

同声传译 | “同性恋基因科学”的科学性

原创 酷儿论坛翻译组 酷儿论坛 2020-01-15

译按：

在2019年夏末，一篇名为《研究了48万人之后，他们发现“同性恋基因并不存在”》的推文引爆了瓜瓜的朋友圈，简直堪称9月最火爆论文之一。然而，就论文本身而言，作者团队将是否发生过“同性性行为”来判断是否为“同性恋”，这种做法本身便有待争议；就其传播而言，大量的讨论混淆了“不存在决定性的同性恋基因”与“同性恋基因不存在”这两个截然不同的概念。为厘清这一观念，瓜瓜将会推出一系列推文来分别回顾“社会建构论”与“本质论”对性向的阐释及ta们遭受到的多角度批评，与大家一同重新审视“同性恋”这一糅合了身份、情感、性行为的复杂人类现象。

第一篇文章为学者Jeff Lockhart对“本质论”的批评，将分两次推送。在Lockhart看来，尽管Ganna等人的研究未能发现存在着“决定性的同性恋基因”，但ta们的尝试本身便是一种“本质论”的诉求，而这种尝试恰恰是没有必要的。Lockhart将从理论、样本采集、测量标准等多个角度指出Ganna等人的研究中存在的疏漏之处。

本文第一部分沿用了——一个精妙的比喻：选择性地挑取部分基因片段作为“同性恋基因”来研究“同性恋”，就如同用漏勺盛出了“女巫的汤剂”中的一点配料，便声称掌握了汤剂的奥妙一般幼稚。



