

人类/黑猩猩 DNA 相似性持续下降：计算插入缺失

最初发表于《创造杂志》第 18 卷第 2 期（2004 年 8 月）：37-40 页。

抽象的

人们普遍认为人类和黑猩猩的 DNA 差异非常小。然而，新的证据表明，这种差异可能要大得多。

概括

人们通常认为人类和黑猩猩的 DNA 差异非常小。然而，新的证据表明，这种差异可能远比这剧烈得多。导致 DNA 插入和缺失的突变是造成这两个物种之间大部分遗传差异的原因，但这些突变通常不被纳入多样性评估中。此外，显著相似的区域往往受到选择性约束的影响。越来越多的所谓“垃圾 DNA”的功能也被发现，这表明此类 DNA 的相似性并不一定源于共同的祖先。进一步的研究将有助于我们理解这些在起源之争中至关重要的数据。

神创论者一直坚称，人类和黑猩猩的 DNA 相似度远没有人们吹捧的那么高。发表在《美国国家科学院院刊》上的一项新研究或许能证实这一点。

人们普遍认为，“普通黑猩猩（*Pan troglodytes*）是我们的近亲。它的基因组序列与我们自身的基因组序

列有约 98.8% 的相似度，我们大约在六百万年前拥有共同的祖先。”¹ 人类与黑猩猩大约在六百万年前分化的假设也构成了线粒体时钟的基础，² 线粒体时钟“至今仍被广泛用于‘计时’人类的进化和人口迁徙，包括古代和现代。”³ 在科普读物《基因组》中，马特·里德利指出：

除了 2 号染色体的融合之外，黑猩猩和人类染色体之间可见的差异微乎其微。在 13 条染色体中，没有任何可见的差异。如果你随机选择黑猩猩基因组中的任何一个“段落”，并将其与人类基因组中对应的“段落”进行比较，你会发现只有极少数“字母”不同：平均而言，每 100 个字母中不到两个。我们与黑猩猩的相似度高达 98%，而黑猩猩与人类的相似度也高达 98%。如果这没有打击你的自尊心，那么请想想，黑猩猩与大猩猩的相似度只有 97%；而人类与大猩猩的相似度也同样高达 97%。换句话说，我们比大猩猩更像黑猩猩。

针对人类/黑猩猩 DNA 相似性的此类论点，一位神创论者的回应是，“黑猩猩 DNA 的测序还远未完成，因此无法进行适当的比较”，⁵ 并且这一证据同样可以用共同设计者的概念来解释（甚至预测）：

“由于 DNA 编码结构和生化分子，我们应该预期最相似的生物拥有最相似的 DNA。猿和人类都是哺乳动物，体型相似，因此它们的 DNA 也相似。我们应该预期人类与猪等其他哺乳动物的 DNA 相似度高于与响尾蛇等爬行动物的 DNA 相似度。事实也的确如此。人类与酵母截然不同，但它们有一些共同的生化特征，因此我们应该预期人类 DNA 与酵母 DNA 的差异大于与猿类 DNA 的差异。” ⁶

在最近的一篇文章中，David A. DeWitt⁷ 引用了一项研究，该研究发现，即使考虑插入和缺失，这两个物种的基因组相似性也仅为 95%⁸，这表明对基因组差异的估计主要取决于所比较的 DNA 类型。文中列举了人类和黑猩猩之间的一些差异，这些差异难以通过序列差异估计（即人类和黑猩猩基因组之间碱基的差异）来量化，例如人类的端粒较短、黑猩猩的基因组比人类大 10%，以及 4 号、9 号、12 号染色体和 Y 染色体上的显著差异。事实上，DNA 相似性估计“并不能充分反映基因组结构的细微变化”⁹。

