



GÜNCEL VERİLER İNSAN VE ŞEMPANZE GENOMLARI ARASINDA %1 FARKLILIK OLDUĞU İDDİASINI ÇÜRÜTÜYOR

CURRENT DATA REFUTES THE CLAIM THAT THERE IS A 1% DIFFERENCE BETWEEN HUMAN AND CHIMPANZEE GENOMES

Uzm. Psk. Dan.
Abdullah KESER
Parem Psikoloji,
Psikolojik Danışmanlık
akeser1034@gmail.com
0000-0001-8653-7201

Prof. Dr.
Orhan ERDOĞAN
Atatürk Üniversitesi,
Fen Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve
Genetik Bölümü
oerdogan@atauni.edu.tr
0000-0001-8908-7293

*Bu çalışma 20-21 Kasım 2025 tarihlerinde Gaziantep İslam Bilim ve Teknoloji Üniversitesi'nde düzenlenen IX. Bilimler Işığında Yaratılış kongresinde sunulan "Güncel Veriler İnsan ve Şempanze Genomları Arasında %1 Farklılık Olduğu İddiasını Çürütüyor" başlıklı bildiriden üretilmiştir.

Makale Bilgisi / Article Information
Araştırma Makalesi /Research Article

Alınma/Received: 27.11.2025
Kabul/Accepted: 25.12.2025

Telif Hakkı: Bu çalışma Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 License altında lisanslanmıştır (CC BY NC).

Copyright: This article is licensed under Creative Commons AttributionNonCommercial 4.0 International License (CC BY NC).



ÖZET

İnsan ve şempanze DNA'sı arasında %1 fark olduğu, birçok kişi tarafından duyulmuş bir iddiadır. Bu iddianın kaynağı özellikle; 2005 yılında Şempanze Genomu Konsorsiyumu tarafından, şempanze genomunun insan genomu referans alınarak dizlendiği çalışmaya dayanmaktadır. Çalışmada şempanze genomu, referans önyargısı ile bir nevi insanlaştırılarak dizilenmiş ve daha sonra insan genomuna hizalanarak; nükleotid düzeyinde ortalama %1 fark hesaplanmıştır. İnsan ve şempanze genomları o zamandan beri birçok kez güncellenmiş olsa da; farklılık oranları yeniden hesaplanmayıp önceki oranlar alıntılanarak kullanılmaya devam edilmiştir. Ortalama %1 olarak hesaplanan farklılık oranının güncel veriler ışığında değerlendirilmesinin bir yolu da; bu iki tür arasındaki ortolog olmayan gen oranlarının hesaplanmasıdır. Bu amaçla yaptığımız çalışmada Ensembl verileri kullanılmış ve Ensembl platformunda yer alan BioMart aracı ile; insan genomunun protein kodlayan kısmında bulunup şempanze genomunda ortologu bulunmayan 4501 gen tespit edilmiştir. Bu oran insan genomunun protein kodlayan kısmının şempanzeninkinden gen düzeyinde % 19.7 oranında farklı olduğunu ortaya koymaktadır. Bu sonuç, insan ve şempanze genomları arasında nükleotid düzeyinde %1 fark olduğu iddiasını çürütmektedir. Çünkü insan genomunda gen düzeyinde bu büyüklükte bir farklılık varsa, bu farkın nükleotid dizilere de yansımış olması ve iki türün protein kodlayan kısımları arasındaki nükleotid farkının %1'den çok daha büyük olması gerekirdi. Ayrıca bu çalışmada hesaplanan %19.7 oranı, ortolog olmayan gen sayısı üzerinden hesaplandı; için; iki tür arasındaki ortolog olarak tanımlanan genlerin farklılık oranını kapsamamaktadır. Mier ve arkadaşları tarafından yapılan güncel bir çalışma ile iki tür arasındaki ortolog genlerin amino asit düzeydeki farklılık oranı % 4.08 olarak hesaplanmıştır. Yaptığımız bu çalışmada ayrıca; ortolog olarak adlandırılan benzer genlerin, genel kabulün aksine, ortak ata teorisini kanıtlayan bir faktör değil, ortak ata teorisini çürütürerek yaratılışı kanıtlayan bir faktör olduğu, etkili bir örnek üzerinden açık bir şekilde gösterilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Ensembl, BioMart, ortolog genler, ortak ata teorisi