以下是来自Jeff Lockhart的客推。

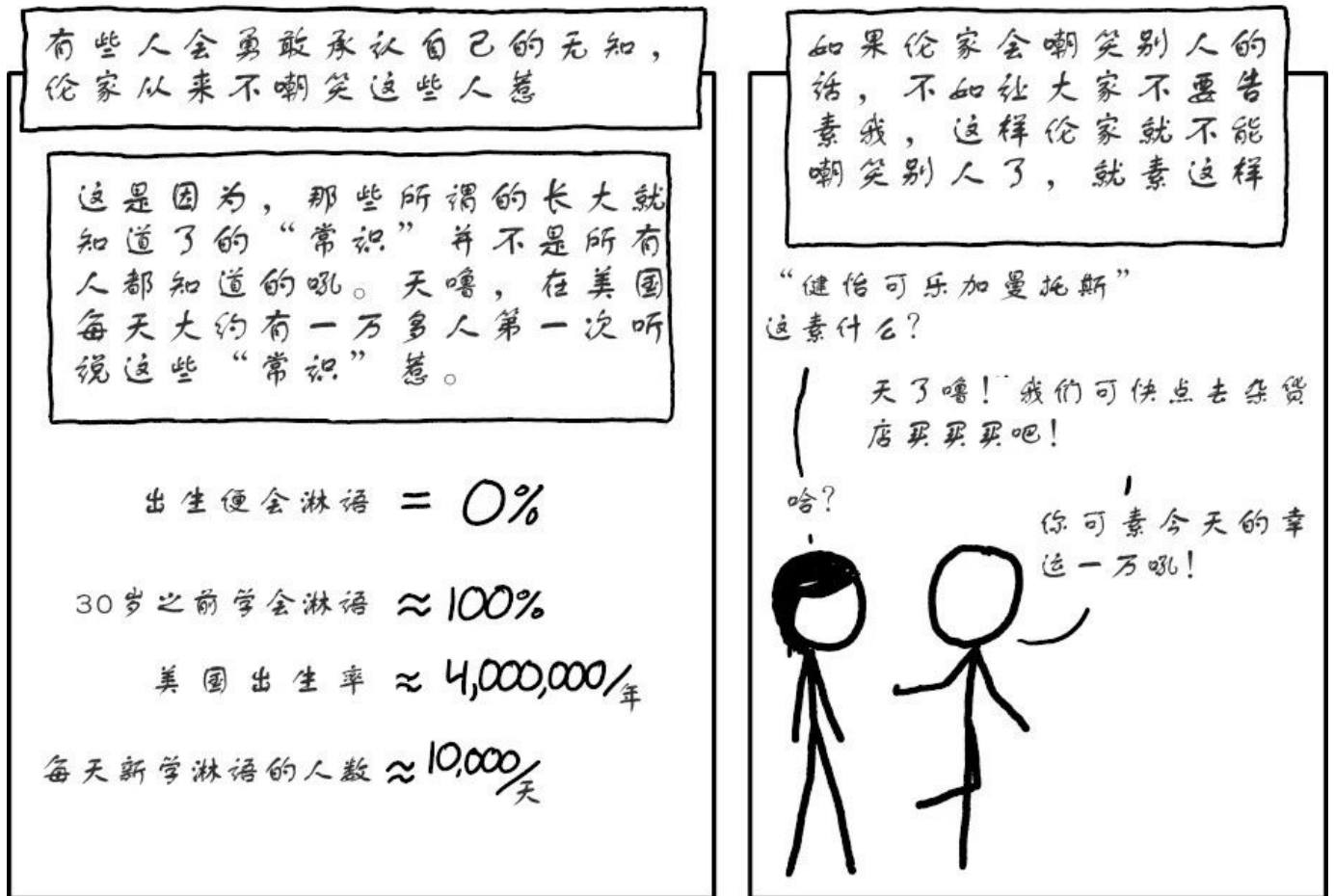
引言

每年的这个时刻又到了：《科学》杂志发表了Ganna等人所做关于“同性恋基因”研究，主流媒体诸如《纽约时报》也已对其进行报导。尽管许多人是第一次接触此领域的研究，但事实上，在全基因组关联研究（GWAS）【1】于21世纪初面世后，已有许多针对性取向进行的全基因组关联研究出版物。同其他学者一样，Ganna等人不加批判地引用并延续了此前的研究，诸如Wang和Kosinski的“同志面孔”论文【2】，这些研究存在深刻的理论、方法论、与道德缺陷。不过我倒没有感到沮丧，反而从漫画网站XKCD【3】中得到一个灵感——这是一个绝佳的机会来向ta人介绍科学技术研究中的一个令人兴奋的领域。

译注1：全基因组关联分析（GWAS）是指在人类全基因组范围内找出存在的序列变异，即单核苷酸多态性（SNPs），从中筛选出与疾病相关的SNPs。2005年，《科学》报道了第一项具有年龄相关性的黄斑变性GWAS研究。

译注2：在“同性恋面孔”一文中，来自斯坦福大学的Wang与Kosinski通过人工智能分析了部分性少数样本的面部特征，并声称识别出了“性少数人群的独特面部特征”，该研究引起极大争议。该研究简报见：<https://www.newsweek.com/ai-can-tell-if-youre-gay-artificial-intelligence-predicts-sexuality-one-photo-661643>

译注3：漫画如下。



[图片来源: <https://xkcd.com/1053/>]

一个简短的历史

正如福柯在《性史》卷一中所论证的那样，对“同性恋”的成因或病因所进行的科学研究几乎从人们开始对“同性恋”进行单独分类就开始了。Tom Waidzunus在《直线》（The Straight Line）中记录了同性恋科学最近70年左右的研究进展，表明该科学（像所有科学一样）是由彼此竞争的不同社会利益所塑造的。优生主义者（Eugenicists）寻求遗传起源以抹除同性恋【1】。扭转治疗师寻求可变的，非遗传的原因以

证明治疗的合理性。许多亲同志（pro-gay）的学者倾向于使用“生来如此（born this way）”的口号来抵制将同性恋视为精神障碍的污名化诊断类别，及其所支持的扭转治疗。到1993年，人类基因组计划已全面展开，Dean Hamer声称已找到“同性恋基因”，而《每日邮报》（Daily Mail）则开始庆祝借“同性恋基因”来进行选择性堕胎的可能性。

译注1：优生主义者认为可以通过人为地干预生育过程来彻底抹除“同性恋”。在如下图片中，《每日邮报》声称可以通过识别胎儿体内的“同性恋基因”，来判断新生儿的性取向，并“给予母亲以堕胎的选择”。



[标题：‘同性恋基因’大发现，堕胎新希望]



[图片来源: <https://aurette.com/diary/2019/08/30/the-way-british-dail>]

