menn. I tilfellet med graven som inneholdt 14 perler, som også osteologisk sett indikerte mannlig biologisk kjønn, gav den molekylære undersøkelsen i ett tilfelle utslag på den Y-spesifikke markøren, og i ett tilfelle utslag på den X-spesifikke markøren. Denne molekylære kjønnsbestemmelsen blir imidlertid ikke vurdert til å være helt sikker, da en sikker molekylær kjønnsbestemmelse ville kreve utslag på hver av markørene i mer enn ett enkelt tilfelle (Randolph 1998:23f). I tilfellet med graven som inneholdt 12 perler gav den molekylære undersøkelsen i tre tilfeller utslag på den Y-spesifikke markøren, og i ett tilfelle utslag på den X-spesifikke markøren. Denne graven inneholdt således helt sikkert levningene av en person som genetisk sett var mann. Undersøkelsen til Randolph er således også med på å stille spørsmålsteget ved grunnlaget for å legge tilstedeværelse av visse gjenstander (spesielt et visst antall perler) til vekt som eneste faktor ved kjønnsbestemmelse av graver.

Molekylære kjønnsbestemmelser er også blitt gjennomført i arbeidet med skjelettmateriale fra Ajvide boplassen på Gotland. Ajvide er en gropperamisk boplass, der et gravfelt med over 50 graver (datert til å ha vært i bruk i perioden 2750 – 2300 f.Kr.) med vel bevarte skjeletter av menn, kvinner og barn hittil er lokalisert og gravd ut (Burenhult 1997a:18). Det vil her bli fokusert på det som er betegnet som grav 23, som var den første dobbeltgraven som ble undersøkt fra gravfeltet. Denne graven bestod av to individer som osteologisk ble vurdert til å være en mann i 50-60 års alderen, plassert oppå en ca. 12-13 år gammel gutt (Burenhult 1997b:65). Mannens bein var plassert på en morfologisk unaturlig måte, noe som antydte at kroppen ikke kunne ha vært intakt ved den endelige deponeringen. Gutten var plassert liggende på rygg i utstrakt posisjon, og gravene ble tolket til ikke å være samtidige. De molekylære analysene av det voksne individet (23a) gav imidlertid helt klare indikasjoner på at levningene genetisk sett var fra en kvinne. Det ble benyttet primere rettet både mot amelogenin sekvensen og den Y-spesifikke alfasatelittsekvensen. En fikk utslag på de X-spesifikke sekvensene, men aldri på de Y-spesifikke (Götherström mfl. 1997:76f). Sannsynligheten for at resultatene skal være forårsaket av forurensning i laboratoriet blir betegnet som svært liten, da de samme resultatene, uavhengig av hverandre ble påvist gjentatte ganger i laboratorier både i Sverige og England. De blanke kontroll oppløsningene (som inneholder alle kjemikalier, minus DNA), gav heller ingen indikasjon på at forurensning

hadde funnet sted. I tillegg var det kun menn som hadde vært i kontakt med prøvene under arbeid i laboratoriene. Forurensing fra arkeologene som foretok utgravningene blir og betegnet for å være lite sannsynlig, da prøvene ble tatt av beinstøv som var boret ut fra kjernen i beinet (op.cit.78). At de molekylære undersøkelsene skulle gi så klare indikasjoner på at disse levningene genetisk sett var fra en kvinne, var overraskende ut i fra de osteologiske data, som helt klart og utvetydig bestemte levningene til å stamme fra en mann. Det var disse motstridende resultatene som i stor grad resulterte i at en begynte å stille spørsmålstegn ved gyldigheten til de referansemålene som ble benyttet under den osteologiske kjønnsbestemmelsen. Resultatene indikerer behov for videre undersøkelser rundt disse problemstillingene.

Det har også blitt utført undersøkelser der en har hatt som utgangspunkt å sammenligne resultatene fra arkeologiske, osteologiske, og molekylære kjønnsbestemmelser (Ovchinnikov mfl. 1998, Vernesi mfl. 1999). Ovchinnikov mfl. har undersøkt en russisk gravplass fra tidlig middelalder. Gravplassen bestod av 113 ubrente graver, datert til 11.–13. århundre e.Kr., og ble utgravd i perioden 1983 - 1989. Det ble funnet over 4300 gjenstander i gravene, noe som gav gode muligheter både til kjønnsbestemmelser og dateringer. Det ble her valgt ut 24 graver som ble forsøkt kjønnsbestemt både arkeologisk, osteologisk og molekylært. I 21 av tilfellene (87.5%) klarte en å foreta arkeologisk kjønnsbestemmelse. I 23 tilfeller (95.8%) klarte en å foreta osteologisk kjønnsbestemmelse. I 19 tilfeller (79.2%) klarte en å foreta molekylær kjønnsbestemmelse. Ved denne undersøkelsen ble det ikke påvist noen uoverensstemmelse mellom arkeologisk, osteologisk og molekylært kjønn i de tilfeller hvor kjønn ble bestemt ut i fra flere metoder.

I undersøkelsen til Vernesi mfl. ble det foretatt molekylær kjønnsbestemmelse av 21 individer fra etruskisk periode (7.–3. århundre f.Kr.). Alle individene var på grunn av relativt komplette skjeletter, tidligere osteologisk kjønnsbestemt på et relativt sikkert grunnlag. I de molekylære undersøkelsene ble det søkt både etter amelogenin- og alfasatellitt spesifikke sekvenser. Det ble gjort vellykkede DNA amplifiseringer i alle 21 tilfellene, og 16 av dem (76%) gav samsvar med de tidligere osteologiske kjønnsbestemmelsene, som for øvrig ikke på forhånd var kjent av de som utførte de molekylære kjønnsbestemmelsene. 5 av de 6 prøvene hvor det var uoverensstemmelse mellom osteologisk- og molekylært kjønn kom fra samme lokalitet, og alle indikerte mannlige molekylært kjønn mens de osteologisk var vurdert til å være kvinner. I alle disse prøvene var det kun amelogenin sekvensene som gav positivt utslag, mens de alfasatellitt-spesifikke sekvensene ikke gjorde det. Dette tolkes som mest sannsynlig

å være forårsaket av at levningene eller prøvene fra denne lokaliteten er blitt forurenset med DNA fra en ukjent smittekilde (Vernesi 1999:124).

Et problem når det gjelder tradisjonell osteologisk kjønnsbestemmelser, er at det ikke har vært mulig å gi en osteologisk vurdering av det biologiske kjønn til små barn. Dette er en situasjon som er i ferd med å endre seg takket være molekylære kjønnsbestemmelser. Når det gjelder arbeid som har fokusert på levninger av barn, er det for eksempel blitt foretatt en molekylær kjønnsbestemmelse av levninger etter spedbarn, funnet i kloakkanlegget tilknyttet et romersk bad i Israel (datert til 4-6 århundre f.Kr.). Det ble her funnet levninger av nær 100 individer, og det ble foretatt molekylær kjønnsbestemmelse av 43 av dem. I 19 av disse tilfellene lyktes det å amplifisere X og Y spesifikke amelogenin sekvenser. Resultatene viste at begge kjønn var relativt likt representert, og tolkes slik at de støtter en hypotese om at det var barn av prostituerte som arbeidet i badet, som ble funnet i kloakkanlegget (Faerman mfl. 1997). Kanskje det i dette og lignende tilfeller kunne være interessant i tillegg å utføre molekylære slektskapsanalyser på levningene. Hvor mange av dem har samme biologiske mor eller far?

Molekylær kjønnsbestemmelse gir en ny og spennende dimensjon til sosiale studier innen arkeologien. Også innen perioder der kremasjon var en vanlig begravelsesform vil en få mulighet til å vurdere de gravlagtes biologiske kjønn med langt større sikkerhet enn før. Molekylære kjønnsbestemmelser, enten de er av kremasjonsgraver, sterkt fragmenterte skjeletter eller barnegraver, vil videre gi økt datagrunnlag å basere teorier om genderforhold og andre sosiale strukturer innen ulike perioder av forhistorien på.

5.3 Molekylær slektskapsanalyse

5.3.1 Innledende bemerkninger

I tillegg til molekylær kjønnsbestemmelse har muligheten for å DNA analysere humant arkeologisk materiale også åpnet opp for molekylære slektskapsanalyser av forhistoriske menneskelige levninger. Dette vil forhåpentligvis resultere i en sterk utvidelse av tilgjengelig informasjonsgrunnlag å lede teorier om sosiale strukturer og relasjoner i forhistorien ut fra. Med referanse til kapittel 4 vil det igjen være viktig å minne om at de genetiske relasjonene som en har potensial til å avdekke via molekylære analyser ikke kan settes i noe en til en forhold med sosiale relasjoner, slik vi forstår dem i dagens samfunn. Det vil videre være

fordelaktig å starte et slikt arbeid på individ- og familienivå, der genetiske relasjoner mellom individer blir kartlagt og genetiske grupper kan bli konstruert. Etter det, kan en ta analysen ett skritt videre og diskutere hvorvidt de genetiske relasjoner som eventuelt avdekkes, kan settes i sammenheng med sosiale relasjoner og sosialt konstruerte grupper, som under innflytelse av omkringliggende kulturelle/religiøse forhold kan anta mange former. Eksempelet fra Goslar i kapittel 4.3.2 viste nettopp dette. Her var det utøvelsen av bestemte yrker og kulturen knyttet til dette, som over generasjoner hadde satt genetiske spor i en del av befolkningen. En slik fremgangsmåte vil være spesielt viktig under arbeid med de forhistoriske perioder, hvor studier av materiell kultur lenge har vært den dominerende metode for å tilnærme seg kunnskap om sosiale forhold og mellommenneskelige sosiale relasjoner i ulike samfunn. En ting er å avdekke genetiske relasjoner og konstruere genetiske grupper. Noe annet er å overføre slike relasjoner og grupper til sosiale forhold. Dersom nære genetiske bånd skulle bli avdekket i et humant materiale, i hvilken grad vil det være relevant å overføre våre familie- og slektskapsbegreper over på dette materialet? I hvilken grad kan vi anta at tilstedeværelse/fravær av nære genetiske relasjoner i et humant materiale ikke er forårsaket av andre ting enn biologiske slektskapsforhold (kulturelle/religiøse/økonomiske osv.)? Dette er eksempler på problemstillinger som bør komme i betraktning ved molekylær slektskapsanalyse av forhistoriske menneskelige levninger.

Når en del betenknninger innledningsvis er nevnt, må det sies at molekylære analyser gir en glimrende mulighet til å komme nærmere inn på forhistoriske mennesker og deres mellommenneskelige relasjoner, først og fremst på et familiært nivå foreløpig. Det gir anledning til å fastslå/utelukke biologiske foreldre/barn relasjoner på et relativt sikkert grunnlag. Men jeg vil senere komme med et eksempel som viser nødvendigheten av både å være bevisst sine formuleringer og det faktum at genetiske relasjoner ikke automatisk kan settes i noe en til en forhold med sosiale relasjoner.

Det vil i det videre hovedsakelig bli fokusert på studier av genetiske relasjoner på individ- og familienivå. Når tilstedeværelse/fravær av genetiske relasjoner er konstatert, kan det startes en diskusjon om i hvilken grad resultatene samsvarer med eventuelle sosiale relasjoner. Det må imidlertid understrekes hvor viktig det er, hele tiden å ha forurensingsproblematikken i bakhodet. Det skal nemlig et uhyrlig lite kvantum DNA til for at en selv skal sitte der som bror, søster eller fjern slektning til personen hvis levninger er i ferd med å bli undersøkt. Det er derfor svært strenge regler til rutiner som må følges, dersom resultatene skal kunne

presenteres med troverdighet¹⁶.

Studier av slektskapsrelasjoner har ikke vært noe hett tema innen norsk arkeologi den senere tid, noe som er forståelig med tanke på hvor vanskelig det vil være å ”lese” slike relasjoner ut fra arkeologisk materiale. Den mer eller mindre bevisste oppfatning om hvilke slektskapsrelasjoner som har vært rådende i de ulike forhistoriske perioder har for en stor del vært basert på skriftlig kildemateriale og sosialantropologiske undersøkelser. Dette har igjen hatt innvirkning på arkeologers tolkninger av det sosiale, religiøse, økonomiske og politiske liv i de forhistoriske samfunn gjennom tidene.

Innen arkeologisk forskning blir undersøkelser av slektskap, ved studium av menneskelige levninger, på individ- og familienivå tradisjonelt utført via analyse av bestemte morfologiske trekk, der likhet i bestemte trekk ved skjelettmaterialet sannsynliggjør slektskap. Ved denne metoden er det imidlertid kun likhet i visse morfologiske trekk som blir påvist. De ulike morfologiske trekk sannsynliggjør biologisk slektskap i varierende grad, men konkrete biologiske relasjoner lar seg ikke bevise. Det som også har vært symptomatisk for slike studier er at slektskap til en stor grad har vært ensbetydende med biologiske relasjoner, uten at forholdet mellom biologiske og sosiale relasjoner har blitt diskutert i særlig grad. Det er imidlertid viktig å huske på den sosialantropologiske tese om at slektskap ikke er det samme som biologiske relasjoner, men hvordan biologiske relasjoner utnyttes og forstås sosialt og kulturelt (Smedal 2000:151). Molekylære analyser gir økt mulighet for at problemstillinger rundt forholdet mellom biologiske- og sosiale relasjoner også kan diskuteres med henblikk på de forhistoriske perioder. Identifisering av konkrete biologiske slektskapsrelasjoner må nemlig betraktes som en grunnleggende forutsetning for å tilnærme seg en helhetlig forståelse av biologiske relasjoners innflytelse på forhistoriske samfunns sosiale struktur. I tillegg muliggjør metoden at biologiske relasjoners innflytelse på ernæringsmessige forhold for første gang kan belyses på et relativt sikkert grunnlag. Slike problemstillinger er tidligere belyst med henblikk på kjønnsforskjeller. Nå kan også biologiske relasjoners innflytelse på for eksempel kosthold belyses, noe som åpner opp for interessante problemstillinger innen arkeologien.

5.3.2 Hvordan foregår en molekylær slektskapsanalyse?

Den metodiske utvikling innen feltet foregår i et raskt tempo, og for hvert år som går blir

¹⁶ Se appendix I for mer om denne problematikken.

metodene utviklet og perfektionert, samtidig som nye metoder kommer til. Noe som resulterer i at en i dag er i stand til å belyse problemstillinger via metoder som for få år siden ikke kunne benyttes på arkeologisk materiale. Dette er tilfellet når det gjelder molekylære slektskapsanalyser av humant arkeologisk materiale. Her kan en i dag benytte seg av metoder som ikke lot seg anvende på gammelt DNA da jeg begynte arbeidet med denne oppgaven.

Den molekylære slektskapsanalyse foregår i tre skritt. Det første som gjøres er å foreta individbestemmelser av levningene som en er interessert i å undersøke. Dette skjer ved at det blir utført en såkalt ”genetisk fingeravtrykkanalyse” (Hummel & Herrmann 1996). Ved slike analyser vil en få frem DNA sekvenser som er unike for hvert enkelt individ som analyseres. Samtidig vil foreldre/barn ha bestemte felles sekvenser som gjør det mulig å avdekke biologiske foreldre/barn relasjoner, og dermed også potensielle matrilineære og patrilineære slektslinjer.

Selve slektskapsanalysen utføres med to utgangspunkt:

- 1) Analyse av mikrosatellitter / Human Short Tandem Repeats (STR).
- 2) Analyse av mtDNA's hypervariable D-loop region.

Mikrosatellitter (STR-analyse): Som nevnt i kapittel 2.1.2 består nesten 99% av det menneskelige DNA av sekvenser som ikke koder for proteiner, og som dermed ikke kan betegnes som gener (skrap-DNA). Noen av nukleotidsekvensene i disse mellomgenregionene er unike (det vil si at de forekommer kun en gang i et kromosompar), andre sekvenser er repeterende (det vil si at de forekommer varierende antall ganger i det menneskelige genom). Over halvparten av vårt DNA består av slike repeterende sekvenser. Repeterende DNA-sekvenser følger samme arvelover som alt annet DNA, og er svært godt egnet for identifisering av individer og rekonstruksjon av slektstrær.

Repeterende sekvenser består av 2 - 6 basepar som gjentas varierende antall ganger. Dersom gjentagelsen skjer på flere ulike steder i genomet kalles sekvensen ”interspersed”. Skjer gjentagelsen derimot flere ganger direkte etter hverandre, for eksempel CTGCTGCTG, kalles sekvensen ”tandem repeat”, eller ”satellitt DNA”. Avhengig av lengde og antall gjentagelser, deles satellitt DNA inn i satellitter, minisatellitter og mikrosatellitter (Arvidsson 1999:15). Ved individbestemmelser og molekylære slektskapsundersøkelser er det mikrosatellittene (de aller korteste repeterende sekvensene) som er i fokus. Ved STR-analyse vil en i første

omgang produsere et genetisk fingeravtrykk som er unikt for hvert enkelt individ (autosomal-STR). Dersom en videre retter analysen mot mikrosatellittsekvenser som ligger på Y – kromosomet (Y-STR), vil det her være mulig å identifisere individer tilhørende samme patrilineære linje, selv om det skulle være flere generasjoner mellom dem (Schultes mfl. 2000:38).

Mitokondrie-DNA: Mens analyse av mikrosatellitter er den foretrukne metode ved studier av patrilineære molekylære slektskapsrelasjoner, er analyser rettet mot mtDNA veien å gå for å rekonstruere matrilineære molekylære slektskapsrelasjoner. I motsetning til Y – kromosom DNA, som kun overføres fra far til sønn, overføres mtDNA til barn av begge kjønn. Det er imidlertid kun kvinner som viderefører sitt mtDNA til barna. Kun med små endringer blir mtDNA videreført fra generasjon til generasjon kun via morslinjen. De molekylære slektskapsundersøkelsene retter seg her mot det som betegnes som mtDNA's D-loop region. Her finner en både hypervariabel region 1 og 2 (HV1 og HV2)¹⁷.

Inn til nylig var mtDNA analyser eneste mulighet til å foreta slektskapsanalyse når det var flere generasjoner mellom de aktuelle individene (Gill mfl. 1994:131). Og for en tid tilbake kunne populærpressen berette om en britisk skolelærer som via mtDNA analyser var identifisert som direkte etterkommer etter den ca. 12000 år gamle Cheddar mannen. Historien er for øvrig også kommet ut i bokform, og kan anbefales som populærvitenskapelig introduksjon til fagområdet (Barham mfl. 1999).

Disse tre metodene (autosomal-STR for individidentifisering, Y-STR for biologiske relasjoner via farslinjen, og mtDNA D-loop analyse for biologiske relasjoner via morslinjen), er påkrevd dersom det på forhånd ikke foreligger noen hypoteser om hvordan familiestrukturen individene i mellom har vært. Videre gir det mulighet for kontroll av hypoteser basert på observasjon av likhet i visse morfologiske trekk eller andre forhold. En kombinasjon muliggjør molekylære slektskapsbestemmelser selv i svært komplekse kollektivgraver, der levningene fra flere individer ligger blandet om hverandre. En kan få vurdert hvor mange individer som er tilstede, samt deler av deres innbyrdes molekylære slektskapsforhold, selv om levningene er fragmenterte og ligger morfologisk feil. Nettopp en slik undersøkelse er utført på skjelettresten fra en hule i Tyskland (Lichtenstein Cave). Hulen er tolket som offerplass, og skjeletter datert til 1000 - 700 f.Kr. ble funnet om hverandre på

¹⁷ Se kapittel 2.1 for en nærmere redegjørelse av mitokondrie DNA

gulvet i hulen. To individer er her foreløpig molekylært identifisert (Schultes mfl. 2000).

