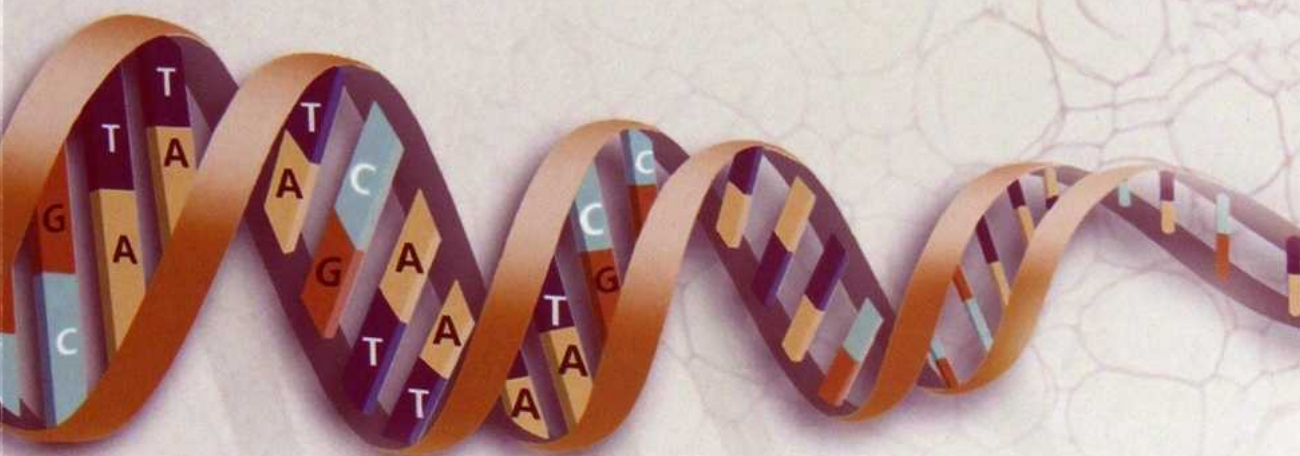


前沿科普译丛

SIGNATURE
IN THE CELL



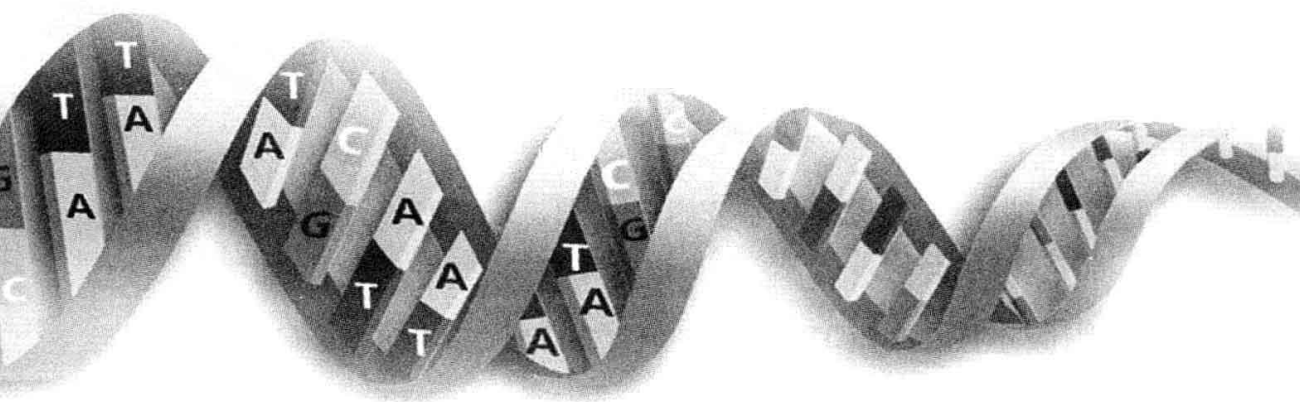
细胞中的印记

DNA编码信息之谜

(美)史蒂芬·梅尔/著
STEPHEN C. MEYER
唐理明等/译

团结出版社

SIGNATURE
IN THE CELL



细胞中的印记

DNA编码信息之谜

(美)史蒂芬·梅尔/著
STEPHEN C. MEYER
唐理明等/译

团结出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

细胞中的印记/(美) 梅尔著; 唐理明等译. —北京:
团结出版社, 2012. 12

书名原文: Signature in the Cell

ISBN 978-7-5129-1409-3

I. ①细… II. ①梅… ②唐… III. ①细胞—普及读
物 IV. ①Q2-49

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2012) 第 268456 号

出 版: 团结出版社

(北京市东城区东皇城根南街 84 号 邮编: 100006)

电 话: (010) 65228880 65244790 (出版社)

网 址: www.tjpress.com

E-mail: 65244790@163.com

经 销: 全国新华书店

印 刷: 北京盛兰兄弟印刷装订有限公司

开 本: 32K

字 数: 310 千字

版 次: 2013 年 5 月第 1 版

印 次: 2013 年 5 月第 1 次印刷

书 号: ISBN 978-7-5126-1409-3/Q. 1

定 价: 39.00 元

(版权所有, 盗版必究)

已审阅

子居 14-05-05, 18:0

前 言

“爸，报纸正在讲你呢！”我十四岁的儿子惊呼道。我们那时正在一家小超市排队等待付账。他本想在报纸上找棒球赛的比分，不料见到我的照片在头版上出现。他吃惊的另一个原因是我们居然避开闹世躲到这个偏僻的小岛上来¹。这个地处华盛顿西部水域的邵岛（Shaw Island）是圣胡安（San Juan）群岛中最冷落的小岛，而这个小店是岛上唯一的商业点。我的太太竖起的眼眉说明了这个讽刺：“我以为我们到这里来原本就是为要避开这些的。”确实如此。但我怎么知道西雅图的地方报纸竟会登载前一日《纽约时报》的消息，就是由我领导的一组科学家而作的工作所引起的争议²。这个争议并不新鲜，究竟生命的起源是个完全无目的唯物过程，还是有某种设计的智能参与。西方文明至少可追溯到古希腊，他们的哲学家有两种学派和思想。但近代提出的智能设计论及其对传统进化论的挑战，自2004至2005年成了热门的**新闻**。无论是好是歹，我恰恰置身其中。媒体对此产生强烈兴趣，由于以下三起事件。首先，2004年8月，首都华盛顿的史密苏尼博物馆（Smithsonian Institution）所属的技术性杂志 *Proceedings of the Biological Society of Washington* 登载了第一篇经过同行审查（peer reviewed）后，并毫不含糊地提到智能设计论的论文出现在主流科学杂志上。此文登出之后，史密苏尼自然历史博

细胞中的印记

物馆内部爆发了一场争论。他们的科学家对编者很愤怒（此编者是个进化论科学家，有两个博士学位），他们质疑他编辑的判断力，并要求谴责他。不久，这件事就散布到了科学出版机构和新闻媒体。有关此文章和编者所作的决定出现在诸如 *Science*、*Nature*、*The Scientist* 和 *Chronicle of Higher Education* 等出版物上³。

媒体的曝光使得史密苏尼博物馆更加难堪，因而产生了第二波的责难。编辑理查德·史登博格（Richard Sternberg）被请出他的办公室，不让他研究科学标本，之后还把他转到一个对其怀有敌意的上司之下工作。史登博格案在两个机构审查之下（US Office of Special Counsel and US House Committee on Government Reform）发现了更多的小动作⁴。这两个机构同样发现这博物馆高层私下调查史登博格的同事，询问有关他的宗教信仰和政治信仰，并散布谣言，意图破坏他的科学信誉来迫使他辞职⁵。史登博格没有辞职却坚守研究职责。但最后他还是被降职了。