处理失败

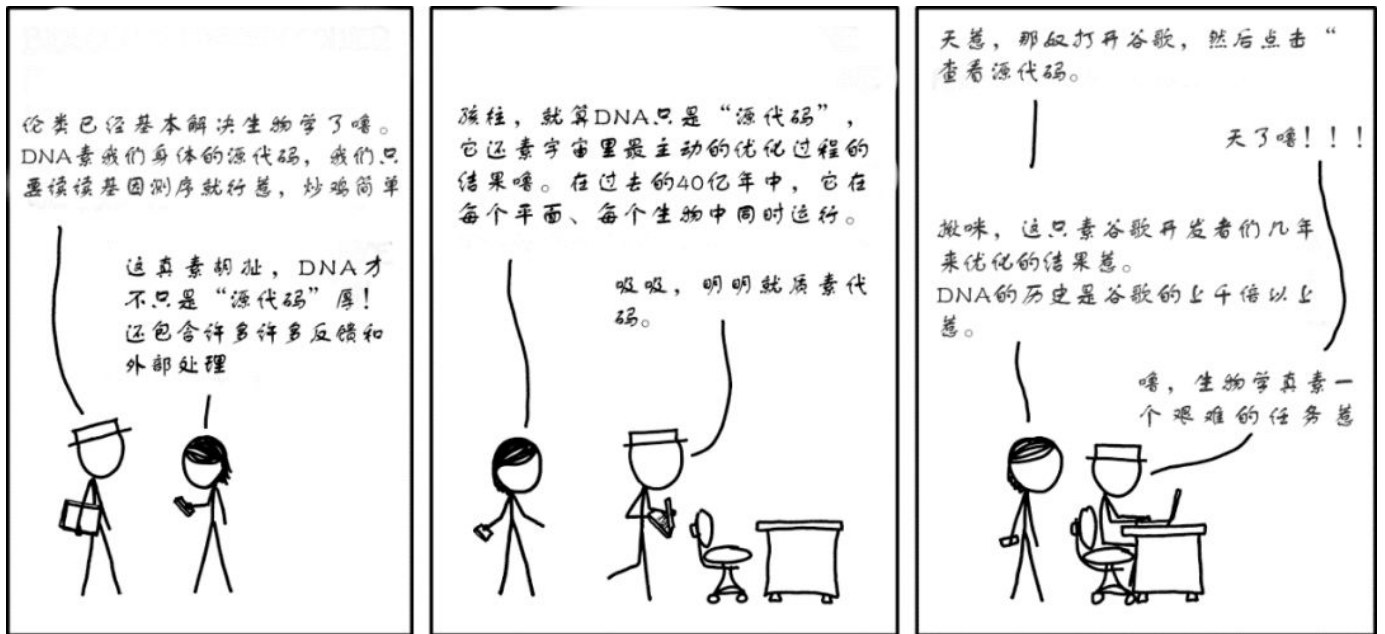
敏锐的读者会注意到 Ganna 等人没有声称发现了一个单一的“同性恋基因”。实际上，ta 们没有找到任何证据来支持先前被吹捧的同性恋基因。从这个意义上讲，这是一个大样本重复性失败，并应该被用来反驳先前以遗传为基础进行的“性取向”研究。但是《科学》不喜欢发表无效的发现或重复性失败。在 Aaron Panofsky 的《不当的科学》（Mis Behaving Science）一书中，受访者同样声称研究遗传与行为的研究者们同样不喜欢发表此类研究。尽管分子遗传学研究人员夸下海口，声称理解人类行为值得巨大的资源补助和公众关注，但 ta 们发现的那些行为与基因之间的相关性通常只能解释人类行为差异的一小部分。

行为遗传学家通过“倍增和放大（ta 们研究的范围和样本）来应对过去的失望”（p.177）。Ta 们对遗传效应（genetic effects）的存在感到乐观，认为只要我们投入更大的样本和更高分辨率的技术，我们终会发现这些遗传效应。

用 Ganna 等人的话来说，ta 们发现了一些有显著关联性的基因组，这些基因组可以解释在人类所有行为差异中占比小于 1% 的那部分差异，这一事实表明“同性性行为，像大多数复杂的人类特征一样，受到小的、累加的不同的遗传变体的影响，而大多数变体在当前样本量下无法被检测到”（p.3）。

这种复杂的“女巫的汤剂”通常被用来解释为什么行为遗传学研究的结果无法支持科学家提出并测试的简单关联。

虽然“女巫的汤剂”的说法更多是为了文学性修饰那些令人失望的实验结果，并证明需要更多的资助与发表，而不是被视作研究计划的失败，但这种说法的确有一定的道理。遗传学，尤其是涉及复杂人类行为的遗传学，很少是加性的或孟德尔式的。也就是说，它的工作方式与我们大多数人在高中生物学课程中所讲的完全不同，更类似于通常所说的“复杂系统”。



[图片来源: <https://xkcd.com/1605/>]

许多相对独立的基因在复杂的反馈过程中彼此相互作用，与环境 and 介质相互作用，在这其中许多仍是未知的。孟德尔（Gregor Mendel）特意选择研究豌豆，因为它们轻易便可以遗传那些易于测量的性状。Sara Richardson的《性爱本身》（Sex Itself）和Joan Rougharden的《进化的彩虹》（Evolution's Rainbow）很好地介绍了当遗传学与性向（sexuality）、性别（gender）、乃至性（sex）相关联时产生的复杂性。尽管我们中的许多人认为X和Y染色体控制着人类的性行为，但我们身体大部分的性特征都设计到其他44条染色体上基因之间复杂的相互作用。）

翻译 by Joyce, 难民

校译 by 小林

排版 by Ray

第一部分到此结束

在第二部分中，Lockhart 将会对 Ganna 等人的研究方法、测量标准以及理论基础提出质疑，敬请关注后续推送！



SINCE 2002

酷兒论坛

<https://motss.info>

致力于杭州高校性少数群体

多元 健康 平等