ABSTRACT

The claim that there is 1% difference between human and chimpanzee DNA is a widely heard claim. The basis for this claim stems from a 2005 study by the Chimpanzee Genome Consortium, which sequenced the chimpanzee genome using the human genome as a reference. In this study, the chimpanzee genome was sequenced, somewhat humanized, using a reference bias, and then aligned to the human genome, resulting in an average 1% difference at the nucleotide level. Although the human and chimpanzee genomes have been updated numerous times since then, the percentage of difference has not been recalculated, but rather, the previous percentages have been used. One way to evaluate the average 1% difference in light of current data is to calculate the proportion of non-orthologous genes between these two species. For this purpose, our study used Ensembl data and, using the BioMart tool on the Ensembl platform, identified 4501 genes located in the protein-coding portion of the human genome that have no orthologs in the chimpanzee genome. This ratio reveals that the protein-coding part of the human genome differs from that of the chimpanzee at the gene level by 19.7%. This result refutes the claim that there is a 1% difference at the nucleotide level between the human and chimpanzee genomes. If such a magnitude of difference exists at the gene level in the human genome, this difference should also be reflected in the nucleotide sequences, and the nucleotide difference between the protein-coding portions of the two species should be much greater than 1%. Furthermore, the 19.7% rate calculated in this study, based on the number of non-orthologous genes, does not include the percentage of divergence between the two species identified as orthologous, as it is calculated. A recent study by Mier et al. calculated the divergence of orthologous genes between the two species at the amino acid level as 4.08%. In this study we conducted, it was also clearly shown through an effective example that similar genes called orthologous, contrary to general acceptance, are not a factor that proves the common ancestor theory, but a factor that proves creation by refuting the common ancestor theory.

Keywords: Ensembl, BioMart, orthologous genes, common ancestor theory.

GİRİŞ

İnsan ve şempanze DNA'sı arasında %1 farklılık olduğu iddiası birçok kişi tarafından duyulmuş bir iddiadır. Bu iddianın en bilinen kaynağı özellikle, 2005 yılında Şempanze Genomu Konsorsiyumu tarafından yapılan çalışmaya dayanmaktadır (Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium, 2005). Çalışmada şempanze DNA'sı, şempanze ve insanın, evrimsel olarak çok yakın akraba olduğu gerekçesiyle; insan genomu referans alınarak dizilenmiştir. (Yoo vd., 2025). Referans önyargısı ile dizilenmiş olması, şempanze genomunun bir nevi insanlaştırılması sonucunu doğurmuş (NCBI, 2007) ve insan genomuna hizalanarak düşük düzeyde fark bulunmuştur. Bu çalışmadan sonra insan ve şempanze genomları birçok kez güncellenmiş olsa da; farklılık oranları yeniden hesaplanmayıp ilk oranlar alıntılanarak kullanılmaya devam edilmiştir. İnsan ve şempanze genomları arasında %1 fark olduğu iddiasının doğru olup olmadığının güncel veriler ışığında değerlendirilmesinin bir yolu da; iki tür arasındaki ortolog olmayan gen oranlarının hesaplanmasıdır (Demuth vd., 2006). Yaptığımız bu çalışmada; insan ve şempanze genomları arasında %1 fark olduğu iddiasının doğru olmadığı, insan ve şempanze arasındaki güncel olarak hesaplanan, ortolog olmayan gen oranları üzerinden ortaya konulmuştur.

ORTOLOG GEN NEDİR?

Ortolog genler, farklı türlerde bulunan, genellikle aynı işleve sahip olan ve benzer nükleotid yapısına sahip oldukları için ortak atadan geldiği varsayılan genlerdir. Evrimsel biyolojiye göre bu genlerin, türleşme öncesi ortak atada bulunuyorken; türleşme sonrası da korunarak yeni türlerde bulunmaya devam ettiği varsayılmaktadır (Koonin, 2005).