当他受到不公平待遇的消息传播开来的时候，普通媒体开始报道这消息。一般来说，对这种报道，我只不过不满地摇摇头，转到下一条消息。但在这件事上，我做不到。因为这篇遭责难的文章正是我写的。有些对史登博格不公正待遇之事有兴趣的记者就来找我。他们愿意多一点认识智能设计论，以及为什么它在有地位的科学家们中挑起如此的惊慌（和骚乱）。

此事之后，2004年12月又有两起事件掀起了全世界对智能设计论的兴趣。首先，安东尼·弗柳（Antony Flew），一位世界闻名的英国哲学家，宣布他不再持守一生所矢志承诺的无神论信仰，他的理由中有一条是DNA分子链中智能设计的证据⁶。弗柳在他的声明中说到的有关生命起源的观点却与“美国的智设理论家”有惊人的相似性。智能设计论就这样再一次出现在新闻中。但，它究竟是什么？这次英国BBC电台就组织我和一位知名的进化论生物学家来辩论。

12月下旬，美国民权自由联盟（ACLU）公布起诉多弗城

(宾州西部小城)教育委员会的事件。此城教育委员会最近发了一个通知,意图让高中学生们知道一些有关智能设计的理论。为此,他们意图让学生知道图书馆有一本书,那是说明智能设计论的根据所在,而它和现有生物教科书中进化理论是恰好唱反调的。美国民权自由联盟这声明一经宣布,全国的媒体就大批地涌到此城。报道的记者们无疑熟知以1925年“猴子审判”为背景所拍成小说化的电影《继承清风》(*Inherit the Wind*),可能这就是他们唯一的资料。在多弗,他们意识到这是猴子审判的结局了。在2005年美国所有主要新闻网和电台节目都播发了智能设计的理论或多弗争议或二者俱有。不但美国报刊,世界各国的报纸,包括伦敦的*Times*、东京的*Sekai Nippo*、印度的*Times*、德国的*Der Spiegel*和耶路撒冷的*Jerusalem Post*都转发了此新闻。

到了2005年8月,新闻热潮近乎尾声的时候,一批背景殊为不同的政治和宗教人物(达赖喇嘛、布希总统以及教皇)公开发文支持智能设计论或允许学生学习讨论围绕它所产生的争议。当《时代》杂志随即出了一期以争议为封面文章时,我们的电话铃又开始响个不停了。

当夏季将尽,我和我妻子就决定接受朋友邀请去绍岛享用他们的小屋以避世。但在我们呆在那里的两周期间,《纽约时报》头版报道了两条有关发现学社(Discovery Institute)和我们部门的文章(译注:作者是发现学社科学和文化部主任),华盛顿邮报发表了有关史登博格案的最新发展,纽约时报又发表了该报人员写的社评⁷,批评史登博格。在史登博格决定在电台O'Reilly Factor节目中为自己辩护时,我知道,这是我该回到西雅图的时候了⁸。

我这暂时的名气,给予我和我同事们极其需要的讨论平台,用以澄清并纠正所流传的有关智能设计论错误和歪曲的说法。许多新闻混淆了智能设计论和圣经创造论(按它的字面理解创世记),将二者混为一谈。有些鸚鵡学舌地仿照我们的对立面说,

细胞中的印记

我们的工作若不是“放弃科学”就是想回避最高法院 1987 年裁决的禁止在学校教授创造主义。

然而我当然知道现代智能设计论并不是为法律策略而发展起来的，更不用说为帮助创造主义了。相反地，它最初的构思是在上世纪 70 年代和 80 年代开始，由一群科学家为作为近代生物学上挥之不去的奥秘而做出的一个可能解释。这群科学家中有查尔斯·塞克斯顿（Charles Thaxton）、瓦尔特·布莱德雷（Walter Bradley）和罗杰·欧森（Roger Olsen），而这个奥秘就是 DNA 分子长链中的数码信息的起源⁹。

我在电台节目中反复对记者、新闻报道主持人强调，智能设计论并不是以宗教或其他宗教经典为基础。即便它的蕴涵支持有神论或一神论（我在第二十章还要提这个问题）。相反地，智能设计论是以证据为基础的生命起源的科学理论，它对那绝对唯物观的进化论是个挑战。

确实，智能设计的理论挑战了现代进化论的某一特殊的原则。照现代新达尔文主义者道金斯（Richard Dawkins）的说法，生物系统是“表面上为某种目的而设计的”。但按照道金斯和其他当代达尔文主义者的说法，这个表面上的设计完全是虚幻的，因为完全无指导的过程，例如自然选择和随机变异能够产生如此精巧很像设计出来的生物体内的结构。照他们的说法，自然选择可以模拟设计的智能，用不到一丁点的指导。

与此相对地，智能设计论认为，生物系统和宇宙有些指示性的特征（*telltale features*），而智能作为它们的来源应为最佳的解释。那就是一个智能者做了有意识的选择，而不是无方向的过程。生命的起源，不是纯粹无指导的过程，就是有指导的智能在支配着。智能设计论推崇者认为，后者是基于自然界的证据。此理论并不挑战进化论的其他说法，例如，随时间而变异，甚至于共同祖先。但它确实实地挑战达尔文的完全盲目无指导作为所有生物变异的原因的思想。即使如此，这理论并不是基于圣经的

教条。智能设计论是从科学证据所产生，并不是由宗教权威所推论出来的。

虽然我有机会多次在传媒中不断澄清我们的立场，我意识到我还有未完成的使命。到了 2005 年时，我已经贡献了我二十年的生命来建立智能设计论。这是基于发现了 DNA 分子有携带数字信息的能力。在这个建立过程中，我曾写过一系列的科学和哲学文章¹⁰。但这些文章不仅难找而且没有集中在一处。在电台广播中，我发现很难在短短的谈论时间内让听众在思想上足够明白我的理由以作出评价。他们确实不能。或许，这是因为我还没有把最初吸引我对智能设计论产生兴趣的、最中心的理由，充分地讲给那些有科学知识的大众。

当然，到 2005 年，已经有不少杰出的有关智能设计论的书和文章（其中有几本重要的经同行审查过的书）出版了。1996 年，里海（Lehigh）大学生物化学家迈克尔·贝希（Michael Behe）以他所发现的细胞中纳米结构详细而令人信服地介绍了智能设计论。例如由三十个部件所组成的、著名的细菌鞭毛马达就是其中之一。贝希的书《达尔文的黑盒子》已售出廿五万册，几乎一手把智能设计论摆到了文化和科学的领域中。1998 年，但布斯基（William Dembski）（数学家兼哲学家，拥有两个博士学位，其中一个为芝加哥大学学位）再接再厉出版了一本打基础的书《设计的推断》（*The Design Inference*）。此书由剑桥大学出版。此书建立了一套科学方法来鉴别出智能所产生的果效和无指导的自然过程所产生的果效的不同性。他的工作建立了智能设计论的严格指征，但他没有应用在生物机体所发现的指征来具体论证智能设计论。

以上的书都是基本的工作，但是我本人被智能设计论所说服，却是通过另外一条途径。在过去的年头中，我几乎独立地发展智能设计论（虽然和它们是相关的）。不过我喜欢写一些长而密集的文章登在不大有名的杂志或选集中。即便我在 *Proceedings*

细胞中的印记

of the Biological Society of Washington 的文章吸引了较大的关注，也是因为对史密苏尼博物馆的争论大过对文章本身的议论。当然它在科学界中也因之而有较多的议论¹¹。