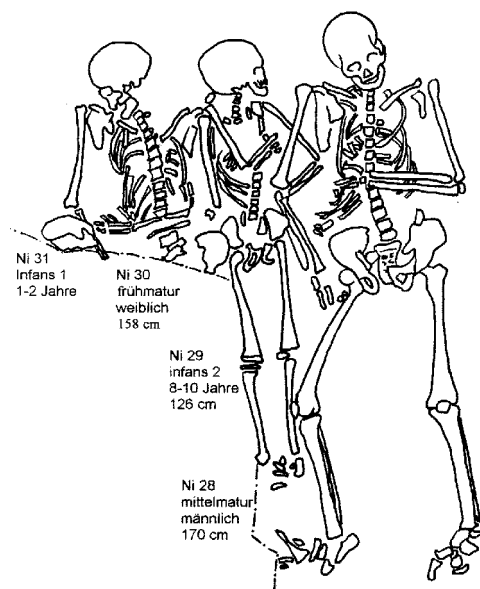
5.3.3 Arkeologiske eksempler

Molekylære analyser er i flere tilfeller blitt benyttet for å identifisere levninger og undersøke slektskapsforhold, både fra historisk og forhistorisk tid. Fra nyere tid er metoden gjentatte ganger benyttet ved identifisering av levninger i rettsmedisinsk sammenheng. For eksempel er det ved mikrosatellittanalyse foretatt positiv identifikasjon av levningene etter et kvinnelig drapsoffer som ble funnet etter å ha vært savnet i 8 år (Hagelberg mfl. 1991b). Også levningene etter Josef Mengele (Jeffreys mfl. 1992), tsar Nikolay II og hans familie (Gill mfl. 1994), samt levningene av en person som hevdet å være Louis Charles (sønn av Ludvig XVI, Konge av Frankrike og Marie-Antoinette) (Jehaes 1998) er undersøkt via mikrosatellittanalyse. Konklusjonen i sistnevnte tilfelle ble at denne personen ikke kunne være den han utgav seg for å være, og at det således er nærliggende å anta at den virkelige Louis Charles døde i fengsel i 1793, slik de offisielle arkivene viser. Levningene av Josef Mengele ble positivt identifisert ved at mikrosatellittsekvenser fra hans sønn og kone ble sammenlignet med sekvenser hentet fra det som ble antatt å være hans levninger. I tilfellet med tsar Nikolay II og hans familie, ble det ved mikrosatellittanalyser først konstatert at det virkelig var levningene etter en familiegruppe som var funnet. Deretter ble det ved mtDNA-analyser sannsynliggjort at det virkelig var levningene av den siste russiske tsar og hans familie det dreide seg om. Her ble sekvenser fra levningenes mtDNA sammenlignet med mtDNA sekvenser fra nålevende personer som via morslinjen var i slekt med familien. De endelige analyseresultatene viste at familien i graven bestod av tsar Nikolay II, hans hustru Alexandra, samt fire prinsesser. Prins Aleksej og en av prinsessene ble ikke funnet i graven, noe som under en periode igjen gav publisitet til myten om Anastasia¹⁸.

Fra forhistorisk tid, som vår primære interesse er rettet mot, har molekylære slektskapsanalyser etter hvert blitt utført i en lang rekke tilfeller. Mikrosatellittanalyser er for eksempel bli utført av Arvidsson 1999, Götherström mfl. 2001, Hummel & Herrmann 1997, Kurosaki mfl. 1993 og Lidèn & Götherström 1997. Matrilineære slektskapsanalyser er blant annet utført av Delefosse & Hänni 1997, Jehaes 1998, Oota mfl. 1995, og Shinoda & Kanai 1999.

¹⁸ Se og kapittel 3.1

Biologisk slektskap på molekylært nivå mellom forhistoriske individer ble i følge forfatterne første gang bekreftet ved en undersøkelse som ble publisert i 1997 (Hummel & Herrmann 1997). Under byggearbeid i Kleve-Rindern, Nordrein-Westfalen hadde arbeidere kommet over en grav med 5 individer. Graven ble datert til merovingertid og individene ble tolket til å være gravlagt samtidig. Ut fra sammensetningen ble graven tolket til å inneholde en familie bestående av følgende: 1 voksen mann og 1 ung kvinne, 1 spedbarn på ca. 1-2 år, 1 barn på ca. 3-4 år og 1 barn på ca. 8-10 år. Det ble besluttet å gjennomføre en molekylær slektskapsanalyse for å teste hypotesen om at det var en familie som her var gravlagt sammen.



Først ble det utført både morfologisk og molekylær kjønnsbestemmelse av individene. Det ble her konstatert overensstemmelse mellom morfologisk og molekylær kjønnsbestemmelse for begge de to voksne samt 2 av barna. Barnet på 3-4 år var en gutt, mens barnet på 8-10 år var ei jente. For det minste barnets vedkommende lyktes ikke den molekylære kjønnsbestemmelsen, og da det heller ikke er mulig å foreta morfologisk kjønnsbestemmelse av levninger etter så små barn, er dette barnet ikke kjønnsbestemt.

Fig. 6: Gravene i Kleve-Rindern, Tyskland (etter Hummel & Herrmann 1997:57).

De molekylære slektskapsundersøkelsene konkluderte med at de to voksne individene ytterst sannsynlig var de biologiske foreldrene til den 8-10 år gamle jenta. Biologisk slektskap mellom de to voksne og den 3-4 år gamle gutten kunne ikke konstateres med tilstrekkelig grad av sikkerhet da artikkelen ble publisert. Det biologiske slektskapsforholdet mellom de to voksne og det minste barnet ble ikke forsøkt vurdert på grunn av problemer med å få ut tilstrekkelig med DNA fra dette individet. Mest sannsynlig er det altså her en liten familie som har omkommet og blitt gravlagt sammen. Og selv om den konkrete hendelse nok vil forbli et uløst mysterium har de molekylære undersøkelsene ført oss et lite skritt nærmere denne familien, og gitt oss et lite glimt av en dramatisk hendelse langt tilbake i tid.

I Sverige har Maria Arvidsson utført en undersøkelse der det ble gjennomført både molekylær kjønnsbestemmelse og slektskapsanalyse av humant materiale fra båtgravfeltet i Tuna i Sverige (Arvidsson 1999). De molekylære kjønnsbestemmelsene viste at både kvinner og menn ble gravlagt på båtgravfeltet. Dette, pluss det faktum at det i tre av gravene ligger barn/tenåringer viser at både menn, kvinner og barn kunne ha en slik status at de ble begravet på dette gravfeltet. Ved slektskapsanalyse ble det påvist 1 sikker foreldre/barn relasjon, 3 mulige foreldre/barn relasjoner, og 8 tilfeller hvor en foreldre/barn relasjon kunne utelukkes på molekylært nivå. Resultatene indikerer i følge forfatteren at individer med høy rang, uavhengig av slektstilhørighet, ble begravet på dette båtgravfeltet.

Dersom en under arbeid med problemstillinger tilknyttet forhistoriske slektskapsrelasjoner skal benytte seg av DNA-analyser, må en ta i betraktning at det eventuelle fravær/tilstedeværelse av molekylære relasjoner som avdekkes ved hjelp av slike analyser, ikke er ensbetydende med fravær/tilstedeværelse av aktive sosiale relasjoner. Et annet forskningsprosjekt, denne gang fra Frankrike, kan illustrere hva jeg mener. En hadde her analysert materiale fra en lokalitet ved navn Condé-sur-Iffs datert til ca. 5000 f.Kr. fra Calvados i Frankrike (Delefosse & Hänni 1997). Materialet var hentet fra en kollektivgrav, bestående av 11 individer gravlagt i grupper. To grupper, med henholdsvis 3 og 2 individer, var arrangert på en slik måte at de indikerte mor/barn forhold, og ble derfor valgt ut for molekylære undersøkelser.

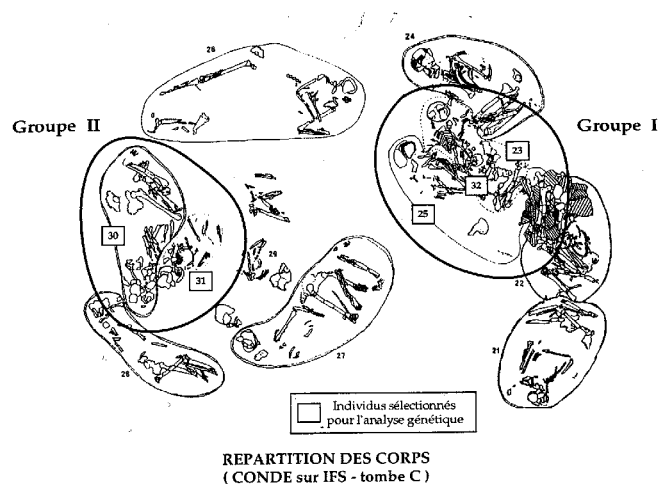


Fig. 7: Gravene i Condé sur Iffs (etter Delefosse & Hänni 1997:523).

Det ble trukket ut DNA fra både bein og tenner tilhørende de 5 individene, og både segment 1

og 2 av mtDNA's hypervariable D-loop region ble amplifisert. Resultatene viste at alle de fremkomne sekvensene var forskjellige, og følgende konklusjoner ble trukket: 1) Det eksisterer ikke noe familieforhold (dvs. på de matrilineære linjene) mellom individene i de to gruppene, og 2) Noe mor/barn forhold kan ikke påvises innad i gruppene.

Dette er konklusjoner som strengt tatt ikke kan utledes direkte fra molekylære analyser av forhistorisk humant arkeologisk materiale. Genetiske relasjoner er ikke det samme som familiære/sosiale relasjoner. Likedan er ikke fravær av genetiske relasjoner som i vårt samfunn blir likestilt med foreldre/barn forhold, ensbetydende med fravær av foreldre/barn forhold eller andre familiære relasjoner nettopp i dette konkrete tilfellet. Noen universell norm, uavhengig av tid og sted, for sosialt konstruerte familieforhold, eksisterer ikke. Kanskje vil enkelte synes at min bokstavelige tolkning av konklusjonene er noe firkantet. Men jeg mener at slike formuleringer er symptomatiske for en del av den forskning som til nå har foregått innen feltet, og indikerer samtidig et behov for nye begreper som kan fungere som analytiske arbeidsverktøy. Det bør presiseres, slik Arvidsson gjør det, at det er foreldre/barn relasjoner på molekylært nivå det er snakk om. Det er altså ikke aktive sosiale foreldre/barn relasjoner som direkte blir bekreftet eller avkreftet via molekylære undersøkelser.

Et eksempel på en annen interessant molekylær slektskapsundersøkelse kan hentes fra Japan (Kurosaki mfl. 1993). Med utgangspunkt i det arkeologiske materialet ble molekylære undersøkelser her benyttet for å teste allerede fremsatte arkeologiske hypoteser. Undersøkelsen fokuserte på materiale fra en lokalitet ved navn Hanaura, som ligger nord på den sørligste av de hovedøyene som utgjør Japan. Lokaliteten er datert fra 1. århundre f.Kr. til 1. århundre e.Kr. Her ble i alt 29 skjeletter gravd frem, hver i egen kiste (kalt Kamekan). To individer som morfologisk var tolket som menn, var her gravlagt på toppen av en høyde, omkranset av de øvrige individene, som var gravlagt ved foten av høyden. To av de øvrige skilte seg imidlertid ut fra de andre. Halvveis oppe på høyden, nærmere de to på toppen, var det nemlig gravlagt to individer som morfologisk sett var kvinner. Den ene var en voksen kvinne, mens den andre var en ung pike. De skilte seg også ut med å være de eneste med ca. 20 armringer av skjell. Også på andre lokaliteter i distriktet, tilhørende den samme arkeologiske kulturen, er det kun et begrenset antall individer (vanligvis kvinner) som er begravet med slike skjell. De to kvinnene var arkeologisk tolket som å tilhøre samme familie, trolig mor og datter, med rolle som shamaner eller annen type ledere. Det ble således besluttet å teste denne hypotesen ved å utføre en molekylær slektskapsanalyse av levningene.

Ved mikrosatellittanalyse ble det funnet uoverensstemmelse i 3 av 7 loci, som ble undersøkt med tanke på biologiske foreldre – barn relasjoner. Muligheten for at det molekylært sett dreide seg om mor og datter kunne dermed utelukkes. Muligheten for at de to kunne være biologiske søstre eller på annen måte matrilineært i slekt med hverandre ble undersøkt ved analyse av mtDNA's hypervariable D-loop region. Også disse nukleotidsekvensene skilte seg klart fra hverandre og utelukket muligheten for biologisk matrilineært slektskap. Det kan altså med stor grad av sannsynlighet utelukkes at disse to kvinnene biologisk sett var i nær slekt med hverandre, og at matrilineære relasjoner har spilt noen vesentlig rolle ved gravleggingen. Det er imidlertid et minus med det denne undersøkelsen at det kun er de to kvinnene som er molekylært undersøkt. Lignende undersøkelser av de øvrige gravlagte individene vil ha potensial til å gi interessante vinklinger for studier av den sosiale organisering av det gjeldende samfunnet.

Det siste eksempelet som vil bli trukket frem i denne sammenhengen gjelder en undersøkelse hvor det er foretatt analyser av skjelettresten fra en svensk megalittgrav (den såkalte Rössberga megalittgraven). Her er 6 individer analysert med ulike metoder (Götherström 2000). Megalittgraven ble gravd ut i 1962, og 38 individer ble identifisert i første omgang. Senere analyser har imidlertid vist at graven inneholder langt flere individer. Individene i graven er ¹⁴C datert til mellom 4590±120 og 2440±120 BP. Det første som ble gjort var å gjennomføre en molekylær kjønnsbestemmelse rettet mot en hyppig repeterende sekvens på Y-kromosomet, kalt DYZ1. En lyktes her å få positivt utslag i 4 prøver, dvs. at 4 individer genetisk sett var menn. De 6 prøvene ble deretter undersøkt for matrilineære slektslinjer. Dersom en ser for seg en samfunnsorganisering ut fra matrilineære slektsgrupper, der slektskap sosialt blir regnet via morslinjen, ville det i en fellesgrav som dette kunne forventes å bare være et minimum av variasjon blant mtDNA sekvensene. Ved analyser rettet mot mtDNA's hypervariable region ble det oppnådd positivt resultat i 5 tilfeller. 3 av disse tilhørte den vanligste haplotypen¹⁹ (the Cambridge reference sequence). De 2 siste hadde to andre haplotyper. Dermed kunne det konstateres at minst tre kvinnelige slektslinjer var representert i materialet, noe som ble tolket som en indikasjon på at samfunnet ikke var sosialt organisert ut fra matrilineære slektsgrupper. For å undersøke tilstedeværelsen av patrilineære slektslinjer ble det gjort en analyse rettet mot Y-kromosom spesifikke mikrosatellitter. Dersom samfunnet skulle vært organisert ut fra patrilineære slektslinjer, der slektskap kun blir regnet via

¹⁹ Det mitokondrielle genomet består ikke av kromosompar (slik kjerne-DNA gjør), men består av en type sekvenser. Det blir derfor kalt haploid, og begrepet "haplotype" blir brukt som betegnelse på de ulike gruppene.

farslinjen, ville en her forvente å kun få frem et fåtall ulike haplotyper. Av de 4 prøvene som hadde gitt positivt utslag ved kjønnsbestemmelsen fikk en her utslag i 3 tilfeller. Imidlertid hadde alle disse den samme, vanligste haplotypen, noe som gjorde at det ikke var statistisk grunnlag for å kunne konkludere med at flere ulike patrilineære slektslinjer var tilstede i materialet. For å ha et gyldig grunnlag for enten å styrke eller falsifisere hypotesen om at individene i megalittgraven stammer fra en eller svært få patrilineære linjer, vil en her avvente resultatene fra flere analyser før en kommer med noen konklusjoner.

5.4 Sykdomsstudier

Et spennende felt som metoden har åpnet opp for, er muligheten til å kunne etterspore arvelige genetiske sykdommer, samt sykdommer som skyldes infeksjon av bakterier eller virus.

5.4.1 Arkeologiske eksempler

Tuberkulose er den sykdommen det er blitt forsket mest på via analyser av DNA fra humant arkeologisk materiale. Blant annet er det blitt påvist tilstedeværelse av *Mycobacterium tuberculosis* i de mumifiserte levningene av en pre-columbiansk kvinne datert til ca. 1040[±]44 BP i Peru (Salo mfl. 1994). Dette var en relativt viktig påvisning, da det lenge var diskutert hvorvidt sykdommen eksisterte på det amerikanske kontinent før europeerne ankom, eller om det var spanjolene som brakte den med seg. Til tross for påvisningen er det likevel fremdeles en generell oppfatning at sykdommen var relativ sjelden på det amerikanske kontinent inntil europeerne ankom.

Ved det arkeologiske forskningslaboratoriet i Stockholm er det utført analyser på 3 skjeletter fra middelalder, samt levningene av en person som omkom da kanonskipet Kronan eksploderte og sank i 1676 (Nuorala 1997). De tre levningene fra middelalderen bar alle synlige preg av å være angrepet av tuberkulose, mens levningene fra Kronan ikke bar slike spor. Det lyktes å påvise *Mycobacterium tuberculosis* i en av de tre middelalderlevningene, samt i levningene fra Kronan. Grunnen til at 2 av 3 skjeletter med synlige spor av sykdommen ikke gav utslag i analysene, antas å være forårsaket av at det ikke var bevart tilstrekkelige mengder DNA fra bakterien. Mer overraskende var det at levningene fra Kronan gav så klare resultater, da disse ikke var synlig angrepet og egentlig var ment å fungere som en kontrollprøve. Her har nok gode bevaringsforhold vært sterkt medvirkende til at så pass mye DNA var bevart. Andre undersøkelser har også frembrakt lignende resultater fra bein som

visuelt ikke gav indikasjon på å være angrepet av tuberkulose (Baron mfl. 1996). Således gir metoden økt innsikt i deler av det forhistoriske sykdomsbildet, blant annet ut fra det faktum at en ikke lenger er fullt så avhengig av at tuberkulosebakterier skal ha angrepet og satt synlige spor i selve skjelettet for at sykdommen skal kunne bli identifisert.

Det eldste kjente tuberkulose tilfellet som er påvist i Skandinavia, stammer fra Danmark og er datert til neolitikum (Sager mfl. 1972; sitert i Larsen 1973). Det eldste kjente tilfellet av tuberkulose i Norge er påvist i levningene av en middelaldrende mann som ble funnet på Gisløy i Nordland (Larsen 1973). Skjelettet ble innsendt til Anatomisk Institutt ved Universitetet i Oslo av Harald Egenes Lund i 1941, og har her nummer 4430. Graven ble av Gutorm Gjessing stilhistorisk datert til å tilhøre merovingertid. I følge Larsen bar skjelettet tydelige tegn på at vedkommende hadde vært hardt angrepet av tuberkulose, selv om forbenet lungehinnevev ikke ble funnet.