ORTOLOG OLMAYAN GEN VE ÖZELLİKLERİ

Evrimsel biyolojiye göre ortolog olmayan genler, türleşmeden sonra ortaya çıkmış türe özgü genler olabileceği gibi; diğer türde ortolog karşılığının silinmiş olmasından dolayı ortologluk ilişkisi kurulamayan genler de olabilmektedir. Ortolog olmayan genler genellikle farklı nükleotid dizilimine sahiptir (Koonin, 2005; Tekaia, 2016).

İNSAN VE ŞEMPANZE ARASINDAKİ ORTOLOG OLMAYAN GEN ORANLARI

Bu çalışmada, insan ve şempanze arasındaki ortolog olmayan gen verileri, genetik araştırmalar ve filogenetik analizlerde en çok tercih edilen platformlarında biri olan Ensembl platformundan alınmıştır. Bu platformda yer alan BioMart aracı ile insanda bulunup şempanzede ortologu bulunmayan 4501 gen tespit edilmiştir (Ensembl Project, 2025). Bu sayı, insan genomunun en güncel sürümü olan GRCh38.p14'te bulunan protein kodlayan genlerin (22847), %19.7 sini temsil etmektedir. Bu oran, insan genomunun protein kodlayan kısmının, şempanzenin genomundan gen düzeyinde % 19.7 oranında farklı olduğunu ortaya koymaktadır. Bu sonuç, insan ve şempanze genomları arasında nükleotid düzeyde %1 fark olduğu iddiasını çürütmektedir. Çünkü insan genomunda gen düzeyinde bu büyüklükte bir farklılık varsa, bu farkın nükleotid dizilere de yansımış olması ve iki türün protein kodlayan kısımları arasındaki nükleotid farkının %1'den çok daha büyük olması gerekirdi.

EK FARKLILIK ORANLARI

Çalışmamızda insan ve şempanze genomları arasındaki farklılık oranı, ortolog olmayan gen sayıları üzerinden hesapladığı için; bu hesaba, iki tür arasında ortolog olarak kabul edilen genlerin, nükleotid veya aminoasit düzeyindeki farklılık oranları dâhil değildir. Ortolog genler, birbirine çok benzese de; bu genler arasında da farklılıklar vardır. Örneğin; Mier ve arkadaşları (2025) yaptıkları çalışmada; insan ve şempanze genomları arasındaki ortolog genlerden yola çıkarak amino asit düzeyde benzerlik oranını hesaplamışlardır. Mier ve arkadaşları, Ensembl platformundan aldıkları veriler ile 17.026 adet one to one ortolog protein belirledikleri çalışmada, bu proteinler arasından daha benzer olan 16.711 çift seçerek; aminoasit düzeyde benzerlik oranını hesaplamışlardır. Çalışma sonucuna göre iki tür arasındaki ortolog aminoasitlerin farklılık oranı %4.08'dir. Yaptığımız bu çalışma ile tespit ettiğimiz, insan ve şempanze türleri arasındaki gen düzeyindeki %19.7 farklılık oranına ek olarak Mier ve arkadaşlarının tespit ettikleri farklılık oranı da göz önünde bulundurulduğunda; 2005 yılında Şempanze Genomu Konsorsiyumu tarafından yapılan çalışma ile hesaplanan %1 farklılık oranının doğru olamayacağı açık bir şekilde görülmektedir.