不论怎么样，当我和传媒对话时，我做不到让他们正确报道为什么我认为 DNA 指向智能设计。他们拒绝在他们的文章中或资料简报中报道争议，而辩论对手也小心翼翼地避开回应。然而他们却一而再再而三地重复宣传他们的歪曲口号“智能设计创造论”的危险。甚至在多弗案里的法官，在裁决智能设计论的正当性时也从没有思考它的 DNA 证据。

虽我并不太同意让联邦法官来裁定某个科学理论是否正确，更甭说来裁定我所关注的理论了。多弗案的审讯过程和媒体报道促使我认为应该把我的论点更广而告之。许多进化论生物学家承认，他们并不能解释第一生命的起源。领先的理论大范围地失败，是因为他们解释不了细胞中的神秘信息是从何而来的。看起来，我想在这上面我所作的论证他们是不会有很好的反对理由。然而他们多样的躲避策略还在不断地起着阻挡作用。这是因为这个论证没有得到太多的公众注意来迫使他们必须作出回应。公众人士，科学团体或传媒对这些知道的太少。然而，它可以（虽是有争议的）为思考智能设计论提供最重要的，且是最基础的理由之一。

以上这些情况并不令人惊奇。二战以后，科学家们都强调发表他们的作品要在专门的、经同行审查的杂志上。但在科学长久的历史中，凡是引起“根本性思维革新”（paradigm shift 范式转移）的思想或理论总是先出现在书籍中，这包括许多我们现在称之为“普及版”的书而不是学术界的书。这个现象有几个原因。首先，书籍能充分全面表达科学家综合新概念的论点。意大利的科学哲学家马赛罗·披拉（Marcello Pera）认为科学家们经常争论关于证据的解释¹²。虽然有时在短文章中也能成功地达到，例如爱因斯坦、沃森和克里克（Watson and Crick）的成功短文

章。前者是狭义和广义相对论，后者是 DNA 的双螺旋结构，都是为文不长的。书籍则可以用其特有的盛行体裁（go-to genre）来解释有关一大堆材料的争议和与它相关的解释。可能，这方面最好的例子莫过于达尔文本人的科学论文了。他对他的著作《物种起源》的名言是“（它是）一篇很长的论证”¹³。在此书中，达尔文提出了不同方面证据的一个全面的解释。他认为他的理论有杰出的解释能力，并提出他的两个命题（proposition）：其一，自然选择的创造能力；其二，所有生物都是从共同祖先后代渐变而来的。作为他的部分理论，他还认为对立理论不足以解释已有的证据并以理由驳斥它们。其他科学家们例如牛顿、哥白尼、伽利略和莱尔（Lyell）等等一大批不如他们著名的人物，也著书来推广关于他们本领域的科学证据的新而全面的理论。

根本性的思维革新（范式转移）要用写书来发表自己的主张还有其他的原因。新的科学理论往往是从大范围所收集到的证据以及和其有关的科学专业或亚专业而来，因此它们天生是跨专业的。达尔文的《物种起源》综合收集了许多专业的材料，它包括了胚胎学、古生物学和生物地理学等。近代科学杂志，往往只集中在狭隘的亚专业的题目上。这就难于接受这种新思维框架所要求的评估证据和全面回顾的文章。再者，新概念要求大量的听众。书，特别是畅销的普及版，可以越过有的只会掘壕驻守既得地位的专家们头上，引起广大的兴趣而迫使他们来重新考虑旧的理论。达尔文的《物种起源》是由 John Murray 所印刷的。这是维多利亚时代出名的“普及版印刷所”。贝希也是如法炮制。他用细胞中的各种微型纳米机构论证了智能设计论。他的书集中了复杂系统对新达尔文主义所提出的难题，受到了国际性的关注。他同时给予智能设计论以公众和科学上的地位（虽然有争议）。

本书也试图论证同样的观念。然而，它是用另一组的证据。就是在 DNA 分子以及大生物分子中所存的信息（数字码）。我所引用的证据不如贝希教授的广为人知。它不是根据最新的发现，

细胞中的印记

而是旧的 1953 年最著名的现代生物学划时代的发现之一，就是 DNA 分子有携带信息的能力，我称之为《细胞中的印记》。

2005 年，我曾不断地在传媒中为智能设计论辩护，我最想为支持智能设计论而作的论点，却最少被公众所理解。此书就是为补救这方面的不足。此书意图提出一个全面的、跨专业的有关生命起源的新看法。依达尔文那句话说，这就是智能设计论的“一篇很长的论证”。

我在来到发现学社全时间工作之前，当过十二年的大学教授。在讲书中发现要教学生了解一个科学理论，最好的办法就是引导学生从历史来了解此理论思想发展的进程直到最后的形成。这种做法使学生有兴趣参与，并易于透彻了解。故此，智能设计论的证据是用个人和扩大的历史体裁来写的。

因此，《细胞中的印记》不但有论证，它还有故事。这是个神秘的故事，并有我个人参与的故事。它叙述了围绕着 DNA 信息的发现的故事。而就因为此发现，它不断的挫败了多少人想解释世上第一个生命起源的梦想。此书将会不断提到这个奥秘，我称之为“DNA 之谜”。

以下简单地说明一下本书的编排。第一和第二章讲述 DNA 之谜对科学和哲学产生哪些危险或威胁，并有关生命起源论证的扩大背景材料。第三、第四和第五章较详细地交代围绕 DNA 的奥秘，在此基础上提出的任何有关生命起源理论必须解释而不能回避的问题。第六和第七章是个过渡，此处讲述了过去生物学家曾想过生物起源，以及现代科学家如何研究这个问题的。第八到第十四章我审查了生物信息起源的各种互相竞争的解释。然后，第十五、第十六章我就正面地介绍了智能设计论作为产生第一个生命信息来源的最佳解释。最后，第十七到二十章是我为智能设计论遇到的不同的常见反对意见而作的辩护。然后在结语中我申述了智能设计论可以成为今后将能结丰富硕果的科研道路。它不但照亮了最近基因组学的意外发现，并对将来生物学的各种专业

也提供了有效的科研新路线。

我对“DNA 之谜”感兴趣可追溯到将近二十五年前。虽然其中有丧气的时候，例如 2005 年，我埋怨自己不能早一点出活，但这迟交的活至少有两个意外的收获。其一，我有与这论证有关的领先科学家们公众辩论和私下对话的机会。这才有可能让我在这里异乎寻常地详细透彻地分析并解释细胞信息来源的不同方面的意见。

其二，此书问世之时，许多科学家、学者、记者和其他方面人士，正在对达尔文的遗产进行持续评估，它或许对此有所贡献。今年是达尔文两百周年诞辰，并《物种起源》发表一百五十周年。达尔文的书有许多成就，他介绍了理解生命历史的新框架，他介绍了生物变异的一个新机制。此外，许多学者和科学家认为，他还驳斥了设计的科学论证。他以抹掉任何当时认为是智能设计的可能痕迹为目的。相反，他认为表面上的设计，都可以用纯粹无指导的过程来达到。确实，它有仿头脑设计的能力。最近，一位进化论生物学家弗兰西斯科·阿亚拉（Francisco Ayala）解释道，达尔文解释表面上的设计并不借助实际的设计者。他称之为“没有设计者的设计”¹⁴。这是真的吗？即使我们让步给达尔文在《物种起源》里的论点，他是否真的驳斥了设计的假设？本书将呈献对此问题的崭新的观点。我们将仔细查考现代生物学最古老的奥秘。

译者序

——兼介绍《细胞中的印记》

《细胞中的印记》是介绍智能设计论的一本巨著。写如此巨著的原意之一，从我翻译者的角度来看是因为有许多人有意或无意的误解。对前者本书以耐心的态度摆事实讲道理地企图给予说服。而对后者则企图提高大多是友方人士的兴趣和研究。