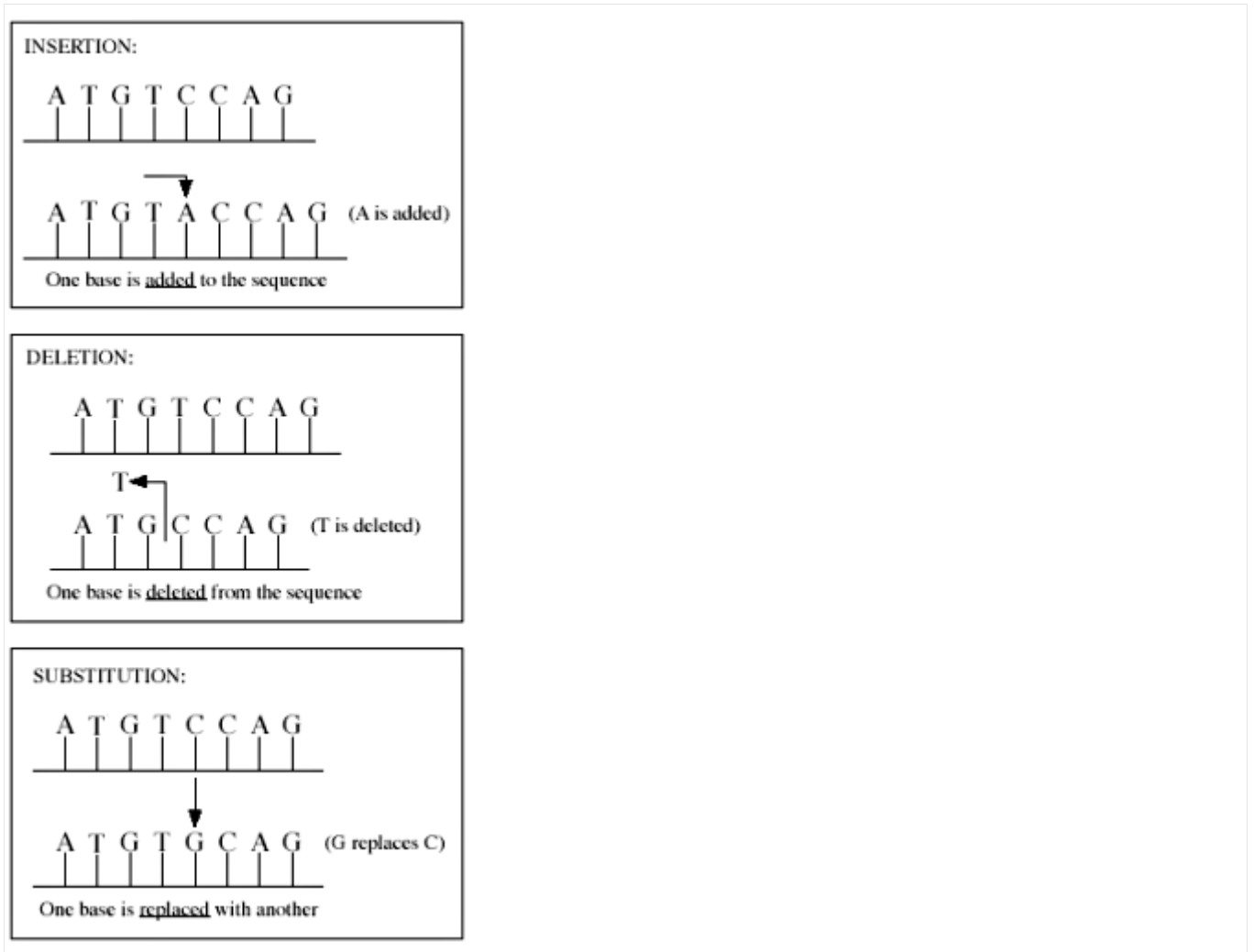
考虑到 DNA 缺口

以往对序列差异的评估仅关注 DNA 中的碱基替换——即一个碱基（或 DNA “字母”——A、T、C 或 G）被另

一个碱基（或字母）替换。新的计算方法不仅包括碱基替换，还包括插入和缺失（indel，即碱基的添加或移除，通常会导导致移码突变），从而显著降低了序列相似性。该研究的作者 Roy J. Britten 指出：