%1 FARKLILIK ORANININ DOĞRU OLMADIĞINA GÜNCEL BİR DESTEK

Yoo ve arkadaşları (2025) tarafından yapılan ve yakın zamanda yayımlanan bir çalışma, bu çalışmada ele aldığımız, insan ve şempanze genomları arasında %1 farklılık olduğu iddiasının yanlış olduğu konusunu destekleyici veriler içermektedir. Yoo ve arkadaşları (2025) tarafından yapılan çalışmada; insan referans önyargısından arınmış maymun genomu dizilimi gerçekleştirilmiştir. Çalışmada maymun genomları dizilendiği halde; genomlar arasında benzerlik oranları hesaplanmamış olsa da; insan türü de maymun türlerinden biri sayılarak, bu türlerin genomları arasında yüksek düzeyde boşluk farkı (en az %12.5 - %27,3) tespit edilmiştir. Tespit edilen oranlar arasında, insan ve şempanze genomları arasında en az %13.3 düzeyinde boşluk farkı oranı da bulunmaktadır. İnsan ve şempanze genomları arasındaki boşluk farkı oranına, yine aynı çalışmada hesaplanmış olan, insan ve şempanze genomları arasındaki tek nükleotid farklılığı (SNV) oranları da eklendiğinde; insan ve şempanze genomu arasındaki farklılık oranı en az %14.9 olarak hesaplanmaktadır (Luskin, 2025). Yoo ve arkadaşlarının yapmış olduğu çalışmadan yola çıkılarak hesaplanan en az %14.9 farklılık oranı, bu çalışmada ele alınan, insan ve şempanze genomları arasında ortalama %1 düzeyinde farklılık olduğu iddiasının yanlış olduğu sonucunu desteklemektedir.

ORTOLOG OLMAYAN GEN ORANLARI İLE EVRİMSEL AKRABALIK DERECELERİ ARASINDAKİ ÇARPIKLIK

Bu çalışmada Ensembl BioMart aracı ile hesapladığımız, türler arasındaki ortolog olmayan gen oranları ile evrimsel biyoloji çerçevesinde kabul edilen, türler arasındaki akrabalık dereceleri arasında bir takım çarpıklıklar tespit edilmiştir. Örneğin insan ve şempanze arasında ortolog olmayan gen sayısı 4501'ken; insan ve zebra balığı arasında ortolog olmayan gen sayısı 8759'dur. Ortak ata teorisine göre insan ve şempanze yaklaşık 6 milyon yıllık akrabalık derecesine sahipken (Patterson vd., 2006); insan ve zebra balığı ortalama 425 milyon yıllık akrabalık derecesine sahiptir (Howe vd., 2013). Bir yanda 6 milyon yılda oluşan 4501 gen farklılığı ile; diğer yanda da 425 milyon yılda oluşan 8759 gen farklılığı, evrimsel akrabalık derecelerinin çarpıklığını ortaya koymaktadır.

ŞEMPANZE GENOMUNDA BULUNAN FAKAT İNSANDA ORTOLOĞU OLMAYAN GEN SAYISI

Yaptığımız bu çalışmada, şempanze genomu perspektifinden de insan genomu arasında ortolog olmayan gen sayısı tespit edilmiştir. Bu amaçla; Ensembl platformunda hazır olarak bulunan, bu kez insan genomunun şempanze genomuna hizalanması ile elde edilmiş olan gen veri bilgileri, BioMart aracı ile çekilerek; şempanze genomunun protein kodlayan kısmında bulunan fakat insan genomunda ortologu olmayan 4151 gen tespit edilmiştir (Ensembl Project, 2025).