Det vil være interessant å foreta videre undersøkelser rundt oppkomst og spredning av tuberkulose og andre bakterielle- og/eller arvelige genetiske sykdommer i menneskelige levninger fra ulike tidsperioder både i norsk og internasjonal sammenheng.

5.5 Molekylær slektskapsanalyse og kronologi

Molekylære slektskapsanalyser har, som arbeidsverktøy for arkeologer, også potensial til å bistå ved ^{14}C dateringer og problemstillinger tilknyttet kronologispørsmål. Et generelt og langvarig tema innen arkeologisk forskning har jo vært problemstillinger forbundet med korrekte kronologiske rekkefølger.

Det kan for eksempel ved undersøkelser av gravfelt være problematisk å plassere de enkelte graver i korrekt kronologisk forhold til hverandre. Molekylære slektskapsanalyser vil gi mulighet for at dette kan gjøres med større grad av sikkerhet, forutsatt at humant materiale er bevart. Ved rekonstruksjon av biologiske foreldre – barn relasjoner kan nemlig matrilineære og patrilineære slektsledd rekonstrueres, og gravene kan således plasseres i et mer nøyaktig kronologisk forhold til hverandre enn hva tilfellet har vært så langt. I kapittel 6.2.3 vil jeg gi eksempel på nettopp et slikt gravfelt hvor molekylære slektskapsanalyser har stort potensial til å bidra med informasjon for kronologien på gravfeltet. ^{14}C dateringene av skjelettmaterialet kunne her i gjennomsnitt bare plassere materialet innenfor en tidsperiode på ca. 120 år. Noen plassering av gravene i sikker kronologisk rekkefølge var således ikke mulig. Molekylære

slektskapsanalyser kombinert med ^{14}C dateringer kan i vesentlig grad bidra til å endre på dette. En naturlig konsekvens av å kunne plassere graver i sannsynlig korrekt kronologisk rekkefølge, vil videre være at også gjenstandene i gravene vil kunne plasseres i sikrere kronologisk rekkefølge. I heldige tilfeller, der skjelettmaterialer er bevart, vil molekylære slektskapsanalyser således kunne fungere som et nytt verktøy til å bistå under utarbeidelse av finkronologi for våpen, smykker, ornamentikk osv.

5.6 Oppsummering

Det har i dette kapitlet blitt sett på noen av de mulighetene som ligger innbefattet i metoden når det gjelder DNA analyse av humant arkeologisk materiale. Dette er blitt gjort ved å gå litt nærmere inn på noen arbeid hvor metoden er benyttet under arkeologiske undersøkelser. Eksempelene er valgt ut for å belyse de områdene hvor metoden har størst potensial for å bidra med informasjon som vil være relevant innen norsk arkeologi. Dette har jeg funnet å være: 1) Analyse av kremasjonsmateriale generelt, 2) Molekylær kjønnsbestemmelse, 3) Molekylær slektskapsanalyse, 4) Molekylær sykdomsanalyse og 5) Problemstillinger relatert til kronologispørsmål. Problemstillinger vedrørende evolusjonsstudier og menneskehetens oppkomst og spredning over kloden er utelatt. En inkludering av dette ville resultert i at avhandlingen ville gått langt utenfor sine rammer. Hovedfokus har vært rettet mot de muligheter som metoden byr på ved molekylær kjønnsbestemmelse og slektskapsanalyse, da dette synes å være de felt hvor det umiddelbart vil være mest å hente. Det har derfor blitt gitt en utredning om hva som ligger innbefattet i disse metodene og hvordan slikt arbeid gjennomføres. Det har nylig vist seg mulig å systematisk utføre DNA analyser av bein som har vært utsatt for en varmpåvirkning på opp til $300\text{ }^{\circ}\text{C}$. De unike muligheter dette vil tilby arkeologisk forskning er derfor også viet relativt stor plass. I det påfølgende kapittel vil det bli gitt noen eksempler på arkeologisk materiale som kan være egnet for DNA analyse i norsk arkeologisk sammenheng.

6 DNA ANALYSE AV HUMANT MATERIALE INNEN NORSK ARKEOLOGI

DNA analyser av arkeologisk materiale er etter hvert utført i en lang rekke tilfeller. Innen Norden er det spesielt universitetet i Stockholm som har vært med i fremste rekke. Fra norsk side er det pr. i dag enda ikke publisert noen slike analyser. Det betyr imidlertid ikke at det ikke skulle være nok å ta fatt på. Jeg vil her kort ta for meg noen eksempler på arkeologisk materiale som kan være egnet for molekylære undersøkelser for å belyse problemstillinger og bidra med informasjon innen norsk arkeologi. Her vil det være hensiktsmessig å innlede med en kort og generell oversikt over det skjelettmaterialet som er tilgjengelig i norske magasiner.

6.1 Norsk arkeologisk skjelettmateriale

6.1.1 Ubrent skjelettmateriale

Det norske skjelettmaterialet må tidsmessig sies å være noe skjevt fordelt mellom middelalder og forhistorisk tid. Det finnes nemlig skjelettmateriale av mellom 5 000 og 6 000 individer fra den ca. 500 år lange perioden som utgjør middelalderen i Norge. De fleste av disse stammer fra 150 års arkeologiske undersøkelser og utgravninger av kirker, klostre og kirkegårder i Oslo, Trondheim, Bergen, Tønsberg og Hamar. Dette står i sterk kontrast til det faktum at vi fra hele den forhistoriske periode, bare har ubrente skjelettrestrester av rundt 300 individer (Sellebold 1999b:61). Per Holck fordeler i sin doktoravhandling "Cremated Bones" (som omhandler periodene bronsealder – vikingtid), det norske skjelettmaterialet i de Schreinerske samlinger ved Anatomisk Institutt, Universitetet i Oslo, tilhørende disse periodene, på følgende måte: 15 skjelett fra bronsealder, 6 fra eldre jernalder og 198 fra yngre jernalder. Altså kun 219 skjelett, hvorav flesteparten tilhører perioden yngre jernalder (Holck 1987:38). Av disse igjen er de aller fleste lokalisert til Nord-Norge (Sellebold 1998:5). En av de viktigste årsakene til dette er at skjelettene fra Nord-Norge ble gravlagt i sandrik jord med høyt kalsiumnivå, noe som har gitt en svært høy bevaringsgrad. Skjelettene fra øvrige deler av landet ble derimot gravlagt i humus med nedbrytende effekt på kalsium (Schreiner 1946:2).

Kun 4 funn av skjelettrestrester er med sikkerhet datert til den mesolittiske periode (Sellebold & Skar 1999:8). Disse er:

- Bleivik i Rogaland. Her ble det funnet levninger av det som mest sannsynlig er en 50 – 60 år gammel kvinne, datert til 7.950 ± 110 BP. Her kan det bemerkes at den osteologiske kjønnsbestemmelsen av disse levningene over tid har endret seg fra "mann" til "kvinne".

En molekylær kjønnsbestemmelse vil kanskje gi svar på dette spørsmålet.

- Skipshelleren i Hordaland. Her ble det funnet fingerbein av et voksent individ som det ikke var mulig å kjønnsbestemme. Levningene er datert til ca. 6 000 BP.
- Svarthola, Viste i Rogaland. Her ble skjelettet til en ung gutt på ca. 15 år funnet i kulturlaget i helleren. Levningene er datert til ca. 5 000 BP.
- Funnene i Søgne, Vest Agder. Disse levningene er datert til ca. 8600 BP, og er således de eldste funn av menneskelige levninger i Norge. Her må det bemerkes at det er mulighet for at det er levninger av mellom 2 og 5 individer som er funnet. Dermed kan antall registrerte individer fra eldre steinalder i Norge bli fordoblet med dette funnet.

I skrivende stund foreligger det planer om å foreta DNA analyse av skjelettrestene fra Søgne. Håpet er at disse undersøkelsene vil kunne bidra med informasjon om hvor mange individer det er snakk om, tilstedeværelse av eventuelle arvelige sykdommer og andre genetiske trekk, og i hvilken grad det var biologisk slektskap mellom individene. Resultatene av undersøkelsene blir også forespeilet å ha potensial til å fungere som startpunkt for videre undersøkelser rundt mulige genetiske relasjoner mellom de menneskene som holdt til i Europas periferi gjennom mesolitikum (op.cit.10). Dette er interessante tanker som utvilsomt vil bidra med interessante vinklinger til mange problemstillinger i den aktuelle region og periode, dersom en oppnår positive resultater. Den begrensede mengde tilgjengelig skjelettmateriale, samt den lange tidsperioden det tross alt er snakk om, vil imidlertid begrense potensielle aktuelle problemstillinger, i hvert fall slik den metodiske situasjonen er for øyeblikket. Skulle forskningsprosjekt med mål å belyse genetiske relasjoner forhistoriske menneskene i mellom, settes i gang i nordisk sammenheng, vil jeg anta at det strategisk sett heller vil være en fordel å begynne i andre enden av den forhistoriske periode. Ikke minst ut i fra at det tilgjengelige materialet her er betraktelig større, samtidig som resultatene kan sammenlignes med skriftlige kilder. Undersøkelser av biologiske relasjoner mellom mennesker tilhørende ulike samfunnslag (både innenfor og på tvers av nåværende landegrenser) i nordisk vikingtid og middelalder, vil for eksempel kunne by på mange spennende problemstillinger.

Det er altså et svært begrenset antall individer fra de forhistoriske perioder som det i dag eksisterer ubrente skjelettresten av. I tillegg er det viktig å ha i bakhodet at det statistisk sett (slik den metodiske situasjonen er pr. i dag), ikke vil være overraskende om det viser seg kun å være mulig å trekke ut DNA fra rundt 50% av disse. Videre må en spørre seg i hvilken grad

disse levningene er representative for den øvrige befolkning i de perioder de stammer fra. Mange av levningene kommer jo fra synlige gravminner som det er nedlagt mye arbeid og ressurser i, og som neppe er representative for den type gravminne flertallet av befolkningen ble plassert i.

Imidlertid er det en annen begravelsestradisjon som har gitt oss et betraktelig større antall skjelettrestre å arbeide med, nemlig kremasjonsgravene. Brente bein har nemlig vist seg å bevares i langt større grad enn ubrente bein. Således bærer de med seg håp om å kunne gi et mer representativt bildet av den gjennomsnittlige befolkning, enn hva tilfellet er for de ubrente skjelettene. Med utviklingen av metoder som gjør at DNA analyse også kan benyttes på brente bein, har vi for første gang til rådighet et redskap som kan være med å gjøre akkurat dette.

6.1.2 Brent skjelettmateriale

Brente bein fra kremasjonsgraver har så langt ikke vært viet noe særlig oppmerksomhet innen norsk arkeologi. Et unntak er den tidligere omtalte "Cremated Bones" (Holck 1987). Her ble det gjort en nærmest fullstendig osteologisk gjennomgang av det totale tilgjengelige kremasjonsmaterialet fra de forhistoriske perioder, tilhørende Oldsakssamlingens distrikt. Det ble gjort morfologiske sammenligninger med utenlandsk materiale, utført alders- og kjønnsbestemmelser, samt klassifisering etter hvilken grad beina var brent. Forekomsten av dobbeltgraver og barnegraver, pluss tilstedeværelse av dyrebein og bjørneklør i materialet, ble diskutert. Totalt ble det her undersøkt 1082 kremasjonsgraver fra den aktuelle region og periode. 1082 forhistoriske kremasjonsgraver fra Oldsakssamlingens distrikt alene står i sterk kontrast til de rundt 300 ikke kremerte forhistoriske levningene fra hele Norge. Noen lignende gjennomgang og opptelling av kremasjonsmaterialet fra de øvrige regioner i Norge er så langt ikke gjennomført så vidt jeg kjenner til, men det vil ikke være usannsynlig at det totale antall graver vil komme opp i flere tusen.

Ikke minst vil problemstillinger rundt kjønnsbestemmelser være relevante her. Holck utførte osteologisk kjønnsbestemmelse i 29,9% av tilfellene i sin undersøkelse. Resultatene viste her en forholdsvis lik distribusjon mellom menn og kvinner (op.cit.54). I tillegg kommer barnegraver, der verken brente eller ubrente levninger tidligere har latt seg kjønnsbestemme, inn i bildet. Holck fant at identifiserbare barnegraver (individer yngre enn 14 – 15 år) utgjorde 6,1% av materialet, noe som tilsvarte 11,5% av de kremasjonene hvor aldersbestemmelse var mulig (op.cit.119). Graden av brenning for de kjønnsbestemte beina er naturligvis lavere enn

gjennomsnittet, ettersom muligheten for å gjennomføre en kjønnsbestemmelse synker proporsjonalt med økende grad av brenning. Videre blir det funnet iøynefallende at beina fra bronsealder og eldre jernalder nesten er identiske når det gjelder grad av brenning, mens bein fra yngre jernalder viser tegn på brenning ved betraktelig lavere temperatur. Kremasjonsmaterialet viser regionale forskjeller der høyeste grad av brenning finnes langs kysten av Vest-Agder, laveste grad i innlandsfylket Oppland, mens Buskerud, Vestfold, Østfold, Akershus og Hedmark inntar en mellomposisjon (op.cit.102f). Det er altså både regionale og tidsmessige forskjeller i materialet.

6.1.2 Dobbeltgraver og sekundærbegravelser

Et fenomen blant de forhistoriske gravene er forekomsten av dobbeltgraver. Gravlegging av to individer i samme grav forekommer riktignok også i middelalder, og kan således ikke betegnes som noe rent førkristent fenomen. Det finnes imidlertid flere typer dobbeltgraver med variasjon både i alder og kjønn mellom de gravlagte (mann/kvinne, mann/barn, kvinne/barn, barn/barn osv.). Årsaksforholdet til at to individer har blitt gravlagt sammen må antas å variere både regionalt og periodisk. I kristen tid vil det være nærliggende å anta at biologiske relasjoner som foreldre – barn, og søskenforhold har hatt innvirkning på avgjørelsen om individer skulle gravlegges i samme grav, og at dette først og fremst har funnet sted når individer i samme familie døde samtidig. Fra forhistorisk (førkristen) tid er det i tillegg til dette, sannsynlig at andre forhold enn biologiske relasjoner kan ha spilt en vesentlig rolle i enkelte tilfeller. Et alternativ som må vurderes er tilfeller av menneskeofring der en slave ble plukket ut til å følge eieren i døden. Dette er hendelser som er beskrevet i flere skriftlige kilder (op.cit.116f). Et annet fenomen som må vurderes er forekomsten av det som i dag gjerne betegnes som enkebrenning, der hustruen mer eller mindre frivillig følger sin mann i døden og blir brent på bålet med ham.

Det er registrert 48 dobbeltgraver (inkludert 3 trippelgraver) i kremasjonsmaterialet som ble undersøkt av Holck. Dette utgjør 4,4% av det totale undersøkte materialet. Disse tallene er med stor sannsynlighet for lave, da det er satt strenge krav for at en skal kunne konkludere med dette. Når dobbeltgraver er identifisert med sikkerhet er beinmengden vanligvis stor, og kremasjonsgraden lav.

Mens den geografiske distribusjon av dobbeltgraver i Holck sin undersøkelse synes jevn, er det en betydelig variasjon mht. kjønnsfordeling. Kun 2 av de kjønnsbestemte dobbeltgravene

(1,1%) ble bestemt til kvinne/kvinne, 18 (10,1%) til mann/kvinne, mens ingen hadde kombinasjonen voksen mann/mann (Holck 1987:116).

Dobbelgravene som Holck undersøkte viste og en betydelig variasjon med hensyn til alder, og det så ut til – for gravene med en person av hvert kjønn – at mannen har vært betydelig eldre enn kvinnen. Hva er det som har funnet sted i disse tilfellene? Hva slags personer er det som er gravlagt sammen? Holck konkluderer med at det i flere tilfeller er liten sannsynlighet for at det er snakk om ”mann – kone” begravelser. Riktignok taes det forbehold at vi vet svært lite om hvordan familieforholdene egentlig var gjennom jernalderen. I tillegg vil det være verdt å ha i bakhodet at kremasjon og gravlegging av to personer i en dobbeltgrav nødvendigvis ikke har funnet sted på nøyaktig samme tidspunkt.

Et trekk ved materialet som kan komme inn i bildet her er forekomsten av kuttmerker på levningene. I 72 av de 1082 gravene (6,7%) ble det nemlig funnet bein med slike spor. Kanskje har partering vært en del av begravelsesritualet for å spare ved eller andre nødvendigheter i forbindelse med de religiøse ritualene (op.cit.126). En annen faktor er at beina med kuttmerker har en betydelig lavere grad av kremasjon. De kommer fra graver hvor den avdøde er blitt tatt mindre godt vare på, der selve kremasjonsprosessen nærmest har blitt neglisjert og levningene bærer preg av ikke å ha blitt behandlet med omsorg. I følge Holck gjelder dette spesielt de gravene som han har kjønnsbestemt til å være kvinnegraver. Det er også bemerkelsesverdig at 14,8% av kuttmerkene er funnet i dobbeltgraver, og det kan virke troverdig at det dreier seg om personer som er ofret i et eller annet religiøst ritual (op.cit.127).

Dersom DNA analyse skal foretaes på forhistorisk kremasjonsmateriale, i den hensikt å undersøke hvorvidt det er mulig å hente ut DNA fra levningene, vil det være strategisk riktig å ta utgangspunkt i en dobbeltgrav med lav grad av brenning, der det også er dyrebein tilstede. Her vil det både være mulighet for å skille mellom menneske- og dyrebein, artsbestemme dyrebeina, kjønnsbestemme de menneskelige levningene, samt foreta molekylær slektskapsanalyse.

Et annet forhistorisk fenomen er forekomsten av sekundærbegravelser i samme gravminne. På gravfeltet Kvasheim i Rogaland er det for eksempel 12 graver som inneholder mer enn én begravelse. I sin gjennomgang av gravfeltet finner Jostein Bergstøl at det antagelig er relativ kort tid mellom begravelsene i de anleggene hvor det ligger flere gravlagt. Han finner også bemerkelsesverdig stor likhet i innholdet mellom de forskjellige gravene i hver haug. Dette

tolkes av Bergstøl som om det er slekt- eller kjennskap mellom personene, og at de visste hvem som var gravlagt i de forskjellige haugene (Bergstøl 1995:48ff).

Dette er problemstillinger som det vil være fullt mulig å belyses via molekylære slektskapsanalyser. Eventuelle genetiske relasjoner mellom individer i primærgraver og sekundærgraver kan avdekkes, og teorier kan utledes om hvorvidt tilstedeværelse/fravær av slike relasjoner kan overføres til eventuelle sosiale relasjoner. En aktuell problemstilling kan være spørsmålet om hvorfor noen blir gravlagt i tilknytning til andre. En ”konstruert dødeverden” trenger ikke være lik den reelle ”levende verden”. Andre faktorer kan ha blitt vektlagt enn biologisk slektskap. Slike problemstillinger kan en få belyst via molekylære slektskapsanalyser av individer gravlagt i samme gravminne, både når de tolkes til å være samtidige og når de ikke gjør det. Dette er problemstillinger som selvsagt også vil være aktuelle ved undersøkelser av hele gravfelt. Er gravfelt forbeholdt enkeltfamilier, eller er individer fra flere ulike familier uten biologisk tilknytning til hverandre gravlagt på samme gravfelt? Er det mulig å si noe om sannsynligheten for at arv og slekt har blitt regnet matrilineært, patrilineært eller bilateralt? Listen av potensielle problemstillinger kan her gjøres svært lang. Jeg vil imidlertid nå gå over til å gi noen eksempler på konkret skjelettmateriale som kan være egnet for DNA analyse, i den hensikt å belyse problemstillinger som er aktuelle innen norsk arkeologi. Det må kanskje presiseres at dette kun er eksempler, og ikke må oppfattes som noen ”topp tre liste” over skjelettmateriale som bør DNA analyseres. Det er mye skjelettmateriale som vil være svært godt egnet til å belyse en rekke konkrete problemstillinger, men jeg har her forsøkt å gjøre et lite utvalg for å eksemplifisere noe av potensialet som ligger i metoden.