我很奇怪，为什么友方人士会忽略这么重要的知识尚不自知。我曾作了一些少量但有代表性的调查。我认为他（她）应当是友方的人士的，按这本书的内容来看，他们的知识是零。例如，只要问什么是 CSI（复杂特定信息），他们就茫然不知所答了。更甭说知道它如何演示出来，并和香农信息有什么区别了。但是他（她）们却自以为懂得了什么是智能设计论，还在杂志上高谈阔论。这种实际和表面的差距会这么大，我看有以下几个原因。首先是想当然，说智能设计不是明摆着的吗？还用说，还用写书？其次的原因是和其他的创造理论混为一谈。彼此相差不多。可就这位差不多先生就差了一大截。还有一个原因就是认为这理论与己无关，花这么大的功夫不如作些其他的事。

在开始翻译这本书之前，我比上述友方人士稍强一点。因为，那时我还是认为它是有价值可翻译的。当翻译了全书并审阅

细胞中的印记

全稿之后，我深深地感到自己当初的幼稚无知。本书是一本广开眼界的书。

首先这是一本科学书，而不是一本宗教书。科学书重在摆事实讲道理。这里有 DNA 的详细发现史，其中有许多是鲜为人知的。作者以科学哲学和历史学者的角度，对历史真相进行了严肃的探究，甚至为了证实达尔文的一句话，他亲自到剑桥图书馆，打通文件保管员找到了发黄变色的达尔文当年信件手稿。

这是一本科学哲学书，有些科学家们往往不自知他们在哲学训练上的缺陷。有些著名的科学家们往往发表各种言论好像他们有多大的权威性似的，但是经科学哲学家一分析，一审查，他们没有经过仔细思考的想法和说法都出了问题。本书详细讲论以定义来划分科学与非科学之困难。科学哲学家们已经放弃了这个企图。作者详述如果以某种标准划分达尔文进化论为科学，那么同样把智能设计论也划了进去。要用某种标准把智能设计论从科学中划出去，那同样也把达尔文进化论划了出去。

这本书是分子生物学的详细描述。除了详细描述分子生物学的细胞内的奇妙运作外，本书还详细全面探讨了企图用自然主义的方法来解释这些运作的各种研究。它们无一成功的。作者真正做到了美国谚语“无石不翻”（leave no stone unturned）的地步。读者也可以将此作为这方面的百科全书来看待。当然这条思路的新鲜研究总是有的，但我看他们也跳不出这个无结果的框框。

这本书是有关概率论和信息论的书。香农信息（Shannon information）之外，但布斯基还提出了复杂特定信息的概率论和信息论的论证。给了智能设计论以坚实的可靠的数学基础。不用担心，有高中代数水平的都可看懂。

本书特别讲到了一些逻辑方面的误解，其中主要的就是以无知为论证的谬误和肯定后件的谬误等。

我们很荣幸得到了多位在旧金山湾区的学者们参与和翻译，

他（她）们的博士学位并不限于生物学或分子生物学，他们有在物理学，医学和神学的博士学位。我想在这样广泛背景的学者们翻译校对下，本书犯的技术错误会减少很多。我们这个“加州北湾翻译小组”有如下的成员：唐理明、谢淑燕、王勇、林元凯、吴国鸿、王慧瑛和唐金燕等。他们有的积极翻译，有的用心细致地校对，以使本书能够比较完满地完成。

有人会问，我在翻译完这本书后的感想如何。我的回答是，我见本书收集了大量的想方设法用自然的运作来解决这个第一个生命信息起源的问题的材料。在排除了蛋白质为先和 DNA 为先之后，RNA 为先的研究正方兴未艾。一项接一项，一波接一波，争先恐后，前赴后继，倾智、倾力、倾财的精神是很值得钦佩的。但见不到他们的先人失败的根本原因在哪里。我不禁掩书长叹。对他（她）们的精神，我好有一比。他们好像 18 世纪当法国皇家巴黎科学院 1775 年停止接受“永动机”发明之后，永动机的“发明”还是有增无减地过了一个长时期方才止息。然而，永动机的失败还是有价值的。他们的失败，还加其他方面的证据，科学界在 19 世纪逐步确立了能量守恒定律。

能量守恒定律和质量守恒定律堪称到 19 世纪为止的两大物理和化学的定律。19 世纪的科学界认识了自然界两大实体（entity），就是能量和质量。到了 20 世纪中叶，另一大实体开始被人们觉察。这就是（智能）信息（information）。这个实体使得人们迷糊了一阵，不知道如何来对待和量度它，但是它却可以被买卖（信息库，软件等），也受到了法律（版权法）的保护。（智能）信息终于逐步被确认为一实体，并取得它应得的地位。

既然能量和质量有了它们各自的守恒定律，那么作为另一个实体的（智能）信息有否相当的守恒定律呢？本书在论及计算机模拟的几章中，我们已看到了“智能信息守恒”定律已出现在地平线之上（请参阅第十三章）。而且有倾向朝计算机以外的领域扩展。我认为“智能信息守恒”定律像能量守恒定律一样被科学

细胞中的印记

界广泛接受之时，也就是随机突变能产生复杂特定信息（CSI）的说法被抛弃之日。

“智能信息守恒”定律很可能以如下的数学公式表达：

智能信息守恒定律：（请参阅十三章中 NFL、COI 及其相关章节，有关“宇宙 PR”请参阅第十章但布斯基的推导）

一个孤立（封闭）系统如果无外界智能的输入，则：

$$\left(\sum_{n=0}^r \Delta I_n \right) - PR \leq 0$$

或

$$\left(\int_0^t dI(t) \right) - PR \leq 0$$

或

$$I_{final} - I_{initial} \leq PR$$

其中：

r = 有限序列

t = 有限时间

$I = CSI$ （复杂特定信息）信息量

$PR =$ 机率资源（Probabilistic Resource）

唐理明

2012 年 9 月于旧金山近郊

目 录

前 言	1
译者序	1
第一章 DNA、达尔文和设计的表象	1
第二章 一个奥秘的演化和它的重要性	21
第三章 双螺旋	46
第四章 细胞中的印记	71
第五章 分子迷宫	95
第六章 科学的起源与设计的可能性	117
第七章 从线索追溯原因	131
第八章 排除机遇与识别模式	154
第九章 目标和机会	175
第十章 机遇也够不上	196
第十一章 自我组合与生化预定论	209
第十二章 跳出框框来思考	232
第十三章 机会和定律,或“帽子里的猫儿又回来了”	249
第十四章 RNA 世界	273
第十五章 最佳解释	298
第十六章 另一条路去罗马	323
第十七章 但它能解释吗?	346
第十八章 然而这是科学吗?	369
第十九章 给母鹅的调味汁	388

细胞中的印记

第二十章 为什么会如此重要呢?	410
结 语	424
附录 A 智能设计论的一些预测	450
附录 B 多宇宙论和生命之起源	466
Notes	476

第一章 DNA、达尔文和设计的表象

本章提要

- * 生物真是设计成的还是自然过程模仿智能设计的？
- * 库柏斯 (Bernd-Olaf Koppers) 解释：“生命起源的问题显然基本上就等同于生物信息起源的问题。”
- * 我们的言行说明我们不但重视信息，我们还把它看成一个真正的实体 (entity)，就像物质和能量一样。
- * 生物学不可避免地进入了信息的时代。
- * 是谁或是什么写了这本生命的书？
- * 信息理论和编码理论的技术在生物界中至少已存在了三十八亿五千万年。
- * 阿亚拉 (Ayala) 和其他生物学家不但肯定了自然选择能够产生“没有设计者的设计”，他们还肯定这是“没有意识的创造”。
- * 事实上，分子生物学已经引进了一套新的“高科技”的终极目的论的语言。
- * 1985年2月作者在达拉斯参加了改变他一生的科学会议。
- * “起源科学”和“运行科学” (operation science) 可以区别开来。