ŞEMPANZE GENOMUNDA BULUNUP İNSANDA ORTOLOĞU OLMAYAN 4151 GENİN ÖNEMİ

Şempanze genomunun protein kodlayan kısmında bulunup insanda ortologu bulunmayan 4151 gen, evrimsel biyolojiye göre; şempanze türü için gen kazanımının ve insandaki gen kaybının toplamını temsil etmektedir. Şempanze genomunda bulunan fakat insan genomunda bulunmayan 4151 geni, Ensembl platformunda yer alan başka türlerin genleri ile karşılaştırdığımızda; bu genlerin 3642 sinin ortak ata teorisine göre şempanzelere insandan çok daha uzak akraba olan türlerde ortologu bulunduğu tespit edilmiştir (Ensembl Project, 2025). Evrimsel biyolojiye göre bu sonuç, insan için 3642 genin kaybedildiği anlamına gelmektedir. Bu yüksek oran; bu genlerin şempanze ile ortak ata teorisine göre insandan daha uzak akraba olan türlerde ortolog karşılığı bulunduğu halde neden insan genomunda kayıp olduğu sorusunu akla getirmektedir. Evrim teorisine göre ortolog genler önemli görevler üstlendiği için doğal seçimle korunmuş genlerdir ve soy hattında kolay kolay silinmezler (Zhang, 2003; Gabaldon ve Koonin, 2013). Ayrıca gen tamir mekanizmaları da bu genlerin korunmasını sağlamaktadır (Kondrashov, 2003). Bu açılarından bakıldığında 3642 seviyesinde gen kaybı, doğal seçim ve biyolojik koruma mekanizmaları ile çelişmektedir. 3642 oranı, milyon yıl başına düşen gen kaybının hesaplandığı çeşitli çalışmalarda ortaya konulan formüller ile hesaplanan oranların da çok üzerindedir. Gen kaybı oranları üzerine yapılan çeşitli çalışmalarda, ortalama kayıp oranının milyon yıl başına düşük oranlarda olacağı (0.0016/gen/ milyon yıl & 0.0074/ gen /milyon yıl) ortaya konulmuştur (Demuth et al., 2006; Cotton ve Page, 2005). Üstelik bu tahmini oranlar, genel gen kaybı çerçevesinde hesaplandığı için; paralog ve işlevsiz genleri de kapsamaktadır. Sadece ortolog genlerin hesaplandığı bir kayıp oranı, ortolog genlerin hayati işlevler yüklendiği için; doğal seçimle daha çok korunma eğiliminde olacağından dolayı çok daha düşük olacaktır (Gabaldon ve Koonin, 2013). Dolayısıyla çok yüksek bir miktar olan 3642 gen kaybı, insanın şempanzeden yaklaşık 6 milyon yıl önce ayrıldığı iddiasının (Patterson vd., 2006) doğru olamayacağını göstermektedir.

ORTOLOG OLARAK TANIMLANAN GENLER, ORTAK ATA TEORİSİNİ YANLIŞLIYOR

Ortolog olarak tanımlanan benzer genler, ortak ata teorisine, gen düzeyinde bir kanıt olarak görülmektedir (Fitch, 1970). Çalışmamızda bu görüşün doğru olmadığı; ortolog olarak adlandırılan genlerin, genel kabulün aksine, ortak ata teorisini kanıtlayan bir faktör değil, ortak ata teorisini çürüterek yaratılışı kanıtlayan bir faktör olduğu, türler arasındaki ortolog gen ilişkilerinin farklı açılardan ele alınması ile ortaya konulmuştur. Bu konu çalışmamızda, ortak ata teorisine göre yakın akraba olarak kabul edilen iki türden birinin genomunda bulunup diğerinde bulunmayan ortolog genlerin, diğer türden daha uzak akraba kabul edilen farklı bir türün genomunda yüksek miktarda bulunması çerçevesinde ele alınmıştır. Örneğin ortak ata teorisine göre, şempanze ile bonoboların yaklaşık 2 milyon yıllık evrimsel akrabalık derecesi ile (de Manuel ve ark., 2016); şempanze ve insana göre (yaklaşık 6 milyon yıl) çok daha yakın akraba oldukları kabul edilmektedir. Şempanze ile bonoboların vücut yapısı ve dış görünüş olarak birbirlerine çok benzemesi (de Waal, 1997; Wood ve Richmond, 2000) ve de Kongo nehrinin ayırdığı yakın yaşam alanlarına sahip olmaları (Malone ve ark., 2012), ortak ata teorisini savunanlarca, şempanze ve bonobo türlerinin yakın akraba olduklarına kanıt olarak görülmektedir. İnsan ise; dış görünüş ve yaşam alanı olarak bu türlere göre çok