我认为在估算物种间分化程度时，应该考虑所有缺失片段的长度。这些 DNA 片段实际上在一个物种的基因组中缺失，而在另一个物种的基因组中存在。过去，由于插入/缺失突变便于系统发育分析，人们通常不考虑其长度，直接将其计入碱基替换计数中。¹⁰

他的研究结果支持了这样一种观点：黑猩猩和人类 DNA 杂交失败的主要原因是插入缺失事件导致的 DNA 缺失。随后，布里顿参与了一篇后续论文的撰写，该论文证实了这些初步结果；事实上，研究发现“此前已发表的人类与黑猩猩之间 5% 的差异很可能被低估了，实际差异可能超过两倍。”¹¹



多种类型的突变。人类和黑猩猩 DNA 之间的许多差异可归因于插入和缺失（indel）。

现在, Anzai 等人发表在《美国国家科学院院刊》(PNAS) 上的一篇新报告证实了这一说法。该研究对近一半的主要组织相容性复合体 (MHC) 区域进行了测序, “这是迄今为止在黑猩猩 (我们最近的进化亲缘物种) 中获得的最长连续序列”, 并被描述为基因组中 “快速进化” 的部分。¹² 尽管人们一直认为人类和黑猩猩在 MHC 区域的相似性 “如此之高, 以至于等位基因必定起源于假定的黑猩猩/人类进化分化之前”, ¹³ 但测序结果实际上将 DNA 相

似性估计值降至 86.7%!¹⁴ 事实上，这两个物种之间的实际差异（在计算插入/缺失时）远大于 5%，而且是两倍以上。不仅如此，“进化论者现在认识到，复杂的 MHC 基因基序可以在灵长类动物中独立出现”——也就是说，至少某些存在的相似性并非源于共同祖先。¹⁵

人类基因组包含两个 MHC I 类基因，即 MICA 和 MICB，而黑猩猩在该位置仅包含一个基因，即 Patr-MIC。根据进化推测，大约在 3300 万至 4400 万年前，这两个人类基因之间发生了一次 95 kb 的缺失，形成了黑猩猩的杂交基因，这远远早于通常认为的 600 万年前人类和黑猩猩的分化时间。由于黑猩猩基因的两端似乎分别与人类 MICA 基因的起始端和 MICB 基因的末端相匹配，因此共同祖先的可能性似乎合理。然而，甚至有些人类在该位置也包含一个与黑猩猩中发现的基因非常相似的基因（称为 HLA-B*4801 等位基因）。该研究指出，“在几种不同的灵长类动物物种中，涉及相同区域和基因（MICA/B）的相同大小的缺失发生在不同的时间点，这非常耐人寻味”。¹⁶ 然而，也有人声称，其他类似的 DNA 结构变化并非趋同进化所致，而必定是共同祖先的结果！显然，类似的“错误”可以在不同的物种中独立出现（[伍德莫拉普对此进行了详细阐述](#)¹⁷）。设计者为相同功能创造相同结构的假说似乎更容易解释这些数据。正如伍德

莫拉普所指出的¹⁸，为了防止灵长类动物间 MHC 的相似性在数百万年的进化过程中发生改变，必然存在着强大的选择压力，这进一步削弱了进化论的合理性。

Anzai 等人的研究还提到，人类和黑猩猩之间存在一些差异，这些差异可能是由于 MHC 基因的遗传改变造成的，包括对 HIV、乙型肝炎和丙型肝炎等传染性病原体的抵抗力差异，以及对恶性疟原虫的易感性差异。因此，在这些基因中观察到的差异可能比之前的估计更能准确地反映出这两个物种之间“真实”的分化程度。

尽管这些结果很有趣，但关于是否应将插入/缺失（indel）纳入序列差异估计一直存在争议。例如，一种称为易位的突变可能发生，其中一段 DNA 从一条染色体上断裂并插入到另一条染色体上。最初的 Britten 研究简要讨论了此类重排事件，并发现它们很常见。由于 indel 差异被定义为基因组中“缺口的完整长度”，因此这些估计很难考虑此类突变变化。