细胞中的印记

* 作者认为“智能设计”之争，其关键在于生物信息起源这个中心之谜。

沃森和克里克在 1953 年阐明了 DNA 的结构以后，他们解决了一个奥秘，却产生了另外的一个奥秘。

自 1859 年达尔文发表《物种起源》的一百年来，生物科学就放心地以为，这知识已经解释了人类最持久之谜之一。自古以来，生命有机体的观察者已经注意到生物机体展示着有条理的组织结构，看起来像是刻意为某种目的而安排或设计的。例如，鸚鵡螺出色的造型和保护它的外壳、眼睛与互相关联的部件、鸟翼与互相联锁的骨架、肌肉和羽毛等等。绝大部分的观察者认为，这个表面上的设计是实有其事。观察到这些结构令不同的思想家，广泛到如帕拉图和亚里斯多德，西塞罗和迈蒙尼提斯（Maimonides），波义尔和牛顿等都认为生物世界的精良结构的背后有一个设计的智能。牛顿在他的名著《光学》（The Opticks）中写道：“动物的身体为什么设计得如此艺术化，它们的部件是为有什么目的而有的。眼睛的设计难道没有光学上的技巧，而耳朵的设计没有声学上的知识？既然这些是如此恰当的被执行出来，难道从这现象上看来没有一位非物质的、活的、智慧的存在（being）吗？”¹

但自达尔文后，现代科学看来似乎能够把这个设计的表象解释为纯粹无方向的过程的产物。达尔文在《物种起源》中主张，生物机体虽有惊人的设计的表象，具体地说就是它们如此地适应于它们的环境，但这些都能够用随机的变异和自然选择来解释。这是一个纯粹无方向的过程，尽管看起来像模仿了一个做设计的智能。从那时起，绝大多数生物学家都把生物表面上的设计当作不过是个幻象而已，尽管是一个强暗示性的幻象，但这仍然是个幻象。正如克里克在他和沃森发现了 DNA 结构三十五年之后说的，生物学家必须“时刻牢记，他们所见到的不是设计的，而是

进化的”。²

但是，正是主要由于克里克和沃森两人自己所发现的 DNA 的信息储存性能，科学家们越来越注意到，甚至部分人十分强烈地意识到，生物中至少有一个“表面上”的设计却还不能用自然选择或其他纯自然机制充分地解释。真的，当克里克和沃森发现 DNA 结构时，他们还发现 DNA 用四个化学字母码来储存信息。一串串精确排序的叫做核苷酸碱基的化学物，它储藏和传递着合成指令，这些指令是用来建造重要的蛋白分子和细胞赖以生存的信息。

克里克后来又发表了著名的“序列假设”（Sequence Hypothesis）。根据这个假设，上述核苷酸碱基就有如书面语言的字母或计算机代码里的符号。就像英文句子中的字母和计算机程序里的数字码用它们不同排列来传递信息，DNA 分子长链的主干上的特定化学碱基序列也准确地传递了制造蛋白质的指令。好像计算机程序里精确排列的零和一，DNA 的化学碱基也根据它们的特定性（specificity）传递信息。道金斯曾说过：“基因的机器代码与计算机不可思议地类似。”³ 软件发展家比尔·盖茨（Bill Gates）也说，“DNA 像计算机程序一样，但远远超过任何已发展的软件。”⁴

如果真是如此，那么 DNA 的信息是如何产生的呢？这惊人的表面上的设计是真设计还是自然过程模仿设计智能的力量？原来这个问题与生物界的一个长期奥秘有关，就是第一个生命的起源问题。确实，自从沃森和克里克的发现以来，科学家们越来越明白，信息处于生物最中心的地位，就连最简单的生命系统也不例外。DNA 储存着许多关键蛋白质或蛋白质机器的组合指令，这些蛋白在最原始的单细胞生物中也负起服务和维护的责任。由此，建造一个活细胞首先需要的就是储存在 DNA 或与其相当的分子中的组合指令。正如生命起源研究者库柏斯（Bernd-Olaf Koppers）解释的，“生命起源的问题显然基本上就等同于生物信息起源的问题。”⁵

细胞中的印记

自从沃森和克里克的革命性发现的五十多年以来，分子和细胞生物学已有飞速的发展。但这些发展不但没有减轻 DNA 之谜，反而更加深了它。确实，生命起源（和制造生命所需的信息的起源）的问题是如此伤脑筋，以至于哈佛大学最近宣布成立了一个耗资一亿美元的研究项目来探讨它⁶。当沃森和克里克发现了 DNA 结构和携带信息的特性后，他们确实解决了一个奥秘，那就是细胞是如何传递遗传信息的问题。他们却也揭开了另一个一直存在到现在都未能解决的奥秘。这就是“DNA 之谜”，建造第一个生命有机体所必需信息的来源之谜。

当然，一方面，人们对生物体内包涵信息这事实的意识日益的增长，使得生命显得更容易理解。我们生活在一个熟悉使用信息的技术世界。我们购买信息，出售信息，我们通过电波输送它。我们发明储存和取出信息的机器。我们雇用软件工程师和作家来创造信息。我们还立法来保护那些创造者的“知识产权”。我们所作所为说明我们不但重视信息，我们还把它看成一个真正的实体（entity），就像物质和能量一样。

生物体含有并依靠信息以生存使我们有可能用我们熟悉的科技知识来了解生物机体的运作。生物学家也开始了解信息的作用，特别是在生命系统的运作方面。20 世纪 60 年代初期以后，分子生物学领域的进展清楚地显示出，DNA 里的数码信息不过是复杂信息处理系统的一部分。这个系统是一种先进的纳米技术，它在复杂性、储存密度和设计逻辑上类似但远远胜过我们的纳米技术。五十年来，生物学的发展使科学家们了解了更多细胞里的信息是如何储存、传递、编辑以及被用来制造精细的蛋白质机器和线路。

在研究生命的过程中，信息的重要性没有比在新兴的基因组学（genomics）和生物信息学（bioinformatics）中更为显明了。过去十年，这些学科中的科学家们已经开始一个字一个字地具体定位（mapping）人类和许多其他生物基因组里的基因指令的全

部序列。随着公元 2000 年人类基因组计划的完成，这新兴的生物信息学进入了公众瞩目的新时代。全世界的新闻机构都在传播克林顿总统在白宫草坪上宣布这个计划的完成。此计划的科学指导科林斯（Francis Collins）描述基因组像是一本“书”，是“指令”的储藏库（repository），是一本“生命之书”⁷。自从 1953 年发现 DNA 的结构以后，人类基因组计划可以说比其他任何发现都更能引起公众关注信息对于生命体的重要性。如果沃森和克里克证明了 DNA 储藏基因的文字，那末科林斯和他的团队在把它解码方面跨进了一大步。生物学就不可避免地进入了信息的时代。

但是，从另一方面来看，生物体内存有信息的现实，使生命显得更加神秘了。首先，很难确实地明白什么是信息。当纽约一位秘书打好一份口授文件，打印出来，再传真到洛杉矶，那末洛杉矶就收到某种东西。但那个从传真机吐出来的东西（纸张）并不来自纽约，只有其上的信息是来自纽约。没有一件物质的东西——从传递上司的声音到录音机的空气，到小小机器里的磁带，或者进入纽约传真机的纸张，或是洛杉矶传真机纸张上的墨水——从发送者传到了接收者。但某些东西是传过来了。