6.2 Eksempler på materiale som kan være egnet for DNA analyse

6.2.1 Skipsgravene fra Oseberg og Gokstad.

De kanskje mest kjente forhistoriske skjelettene innen norsk arkeologi er levningene av de to kvinnene som ble funnet i Oseberggraven. Så er det da også disse levningene som oftest først blir foreslått som eksempel på materiale det ville vært interessant å utført DNA analyse på innen norsk arkeologi, under samtaler om temaet. Det som imidlertid skiller de menneskelige levningene fra denne graven ut fra store deler av øvrig norsk skjelettmateriale, er at de i likhet med levningene fra skipsgraven på Gokstad, er blitt gjenbegravet i rekonstruerte gravminner. I 1928 ble de da antatte levningene av Olav Geirstad-alv, som var funnet i skipsgraven på

Gokstad, utlevert fra Universitetet i Oslo og gravlagt på ny i sentrum av den rekonstruerte haugen. 20 år etter ble Oseberghaugen gjenreist, og 29. august 1948 var det de da antatte levningene av dronning Åsa og hennes følgerske sin tur til å bli stedt til hvile i den rekonstruerte haugen. Det må her bemerkes at det er rimelig grunn til å stille spørsmålsteget ved identifiseringen av levningene i de to gravene som disse personene. Dendrokronologiske dateringer har vist at tømmeret i gravkammeret i Oseberggraven ble felt høsten 834, mens Gokstadskipet er datert til ca. 900. Det er derfor lite trolig at det er noen av disse personene som lå i disse skipene, dersom historikernes kronologi for Ynglingeætten skal taes til følge (Myhre 1992:41 og 1996). Sannsynligheten er nok stor for at det er to personer som vi aldri med sikkerhet får vite navnet på, som er gravlagt her.

Det ble altså funnet skjelettresten av to individer i Oseberggraven. Ut fra morfologiske trekk er levningene bestemt til å stamme fra to kvinner, en antatt til å være mellom 30 og 40 år, og en antatt å være over 60 år. Det har vært en allmenn oppfattelse at graven ble anlagt for kun den ene av kvinnene, og at den andre hadde blitt utvalgt til å følge henne i døden. Hvem av de to som graven er ment for (dersom denne teorien skulle være riktig), er imidlertid et spørsmål som har vært gjenstand for debatt opp gjennom tidene.

Den første hypotesen, som ble lagt frem av A.W. Brøgger i 1916, gikk ut på at det var dronning Åsa (mor til Halvdan Svarte og bestemor til Harald Hårfagre), som var gravlagt i haugen. Dette var en teori som, sett i sammenheng med skriftlige kilder, stemte godt overens med den tidens datering av graven. Ut i fra denne teorien måtte det da være den eldste kvinnen som var dronning Åsa, mens den yngste kvinnen måtte ha vært hennes tjenerinne. Hypotesen ble raskt en akseptert sannhet og gjengitt både i historieverk og skolebøker (Ingstad 1992:224).

Enkelte faktorer som dukket opp under de osteologiske undersøkelsene av skjelettmaterialet gav imidlertid indikasjoner som kunne tolkes som at det var den yngste av kvinnene som var ”dronningen”. Mens det ble funnet et tilnærmet komplett skjelett av den eldre kvinnen, ble det nemlig kun funnet få skjelettdeler av den yngste. Dette kunne være en indikasjon på at denne kvinnen i større grad har vært dekket av smykker og verdisaker, og at levningene derfor har blitt dratt ut i dagslys slik i at gravrøverne skulle være sikre på å få alt av verdisaker med seg (Guldberg 1907:1396). Ut fra forholdene i gravkammeret blir det nemlig tolket som mest sannsynlig at plyndringen har foregått etter at levningene var skjelettert, og at de savnede skjelettdelene var forsvunnet under plyndringen. En annen faktor som medvirket til dette

tolkningsforslaget, var at det ble påvist spor etter noe som er tolket som bruk av tannpirker av metall på tennene til den yngste kvinnen. Dette er et svært sjeldent trekk ved forhistorisk skjelettmateriale, noe som tyder på at det ikke er en skikk som har vært i allmenn bruk. Skulle disse tolkningene stemme vil det være mest sannsynlig at det er den yngste av kvinnene graven opprinnelig var konstruert for (Schreiner 1927:106ff). I 1959 konkluderte Charlotte Blindheim med at de to par sko som ble funnet i graven, etter all sannsynlighet var sydd for den gamle kvinnens hovne og giktiske føtter, og stiller spørsmålet om ikke skoens eierinne må ha vært den fornemste av de to kvinner ”...*hun til hvis ære haugen ble reist*” (Blindheim 1959:82). Det er altså faktorer som indikerer at begge kvinnene kan ha vært den som haugen ble reist over. Og kanskje er det nettopp dette som er tilfellet; at haugen er reist over to høyt ansette kvinner som av ukjent grunn døde noenlunde samtidig. Men for at de skal ha blitt gravlagt sammen i et slikt storslagent gravminne, vil det være rimelig å anta at det har eksistert en eller annen form for biologisk og/eller sosial relasjon mellom dem.

En tilnærming til dette spørsmålet har den senere tid foregått ved at en istedenfor stadige forsøk på å identifisere en av kvinnene i Oseberggraven som en konkret person, heller har forsøkt å belyse hvilken funksjon kvinnen (eller kvinnene) kan ha hatt i sin samtid (Ingstad 1992, Solberg 2000:266f). Dette har resultert i en alternativ tolkning av Oseberghaugen som offer til maktene i en religiøst stresset situasjon, og ikke en begravelse i tradisjonell forstand (Gansum 1995:131ff og 221, Ingstad 1992:224 og 255). Det er nemlig flere faktorer som indikerer at en sammenheng med dyrkelsen av Frøy og/eller Nerthus kan være sannsynlig. Ikke minst er dette gjort ut i fra offergavene som i stor grad er i overensstemmelse med skriftlige beskrivelser av omstendighetene rundt en slik gudsdyrkelse. Den utradisjonelle lokaliseringen av skipsgraven til det som på begravelsestidspunktet må ha vært en dårlig drenert, myraktig flate i bunnen av Slagendalen (i motsetning til tradisjonell plassering som gjerne er på høydedrag), er også en faktor som trekker i retning av en slik tolkning. Kanskje var en eller begge kvinnene religiøse/kultiske ledere som ble ofret i en religiøst stresset situasjon. Var det muligens ”den nye religionen” sin fremmarsj i Europa som nødvendiggjorde et slikt storslått offer? At en eller begge kvinnene har innehatt religiøse funksjoner, er hypoteser som har vært lagt frem omtrent helt siden haugen ble gravd ut. Gutorm Gjessing samler og utvider disse tankene i sin artikkel ”Hovgydja på Oseberg” (Gjessing 1943). Anne Stine Ingstad trekker og inn den faktoren at skipet var fortøyd til en svær stein, til tross for at det fantes et lite jernanker i skipet. Dette blir tolket som at det var om å gjøre at skipet ikke skulle seile bort, men være lenket til haugen.



Fig. 8: Osebergskipet forankret til stein i graven (etter Christensen 1992:81).

”Da alt dette var ferdig og de siste begravelsesseremoniene overstått, ble gravkammeret med de to kvinnene lukket igjen. Så stod det bare tilbake å fullføre den mektige kappen av torv fra den omkringliggende myren, som skulle omslutte hele det praktfulle skipet med alle dets skatter og de to høybyrdige kvinnene. Der skulle de ligge til evig tid i nærheten av det hov de hadde betjent i livet, for at de fortsatt skulle virke for fred og fruktbarhet i dalen. Som i livet så også i døden” (Ingstad 1992:256).

Det er altså svært sannsynlig at det har eksistert en eller annen form for sosial relasjon mellom de to kvinnene. Hva så med spørsmålet om det også har vært biologiske relasjoner mellom dem? Dette er en problemstilling som så langt ikke har vært diskutert i særlig grad. Som vi har sett er det flere faktorer som indikerer at begge kvinnene har hatt en høy sosial posisjon, og at ”hersker - trell” forholdet kan ha blitt noe overbetonet. Kanskje mor og datter har omkommet i en ulykke, eller dødd av sykdom og deretter blitt gravlagt sammen? Kanskje de viktige lederrollene under kultutøvelsene gikk i arv fra mor til datter? Spørsmålet om tilstedeværelse/fravær av matrilineære biologiske relasjoner mellom de to kvinnene er det teoretisk sett fullt mulig å få belyst via molekylær slektskapsanalyse. Skulle resultatene av slike analyser være positive, og for eksempel indikere et mor – datter forhold, vil det være et interessant moment å ta hensyn til i videre diskusjoner.

Nå kan selvsagt ikke noen DNA analyse av levningene etter disse to kvinnene alene avgjøre hvilken sosial posisjon og/eller funksjon de har hatt i sin samtid, men muligheten for å belyse spørsmålet ved bruk av slike metoder er ikke helt utelukket. Det som da må gjøres er å utføre

molekylære slektskapsanalyser både på levningene av disse to kvinnene og på øvrige menneskelige levninger fra graver i samme region, som fortrinnsvis ikke ligger langt unna i tid. Ved analyser av mikrosatellitter og mtDNA's hypervariable D-loop region vil en, dersom en er heldig, kunne rekonstruere biologiske relasjoner mellom levninger funnet i graver i den gjeldende region og periode. Dersom resultatene skulle indikere biologiske relasjoner mellom, for eksempel mannen fra Gokstadskipet og en eller begge kvinnene fra Oseberggraven, ville det være resultater som i sterk grad ville kunne bidra til diskusjoner rundt forholdet mellom makt og biologisk slektskap i den aktuelle region og periode. De eventuelle genetiske data som måtte bli hentet fra levningene i de to gravene kan også sammenlignes med DNA analyser av moderne blodprøver, a la det som ble gjort i forbindelse med den såkalte Cheddar mannen i England. Kanskje vil etterkommere etter "Osebergdronningen" en dag samles til slektstreff på gården ?

Dette er en fremgangsmåte som selvsagt også gjelder øvrig humant materiale, funnet i graver i andre regioner og perioder. I hvilken grad kan det påvises biologisk slektskap mellom menneskelige levninger bevart fra skips- og båtgraver både i Norge og Norden forøvrig? Hvor mange slektslinjer er det mulig å skille ut? Dersom en tar utgangspunkt i enkeltgravfelt, hvor det både er båtgraver og andre typer gravlegginger med bevart skjelettmateriale, har en nå en reell mulighet til for eksempel å belyse spørsmål rundt biologiske relasjoner mellom individer gravlagt i båtgraver. Slike eventuelle relasjoner kan igjen sees i forhold til eventuelle biologiske relasjoner mellom individer som ikke ble begravet i slike gravminner. Hvordan er forholdet innad i gruppene, og hvordan er forholdet dem i mellom? Resultatene kan i neste omgang sammenlignes med liknende undersøkelser fra andre gravfelt. Molekylære analyser bærer med seg muligheten til å belyse en lang rekke nye problemstillinger, samt at »gamle» problemstillinger kan diskuteres ut fra nye vinklinger. Her er det vel bare fantasien som setter grenser foreløpig.

Et annet trekk ved levningene fra Oseberggraven, som en ikke kommer utenom i denne forbindelse, er tolkninger av den eldre kvinnens fysiske fremtoning. Dette er kanskje den faktor som i sterkeste grad har medvirket til den oppfatning at nettopp disse levningene bør DNA analyseres, som jeg føler å ha møtt. Fysiske antropologer som i første halvdel av 1900-tallet undersøkte levningene, bemerket at hodeskallen i vesentlig grad skilte seg ut fra "den nordiske kvinnelige type" (Guldberg 1907:1390 og Schreiner 1946:156). Anton Ludvig Faye er kanskje den som går lengst når han i et foredrag i det norske medisinske selskap sier at

”de her beskrevne ben fra Osebergskibet neppe kan have tilhørt en ekte norsk kvinne. ... Den ringe legemshøide, de fine gracile ben tydede saaledes... paa en anden race, hvad enten kvinden nu stammede etstedsfra i Syden, som kunde være rimeligt, eller hun endog mulig kun var en lappekvinde” (Faye 1907:193f).

I bind II av *Crania Norvegica* tilbakeviser K.E. Schreiner tanken om at kvinnen skal være av samisk opprinnelse, men kan ikke utelukke muligheten for at hun skal være av utenlandsk opprinnelse (Schreiner 1946:157). Dette er formuleringer som har satt seg i folks bevissthet. Kanskje har de også vært medvirkende til at teorien om at det var den eldste av kvinnene som var dronningen, ble forlatt?

I hvilken grad har så DNA analyser potensial til å være med å belyse dette spørsmålet? Jeg har jo tidligere gått sterkt ut og kritisert enkelte forsøk som er blitt gjort på å etnisitetsbestemme arkeologisk materiale via DNA analyse. En kritikk som jeg fortsatt står fast ved. Det synes mildt sagt vanskelig å direkte bestemme den etniske tilhørighet til forhistoriske mennesker via analyse av levningenes DNA. Selv om en skulle få resultater som kan tolkes som positive vil en likevel kun ende opp med å føre etniske grupper, kjent i dag eller fra skriftlige kilder, bakover i tid. Muligheten for identifisering av sosialt konstruerte grupper av mennesker, som i dag er ukjente for oss, blir vanskeliggjort av en stadig søken etter ”etniske genetiske markører”. Skal en via molekylære analyser forsøke å belyse problemstillingen om hvorvidt den eldre kvinnen fra Oseberggraven biologisk sett var en ”fremmed” i det lokalmiljøet hvor hun ble gravlagt, kan en løsning være å søke etter svaret gjennom analyser av genetiske markører for biologisk slektskap, istedenfor søk etter genetiske markører for etnisk tilhørighet.

Skulle for eksempel resultater fra molekylære slektskapsanalyser av en lang rekke forhistoriske individer en gang i fremtiden foreligge, åpnes muligheten for å belyse spørsmålet fra en slik vinkel. Hypotetisk sett, kan slike resultater indikere at de hypervariable mtDNA sekvensene til den eldre kvinnen var fullstendig ukjente i regionen forut for hennes tid. Dersom de molekylære sekvensene i tillegg skulle stemme best overens med sekvenser påvist hos individer fra en helt annen region av landet eller Europa for øvrig, kan hypotesen diskuteres ut fra et helt annet grunnlag enn etnisk tilhørighet. Dette krever imidlertid at det blir gjennomført molekylære analyser av levningene etter et stort antall forhistoriske individer med det formål å belyse det biologiske slektskapsforholdet dem i mellom. Ved en slik undersøkelse vil det være viktig å markere et skille mellom genetisk og kulturell bakgrunn,

slik det tidligere er blitt understreket.

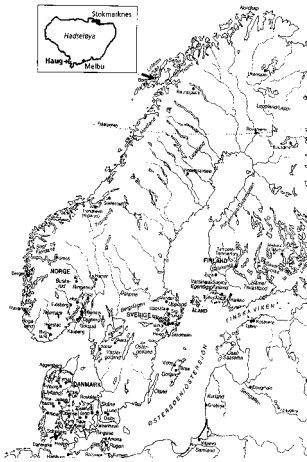
Skipsgravene fra Gokstad og Oseberg er også spesielle ut i fra det store antallet dyreofringer som er utført i forbindelse med gravleggingene. I Gokstadgraven ble det blant annet funnet skjeletter av 12 hester og 6 hunder (Guldberg 1907:1385), og i Oseberggraven ble det funnet skjeletter av minimum 15 hester og 4 hunder (Christensen 1992:61f). Allerede i 1907 stiller Guldberg en rekke spørsmål rundt disse dyreskjelettene, og nevner en rekke problemstillinger som studier av dem kan være med å belyse. Han spør blant annet om forholdet mellom vikingtidens hester og dagens norske hesteraser (for eksempel fjordhesten)? Hvordan forholder vikingtidshesten seg til de kjente europeiske hesteraser?

”Er den en descent av de vesterlandske hesteracer, - eller af den europeiske stenaldershest, eller er den nærmest at utlede af de orientalske racer? Er vikingkoen at utlede af den schweiziske ’tørvko’ eller hvorfra?. Kan disse spørsgmaalet helt eller delvis løses, hvilket lys vil ikke dette kaste over spørsgmaalet om våre gamle forfædres handelsforbindelser eller muligens indvandring og oprindelige hjem?” (Guldberg 1907:1396f).

Dette er eksempler på problemstillinger som det nå kanskje vil være mulig å belyse ut fra molekylære metoder. Götherström har påbegynt et slikt arbeid på skjelettresten av hester fra yngre jernalder i Sverige (Götherström 2001:26ff). Skjelettrestene fra disse to skipsgravene kan være et godt utgangspunkt for å belyse lignende problemstillinger fra norsk side.

Fra problemstillinger knyttet til levningene fra den overdådig rikt utstyrte Oseberggraven, vil det i neste eksempel bli gjort rede for et materiale som er noe yngre enn denne graven, samt vitner om langt enklere forhold. Et materiale som gir en unik mulighet til å komme nærmere inn på de menneskene som bodde i et lite lokalsamfunn i Nord-Norge, den perioden hvor den religiøse omvending fra hedendom til kristendom foregikk.

6.2.2 Gravplassen på Haug på Hadseløya



Materialet kom frem under omlegging av hovedveien rundt Hadseløya i Vesterålen i 1986. Nordland Vegkontor kom da over skjeletter og tykke kulturlagsakkumulasjoner på gården Haug, et par kilometer vest for tettstedet Melbu på sørsiden av øya. Sommeren 1987 ble det i regi av Tromsø Museum og under ledelse av Anne Karine Sandmo foretatt arkeologiske utgravninger i denne gårdshaugen (Sandmo 1988 og 1990). Antropologiske undersøkelser av skjelettmaterialet ble utført av Berit J. Sellevold (Sellevold 1996).

Fig. 9: Geografisk lokalisering av gravplassen på Haug (etter Sellevold 1996:7).