¹⁹新的研究有望帮助我们理解基因组结构的变化，并为如何将这些变化纳入人类/黑猩猩相似性估计提供线索。

编码 DNA 和非编码 DNA 的区别

其他研究也得出了高于 98.6% 的相似性估计值。例如，Wildman 等人²⁰比较了约 90 千碱基的人类 DNA 和黑猩猩 DNA，发现相似性高达 98.86%，即使计入插入/缺失（indel）也是如此。考虑到这与 Britten 和 Anzai 等人提出的数据直接相反，这是一个重要的证据。然而，必须理解的是，不同的估计值使用了不同类型的 DNA。Wildman 的团队仅检测了来自多个基因的编码 DNA。在这种情况下，非同义突变（通过改变编码的特定氨基酸而影响蛋白质结构的突变）会受到纯化选择。这意味着，如果这些突变对蛋白质功能有任何影响，它们就会被选择淘汰。

同样，一项对人类 21 号染色体（人类基因组中最小的染色体）的研究发现，在超过 400 千碱基的区域内，仅有 3003 个核苷酸差异。研究表明：“编码区、启动子区和外显子-内含子连接区的差异分别为 $0.51 \pm 0.02\%$ 、 $0.88 \pm 0.03\%$ 和 $0.85 \pm 0.02\%$ ，远低于先前报道的基因组区域的 1.23%”，总体相似度为 99.3%。从进化角度来看，这些结果似乎证实了黑猩猩是我们的近亲。然而，这一发现似乎与 21 号染色体上较高的替换率相矛盾，这也导致了以下结论：

“……本研究中观察到的转录本单元相似性水平较高，可归因于基因最重要的功能部分（包括启动子、编码区和外显子-内含子边界

附近的内含子区域) 受到纯化自然选择的作用。” ²²

因此，高相似性估计值特指功能受限的编码 DNA 区域。Britten 等人和 Anzai 等人的研究均考虑了非编码 DNA，这类 DNA 可能受限较少，因此更容易积累随机突变。因此，非编码 DNA 能更准确地反映真实的遗传分化。当然，在圣经创世论的背景下，蛋白质功能至关重要的区域具有最高的相似性是非常合理的，因为同一位设计者会使用相同的蛋白质来构建相同的结构。

²³ 由此自然可知，受限较少的非编码 DNA 可能包含更多的遗传分化。

回到 Anzai 等人的研究，该研究发现黑猩猩和人类的基因组相似度为 86.7%，由此可以观察到一个总体趋势，即编码区的相似度更高。大多数“非 MHC 基因参与基本的（稳态）细胞功能，这些功能需要个体间以及物种间的同质性”，而 MHC 基因“必须不断适应每个物种的微生物环境”。因此，由于非 MHC 基因的特定功能，纯化选择倾向于维持其结构保守性。我们可以得出结论，86.7%的估计值“可能比之前 98.6%的估计值更能代表人类和黑猩猩之间的全基因组序列相似性”。由于“人类和黑猩猩序列之间的主要差异绝大多数归因于插入/缺失突变”，因此，未包含这些突变的 24 个 估计值忽略了潜在差异的巨大来源。近期研

究一致发现，插入缺失是人类和黑猩猩之间变异的主要来源。^{25, 26, 27} 值得注意的是，与序列高度相似的例子相反，某些区域的序列差异可能超过 20%。²⁸ 正如 DeWitt 所指出的，估计值可能“具有误导性，因为它取决于比较的对象”。²⁹