信息的捉摸不定的特性，不论在生物上的或是其他方面，使得很难用标准的科学类别来定义它。进化论生物学家乔治·威廉（George Williams）说：“你能用同样的词汇来描述银河系和尘埃，因为它们都有质量、电荷、长和宽。但是你不能用同样的方法来描述信息和物质。”⁸ 又例如，空白磁带和录了新软件或人类基因组全部内容的磁带的重量是一样的。虽然磁带的信息（和价值）是改变了，但这改变并不是因为物质成分或质量改变的缘故。乔治·威廉结论道：“信息没有质量、电荷、或以毫米计的长度。同样，物质没有字节（byte）……缺乏共同的描述语言使得物质和信息分属为两个不同的领域。”⁹

1940 年末，当科学家开始定义信息时，他们并不借助物理参

数的量度如质量、电荷，或瓦特等等来下定义。他们却代之以一个心理逻辑（psycho-logic）状态来定义信息，那就是不肯定性的降低或减少，他们创用数学的概率概念来量度它。一串字母或信号的顺序如果越不可能，它的不肯定性就减少得越多，那就是传递了越多的信息。¹⁰

毫不奇怪，有些作者几乎要把信息等同于思想。例如，信息技术的大师乔治·吉尔特（George Gilder）注意到光纤技术的发展使得越来越多的信息可以通过越来越细的（或越来越轻的）线来输送。由此，他注意到当技术发展时，我们可以用越来越少的物质材料来传送越来越多的信息。这个比例的基本部分就是思想，它分毫不差地相当于信息。¹¹

那末，我们是否可以把信息看作为思想，就像凿到岩石上或刻在光盘上的某种智能的嵌合体（chimera）呢？或者我们是否可以比较不抽象地来定义信息，例如说，不太可能发生的物质排列呢？

不论信息是什么，是思想也好，或刻意安排的东西也好，有一件事似乎是清楚的。人们看为是信息的，当然起源于思想，起源于有意识的或智能的活动。某人通过传真接到的信息，首先是来源于他人脑中的思想。储存在光盘上并出售的软件是软件工程师的设计所产生的。文学大师例如托尔斯泰、奥斯顿和棠（Donne）的著作都首先起源于他们脑中的思想。我们从周围世界所得的经验表明，我们认为是信息的东西，都毫无例外地，反映了过去人们的有意识的或智能的活动。

那末，我们如何理解在生物体中存在的信息呢？人体基因组计划和其他许多现代生物学的发展，已经把这问题推到了公众注意的前沿。我们现在知道，我们不仅在我们自己的科技中创造信息，而且也在生物学里找到它，实际上是在每一个在地球上生活的有机体的细胞里。但这信息是从何而来的？连最简单的活细胞中都存在信息，这在生命和生命起源上意味着什么？是谁或是什

么写下了这本生命的书？

生物学的信息时代正式开始于 20 世纪 50 年代中期，是在阐明了遗传分子 DNA（脱氧核糖核酸）的化学结构和它的信息载体的特性之后。从 1953 年发表在英国科学期刊《自然》（*Nature*）上的那篇著名通讯开始，沃森和克里克指明 DNA 分子是遗传信息的分子储存库¹²。分子生物学后来的发展证实了这概念，并显示了那些附在 DNA 分子螺旋状骨架上的精确排列的碱基储藏了用来制造蛋白质——也就是那些为所有生命体细胞服务的复杂的酶和机器——的信息。

虽然 DNA 作为信息携带者是早在半个世纪前就已知晓了，但领会到这发现的全面意义却姗姗来迟。许多科学家难于放弃他们完全依靠传统科学物质和能量的概念来处理问题的习惯。乔治·威廉（一位进化论生物学家）写道：“进化论生物学家没有领会到他们所研究的对象是两个多多少少不能用同一标准度量的东西，一个是信息，另一个是物质。基因是信息的包装，不是一个物体。DNA 分子中碱基对的排列决定了基因信息，但 DNA 分子是媒介，它不是信息。”¹³

然而这个认知却问到了更深入的问题。我们在自然界找到的，不是我们（人们）所设计或创造的物体中，而是在活细胞中找到了信息，这是什么意思呢？信息理论家休伯特·约基（Hubert Yockey）观察到“遗传密码是为了面对和解决通讯和记录问题而建造的。它运用了现代通信和计算机上所找到的编码一样的原则。”约基注意到，“信息理论和编码理论的技术在生物界中至少已存在了三十八亿五千万年（3.85 billion years）”，就是从生命第一次在大地出现之时¹⁴。我们对这个事实该如何理解？生物信息是怎样开始的？

我们的常识可以引导我们下如此结论，第一个生命所必要的生命信息与人类科技和文学的信息一样，是从一个设计的智能而来。但是现代的进化论生物学却拒绝这个观念。当然，许多进化

细胞中的印记

论生物学家承认，如理查德·列文廷（Richard Lewontin）这样说，生物机体“貌似是被谨慎地并富有艺术性地设计出来的”¹⁵。道金斯说：“生物学就是研究貌似为某种目的而设计的复杂物体的学问。”¹⁶但是，列文廷和道金斯与其他进化论生物学家一样，坚持生命的貌似设计是个幻像。他们说，生命，看起来是设计的，但并不真是被一个实际存在的智能或一位有目的的智慧者所设计的。

达尔文的设计者替身

为什么进化论生物学家那末有把握地说，生物体貌似设计是幻像呢？当然这个答案是众所周知的。他们有一个明显能够帮他们解释或敷衍搪塞（explain away）生物体貌似设计而不需要一个真正的设计者的理论。根据经典达尔文主义和现代新达尔文主义，作用于随机演变（或突变）的自然选择机制能够模仿智能的效应，即便这个机制，当然啰，是完全盲目的、无位格性的（impersonal）和无指引的（undirected）。¹⁷

达尔文发展他的自然选择原则是从类比人工选择而来：这就是选择性的繁衍以改变一群生物某种特点（不论解剖上的、生理上的，或是行为上的）的过程。例如，一个畜牧者见到某些幼公马比其他的跑得快。如果他只让这些公马和最快的母马交配，经过几代的选择交配，他就拥有一小批快速的“纯种”良马适于高等比赛。

达尔文意识到，自然界可以模仿这个选择性繁衍的过程。跑得异常快的野生猫科动物能祸害野马群，只有跑得最快的野马能生存下来。过了若干代在捕食者下的竞存，马群的速度就可能有明显的提高。因此环境的压力（猎食者、气候的变迁、食物的竞争等）能做到人工繁衍同样的结果。通过使一个种群适应它的环境，盲目的自然力在长时间里可以模仿一个做选择或做设计的智

能。既然自然选择（达尔文这样称这个过程）可以改进马或鹿的速度，为什么它就不能——一开始就产生这些动物？“理性”，达尔文写道，“应当胜过想象”¹⁸——这些想象就是我们对自然选择这些事情发生的可能性的怀疑，以及我们认为生物看起来像是设计的印象。达尔文认为只要时间够长，自然界的选力可以于任何变异上起作用，使得任何结构和功能能够完美到远远超过人类所能够达到的程度。由此，生命的复杂系统，我们直觉地认为是智能所为，却完全有它的自然原因。达尔文解释道：“看来有机体多样性和自然选择作用，并不比风吹的过程里有更多的设计的因素。”¹⁹或者，如进化论生物学家弗兰西斯科·阿亚拉（Francisco Ayala）解释说的，“机体的功能设计和它们的特点……看起来像是支持有一个设计者的。（然而）达尔文最大的成就，就是显明生物有方向性的组织能够用自然过程、自然选择的结果来解释；而不需要求助于一位创造主或外来者。”²⁰至此，阿亚拉和其他生物学家不但肯定了自然选择能够产生“没有设计者的设计，”他们还肯定，这是“没有意识的创造”²¹。