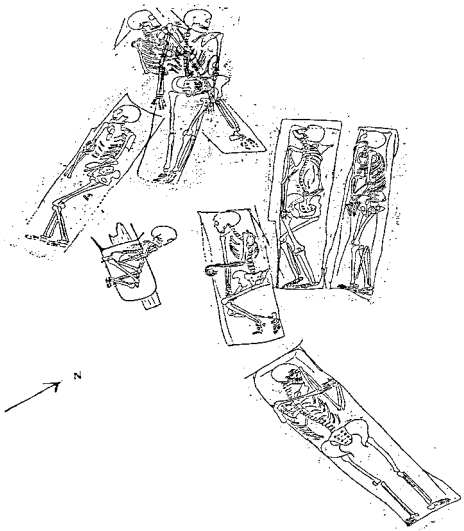
Gårdshaugen på Haug spenner i tid fra eldre jernalder til nåtid. Eldste delen er datert til mellom 340 og 560 e.Kr. (Sandmo 1990:54). Den østre del av gårdshaugen lå over et gravfelt. Beregnet ut fra tidligere skjelettfunn i området, har gravfeltet vært ca. 50 x 20 m, kanskje større. ¹⁴C dateringer av gravene ligger mellom ca. 955 og ca. 1255 e.Kr. (altså sen vikingtid til tidlig middelalder). Brukstiden for den undersøkte delen av gravplassen antas å være kort, og å ha ligget mellom ca. 970 og ca. 1070 e.Kr., således i perioden da Norge ble kristnet. Ut fra en beregnet gravtetthet på 1,7 individer pr. kvm. for minst 2/3 av feltet, og 0,5 individer pr. kvm. på resten, blir det anslått at gravfeltet kan inneholde ca. 1300 graver (op.cit.63f). Gravfeltet lå i tilknytning til bygningsrester av det som blir tolket som en liten torvkirke, og gravene er både eldre enn, samtidige med, og yngre enn det antatte kirkebygget. Dette er et av de meget få tilfellene der en gravplass som ikke er tilknyttet en stående kirke eller kjent kirkeruin, og som har kontinuitet i begravelserne fra førkristen til kristen tid, er blitt undersøkt i Norge. Det er også første gang et skjelettmateriale fra en slik funnlokalisering er blitt analysert (Sellevold 1996:5).

Utgravningene ble konsentrert om et felt på ca 3 x 3 m langs sørøstsiden av gravområdet, fordi dette allerede var åpnet da veiutbedringen ble påbegynt (Sandmo 1990:63). Det ble innsamlet skjelettrester av minst 30 individer. 13 av disse ble funnet i 12 graver, mens 17 individer ble identifisert blant omrotete ben fra ødelagte graver (Sellevold 1996:3). Det ble funnet bare noen få skjelettdeler fra omrotete graver i forbindelse med de arkeologiske undersøkelsene. Men i 1986 ble mange skjelettdeler oppsamlet av arkeologer som var på Haug på befaring. Dessuten samlet veivesenet opp mange skjelettdeler da de fortsatte sitt arbeid etter at de arkeologiske undersøkelsene var avsluttet i 1987 (op.cit.11). Fordi

kulturminnene først ble oppdaget etter at Tromsø Museum hadde gitt klarsignal for veitraseen, måtte både midlene og størrelsen på prosjektet holdes innenfor de allerede oppsatte rammene fra vegkontoret (Sandmo 1990:75). Dette satte begrensninger på utgravningen, og det må derfor antas at det fremdeles er stort potensial for å hente ut betraktelig mer data fra denne lokaliteten.

Skjelettdelene var usedvanlig godt bevart fordi gravene var anlagt i kalkrik skjellsand. Blant individene i identifiserte graver var det ni komplette eller nesten komplette skjeletter der nesten samtlige knokler var intakte (dvs. at alle antropologiske mål kunne tas). Det er svært sjeldent at arkeologisk skjelettmateriale er så godt bevart som dette (Sellevold 1996:10f). De antropologiske undersøkelsene viser at alle aldersgrupper og begge kjønn er representert. Det var 4 barn og 26 voksne. Blant de voksne var det 13 menn, 9 kvinner, og 8 som ikke kunne kjønnsbestemmes. Det var stor variasjon i gravskikken. Forklaringen kan være at gravplassen omfatter både hedenske og kristne graver, og at det er kontinuitet i gravleggelsen på tvers av religiøs tilknytning. Dessuten er det forhold omkring både skjeletter og graver som tyder på at gravplassen kan ha vært brukt også på tvers av etnisk tilhørighet (op.cit.3).

Minst 7 av gravene var kistegraver. Det var tydelige spor etter treverk, og noe av treverket var også bevart. I en grav syntes det som om den døde var gravlagt i en pulk (op.cit.11). Kroppshøyden kunne beregnes for fire menn og fem kvinner. En av mennene var usedvanlig kortvokst, bare 155.3 cm. Det er mulig at denne mannen var same, fordi kroppshøyden ligger utenfor variasjonsbredden for nordiske menn fra samme periode, men innenfor variasjonsbredde for 1700-talls samiske menn (det finnes ingen data for samtidige mannlige samiske skjeletter) (op.cit.48).

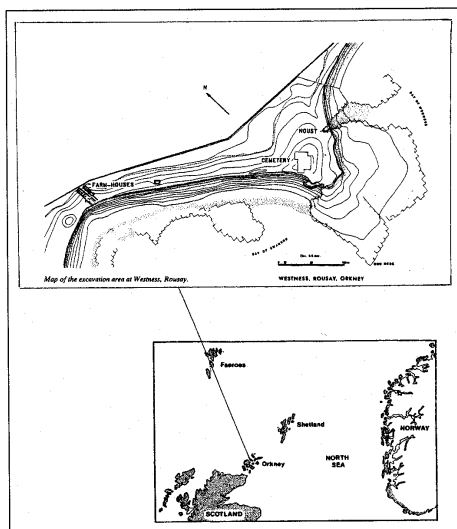


Gravskikken var meget blandet, med både kristne og førkristne elementer tilstede. Skjelettene stillinger i kistene fremviste stor variasjon, fra mageleie til sovestilling og utstrakt ryggleie. Gravenes orientering varierte over mer enn en kvart kompassrose. Den viktigste årsaken til å identifisere noen av gravene på Haug som kristne er gravplassens tilknytning til kirkebygget, og det faktum at noen av gravene er yngre enn denne kirken (ibid).

Fig. 10: Skjelettene stilling i gravene på Haug (etter Sandmo 1988:207)

Det er altså flere grunner som taler til fordel for at nettopp materialet fra Haug vil være godt egnet for DNA analyser. For det første indikerer de gode bevaringsforholdene at det vil være gode muligheter for at tilstrekkelige mengder DNA er tilstede. For det andre er en stor del av gravplassen ikke utgravd, noe som gir mulighet for at flere graver vil kunne graves ut spesielt med henblikk på at det skal tas molekylære prøver av levningene. Spesielle tiltak kan dermed iverksettes under selve utgravningen i den hensikt å redusere risikoen for forurensning av materialet (se appendix II). En vil få mulighet til å kjønnsbestemme et betraktelig større antall individer (inkludert barn) enn hva tilfellet er til nå. Videre vil en få mulighet til å studere biologiske relasjoner mellom de individene som er gravlagt på denne gravplassen gjennom disse hundreårene, som var så sentrale i Norges historie. Kan biologiske foreldre – barn relasjoner påvises? Kan matrilineære og patrilineære biologiske slektslinjer identifiseres. I så tilfelle, er det noen av dem skiller seg fra de andre i vesentlig grad? Var gravplassen og kirkegården forbeholdt beboerne på gården, eller er det sannsynlig at de gravlagte kom fra et større omland? Hvilke eventuelle endringer kan påvises over tid? Levningene kan videre analyseres for tilstedeværelse av tuberkulosebakterier (*Mycobacterium Tuberculosis*), spedalskhet (*Mycobacterium leprae*), og andre sykdommer. Det vil være sannsynlig at metodeutvikling vil resultere i at en også på arkeologisk materiale som dette, i fremtiden vil kunne utføre analyser rettet mot et stort antall genetisk arvelige sykdommer, noe som trolig vil få ringvirkninger både innen moderne medisinsk og arkeologisk forskning.

6.2.3 Gravplassen på Westness, Rosay, Orknøyene



Det tredje eksempelet jeg har valgt å presentere i denne forbindelse har jeg hentet utenfor det som er Norges grenser. Jeg har likevel valgt å presentere det i denne sammenheng, da gravplassen antagelig inkluderer levninger av mennesker som en gang utvandret fra det landområdet som i dag er Norge. Videre inneholder materialet mest sannsynlig levningene av beboerne på én gård gjennom en periode på over 500 år.

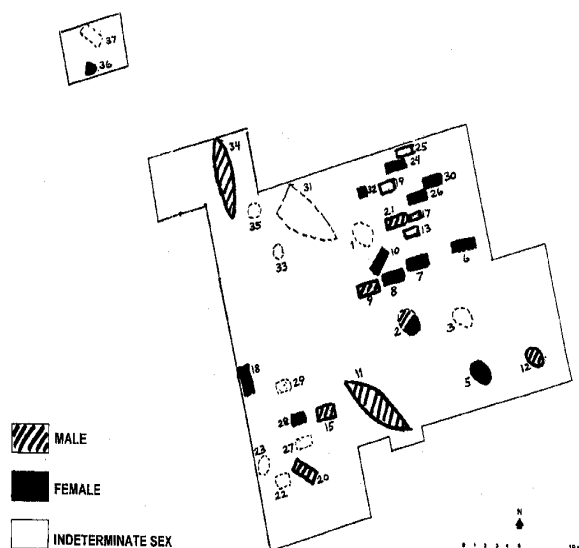
Fig. 11: Geografisk lokalisering av gravplassen på Westness (etter Sellevold 1999a:8).

Westness er den største gården på øya Rosay, som igjen er en av de største øyene i øygruppa som utgjør Orknøyene. Beboerne på gården var opprinnelig piktere, men en gang i løpet av 800-tallet ble den overtatt av innvandrere fra det som i dag er Norge. Hvordan denne ”overtakelsen” skjedde vet en lite om. Det vil vel imidlertid ikke være helt urimelig å anta at den ikke har foregått i helt fredelige former, dersom gården var bebodd ved vikingenes ankomst. Det er ikke mye en vet om den piktiske befolkningen på Orknøyene og hvordan den norrøne koloniseringen skjedde, ut fra skriftlige kilder. I Orknøyingenes saga for eksempel, nevnes ikke pikterne med et ord. Koloniseringen synes her å finne sted i et tidligere ubebodd land (Sellevold 1999a:4).

Under ledelse av Sigrid Kaland fra Universitetet i Bergen ble det i perioden 1968 – 1984 gjennomført arkeologiske undersøkelser på Westness. Undersøkelsene avdekket restene av en gård, et båtnaust og en gravplass. Gravplassen, som er datert til å ha vært i bruk mellom 7. og 11. århundre, inneholdt levningene av mange generasjoners beboere på gården. Den var hovedsakelig benyttet av piktere, men mot slutten av perioden gravla også de innvandrede nordmennene sine døde der. Gravplassen inneholder mellom 30 og 40 graver, og i flesteparten av disse er det bevart skjelettmateriale. Skjelettmaterialet er undersøkt av Berit J. Sellevold (Sellevold 1999a).

Gravene var før utgravningene tok til ikke synlige på overflaten, men de har opprinnelig vært

markert med stein og var av forskjellige typer. Piktene gravla sine døde uten gravgods, og de døde ble lagt i utstrakt ryggeleie i smale, grunne kroppslange graver. Vikingenes graver var av ulike typer; rektangulære uten gravgods, ovale eller båtgraver med gravgods. De ovale gravene hadde kantsatte steinheller og i enkelte tilfeller også dekkheller. De som var gravlagt i slike graver hadde fått med seg ulike typer gravgods – våpen, smykker og redskaper. Utgravningene viste at vikingene hadde respektert de opprinnelige beboernes graver, siden ingen av de piktiske gravene var forstyrret. Disse gravene må således ha vært synlige på overflaten da vikingene foretok sine begravelser der (op.cit.6).



Skjelettmaterialiet omfatter levninger av 29 individer. Blant disse var det 23 voksne, og 6 barn og ungdommer. Blant de voksne var det 10 menn, 12 kvinner og ett individ som ikke kunne kjønnbestemmes. Skjelettrestene av de ikke utvokste individene stammet fra fem barn som ikke kunne kjønnbestemmes; et ufødt barn i femte til sjette fostermåned, tre spedbarn og ett barn i syv-åtte års alderen, samt fra en ung gutt i 15-16 års alderen (op.cit.25).

Fig. 12: Oversikt over gravfeltet på Westness (etter Sellevold 1999a:8).

De osteologiske undersøkelsene indikerte et nært biologisk slektskap mellom flere av de gravlagte. Tre individer var født med bare 11 par ribbein, og seks individer hadde et karakteristisk og ekstremt overbitt. To individer kan ha hatt tuberkulose. En av disse var en ung voksen gravid kvinne.

De bevarte skjelettrestene fremviste forskjeller i fysisk fremtoning mellom piktene og vikingene på Westness. To vikingtids båtgraver inneholdt levningene av to middelaldrende menn. Disse var betraktelig høyere enn de andre mennene på gravplassen. En av mennene hadde underbitt, i motsetning til de mange individene på gravplassen med overbitt. Denne mannen hadde sannsynligvis lidd en voldelig død og var antagelig drept av pilskudd, for det ble funnet fire pilesvisser i nær tilknytning til mannens skjelett (op.cit.3).

Skjelettmaterialet fra gravplassen til gården Westness skulle være særdeles godt egnet for molekylærarkeologiske undersøkelser. Her åpnes det for belysning av en lang rekke interessante problemstillinger. De biologiske relasjonene pikterne imellom kan sammenlignes med de den nye gruppens biologiske relasjoner. Er det snakk om to enkeltfamilier som vi kan følge over flere generasjoner? Er det noen form for biologiske relasjoner mellom individer tilknyttet de to gruppene (piktere og vikinger)? Hva med de to mennene i båtgravene. Hvordan er deres biologiske relasjoner (både innbyrdes og i forhold til de øvrige norrøne beboerne som er gravlagt i andre typer graver)?

¹⁴C dateringene av skjelettmaterialet fra Westness kunne i gjennomsnitt bare plassere materialet innenfor en tidsperiode på ca. 120 år (op.cit.7). Noen plassering av gravene i sikker kronologisk rekkefølge var således ikke mulig. Som nevnt i kapittel 5.5 kan dette endres ved molekylære slektskapsanalyser av levningene. Ved rekonstruksjon av biologiske foreldre – barn relasjoner kan matrilineære og patrilineære slektsledd rekonstrueres, og gravene på Westness kan således plasseres i et mer nøyaktig kronologisk forhold til hverandre enn hva tilfellet har vært så langt. Dette kan videre bistå under arbeid med problemstillinger tilknyttet familie og hushold. Hvor mange mennesker har i snitt vært tilknyttet husholdet, og hvordan har de biologiske relasjonene dem i mellom vært? I hvilken grad kan disse relasjonene overføres til, og tolkes som sosiale relasjoner. Hvilke typer sosiale relasjoner vil det være mest sannsynlig at det dreier seg om? Dreier det seg om kjernefamilier eller storfamilier? Er det mulighet for at noen av individene har vært treller eller friller? Her kan også problemstillinger relatert til biologiske relasjoners innflytelse på ernæringsmessige forhold komme inn i bildet. Dersom vellykkede molekylære slektskapsanalyser for eksempel skulle indikere tilstedeværelse av en familiegruppe som mest sannsynlig har vært eiere av gården, og at det i tillegg har vært tilstede individer som molekylært ikke har vært i slekt med denne familien, åpnes det en mulighet for at problemstillinger relatert til forskjell i kosthold mellom disse to genetiske gruppene kan belyses. I tillegg vil selvsagt forholdene internt i de to gruppene kunne belyses. Finnes det for eksempel genetiske foreldre – barn relasjoner, hvor det kan påvises markante forskjeller i den ernæringsmessige situasjonen mellom generasjonene? Kan det i så tilfelle være snakk om treller eller friller som har fått barn med ”husbonden”? Her åpnes det opp for mange interessante problemstillinger.

Videre vil det også her være aktuelt å belyse problemstillinger rundt sykdommer som kan ha satt genetiske spor. To av individene var jo så hardt angrepet av tuberkulose at det hadde satt

spor i skjelettet. Hvordan var situasjonen for de øvrige individene i de to gruppene? Hvilke likheter/forskjeller kan påvises?

6.3 Oppsummering

Det er i dette kapittelet blitt forsøkt å gi et lite innblikk i noen av de muligheter som byr seg innen norsk arkeologisk forskning, ved bruk av DNA analyser på humant arkeologisk materiale. Dette er gjort ved først å gi en redegjørelse for hvor mye humant arkeologisk materiale som er tilgjengelig fra ulike perioder. Deretter har jeg sett på forholdet mellom brent og ubrent humant materiale, og påpekt det potensial som ligger latent i kremasjonsmaterialet. Det er vist hvordan molekylære slektskapsanalyser kan være med å belyse problemstillinger rundt dobbeltgraver og sekundærbegravelser. Til slutt er det gitt tre konkrete eksempler på humant arkeologisk materiale som har potensial til å bidra med informasjon på varierende nivå. Det er understreket at dette må forstås som eksempler, og ikke noen ”tre på topp liste”.

7 FREMTIDSUTSIKTER OG AVSLUTTENDE KOMMENTARER

Arkeologi blir gjerne beskrevet som en samling metoder som benyttes for å få frem informasjon om ulike sider ved forhistoriske samfunn. DNA analyse er en av de absolutt nyeste metodene som er innlemmet i denne samlingen. Det noe spesielle her er imidlertid at metoden enda ikke er ferdigutviklet, men fremdeles er i en fase hvor selv den nærmeste fremtid er vanskelig å forutsi. Anders Götherström gir i sin doktorgradsavhandling (Götherström 2001) en oversikt over de nyeste forskningsresultater som antagelig vil ha størst innvirkning på metodens arkeologiske potensial.

Det blir her for det første vist til at DNA fra svært degradert materiale til en viss grad lar seg reparere. Dersom dette lar seg videreutvikle vil det føre til at DNA av bedre kvalitet vil bli tilgjengelig for analyser. En annen metode som har vist seg effektiv er såkalt "target hooking" der de DNA molekylene som skal gjennom PCR metoden blir separert fra andre molekyler før amplifikasjonsprosessen starter. Den viktigste fordelen med denne metoden er at DNA'et blir reinere og lettere å analysere. Det har også vært en generell utvikling i DNA analysering. Det er ikke bare mulig å sekvensere kortere DNA fragmenter uten å benytte seg av polymer baserte metoder, men det er også mulig å gjennomføre svært presise hybridiseringsanalyser på enkeltmolekyler. Dersom dette lar seg gjennomføre på arkeologisk materiale, vil det føre til at en i fremtiden kan unngå å bruke den svært forurensingsutsatte PCR metoden.

Kort sagt ser det ut til at det vil bli mulig å få frem mer, reinere og forbedret DNA fra arkeologisk materiale, og at dette skal kunne la seg analysere uten at en trenger å benytte seg av PCR metoden. Skulle dette være tilfellet, ser fremtidsutsiktene for bruken av metoden innen arkeologisk forskning svært lyse ut, og det vil være god grunn til optimisme på feltets vegne.

DNA analyse av humant arkeologisk materiale har foreløpig sine begrensinger både med henhold til kostnadsnivå og hvilken informasjon det er mulig å hente ut. Like fullt er det et redskap med potensial til nærmest å revolusjonere arkeologisk forskning. Analysene kan rettes mot spesifikke molekulære sekvenser med potensial til å belyse en stor mengde arkeologisk relevante problemstillinger. Det menneskelige genom består av ca. 30 000 gener med ulike funksjoner. Gener som gjennom ulike arvelinjer og ved varierende grad av seleksjonspress opptrer på ulikt vis. Således vil et godt bevart materiale, uansett hvor mange molekulærgenetiske studier som utføres, fremdeles inneha informasjon som vil være

tilgjengelig for nye studier (Götherström 2000:134f).