垃圾 DNA

内含子是基因组中不编码蛋白质产物的 DNA 区域，因此通常被认为没有功能。正因如此，“人们常常比较不同生物体中特定基因的内含子，并根据其序列中碱基对的差异来判断它们自上次拥有共同祖先以来分化的程度和时间。”³⁰ 事实上，在圣经创世论的背景下，人类和黑猩猩的无功能内含子应该截然不同，甚至根本不存在。然而，越来越多的证据表明，内含子并非毫无功能，而认为它们毫无功能的假设“最终可能会成为正统观念阻碍客观事实分析的经典案例”。³¹ 其他形式的“垃圾”DNA，显然被认为缺乏功能，因此能够随机突变，但实际上却与进化系统发育相矛盾，例如人类和大猩猩共有的假基因，而黑猩猩没有的假基因；CYP 假基因仅存在于黑猩猩中；以及牛、松鼠猴和大猩猩共有的 Alpha-1, 3GT 假基因的替换。许多共有的替换并非以随机方式发生，这也削弱了共同祖先理论的解释力。³² 已有大量文章^{讨论}了

各种所谓的“垃圾”DNA 的功能，33, 34, 35, 36, 37, 38

令人鼓舞的是，进化期刊开始意识到这一重要事实。内含子的保存

“……这表明它们发挥着不可或缺的作用。事实上，大量的 DNA 片段会被转录成各种 RNA，这些 RNA 的功能远超生物学家之前的想象。一些科学家现在怀疑，人与人、物种之间的差异，很大程度上源于我们“垃圾”DNA 中隐藏的这些‘瑰宝’的变异。”³⁹

因此，内含子的相似性与神创论范式非常吻合。

DNA 并非一切

我认为需要进行进一步的研究来梳理这些证据，这项研究还将发现黑猩猩物种内部固有的差异。插入缺失（indel）很容易被视为物种间的内在差异。DNA 序列并非区分不同生物种类的唯一因素——正如遗传学家史蒂夫·琼斯在《创造》一书中引述的那样，“我们与香蕉共享约 50% 的 DNA，但这并不意味着我们腰部以上或腰部以下都是半个香蕉。”⁴⁰ 已有证据表明“DNA 并非一切”；例如，线粒体、核糖体、内质网和胞质溶胶在亲代和子代之间保持不变（除了线粒体 DNA 可能发生的突变）。事实上，基因表达本身也受细胞控制。⁴¹ 有些动物经历了极其剧烈的基因变化，但它们的表型却几乎保持不变。⁴² 这种表观遗传标记“可以显著影响生物体的健康和

特征——有些甚至可以从父母遗传给子女——但它们不会改变潜在的 DNA 序列。” 43 这一证据为类比繁殖提供了极大的支持（[创世记 1:24-25](#)；[哥林多前书 15:39](#)），因为父母体内的结构会在其后代中得到保留。

结论

对于神创论者来说，这是一个激动人心的时刻，因为当考虑插入/缺失（indel）时，人类与黑猩猩的相似度估计值持续下降。尽管仅从 DNA 序列来看，这两个物种显然非常相似（两者存在许多相同的结构，这在神创论模型中是可以预期的），但之前约 98.6% 的序列同一性估计值可能受到了重大打击。未来的研究很可能会揭示人类与其他动物之间诸多差异的新线索，并继续证实《创世记》的真理。

读完这篇文章，你心里是否有一些触动？有没有一些新的想法，或者值得你认真思考的问题？或许，你也开始重新思考自己的信仰和人生的方向。

如果你愿意，现在就可以向上帝祷告，打开心门，成为祂的儿女。祷告不需要华丽的言辞，只要一颗真诚的心。你可以这样祷告：

天父上帝，

今天我来到你面前，愿意立定心志，宣告我相信耶稣基督是我的救主，是我生命的主。我愿意离开过去那些不讨你喜悦的生活方式，求你赦免我的过犯。靠着你的恩典，帮助我学习顺服你、爱人如己，活出你所赐的新生命。求圣灵每天引导我、扶持我，使我一生荣耀你的名。奉主耶稣基督的名祷告，阿们。

如果你已经做了这个祷告，愿你知道，你并不孤单。信仰的道路需要陪伴和成长。鼓励你在自己居住的地方，寻找一间合适的教会，与弟兄姐妹一同聚会、学习和成长。

如果你有任何疑问，或在信仰上需要帮助，欢迎随时写信与我们联系。我们愿意倾听，也愿意与你一同前行。