设计的表象

对许多进化论生物学的局外者而言，宣称设计但没有设计者似乎注定是矛盾的。然而，至少理论上，生命不像表面直观所示并不见得不平常。科学往往证明我们对自然的直觉和实际并不吻合。一支直的铅笔插到水里就看起来是弯的；太阳看起来是绕着地球转；而大地看起来是不动的。或许，生物体只是貌似是被设计的。

即便是这样，在科学上否认我们对生物的通常直觉还是有些令人疑问的。自从达尔文理论提出它假定的解释的差不多一百五十年来，设计的想法却一直经久不衰。民意调查近百分之九十的美国公众并不全盘接受新达尔文主义的进化理论，及他所否认的有任何有目的的创造者²²。虽然，他们中有许多对科学有很高的

细胞中的印记

评价而接受某种有进化的改变，但很明显，他们无法否认内心深处对生物世界是有设计的直觉和坚信。自 19 世纪 60 年代以来的每一代，都有人起来，提出尖锐严肃的证据来批评这个进化的理论。20 世纪 80 年代以来，越来越多的科学家和学者对生物进化论、化学进化论，以及他们含蓄地否认的设计表达深切保留的态度。即使最正统的进化论生物学家也承认，现代生物给人太多有设计的印象。再次引用克里克的话：“生物学家一定要**不断提醒**自己，他们所见到的不是设计的，而是进化的。”²³

或许，更奇怪的是，现代生物学家在描述生命机体时，几乎不得不用一些语言，而这些语言中似乎隐含的意义却是他们所明明否认的：有意义和有目的的设计。科学哲学家迈克尔·鲁斯（Michael Ruse）注意到，生物学家探询“剑龙（stegosaurus）背部的鳍有何**目的**”或“鸟羽毛的**功用**”，而且还讨论“爱尔兰麋鹿（Irish elk）的角是否为了威吓竞争者而存在的”。“真的”，鲁斯接着说，“19 世纪时（有些物理学家）认为月亮是为了光照孤行夜路者而存在，但现在没有一个物理学家这么讲了。然而，生物学特别是进化生物学，这种语言是常见现象。”他结论道：“进化论学家的世界充斥着关于‘意图’等拟人化说法。”然而，“矛盾的是，即使是那些最严厉的批评者”批评他们的这些“意图”说法，自己却也掉了进去，“只是为了图个方便。”²⁴

至少，在理论上，这种科学上的比拟是出于无知。物理学家讲引力的“吸引”因为他们并不知道远距作用的原因。什么地方有奥秘，什么地方就有比拟。然而，照这说法，我们应当期望，生物学发展了，当新的发现阐明了生物功能的分子基础之后，生物学对于“意图”等的语言，对于目的论（teleology）之类比喻的依赖应该越来越少。但事实上，却恰好相反。现代生物学的简化主义（reductionism）的一支，分子生物学，却更加深了我们对终极目的论之类语言的依赖。

事实上，分子生物学已经引进了一套新的“高科技”的终极

目的论的语言，这些语言往往是有意识地取材于通讯理论、电子工程和计算机科学。现代分子和细胞生物学的词汇，包括了显然是精确的然而却似乎充满了“形而上学的意图”的词汇：“遗传密码”、“遗传信息”、“转录”、“翻译”、“编辑酶”、“信号传递回路”、“反馈环”和“信息处理系统”等。就像道金斯注意到的，“除了专业语言外，分子生物学文章可以和计算机工程的文章互相交换。”²⁵好像是为了强调这一点，芝加哥大学细胞学家詹姆斯·夏皮罗（James Shapiro）把组成哺乳动物凝血系统的整个蛋白系统描述成“一个强大的即时分布的计算机系统”。同时他还说，细胞中许多生化系统颇像“电子电路的布线图”²⁶。生物学的历史学家勒诺尔（Timothy Lenor）观察到，“现代生物学坚决抵抗终极目的论的思想。但是几乎每一个研究领域，生物学家们极其艰难地为生命现象寻找不赋予目的性的词汇”²⁷。

因此，似乎对于生物机体的了解，即便不提细胞分子生物学，也使得即便那些坚决斥责设计论的人们，也不得不使用看起来并不符合他们简化主义和达尔文主义的语言来正式地否定设计论。虽然这最终并不一定能说明什么，但至少提出一个问题。我们不停地存有设计的意念，不停地使用具有终极目的论的词汇，是否暗示了生命起源的什么东西，或暗示了那些否定生命系统起源里的（真实的）设计的科学理论有什么不足之处？

一如往常，科学里这一类问题的回答完全依赖于科学家们所能提供给他们理论的理由。直觉和观念可能对也可能错。也可能是，正像生物学界的人士向我们保证的那样，公众甚至于科学上对进化论的怀疑完全是来自于无知或宗教偏见，而那个具有终极目的论的词汇不过是为了方便做的类比，例如说太阳下山了。然而科学舆论持续的异议，和生物学家们无法做到不用具有目的性的词汇，还是引起了一个情有可原的好奇心。进化论科学家是否已经发现了生物机体貌似设计的真正原因，还是我们应当寻找别的答案？我们是否应当信任我们关于生命机体的直觉还是相信

细胞中的印记

生物起源的标准进化论答案？

生物信息的起源

请思考一下下面的序列：

AGTCTGGGACGCGCCGCCGATGA-
 TCATCCCTGTACGCTGCTTCACTTGT-
 GGCAAGATCGTCCGCAACAAGTGGG-
 AGGCTTACCTGGGGCTGCTGCAGG
 CCGAGTACACCGAGGGGTGAGGCG-
 CGGGCCGGGGCTAGGGGCTGAGTC-
 CGCCGTGGGGCGCGGGCCGGGGCT-
 GGGGGCTGAGTCCGCCCTGGGGTGCCGG
 CCGGGGCGGGAGGCGCAGCGCTGCC-
 TGAGGCCAGCGCCCCATGAGCAGCTTCAG -
 CCCGGCTTCTCCAGCCCCCTCTGTG-
 ATCTGCTTTCGGGAGAACC

这一串字母看来好像是一组编码信息，或者是一段文字或机器码。这个印象是完全正确的，这串字母并不是 A、T、G 和 C 四个字母的胡乱编排，它代表了制造分子机器 RNA 多聚酶的遗传组装指令的部分序列²⁸，此酶是活细胞基因表达（或信息处理）的关键酶。

现在再思考下面一串数字：

010101110110100001100101011011100010000001101001011
 0111000100000011101000110100001100101001000000100
 00110110111101110101011100100111001101100101001000
 00011011110110011000100000011010000111010101101101
 011000010110111000100000011001010111011001100101
 011011100111010001110011001000000110100101110100

这串数字也是富含信息的，虽然是用二进位码所写的。它也不是胡乱编排的，它是美国独立宣言起头几个字（“When in the course of human events...”）²⁹用 ASC II 码所编写的。ASCII 码中，字母、数码和标点符号等都是用特定的 0 和 1 数字短串所代表的。

虽然这两群信息码是用不同的规例写的（一个用 ASC II 码，另一个用遗传密码），然而二者都是复杂的，不重复的序列，对它们所要完成的功能或通讯要求而言都是高度特定（specified）的。这个相似性，部分解释了道金斯的观察，“基因的机器代码与计算机不可思议地类似。”有道理。但我们当如何领会信息软件（毫无疑问是有意识的智能的产品）和 DNA 和其他重要生物分子中的信息序列之间的这个相似性呢？

介绍一个大谜

我首次遇到 DNA 之谜是在 1985 年，我还是一个在德萨斯州达拉斯城的年轻科学家。我那时在一个大型跨国石油公司工作。几年前他们雇我做探测地质物理学家，那时正是石油价格高企的时候，而我刚从大学毕业，有物理和地质双学位。我的任务，就像德州石油商用很重的南方口音说的，就是在**海湾里找石油**。