Det som nå kreves er initiativ, slik at det kan bli satt i gang relevante forskningsprosjekter som kan stimulere utviklingen av et miljø med kapasitet til å inkludere bruk av DNA analyser på arkeologisk materiale i sine problemstillinger. Norske forskningsmiljøer har så langt tilbrakt en anonym tilværelse utenfor dette feltet. Det er nå på tide at dette blir endret, og at midler blir stilt til rådighet, slik at også norske forskningsmiljø får anledning til å komme på banen og delta i den internasjonale metodeutviklingsprosessen. Mye avhenger her av at det blir stilt økonomiske midler til rådighet fra ansvarlige myndigheters side. Den metodeutvikling som har foregått innen feltet er selvsagt ikke gratis, men så gir da også metoden muligheten til å få svar på spørsmål og belyse problemstillinger som arkeologer før oss bare kunne drømme om. Men for at en skal kunne stille de riktige spørsmål, slik at ”kodenens kode” kan tolkes korrekt, også i arkeologisk sammenheng, er det en forutsetning at forskerne besitter den nødvendige kunnskap. Denne kunnskap får en ikke dersom en er nødt til å stå bak gjerdet, og beskue ”de andre” utøve sin forskning, som en senere kan lese artikler om. Det kreves deltagelse og engasjement.

Dr. med. Gustav Guldberg avslutter i 1907 sin artikkel om menneskeknoklene fra Osebergskipet med følgende setning:

”Jeg mener, at de døde knokler ogsaa taler et sprog, som undertiden kan være meget indholdsrigt; det gjælder som ellers i videnskaben at kunne tyde det rigtigt” (Guldberg 1907:1397).

Dette er ord som nå, nesten hundre år senere har fått ny gyldighet med tanke på den informasjon som kan hentes ut via DNA analyse av arkeologisk materiale. Det språk som vi i dag prøver å tolke ut fra ”de døde knokler” har vist seg å inneholde langt mer informasjon enn Gustav Guldberg nok kunne drømme om, selv om det bare består av de fire bokstavene ATGC. Så enkelt og så komplisert.

Litteraturliste:

- Allaby, R.G., Jones, M.K. & Brown, T.A. 1994: DNA in charred wheat grains from the Iron Age hillfort at Danebury, England. *Antiquity*. Vol. 68, (126-132).
- Allaby, R.G., O'Donoghue, K., Sallares, R., Jones, M.K., & Brown, T.A. 1997: Evidence for the survival of ancient DNA in charred wheat seeds from European archaeological sites. *Ancient Biomolecules*. Vol. 1, nr. 2, (119-129).
- Allard, M.W., Young, D. & Huyen, Y. 1995: Korrespondanse angående Scott Woodward's artikkel hvor de rapporterte å ha trukket ut DNA fra et 80 millioner år gammelt dinosaurbein. *Science*. Vol. 268, (1192).
- Ammermann, A.J. & Cavalli-Sforza, L.L. 1971: Measuring the rate of spread of early farming in Europe. *Man*, The journal of the Royal Anthropological Institute. New series, vol.6 1971, (674-688).
- Ammermann, A.J. & Cavalli-Sforza, L.L. 1973: A population model for the distribution of early farming in Europe. *The explanation of Culture change*. C.Renfrew (red.) London: Duckwort, (343-357).
- Ammermann, A.J. & Cavalli-Sforza, L.L. 1984: Introduction. *The neolithic transition and the genetics of populations in Europe*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey. (3-9).
- Arriaza, B.T., Salo, W., Aufderheide, A. & Holcomb, T.A. 1995: Pre-Columbian Tuberculosis in Northern Chile: Molecular and Skeletal Evidence. *American Journal of Physical Anthropology*. Vol.98, (37-45).
- Arvidsson, M. 1999: Kön, släktskap och diet: Molekylära analyser av individerna på båtgravfältet i Tuna i Alsike. *C/D-uppsatser i laborativ arkeologi 98/99, del 1*. Arkeologiska forskningslaboratoriet 1999.
- Austin, J.J., Ross, A.J., Smith, A.B., Fortey, R.A. & Thomas, R.H. 1997: Problems of reproducibility - does geologically ancient DNA survive in amber-preserved insects?. *Proceedings of the Royal Society of London B*. Vol. 264, (467-474).
- Baltimore, D. 2001: Our genome unveiled. *Nature*. Vol. 409, (814-817).
- Barbujani, G., Pilastro, A., De Domenico, S. & Renfrew, C. 1994: Genetic Variation in North Africa and Eurasia: Neolithic Demic Diffusion vs. Paleolithic Colonisation. *American Journal of Physical Anthropology*, Vol. 95, nr.2, (137-154).
- Barbujani, G., Sokal, R.R. & Oden, N.L. 1995: Indo-European origins: a computer simulation test of five hypotheses. *American Journal of Physical Anthropology*. Vol. 96, (109-132).
- Barham, L., Priestley, P. & Targett, A. 1999: *In search of Cheddar man*. Barham, Priestley & Targett (red.). Tempus Publishing Limited.

- Baron, H., Hummel, S. & Herrmann, B. 1996: Mycobacterium tuberculosis Complex DNA in Ancient Human Bones. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 23, (667-671).
- Barth, F. 1969: Introduction. *Ethnic Groups and Boundaries: The Social Organization of Culture Difference*. Fredrik Barth (red.). Oslo: Univeritetsforlaget.
- Béraud-Colomb, E., Roubin, R., Martin, J., Maroc, N., Gardeisen, A., Trabuchet, G. & Goossens, M. 1995: Human B-Globin Gene Polymorphisms Characterized in DNA Extracted from Ancient Bones 12,000 Years Old. *American Journal of Human Genetics*. Vol. 57, (1267-1274).
- Bergstøl, J. 1995: *Om gravrituale, makt og kjønn. En nytolkning av gravfeltet på Kvasheim*. Upublisert hovedfagsoppgave i nordisk arkeologi ved Universitetet i Oslo 1995.
- Blindheim, C. 1959: Osebergskoene på ny. *Viking*. Tidsskrift for norrøn arkeologi. Bind XXIII, (71-86).
- Boles, T.C., Snow, C.C. & Stover, E. 1995: Forensic DNA testing on skeletal remains from mass graves : a pilot project in Guatemala. *Journal of Forensic Science*. Vol. 40, nr. 3, (349-355).
- Bramanti, B. & Hummel, S. 1999: *A palaeogenetical analysis reveals the existence of a family tradition in a historic German population*. Upublisert poster presentert på World Archaeology Congress 1999.
- Brown, T.A. & Brown, K.A. 1992: Ancient DNA and the archaeologist. *Antiquity* 66, (10-23).
- Brown, T.A. & Brown, K.A. 1994: Ancient DNA: Using molecular biology to explore the past. *BioEssays*. Vol. 16, No.10, (719-726).
- Brown, T.A., Allaby, R.G., Brown, K.A., O'Donoghue, K. & Sallares, R. 1994: DNA in wheat seeds from European archaeological sites. *Experienta*. Vol. 50, (571-575).
- Brown, K.A., O'Donoghue, K. & Brown, T.A. 1995: DNA in Cremated Bones from an Early Bronze Age Cemetery Cairn. *International Journal of Osteoarchaeology*. Vol. 5, (181-187).
- Burenhult, G. 1997a: Säljägare och svinherdar på Ajvide. *Ajvide och den moderna arkeologin*. Göran Burenhult (red.). Bokförlaget Natur och Kultur, Fallköping 1997. (15-21).
- Burenhult, G. 1997b: Gravarnas vittnesbörd. *Ajvide och den moderna arkeologin*. Göran Burenhult (red.). Bokförlaget Natur och Kultur, Fallköping 1997. (52-70).
- Cano, R.J., Poinar, H., Pieniazek, N.J., Acra, A. & Poinar, G.O. Jr. 1993: Amplification and sequencing of DNA from a 120-135 million year old weevil. *Nature*. Vol. 363, 10. juni 1993, (536-538).
- Cattaneo, C., Gelsthorpe, K., Phillips, P. og Sokal, R. J. 1993: Blood residues on stone tools: indoor and outdoor experiments. *World Archaeology*. Vol. 25, nr. 1, (29-43)

- Cavalli-Sforza, L.L. & Bodmer, W.F. 1971: *The genetics of Human Populations*. W.H. Freeman and Company 1971.
- Cavalli-Sforza, L.L., Menozzi, P. & Piazza, A. 1993: Demic expansion and human evolution. *Science*. Vol. 259, (639-646).
- Cavalli-Sforza, L., Menozzi, P. & Piazza, A. 1994: *The History and Geography of Human Genes*. Princeton University Press 1994.
- Christensen, A.E. 1992: Aldri har noen arkeolog fått en slik femtiårgave. *Osebergdronningens grav. Vår arkeologiske nasjonalskatt i nytt lys*. Christensen, Ingstad & Myhre (red.). Chr. Schibsteds forlag a/s, Oslo 1992, (51-66).
- Cohen, A. 1974: *Two-Dimensional man*. University of California Press. Berkeley and Los Angeles, California 1976.
- Cooper, A. 1994: DNA from Museum Specimens. *Ancient DNA*. Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag 1994, (149-165).
- Darwin, C. 1859 (1998): *Om Artenes Opprinnelse*. Bokklubben Dagens Bøker 1998.
- Delefosse, T. & Hänni, C. 1997: Molecular archaeology: familial relationships into a neolithic deposit. *Comptes Rendus des Séances (Société de Biologie)*. Vol. 191, nr. 4, (521 - 528). Paris:Masson 1997.
- Dickel, D.N., Aker, C.G., Barton, B.K., Doran, G.H. 1989: An orbital floor and ulna fracture from the early archaic of Florida. *Journal of Paleopathology*. Vol. 2, Nr.3, (165-170).
- Doran, G.H., Dickel, D.N., Ballinger, W.E. Jr., Agee, O.F., Laipis, P.J. & Hauswirth, W.W. 1986: Anatomical, cellular and molecular analysis of 8,000-yr-old human brain tissue from the Windover archaeological site. *Nature*. Vol. 323, No. 6091, (803 – 806).
- Doran, G.H. & Dickel, D.N. 1988a: Multidisciplinary investigations at the windover site. *Wet site archaeology* 1988, (263 – 289). Barbara Purdy (ed.), Telford Press. Caldwell, New Jersey,
- Doran, G.H. & Dickel, D.N. 1988b: Radiometric chronology of the archaic Windover archaeological site (8Br246). *The Florida Anthropologist*. Vol. 41, No. 3, (365 – 379).
- Evison, M. 1997: *Genes and Ethnicity*. Upublisert.
- Faerman, M., Filon, D., Kahila, G., Greenblatt, C.L., Smith, P. & Oppenheim, A. 1995: Sex identification of archaeological human remains based on amplification of the X and Y amelogenin alleles. *Gene*. Vol. 167, (327-332).
- Faerman, M., Kahila, G., Smith, P., Greenblatt, C.L., Stager, L., Filon, D. & Oppenheim, A. 1997: DNA analysis reveals the sex of infanticide victims. *Nature*. Vol. 385, (212-213).
- Fattorini, P., Cacció, S., Gustincih, S., Florian, F., Altamura, B.M. & Graziosi, G. 1993: Sex identification by polymerase chain reaction of α -satellite in aged tissue samples. *Electrophoresis*. Vol. 14, (23-26).

- Faye, A.L. 1907: De menneskelige skeletdele fra Osebergskipet. *Forhandlinger i medicinsk selskap i Kristiania*. 23. Oktober 1907, (189-194).
- Fiedel, S.J. 1996: Blood from Stones? Some Methodological and Interpretive Problems in Blood Residue Analysis. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 23, (139-147).
- Filon, D., Faerman, M. Smith, P. & Ariella, O. 1995: Sequence analysis reveals a *B*-thalassaemia mutation in the DNA of skeletal remains from the archaeological site of Akhziv, Israel. *Nature Genetics*. Vol. 9, (365-368).
- Francalacci, P. 1995: DNA Analysis of Ancient Desiccated Corpses from Xinjiang. *The Journal of Indo-European studies*. Vol. 23, No. 3 & 4, (385-398).
- Gansum, T. 1995: *Jernaldergravskikk i slagendalen: Oseberghaugen og storhaugene i Vestfold – lokale eller regionale symboler? En landskapsarkeologisk undersøkelse*. Upublisert avhandling til magistergrad i nordisk arkeologi ved Universitetet i Oslo 1995.
- Gansum, T. 1999: MYTHOS, LOGOS, RITUS. Symbolisme og gravskikk i lys av gudediktene i den eldre Edda. *Et hus med mange rom. Vennebok til Bjørn Myhre på 60-årsdagen*. AmS-Rapport 11B. Ingrid Fuglestvedt, Terje Gansum & Arnfrid Opedal (red.). Arkeologisk Museum i Stavanger.
- Gansum, T. Upub.: *Genforskning på arkeologisk beinmateriale – muligheter og begrensinger*. Upublisert artikkelmanus.
- Gill, P., Ivanov, P.L., Kimpton, C., Piercy, R., Nicola, B., Tully, G., Evett, I., Hagelberg, E. & Sullivan, K. 1994: Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis. *Nature Genetics*. Vol. 6, (130-135).
- Gill, P., Kimpton, C., Aliston-Greiner, R. & Sullivan, K. 1995: Establishing the identity of Anna Anderson Manahan. *Nature Genetics*. Vol. 9, (9-10).
- Ginther, C., Issel-Tarrver, L. & Claire-King, M. 1992: Identifying individuals by sequencing mitochondrial DNA from teeth. *Nature genetics*. Vol. 2, (135-138).
- Gjessing, G. 1943: Hovgydja på Oseberg. *Viking*. Tidsskrift for norrøn arkeologi. Bind VII. Norsk arkeologisk selskap. A.W. Brøgger (red.). (105-125).
- Goksøyr, A. 1994: *Genenes tidsalder: om DNA, mennesket og genteknologien*. Bergen: Alma Mater.
- Goodwin, W. m.f.l. 1997: The identification of individuals from mass graves using mtDNA. *Ancient DNA. Conferences on Research on Highly Degraded DNA and its Applications. IV. Göttingen, June 5-7 1997*, (26).
- Griffiths, A.J.F., Miller, J.H., Suzuki, D.T., Lewontin, R.C. & Gelbart, W.M. 1993: *An Introduction to Genetic Analysis. Fifth Edition*. W.H. Freeman and Company / New York.
- Guldberg, G. 1907: Om Osebergskibets menneskeknokler fra den yngre jernalder. *Norsk Magazin for lægevidenskapen*. Nr. 12, 1907, (1385-1397).

- Götherström, A. 1997: Släktskap, familj och kön - DNA och arkeologi. *Ajvide och den moderna arkeologien*, (95-104). Göran Burenhult (red.). Bokförlaget Natur och Kultur.
- Götherström, A. 1999: Family structures of early medieval svealand hidden in ancient bones. *Pågående avhandlingsarbeten vid den Arkeologiska institutionen, Stockholms Universitet*, 1999. SAR Stockholm Archaeological Reports, nr. 37, (61).
- Götherström, A. 2000: Osteologi och DNA-analyser. *Osteologisk materiale som historisk kilde*. Senter for middelalderstudier, skrifter nr. 11, (129-138). Audun Dybdahl (red.).
- Götherström, A. 2001: *Acquired or inherited prestige? Molecular studies of family structures and local horses in Central Svealand during the Early medieval period*. Thesis and Papers in Scientific Archaeology 4. Doktorgradsavhandling ved Arkeologiska Forskningslaboratoriet Universitetet i Stockholm 2001.
- Götherström, A., Lidén, K., Ahlström, T., Källersjö, M. & Brown, T.A. 1997: Osteology, DNA and Sex Identification: Morphological and Molecular Sex Identifications of Five Neolithic Individuals from Ajvide, Gotland. *International Journal of Osteoarchaeology*. Vol. 7, (71-81).
- Götherström, A., Grundberg, L. & Hårding, B. 2001: Kinship, Religion and DNA. *International Journal of Osteoarchaeology*. In press.
- Hagelberg, E. 1994: Mitochondrial DNA from Ancient Bones. *Ancient DNA*. (195 - 204). Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag 1994.
- Hagelberg, E. & Sykes, B. 1989: Ancient bone DNA amplified. *Nature*. Vol 342, 30 november 1989, (485).
- Hagelberg, E. & Clegg, J.B. 1991: Isolation and characterization of DNA from archaeological bone. *Proceedings of the Royal Society of London. B, Biological sciences*. Vol. 244, (45-50).
- Hagelberg, E., Bell, L., Allen, T., Boyde, A., Jones, S.J. & Clegg, J.B. 1991a: Analysis of ancient bone DNA: techniques and applications. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B*. Vol. 333, (399-407).
- Hagelberg, E., Gray, I.C. & Jeffreys, A. 1991b: Identification of the skeletal remains of a murder victim by DNA analysis. *Nature*. Vol. 352, (427-429).
- Hagelberg, E. 1994: Mitochondrial DNA from Ancient Bones. *Ancient DNA*. Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.), (195 - 204). Springer-Verlag 1994.
- Hanaoka, Y. & Minaguchi, K. 1996: Sex determination from blood and teeth by PCR amplification of the alplhoid satellite family. *Journal of Forensic Science*. Vol. 41, (855-858).
- Hardy, C., Casane, D., Vigne, J.D., Callou, C., Dennebouy, N., Mounolou, J.-C. & Monnerot, M. 1994: Ancient DNA from Bronze age bones of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Experienta*. Vol. 50, (564-570).

- Hardy, C., Callou, C., Vigne, J.D., Casane, D., Dennebouy, N., Mounolou, J.C. & Monnerot, M. 1995: Rabbit Mitochondrial DNA Diversity from Prehistoric to Modern Times. *Journal of Molecular Evolution*. - Berlin. Vol. 40, (227-237).
- Hardy, B.L., Raff, R.A. & Raman, V. 1997: Recovery of Mammalian DNA from Middle Paleolithic Stone Tools. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 24, (601-611).
- Hauge, J.G. 1996: *Hvordan genene virker. Grunntrekk i molekylær biologi*. Tano forlag.
- Hauswirth, W.W. 1994: Ancient DNA: an introduction. *Experienta* 50, (521-523).
- Hauswirth, W.W., Dickel, C.D., Doran, G.H., Laipis, P.J. & Dickel, D.N. 1991: 8000-year-old brain tissue from the Windover site: Anatomical, ceellular, and molecular analysis. *Human Paleopathology: Curent Syntheses and Future Options*. Smithsonian Institution Press, Washington, (60–72).
- Hauswirth, W.W., Dickel, C.D. & Lawlor, D.A. 1994: DNA Analysis of the Windover Population. *Ancient DNA*, (104-121). Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag 1994.
- Hedges, R.M. & Sykes, B.C. 1992: Biomolecular archaeology: past, present and future. *Proceedings of the British Academy*. Vol. 77, (267-283).
- Hedges, R.E.M, Richards, M.B & Sykes, B.C. 1995: Authenticating DNA Extracted From Ancient Skeletal Remains. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 22, (291-299).
- Hedges, S.B. & Schweitzer, M.H. 1995: Korrespondanse angående Scott Woodward's artikkel hvor de rapporterte å ha trukket ut DNA fra et 80 millioner år gammelt dinosaurbein. *Science*. Vol. 268, (1191).
- Henikoff, S. 1995: Korrespondanse angående Scott Woodward's artikkel hvor de rapporterte å ha trukket ut DNA fra et 80 millioner år gammelt dinosaurbein. *Science*. Vol. 268, (1192).
- Hernæs, P. 1997: *Karmøys historie – som det stiger frem*. Karmøy kommune (red.). Dreyer Bok – Stavanger.
- Herrmann, B. & Hummel, S. 1994: Introduction. *Ancient DNA*. (1-12). Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag.
- Heun, M., Schäfer-Pregl, R., Klawan, D., Castagna, R., Accerbi, M., Borghi, B. & Salamini, F. 1997: Site of Einkorn Wheat Domestication Identified by DNA Fingerprinting. *Science*. Vol. 278, (1312-1314).
- Higuchi, R.G. & Wilson, A. 1984: Recovery of DNA from extinct species. *Federation Proceedings*. Vol. 43, Nr. 820, (1557).
- Higuchi, R., Bowman, B. Freiberger, M., Ryder, O.A. & Wilson, A. 1984: DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*. Vol. 312, (282-284).
- Hjørungdal, T. 1991: *Det skjulte kjønn. Patriarkal tradisjon og feministisk visjon i arkeologien belyst med fokus på en jernalderkontekst*. Acta Archaeologica Lundensia,

Series 8^o (19).