farklıdır. Fakat Ensembl platformundan aldığımız verilere göre; şempanze ve bonobo arasında ortolog olmayan genlerin 1275'inin, şempanze ve insan arasında ortolog olduğu tespit edilmiştir. 1275 şempanze geninin, daha yakın akraba olduğu kabul edilen bonobo türünün genomunda bulunmadığı halde insan genomunda ortologu bulunması, ortak ata teorisi ile çelişmektedir. Eğer şempanze ve bonobo türleri gerçekten ortak atadan türemiş olsalardı; dış görünüş ve yaşam alanı farklılığına ve daha uzak evrimsel akrabalık derecesine rağmen insan genomunda bulunan bu genlerin, bonobo genomunda da bulunması gerekirdi. Ortolog genlere farklı türler açısından karşılaştırmalı olarak bakıldığında, ortak atadan bağımsız ilişkilere sahip oldukları görülmektedir. Sonuç olarak türler, ortak ata teorisini aşan ve ortak ata teorisi ile iddia edilen akrabalık ilişkileri ile çelişen genetik benzerlikler taşımaktadır. Türlerin genleri arasındaki; ortak atadan bağımsız ve kompleks benzerlik ilişkilerinin, yaratılıştan başka bir şekilde açıklanamayacağı ortadadır. Bu sonuç, yaratılış için kanıt anlamı taşımaktadır.

SONUÇ

Bu çalışmada, insan ve diğer bazı türler arasındaki ortolog olmayan gen oranları ele alınarak; çeşitli değerlendirmelerde bulunulmuştur. Öncelikle insan ve şempanze arasındaki ortolog olmayan gen oranları tespit edilmiş ve hesaplanan yüksek farkın (%19.7), nükleotid düzeyindeki farka da yansımış olması gerektiği sonucundan yola çıkılarak; şempanze ve insan genomları arasında nükleotid düzeyde %1 fark olduğu iddiasının doğru olamayacağı ortaya konulmuştur. Ayrıca bu farka, ortolog genler arasındaki farklılık oranlarının dâhil olmadığı ve ortolog genler arasındaki farkın da göz önünde bulundurulduğunda farklılık oranının daha da büyük olacağı; Mier ve arkadaşlarının (2025) güncel çalışmasına dayanan, iki türün ortolog proteinlerindeki amino asit farklılık oranının %4.08 olduğu bulgusu üzerinden ele alınmıştır. Bununla birlikte bu çalışmada hesaplanan gen düzeyindeki %19.7 farklılık oranının, Yoo ve arkadaşları (2025) tarafından yapılan güncel bir çalışma ile de desteklendiği konusu ele alınmıştır. Çalışmanın devamında; ortolog olmayan gen oranlarının, evrimsel akrabalık dereceleri ile çeliştiği, insan/şempanze ile insan/zebra balığının genomları arasında ortolog olmayan gen oranlarının, evrimsel akrabalık dereceleri ile karşılaştırılması sonucunda ortaya konulmuştur. Çalışmamızda ayrıca; şempanze genomunda bulunup insanda ortologu bulunmayan 4151 geni, başka türlerin genleri ile karşılaştırdığımızda, bu genlerin 3642 sinin ortak ata teorisine göre şempanzelere insandan daha uzak akraba olan türler ile ortolog olduğu tespit edilmiştir (Ensembl Project, 2025). İnsan için kayıp anlamına gelen 3642 genin, çeşitli çalışmalar ile hesaplanmış olan, milyon yıl başına düşen gen kaybı oranlarının çok üzerinde olmasının; insan ve şempanze arasındaki 6 milyon yıllık akrabalık derecesi ile çeliştiği ortaya konulmuştur. Son olarak da çalışmamızda; yakın akraba olduğu kabul edilen iki türün, birinde bulunan fakat diğerinde ortolog olarak bulunmayan genlerinin, diğerinden daha uzak akraba kabul edilen başka bir türün genomunda bulunmasının ve bu genlerin fazlalığının, ortak ata teorisini yanlışlayarak yaratılışı kanıtladığı ele alınmıştır.