- Hodder, I. 1999: *The Archaeological Process – An Introduction*. Blackwell Publishers Ltd.
- Holck, P. 1987 (1996): *Cremated Bones. A medical-anthropological study of an archaeological material on cremation burials. Second revisited edition*. Antropologiske skrifter nr. 1b, Anatomisk Institutt, Universitetet i Oslo 1996.
- Holland, M.M., Fischer, D.L., Mitchell, L.G., Rodriques, W.C., Canik, J.J., Merril, C.R. & Weedn, V.W. 1993: Mitochondrial DNA Sequence Analysis of Human Skeletal Remains: Identification of Remains from The Vietnam War. *Journal of Forensic Sciences*. Vol. 38, (542-553).
- Horai, S., Hayasaka, K., Murayama, K., Wate, N, Koike, H. & Nakai, N. 1989: DNA Amplification from Ancient Human Skeletal Remains and Their Sequence Analysis. *Proc. Japan. Acad. Ser. B*, 65, (229-233).
- Hummel, S. & Herrmann, B. 1994: Y-Chromosomal DNA from Ancient Bones. *Ancient DNA*. (205 – 210). Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag 1994.
- Hummel, S. & Herrmann, B. 1996: aDNA typing for reconstruction of kinship. *Homo*, Vol. 47/1-3, (215-222). Gustav Fischer-Stuttgart-Jena-New York.
- Hummel, S. & Herrmann, B. 1997: Verwandtschaftsfeststellung durch aDNA-Analyse. *Anthropologischer Anzeiger*. Vol. 55, nr.2, (217-223).
- Hylland Eriksen, T. 1992: *Us and them in modern societies*. Univeritetsforlaget A/S, Oslo.
- Hänni, C., Begue, A., Laudet, V. & Stéhelin, D. 1995: Molecular Typing of Neolithic Human Bones. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 22, (649-658).
- Haas, C.J., Zink, A., Pálfi, G., Szeimies, U. & Nerlich, A. 2000: Detection of leprosy in ancient human skeletal remains by molecular identification of *Mycobacterium leprae*. *Microbiology and Infectious Disease*. September 2000. American Society of Clinical Pathologists.
- Ingstad, A.S. 1992: Oseberg-dronningen – Hvem var hun? *Osebergdronningens grav. Vår arkeologiske nasjonalskatt i nytt lys*. Christensen, Ingstad & Myhre (red.). Chr. Schibsteds forlag a/s, Oslo 1992, (224 – 256).
- Jeffreys, A.J., Allen, M.J., Hagelberg, E. & Sonnberg, A. 1992: Identification of the skeletal remains of Josef Mengele by DNA analysis. *Forensic Science International*. Vol.56, (65-76).
- Jehaes, E. 1998: Optimisation of methods and procedures for the analysis of mtDNA sequences and their applications in molecular archaeological and historical finds. *Acta Biomedica Lovaniensia* 188. Leuven University Press
- Jenkins, R. 1997: *Rethinking Ethnicity. Arguments and Explorations*. Sage Publications Ltd.
- Jones, S. 1997: *The Archaeology of Ethnicity – Constructing identities in the past and present*. Routledge 1997.

- Jukes, T.H. 1996: How did the molecular revolution start? What makes evolution happen? *Evolution and the Molecular Revolution*. (31 – 52). Charles R. Marshall & William Schopf (red.). Jones and Bartlett Publishers.
- Kahila Bar-Gal, G., Greenblatt, C., Tchernov, E., Woodward, S. & Smith, P. 1997: The genetic change due to domestication in Caprae species at the Levant. *Ancient DNA. Conferences on Research on Highly Degraded DNA and its Applications. IV. Göttingen, June 5-7 1997*, (42).
- Kelman, Z. & Moran, L. 1996: Degradation of ancient DNA. *Current Biology*. Vol.6, nr.3, (223).
- Klug, W.S. & Cummings, M.R. 1996: *Essentials of Genetics*. Second edition. Prentice-Hall, Inc.
- Kooyman, A., Newman, M.E. & Ceri, H. 1992: Verifying the Reliability of Blood Residue Analysis on Archaeological Tools. *Journal of Archaeological Science*. Vol 19, (265-269).
- Krings, M., Stone, A., Schmitz, R.W., Krainitzki, H., Stoneking, M. & Pääbo, S. 1997: Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans. *Cell*. Vol. 90, (19-30).
- Krings, M., Geisert, H., Schmitz, R.W., Krainitzki, H. & Pääbo, S. 1999: DNA sequence of the mitochondrial hypervariable region II from the Neandertal type specimen. *Proceedings of the Natural Academy of Science, USA*. Vol. 96, (5581-5585).
- Kurosaki, K., Matsushita, T. & Ueda, S. 1993: Individual DNA identification from ancient human remains. *American Journal of Human Genetics*. Vol. 53, (638-643).
- Larsen, Ø. 1973: Ein fall von tuberkulose aus Nordnorwegen in der Merowingerzeit. *Medizinhistorisches Journal*. Vol. 8, nr. 1, (77-88).
- Lawlor, D.A., Dickel, C.D., Hauswirth, W.W. & Parham, P. 1991: Ancient HLA genes from 7,500 - year-old archaeological remains. *Nature*. Vol. 349, 28 Februar 1991, (785 – 788).
- Lidèn, K. & Götherström, A. 1997: Släktskap och genus unders mellanepolitikum på Gotland. *Till Gunborg. Arkeologiska samtal*. SAR, Stockholm Archaeological Reports nr. 33, (189-198). Agneta Åkerlund, Stefan Bergh, Jarl Nordbladh og Jaqueline Taffinder (red.).
- Lidèn, K., Götherström, A. & Eriksson, G. 1997: Diet, Gender and Rank. *ISKOS*. Vol. 11, (158-164).
- Lind, J. 1994: Molekylär arkeologi-genväg til historien. Svensk pionjär inom forntids-DNA-forskningen. *Läkartidningen*. Vol. 91, nr. 51-52, (4846-4851).
- Lindahl, T. 1993: Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature*. Vol. 362, 22. april 1993, (709-715).

- Loreille, O., Vigne, J.D., Hardy, C., Callou, C., Treinen-Claustre, F., Dennebouy, N. & Monnerot, M. 1997: First distinction of sheep and goat archaeological bones by the means of their fossil mtDNA. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 24, (33-37).
- Loy, T.H. & Wood, A.R. 1989: Blood Residue Analysis at Cayönü Tepesi, Turkey. *Journal of Field Archaeology*. Vol. 16, (451-459).
- Loy, T. H. 1993: The artefact as a site: an example of the biomolecular analysis of organic residues on stone tools. *World Archaeology*. Vol. 25, nr. 1.
- Malmström, H. 1996: Kvinnor och båtgravar i Badelunda och Alsike - en molekylär bestämning av de gravlagdas kön. *C/D uppsatser i laborativ arkeologi 95/96 del 2*. Stockholms Universitet. Arkeologiska Forskningslaboratoriet 1996.
- Moore, J.H. 1995: The end of a paradigm. *Current Anthropology*. Vol. 36, nr.3, (530-531). University of Chicago Press.
- Mullis, K.B. 1990: The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American*. April 1990, (36-43).
- Myhre, B. 1992: Diskusjonen om Ynglingeættens gravplasser. *Osebergdronningens grav. Vår arkeologiske nasjonalskatt i nytt lys*. Christensen, Ingstad & Myhre (red.). Chr. Schibsteds forlag a/s, Oslo 1992, (35-50).
- Myhre, B. 1996: Roskipet som maktsymbol. *Borreminne*. Årsskrift for Borre historielag. <http://www-bib.hive.no/borreminne/aargangene/1996/03-roskipet..htm>.
- Nielsen, H., Engberg, J. & Thuesen, I. 1994: DNA from Arctic Human Burials. *Ancient DNA*, (122-140). Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag 1994.
- Nuorala, E. 1997: En molekylär metod för att hitta tuberkulospositiva individer i arkeologiskt benmaterial - molekylär paleopatologi. *C/D-uppsatser i laborativ arkeologi 96/97 del 1*. Stockholms Universitet. Arkeologiska Forskningslaboratoriet.
- O'Donoghue, K., Clapham, A., Evershed, R.P. & Brown, T.A. 1996: Remarkable preservation of biomolecules in ancient radish seeds. *Proceedings of the Royal Society of London B*. Vol. 263, (541-547).
- Olsen, B. 1997: *Fra ting til tekst. Teoretiske perspektiver i arkeologisk forskning*. Universitetsforlaget, Oslo.
- Olsen, B. & Kobylinski, Z. 1991: Ethnicity in anthropological and archaeological research: a Norwegian - Polish perspective. *Archaeologica Polona*. Vol. 29, (5-27).
- Oota, H., Saitou, N., Matsushita, T. & Ueda, S. 1995: A Genetic Study of 2,000-Year-Old Human Remains From Japan Using Mitochondrial DNA Sequences. *American Journal of Physical Anthropology*. Vol. 98, (133 - 145).
- Ovchinnikov, I.V., Götherström, A., Buzhilova, A. & Druzina, E. 1997: DNA analysis from ancient cremated bones and teeth. *Ancient DNA. Conferences on Research on Highly Degraded DNA and its Applications. IV. Göttingen, June 5-7 1997*, (57).

- Ovchinnikov, I.V., Ovchinnikov, O.I., Druzina, E.B., Buzhilova, A.P. & Makarov, N.A. 1998: Molecular genetic sex determination of Medieval human remains from North Russia: Comparison with archaeological and anthropological criteria. *Anthropologischer Anzeiger*. Vol.56, nr.1, (7-15).
- Ovchinnikov, I.V., Buzhilova, A., Mednikova, M., Goodwin, W. & Curry, G. 1999: Ethnic affinities of the ancient human Jety-Asar population by mitochondrial DNA analysis. *Electrophoresis*. Vol. 20, nr.8, (1729-1732).
- Ovchinnikov, I.V., Götherström, A., Romanova, G.P., Kharitonov, V., Lidén, K. & Goodwin, W. 2000: Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus. *Nature*. Vol. 404, (490-493). www.nature.com
- Persson, P. 1991: Gammalt DNA ger ny kunskap om historien. *Folkets Historia*, nr.3, (7-13). Stockholm 1991.
- Persson, P. 1992: A method to recover DNA from ancient bones. *Ancient DNA newsletter*. 1, (25-27).
- Persson, P. 1993: DNA from a human bone from the Rössberga Megalith. *Archaeology and natural science*. Vol. 1, (97-110).
- Petré, B. 1993: Male and female finds and symbols in Germanic iron age graves. *Current Swedish Archaeology*. Vol. 1, 1993.
- Pluciennik, M. 1996: A perilous but necessary search: archaeology and European identities. *Nationalism and Archaeology*. Scottish Archaeological Forum. Atkinson, J. & O'Sullivan, J. (red.), (35-58). Glasgow: Cruithne Press.
- Poinar, H.N., Cano, R.J. & Poinar, G.O. Jr. 1993: DNA from an extinct plant. *Nature*. Vol. 363, 24.juni 1993, (677).
- Pusch, C.M., Broghammer, M. & Scholz, M. 2000: Cremation practices and the survival of ancient DNA: burnt bone analyses via RAPD-mediated PCR. *Anthropologischer Anzeiger*. Vol. 58, nr.3, (237-251).
- Pääbo, S. 1985: Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA. *Nature*. Vol. 314, 18 april 1985, (644-645).
- Pääbo, S. 1993: Ancient DNA. *Scientific American*. November 1993, (60-66).
- Pääbo, S., Gifford, J.A., & Wilson, A.C. 1988: Mitochondrial DNA sequences from a 7000-year old brain. *Nucleic Acids Research*. Vol. 16, nr.20, (9775-9787).
- Pääbo, S., Higuchi, R.G. & Wilson, A.C. 1989: Ancient DNA and the Polymerase Chain Reaction. The emerging field of molecular archaeology. *The Journal of Biological Chemistry*. Vol. 264, nr.17, (9709-9712).
- Pääbo, S. & Wilson, A. 1991: Miocene DNA sequences - a dream come true?. *Molecular Evolution*. Vol. 1, nr. 1, (45-46).

- Randolph, J. 1998: The Prestigious Funerary Horse? A Study of the combination of woman and horse in Late Iron Age grave contexts. *C/D-uppsatser i laborativ arkeologi 97/98*, del 2. Arkeologiska forskningslaboratoriet.
- Reese, R.L., Mawk, E.J., Derr, J.N., Hyman, M. & Rowe, M.W. 1996: Ancient DNA from Texas Pictographs. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 23, (269-277).
- Richards, M., Smalley, K., Sykes, B. & Hedges, R. 1993: Archaeology and genetics: analysing DNA from skeletal remains. *World Archaeology*. Vol. 25, No. 1, (18-28).
- Richards, M., Corte-Real, H., Forster, P., Macaulay, V., Wilkinson-Herbots, H., Demaine, A., Papiha, S., Hedges, R., Bandelt, H.J. & Sykes, B. 1996: Paleolithic and Neolithic Lineages in the European Mitochondrial Gene Pool. *American Journal of Human Genetics*. Vol. 59, (185-203).
- Ridley, M. 1993: Molecular and Mendelian Genetics. *Evolution*. Blackwell Scientific Publications Inc. (23-36).
- Rollo, F., Amici, A., Salvi, R. & Garbuglia, A. 1988: Short but faithful pieces of ancient DNA. *Nature*. Vol. 335, (774).
- Rollo, F., Venanzi, F.M. & Amici, A. 1994: DNA and RNA from Ancient Plant Seeds. *Ancient DNA*. (218-236). Bernd Herrmann & Susanne Hummel (red.). Springer-Verlag 1994.
- Ross, P.E. 1992: Eloquent remains. *Scientific American*. Mai 1992.
- Salo, W.L., Aufderheide, A.C., Buikstra, J. & Holcomb, T.A. 1994: Identification of Mycobacterium tuberculosis DNA in a pre-Columbian Peruvian mummy. *Proceedings of the Natural Academy of Science. USA*. Vol. 91, (2091-2094).
- Sandmo, A.K. 1988: Haug på Hadseløya – tradisjoner og forandringer i forhistorisk tid. *Hofdasegl*. Årbok for Hadsel historielag. Nr. 33, (202-212).
- Sandmo, A.K. 1990: Haug i Hadsel – Gårdshaug med graver og mulige kirkerester. *Tromura*. Tromsø Museums Rapportserie, kulturhistorie, nr. 17. Universitetet i Tromsø, Institutt for museumsvirksomhet, Tromsø 1990. P. Bøe & R. Jørgensen (red.). (51-78).
- Sasaki, M. & Shiono, H. 1999: The polymorphism of DYS388 and DYS392 on the Y-chromosome in Japanese and German populations. *International Journal of Legal Medicine*. Vol. 112, (132-133).
- Schreiner, K.E. 1927: Menneskeknoklene fra Osebergskibet og andre norske jernalderfunn. *Osebergfundet*. Bind V. Brøgger, A.W. (red.).
- Schreiner, K.E. 1946: *Crania Norvegica II*. Instituttet for sammenlignende kulturforskning. Serie B: Skrifter XXXVI 2. A.W. Brøgers boktrykkeri A/S.
- Schultes, T., Hummel, S. & Herrmann, B. 2000: Ancient DNA-typing approaches for the determination of kinship in a disturbed collective burial site. *Anthropologischer Anzeiger*. Vol. 58, nr. 1, (37-44).

- Sellevoid, B.J. 1996: *Haug på Hadseløya: En gravplass fra kristningstiden – Antropologiske undersøkelser av skjelettmaterialet*. NIKU fagrapport 002, (1-50).
- Sellevoid, B.J. 1998: *Skjelettfunnene fra Ytre Elgsnes – Antropologiske undersøkelser*. NIKU fagrapport 006, (1-27).
- Sellevoid, B.J. 1999a: *Picts and Vikings at Westness. Anthropological investigations of the skeletal material from the cemetery at Westness, Rousay, Orkney Islands*. NIKU fagrapport 010, (1-62).
- Sellevoid, B.J. 1999b: Rik mann, fattig mann, tigger, tyv-. *NIKU 1994-1999. Kulturminneforskningens mangfold*. NIKU temahefte 31. Gundhus, G., Seip, E. & Ulriksen, E. (red.), (61-66).
- Sellevoid, B.J. & Skar, B. 1999: The first lady of Norway. *NIKU 1994-1999. Kulturminneforskningens mangfold*. NIKU temahefte 31. Gundhus, G., Seip, E. & Ulriksen, E. (red.), (6-11).
- Shinoda, K.I. & Kanai, S. 1999: Intracemetery genetic analysis at the Nakazuma Jomon site in Japan by mitochondrial DNA sequencing. *Anthropological Science*. Vol. 107, nr.2, (129-140).
- Simpson, L. 1996: From Molecular Revolution to Biomedical Research: The Case of Charles Darwin and Chagas' Disease. *Evolution and the Molecular Revolution*. (125 – 148). Charles R. Marshall & William Schopf (red.). Jones and Bartlett Publishers.
- Smedal, O. 2000: Blod, sæd, moral og teknologi: Hva slektskap brukes til. *Mellom himmel og jord. Tradisjoner, teorier og tendenser i sosialantropologien*. Nielsen & Smedal (red.). Fagbokforlaget, (115-159).
- Solberg, B. 2000: *Jernalderen i Norge*. Cappelen Akademisk Forlag, Oslo 2000.
- Sokal, R.R., Jacquez, G.M., Oden, N.L., DiGiovanni, D., Falsetti, A.B., McGee, E. & Thomson, B.A. 1993: Genetic relationships of European populations reflect their ethnohistorical affinities. *American Journal of Physical Anthropology*. Vol. 91, (55-70).
- Spencer, P. 1979: Three types of ethnic interaction among Maasai-speaking people in east Africa. *Space, hierarchy and society*. BAR Intern. Series, 59. Burnham & Kingsbury (red.).
- Spigelman, M. & Lemma, E. 1993: The Use of the Polymerase Chain Reaction (PCR) to detect *Mycobacterium tuberculosis* in Ancient Skeletons. *International Journal of Osteoarchaeology*. Vol. 3, (137-143).
- Stone, A.C., Milner, G.R., Pääbo, S. & Stoneking, M. 1996: Sex Determination of Ancient Human Skeletons Using DNA. *American Journal of Physical Anthropology*. Vol. 99, (231-238).
- Stone, A.C. & Stoneking, M. 1996: Genetic Analyses of an 8000 year-old Native American Skeleton. *Ancient Biomolecules*. Vol. 1, nr.1, (83-87).

- Sullivan, K.M., Manucci, A., Kimpton, C.P. & Gill, P. 1993: A rapid and quantitative DNA gender test: Fluorescence-Based PCR Analysis of X-Y Homologous Gene Amelogenin. *Biotechniques: the journal of laboratory technology bioreserach*. Vol. 15, nr. 4, (636-641).
- Tattersall, I. 1997: Out of Africa Again... and Again? *Scientific American*. Vol. 276, nr. 4, (46-53).
- Taylor, G.M., Crossey, M., Saldanha, J. & Waldron, T. 1996: DNA from Mycobacterium tuberculosis Identified in Mediaeval Human Skeletal Remains Using Polymerase Chain Reaction. *Journal of Archaeological Science*. Vol. 23, (789-798).
- Thomas, K.D. 1993: Molecular biology and archaeology: a prospectus for inter-disciplinary research. *World Archaeology*. Vol. 25, nr. 1, (1-17).
- Thomas, W.K. & Pääbo, S. 1993: DNA sequences from old tissue remains. *Methods in enzymology*. Vol. 224, (406-419).
- Thorne, A.G. & Wolpoff, M.H. 1992: The Multiregional Evolution of Humans. *Scientific American*. April 1992, (28-33).
- Thuesen, I. & Engberg, J. 1990: Recovery and analysis of human genetic material from mummified tissue and bone. *Journal of Archeological Science*. Vol. 17, (679-689).
- Trigger, B. 1994: Ethnicity: An appropriate concept for arhcaeology?. *FennoScandia Archaeologica* XI, (100-103). Arkeologiska sällskapet i Finland.
- Trigger, B.T. 1996: *Arkeologiens idehistorie*. Pax forlag A/S, Oslo.
- Tuross, N. 1994: The biochemistry of ancient DNA in bone. *Experienta*. Vol. 50, (530-535).
- Tuross, N., Fogel, M.L., Newsom, L. & Doran, G.H. 1994: Subsistence in the Florida archaic: The stable-isotope and archaeobotanical evidence from the Windover site. *American Antiquity*. Vol. 59, Nr.2, (288-303).
- Van den Berghe, P.L. 1978: Race and ethnicity: a sociobiological perspective. *Ethnic and Racial Studies* 1, (401-411).
- Vernesi, C., Caramelli, D., Carbonell, S. & Chiarelli, B. 1999: Molecular sex determination of Etruscan bone samples (7th-3rd c. BC): a reliable study. *Homo*. Vol.50, nr.2, (118-126).
- Williams, P.S. 1998: Genetics, linguistics, and prehistory: thinking big and thinking straight. *Antiquity*. Vol. 72, (505-527).
- Wilson, A.C. & Cann, R.L. 1992: The Recent African Genesis of Humans. *Scientific American*. April 1992, (22-27).
- Witt, M. & Erickson, R.P. 1989: A rapid method for detection of Y-chromosomal DNA from dried blood specimens by the polymerase chain reaction. *Human Genetics*. Vol. 82, (271-274).
- Woodward, S.R., Weyand, N.J. & Bunnell, M. 1994: DNA Sequence from Cretaceous Period

Bone Fragments. *Science*. Vol. 266, (1229-1232).

Zischler, H., Höss, M., Handt, O., von Haeseler, A.C., van der Kuyl, A.C., Goudsmith, J. & Pääbo, S. 1995: Korrespondanse angående Scott Woodward's artikkel hvor de rapporterte å ha trukket ut DNA fra et 80 millioner år gammelt dinosaurbein. *Science*. Vol. 268, (1192-1193).

Zvelebil, M. 1986: Mesolithic societies and the transition to farming: problems of time, scale and organisation. *Hunters in transition*. Zvelebil, M. (red.). Cambridge University press, Cambridge, (167-188).

Zvelebil, M. & Zvelebil, K.V. 1988: Agricultural transition and Indo-European dispersals. *Antiquity*. Vol. 62, (574-583).

PERSONLIGE MEDDELELSER OG UPUBLISERTE FOREDRAG:

Pers. med. T. A. Brown: Britisk TAG, Bournemouth 1997.

MacEachern, S. 1998: *Races and tribes in Africa: anthropological and biological perspectives*. Upublisert foredrag på World Archaeology Congress 10-14 januar 1998.

Rameckers, J.E. 1997: *Aspects of PCR efficiency in a aDNA analysis*. Upublisert foredrag på Ancient DNA IV, Göttingen 5-7 juni 1997.

INTERNETTPUBLIKASJONER:

Artefact nr. 4, 2001: <http://welcome.to/artefact>

APPENDIX I: KILDER FOR FORURENSING AV GAMMELT DNA

Med "forurensende DNA" menes DNA som stammer fra andre kilder enn de en ønsker å undersøke. Disse kildene kan deles inn i to hovedgrupper:

A) Gamle forurensningskilder.

B) Moderne forurensningskilder

Det vil i de fleste tilfeller være bein som er aktuelle for DNA analyse i forbindelse med analyse av humant materiale. Under de to hovedgruppene kan det med utgangspunkt i slikt materiale påvises minst 5 tidsintervaller der smitte kan overføres.

Noen smitteformer vil det være fare for innen alle periodene, så som infeksjon av bakterier, sopp og mikrober. Når de opptrer som moderne smittekilder kan en ta forholdsregler mot dem. Som gamle smittekilder må en være oppmerksom på at slik smitte i større eller mindre grad kan ha funnet sted. Materiale som er sterkt infisert av slik smitte, vil ha mindre sannsynlighet for å inneholde bevart DNA enn annet materiale. For uten det vil det pr. i dag være mindre problematisk at materialet er infisert med slik smitte, da analysene i stor grad kan rettes mot sekvenser som er spesifikt menneskelige.

A) Gamle forurensningskilder:

1) Mellom dødstidspunkt og begravelse.

Så lenge levningene blir tatt hånd om av andre mennesker er muligheten for forurensning tilstede. Dersom begravelsesritualet inkluderer handlinger som gjør at levningene kommer i kontakt med blod, urin eller ekskrementer er det stor risiko for at forurensning har funnet sted. Til dette finnes det ingen løsning på det nåværende tidspunkt. En bør alltid ta hensyn til hva som kan ha skjedd med den døde før endelig gravlegging, og tilkjenne passende troverdighetsgrenser for nukleotidssekvensene som kommer frem. Det vil alltid være en fordel å ta flere prøver av samme individ.

2) Mellom begravelse og utgravning.

Intet arkeologisk materiale stammer fra 100% sterile miljøer, men kommer fra naturmiljøer hvor større eller mindre mengder forurensningskilder alltid vil være tilstede. Forurensende DNA kan komme fra bakterier, mikrober, sopp og annet som kan ha infisert materialet i denne perioden. Under visse forutsetninger kan det og forventes en viss grad av lekkasje av DNA fra biologiske levninger og ut i den omkringliggende jorden. Dersom flere individer er

gravlagt sammen, kan en i teorien ikke utelukke at levningene kan overføre hverandres DNA til hverandre og smitte hverandre på den måten. For å kontrollere mulighetene for at dette kan ha skjedd anbefales det å ta prøver av den omkringliggende masse for å analysere denne for innhold av DNA (Hardy, mfl. 1997:609).

B) Moderne forurensningskilder:

1) Under utgravning.

Dessverre så er studiet av gammelt DNA fremdeles hemmet av tekniske vanskeligheter som til en viss grad er innebygget i PCR: Dens utsøkte følsomhet kan være en svakhet så vel som en styrke. Ethvert spor av moderne DNA som kommer seg inn i prosessen vil bli amplifisert dersom det bærer sekvenser som primerene kan binde. En kan undre seg over om likheten mellom seg selv og ens antatte forfedre er virkelig, eller kun følgene av dårlig laboratorieteknikk (Pääbo 1993:64).

Organisk materiale som en ønsker å analysere kan smittes med moderne DNA fra arkeologer eller andre som behandler funnene. Dette fører til den kanskje viktigste faktoren for arkeologer å ta hensyn til: Materialet som man skal utføre DNA-analyse på må behandles med omhu. Det ideelle er om objektet som prøven skal tas ut fra blir gravd ut under sterile forhold av en som har på seg ansiktsmaske, hansker og sterile klær. Dette er selvsagt verken praktisk eller særlig realistisk, men under enhver utgravning kan en ta visse skritt for å minimalisere risikoen for at prøver blir smittet med moderne DNA. Prosedyrene som bør følges summeres i appendix II.

2) Under bearbeiding og lagring i museum.

Ofte vil det materialet en ønsker å foreta DNA-analyse på allerede være gravd ut og plassert i en museumssamling. Når det gjelder slikt materiale er det en betraktelig risiko for at fremmed DNA kan være overført på materialet. Smitte kan som kjent både komme fra arkeologer eller andre som har gravd ut materialet, samt museumsansatte eller andre som har vært i kontakt med det. Men når det gjelder museumsmateriale må en også være observant på et par andre smittekilder. Et problem når det gjelder materiale som hentes fra museumssamlinger er det som på engelsk kalles *Cryptic contamination*. Dette forårsakes av at beslektede eksemplarer ofte lagres og behandles sammen, og den smittende agenten like gjerne kan være DNA fra den samme eller en nært beslektet art. Materialet kan også være smittet med fremmed DNA dersom det har vært i kontakt med konserveringsvæsker eller annet inneholdende organisk materiale. Museumseksemplarer som er behandlet med lim kan f.eks. forventes å inneholde

DNA fra hest, ku eller gris, dersom limet var av dyreopphav. Konserveringsmidler som er mulige kilder for fremmed DNA inkluderer lakk og gelatin, casein og bi-voks produkter (Cooper 1994:160).

3) Under analyse i laboratoriet.

Selv under tilnærmet sterile forhold er det likevel smittemuligheter til stede, spesielt ettersom det i laboratorier som rutinemessig håndterer DNA prøver har en tendens til å bygge seg opp en betydelig luftforurensing. I praksis så kan forurensing på dette nivået kontrolleres ved å utføre diverse kontrolleksperimenter.

(etter Brown & Brown 1992).

For mer inngående beskrivelser av metoder og laboratorierutiner, se f.eks. Hagelberg mfl. 1991a, Hummel og Herrmann 1994 og Hänni mfl. 1995.

APPENDIX II: RÅD FOR UTTAK AV PRØVER FOR DNA ANALYSE I FELT.

Risikoen for at DNA prøver skal forurenses med moderne DNA er desverre meget stor. Dersom en ønsker å benytte DNA analyse på et materiale en er i ferd med å grave ut, bør disse retningslinjene benyttes under feltarbeidet. En vil da redusere risikoen for at det er DNA fra en eller annen smittekilde som analyseres.

Gode kilder for smitte av moderne menneske-DNA er:

- * Døde hudceller som kontinuerlig faller av hendene
- * Flass
- * Svette
- * Spytt
- * Blod

Om mulig; følg disse retningslinjene:

1) Dersom det før utgravning er bestemt at DNA-analyser skal taes av funnmaterialet (f.eks. menneskelig skjelettmateriale), bør gravningsrutinene endres straks beinrester påvises. Ta på et par rene hansker, fortrinnsvis sterile engangshansker. Gummihansker kan til nød brukes, men disse må skylles grundig i rent vann etter at de er tatt på. Ikke la beinmaterialet komme i berøring med hud.

2) Dekk til munn og nese, fortrinnsvis med munnbind.

3) Røyk ikke.

4) Fjern jord og annet fra stedet hvor prøven skal taes fra. Dette gjøres fortrinnsvis med en steril kniv (skalpell eller lignende). Vask ikke materialet. Bruk børster med syntetiske fibre.

5) Hold materialet tørt. Dersom det allerede er vått, plasseres det på en ren overflate (fortrinnsvis av ikke-organisk materiale) og tørkes grundig.

6) Ikke la beinmaterialet komme i kontakt med jord igjen etter at det er gravd ut.

7) Plasser beinmaterialet i en ren, tørr, lufttett beholder. En steril glassflaske med skrukork er ideell. Materialet bør ikke legges i plastikkpose/funnpose, da disse gir økt vekstvilkår for mikrober.

8) Oppbevar prøven på en kjølig, mørk plass. Fryseboks er mest ideell, men kjøleskap kan og brukes. Hold den i hvert fall unna direkte sollys.

9) På grunn av morfologi har kompakte bein størst sannsynlighet for å inneholde bevart

DNA med minimale mengder bakterier og/eller soppssmitte (Hummel & Herrmann 1994: 206). Tennene blir betraktet for å være den del av skjelettet hvor det er størst sannsynlig for å finne bevart DNA. Det kreves kun noen få gram materiale for å foreta en analyse, men forsøk ikke å ta ut en prøve fra bein ute i feltet. Dersom mulig så sett til side mer enn ett bein fra skjelettet for DNA-analyse. DNA analyse bør ikke foretaes på overflatemateriale. Overflaten bør alltid skrapes av for å minimalisere risikoen for forurensing (Hagelberg 1994:196).

10) Dersom skjelettmateriale fra flere individer oppdages innen samme område (dvs. innen noen få cm. fra hverandre), noter posisjonene og type omkringliggende masse (type jord, tilstedeværelse av annet biologisk materiale, tørt eller fuktig, etc.). Ta prøver av den omliggende masse: disse kan analyseres for å belyse muligheten for at DNA fra ulike individer kan smitte over på hverandre i jorden. Dette kan og være med å belyse om amplifisert DNA mest sannsynlig stammer fra selve artefakten, og ikke fra den omkringliggende masse. Med andre ord: Er tilstedeværelsen av DNA begrenset /isolert til artefakten?

11) Det bør også tas prøver av gjenstander som betegnes som ikke-artefakter for å undersøke om DNA er spredd utover lokaliteten.

12) Dersom det er menneskebein en ønsker å analysere bør det og tas prøver av dyrebein fra samme lokalitet for smittekontroll, dersom det er mulig.

(etter Brown & Brown 1992, Hagelberg 1994 & Hardy mfl. 1997).

APPENDIX IV: ORDLISTE.

aDNA: Forkortelse for "ancient DNA". Den internasjonalt vanligst brukte betegnelse på DNA som er bevart i arkeologisk materiale.

Allel: Mange gener kan eksistere i to eller flere alternative former, hver med en ørliten forskjell i nukleotidsekvensen. Disse alternative formene blir kalt alleler. En person's alleler arves fra foreldrene, så analyser av allelkombinasjoner kan benyttes i slektskap- og befolkningsstudier.

Autosom: Alle kromosomer som ikke er kjønnskromosomer.

Collagen: Protein som utgjør ca. 30% av skjelettet.

Cytoplasma: Betegnelse på den komplekse blandingen av molekyler som utgjør grunnsubstansen i de ekstranukleære regionene i en levende celle (den væsken som omgir cellekjernen).

Diploid: Celle med to kopier av hvert kromosom.

DNA: Forkortelse for deoksyribonukleinsyre. Det genetiske materialet i alle celler.

DNA-polymerase: Enzym som i nærvær av DNA som templat (mønster), og de fire deoksyribonukleosidtrifosfatene som substrat, kan syntetisere DNA. DNA-polymerase er viktig både i nysyntese og reparasjon av DNA.

Enzymer: Proteiner, stoffer som finnes i planter og dyr, og som kan fremme visse kjemiske reaksjoner uten selv å bli forandret.

Fenotype: Summen av synlige egenskaper som organismens genotype gir i et bestemt miljø.

Gen: En DNA sekvens som inneholder biologisk informasjon og som koder for en polypeptidkjede eller et strukturelt RNA, med tilhørende promotor.

Genom: Det samlede arvestoff i en organisme eller et mitokondrium.

Genotype: Den genetiske sammensetningen av et individ.

Haploid: Celle som inneholder kun en kopi av hvert kromosom.

Heterozygot: Diploid celle eller organisme med to forskjellige alleler av et gen.

Homozygot: Diploid celle eller organisme med to identiske alleler av et gen.

Human Genome Project: Prosjekt som går ut på å kartlegge alle humane gener og bestemme den fullstendige basesekvensen for det humane genom innen 2005.

Hydroksyapatitt: Stavformet heksagonalt krystall som utgjør ca. 70% av skjelettet. Hydroksyapatitt adsorberer DNA gjennom å binde seg til DNA's fosfatgrupper.

Kromosomer: Strukturer som inneholder DNA og proteiner, og som bærer mesteparten av en organismes gener.

Locus: Lokaliseringen av et gen eller andre genetiske markører i et kromosom.

Matrilineære slektsgrupper: En matrilineær slektsgruppe består av en persons mor, mormor, mormors mor osv., og så vel som alle etterkommerne etter disse på den kvinnelige side. I et matrilineært samfunn blir en person's mor sine søsken, samt personen's egne søsken alle regnet for å tilhøre samme slektsgruppe. En kvinne sine barn blir regnet for å tilhøre hennes gruppe, men en mann sine barn blir ikke regnet for å tilhøre hans slektsgruppe. De blir alle regnet for å tilhøre hans kones gruppe.

Mikrosatellitter: Områder i en DNA-kjede der en kort sekvens er repetert mange ganger, for eksempel CACACACACA. Antall repetisjoner varierer mellom ubeslektede individer. Med basis i unike sekvenser på hver side kan mikrosatellitten påvises med PCR (se også STR).

Mitokondrier: Cellekomponenter med eget DNA, som er innblandet i cellens energiproduksjon.

MtDNA: Forkortelse for mitokondrie DNA. MtDNA blir kun overført via morslinjen.

Mutasjon: En mutasjon er en tilfeldig forandring i arvemassen, en feillesning når cellene deler seg. Dersom mutasjonen skjer i en kjønnselle blir den en del av arvemassen og føres videre til neste generasjon.

Nukleinsyre: Felles betegnelse for RNA og DNA.

Polymerasekjedereaksjon (PCR): Metode som produserer et stort antall DNA-molekyler fra et enkelt molekyl ved bruk av DNA-polymerase og oligonukleotider som primere. Området begrenset av primersekvensene blir mangfoldiggjort ved gjentatte sykluser av polymerisering og denaturering.

Primer: Kort enkeltstrenget syntetisk DNA sekvens som behøves som startpunkt for produksjon av nytt DNA, med bevart DNA som mal, for eksempel ved PCR.

Rekombinant DNA: Et DNA molekyl satt sammen av DNA fra to eller flere kilder.

Restriksjonsendonukleaser: Restriksjonsenzymmer. En gruppe enzymer som foretar en presis oppkutting av DNA-molekyler. Enzymet kutter DNA ved bestemte, korte basesekvenser.

Repeterende DNA: DNA sekvenser som gjentas i et DNA molekyl eller i et genom.

RNA: Forkortelse for ribonukleinsyre. Den andre nukleinsyren i tillegg til DNA.

Satellitt DNA: DNA som består av repeterende sekvenser som står samlet.

STR (Short Tandem Repeats): Korte repeterende DNA sekvenser. Sekvensene er oppbygd på en måte som gjør det lett å se individuelle variasjoner (se også mikrosatellitter).

Tandem Repeats: Repeterende DNA sekvenser som er plassert direkte etter hverandre.

Templat: Mønster.

Zygote: Befruktet eggcelle.

(etter Arvidsson 1999, Hauge 1996, Hermansson 1998, og <http://www.Britannica.com>)