KAYNAKÇA

- Altenhoff, A. M., & Dessimoz, C. (2012). Inferring orthology and paralogy. *Methods in Molecular Biology*, 855, 259–279. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-582-4_9
- Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium. (2005). Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature*, 437(7055), 69–87. <https://doi.org/10.1038/nature04072>

- Cotton, J. A., & Page, R. D. (2005). Rates and patterns of gene duplication and loss in the human genome. *Proceedings. Biological sciences*, 272(1560), 277–283. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2969>
- de Manuel, M., Kuhlwilm, M., Frandsen, P., Sousa, V. C., Desai, T., Prado-Martinez, J., ... & Marques-Bonet, T. (2016). Chimpanzee genomic diversity reveals ancient admixture with bonobos. *Science*, 354(6311), 477–481. <https://doi.org/10.1126/science.aag2602>
- de Waal, F. B. M. (1997). *Bonobo: The forgotten ape*. University of California Press.
- Demuth JP, Bie TD, Stajich JE, Cristianini N, Hahn MW (2006) The Evolution of Mammalian Gene Families. *Plos One* 1(1): e85. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000085>
- Ensembl Project. (2025). Ensembl BioMart – Ortholog data (Release 115) [Data set]. EMBL-EBI. <https://www.ensembl.org>
- Fitch, W. M. (1970). Distinguishing homologous from analogous proteins. *Systematic Zoology*, 19(2), 99–113. <https://doi.org/10.2307/2412448>
- Gabaldón, T., & Koonin, E. V. (2013). Functional and evolutionary implications of gene orthology. *Nature Reviews Genetics*, 14(5), 360–366. <https://doi.org/10.1038/nrg3456>
- Howe, K., Clark, M. D., Torroja, C. F., Torrance, J., Berthelot, C., Muffato, M., ... & Stemple, D. L. (2013). The zebrafish reference genome sequence and its relationship to the human genome. *Nature*, 496(7446), 498–503. <https://doi.org/10.1038/nature12111>
- Kondrashov, F. A. (2003). Direct estimates of human per nucleotide mutation rates at 20 loci causing Mendelian diseases. *Human Mutation*, 21(1), 12–27. <https://doi.org/10.1002/humu.10147>
- Koonin, E. V. (2005). Orthologs, Paralogs, and Evolutionary Genomics. *Annual Review of Genetics*, 39(1), 309–338. <https://doi.org/10.1146/annurev.genet.39.073003.114725>
- Luskin, C. (2025, May 20). Bombshell: New Research Overturns Claim that Humans and Chimps Differ by Only 1 Percent of DNA. *Science & Culture*. Erişim adresi: <https://scienceandculture.com/author/cluskin/>
- Malone, N. M., Fuentes, A., & White, F. J. (2012). Variation in the ecological contexts of primate aggression: A comparative analysis. *International Journal of Primatology*, 33(6), 1345–1367. <https://doi.org/10.1007/s10764-012-9629-y>
- Meyer, T., & Zinner, D. (2007). Mitochondrial evidence for multiple radiations in the evolutionary history of small apes. *BMC Evolutionary Biology*, 10, 74. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-74>
- Mier, P., Andrade-Navarro, M. A., & Morett, E. (2025). Apparent differences between human and chimp proteomes are reduced when considering human population: Human specific variants are enriched in disordered and compositionally biased regions. *PloS one*, 20(7), e0328504. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0328504>

- National Center for Biotechnology Information (NCBI). (2006). Chimpanzee genome release notes. National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information.
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/genome/guide/chimp/chimprelease_notes.html
- Patterson, N., Richter, D. J., Gnerre, S., Lander, E. S., & Reich, D. (2006). Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees. *Nature*, 441(7097), 1103–1108.
<https://doi.org/10.1038/nature04789>
- Tekaia, F. (2016). Inferring Orthologs: Open Questions and Perspectives. *Genome Evolution & Informatics*, (S37925). <https://doi.org/10.4137/GEI.S37925>
- Wood, B., & Richmond, B. G. (2000). Human evolution: Taxonomy and paleobiology. *Journal of Anatomy*, 197(1), 19–60.
- Yoo, D., Rhie, A., Hebbard, P., ... Eichler, E. E. (2025). Complete sequencing of ape genomes. *Nature*, 641(8062), 401–418.
- Zhang, J. (2003). Evolution by gene duplication: an update. *Trends in Ecology & Evolution*, 18(6), 292–298. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00033-8](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00033-8)