虽然我学的是物理和地质学，我对生物学仍然有足够的接触，知道 DNA 是做什么用的。我知道它储存用来建造细胞所需蛋白质的指令信息，而且借着它的四个字母的化学字母系统传递生物的遗传特征。即使是这样，像许多科学家一样，我并没有真正想到 DNA 和它所含的信息起初是从何而来。如果有人问我，我可能会说，那和进化有点关系等等，但我无法解释它的细节。

1985 年 2 月 10 日，我发现并不是只有我是这样想的。那天我坐在一群世界级科学家的面前，他们在讨论一个恼人的科学和哲学的问题：地球上第一个生命是怎样产生的？直到前一日晚上我对这会议一无所知，我是到这城里来参加另一个在南循道会大

细胞中的印记

学（Southern Methodist University）由一位哈佛大学天文学家举办的讨论宇宙大爆炸理论的讲座。在那里我听说次日还有一个会议将讨论三个大的科学问题：宇宙的起源、生命的起源和人类意识的本质。这会议集中了哲学上对立的科学家们来处理每一个问题。次日早晨，我走进了市中心的希尔顿酒店参加会议，听一个令人惊讶的讨论，科学家们知道他们并不知道的事。

我惊讶地发现，和我所读的教科书相反，领先的生命起源科学专家们对第一个生命如何起源并没有满意的解释。在这些专家们中，有许多在那个周末、在达拉斯城公开承认，他们并没有一个足够的理论来解释那个他们所称的“化学进化论”，也就是第一个活细胞是如何从原始海洋里的简单化学物质产生出来的。从他们的讨论中，很清楚一点，带有神秘化学字母排列的 DNA 是陷入这个僵局的主要原因。

这次讨论会改变了我事业的方向。那年年底，我就准备到英国剑桥大学学习，其部分原因是去研究我在 2 月份那一天所遇到的问题。

表面上看来我改变道路像是我从过去的兴趣作了一个一百八十度大转变，这是我的朋友和家庭成员的想法。石油公司地质物理是非常实际的与商业有关的应用科学。发现一片油或气田，可给公司数以百万计的利润。至于生命的起源则是一个棘手的甚至于神秘的理论问题，毫无直接的商业和实际重要性。

然而，在那时，对我来讲，这个转变是很自然的。或许是因为长期以来我对科学问题和新发现所带来的更深的哲学问题感兴趣之故。大学学习期间，我除了接受科学的训练外，还选修了许多哲学课程。但或许是因为我在石油公司的工作的缘故。20 世纪 80 年代的石油探测要用精良的计算机辅助地震图像技术，在那个时候那是尖端的信息技术。一个人工地震波发送到地球中去后，地质物理学家就测量地表回波的时间，再用这些数据来重构地层的图像。当然，每一步都不能须臾离开计算机和软件来帮助我们

处理分析这些收集到的数据。我了解到数字信息能够在机器里储存并处理，数字码可以指挥机器完成某种任务，或许因此使得生命本身和 DNA 里储存的数字码变得不那么神秘。或许这些使生命起源的问题看起来在科学上更容易探索和有趣。不管什么原因，一旦我知道了困扰着生命起源科学家的这个谜和为什么 DNA 在其中是处于中心地位之后，我像是上了钩的鱼一样甩不掉了。

会议中产生了一个争议，使我的好奇心更深了。在一节关于生命起源的讨论中，他们讨论 DNA 中分子的信息从何而来的问题。化合物如何会自己安排而产生密码？原本应是枯燥乏味的讨论因对有些科学家新想法的反应而产生了戏剧性的变化。台上小组委员会的三位科学家最近刚出版了一本有争议的书，《生命起源之谜》（*The Mystery of Life's Origin*），是由纽约著名的科学单行本出版者出版的。该书全面批判了试图解释第一个生命如何起源于原始海洋（primordial ocean），也就是所谓的“前生物汤”（prebiotic soup）的尝试。这些科学家，包括查尔斯·塞克斯顿（Charles Thaxton）、瓦尔特·布莱德雷（Walter Bradley）和罗杰·欧森（Roger Olsen）结论道，所有这些理论在解释第一生命起源上都失败了。出奇地，台上其他科学家（所有都是在这领域里的专家）并没有提出批评意见。

他们所反对的是塞克斯顿及其同事在该书前言中试着为解决这谜而做的新假设。他们提议，DNA 信息的来源可能来自于智能的源头，他们称之为“智能因由”（intelligent cause）。因为我们经验中信息是来自智能的源头，又因为 DNA 中的信息，按他们的话说“在数学上就等同于”书面语言或计算机编码里的信息，他们提议道，DNA 中存在有信息正指向一个智能的因由。换句话说就是，编码指向于一位程序编制员。

这就引起了爆炸。台上其他科学家变得非同寻常的自卫和敌视。加州大学圣地亚哥分校的鲁萨尔·杜立德（Russell Doolittle）博士，说如果三位作者对生命起源实验的进展不满意的话，他们

细胞中的印记

“应该自己动手去做”。他没有考虑到台上小组委员会中有人倾向于塞克斯顿的假设，就是旧金山州立大学迪恩·肯尼昂（Dean Kenyon）教授，他是一位领头的生命起源研究者，他本人就做了许多这方面的实验。很明显，杜立德不理这三位科学家的资深望重，把他们当作违反了某种不可明言的清规戒律的新手来对待。但至少对我来说，很清楚，这本新书的作者们已经抓住了智力（intellectual）上的领先权。他们贡献了一个大胆的新概念，至少在直觉上是有理的，而这些想保持原状的人却提不出合理的其他新解释。但是卫道者却不得不接受新的批判是合理的。他们所能做的就是指责“新手”们太早放弃立场，要求多给他们时间。

我离开时已深深着迷了。如果我对这问题的科学状态的理解是正确的话，如果没有可接受的和满意的理论来解释第一个生命的起源的话，那么，我们面对的就是一个奥秘。如果进化理论确实因为它不能解释DNA的遗传信息来源，而解释不了生命起源的话，那么我们过去所忽视的，就很可能是这神秘故事的重要线索。DNA和它典型的双螺旋结构是一个人所共知的文化象征。从音乐电影和现代艺术到科学文件到罪犯审讯都可见到这双螺旋。我们知道DNA测验可以决定有罪和无辜、亲子关系和远亲家谱关系等。我们知道DNA研究又是了解许多疾病之钥匙，改变DNA又可以改变植物动物的特性，增加食品生产。绝大多数人大概都知道什么是DNA和它的功能。但是不是有可能我们就是不知道它从何而来或起初它是怎么形成的？

会议的争论把我震醒，使我意识到围绕着双螺旋和它包含的数字密码的似曾相识但又神秘的奇怪组合。会议之后，我知悉生命起源讨论会的科学家中有一位住在达拉斯。他不是别人，就是查尔斯·塞克斯顿，一位化学家，他和其他作者提出了那个智能在生物信息的起源中起作用的争议性想法。我打电话给他，他同意接见我。从此我们经常业余时间定期地长时间会面并讨论。我学习了不少他对生命起源研究的批评和他对DNA的看法。我

对 DNA 之谜的兴趣就越发浓厚了。这是使人陶醉和兴奋的日子，因为我是第一次遇到并真正体会到这些新思想。如果塞克斯顿是对的，那末古典设计理论可能终究是合理合法的。这理论首先被启蒙运动哲学家，例如 18 世纪的休谟（David Hume）所拒绝，后来在达尔文革命之后被进化论生物学家所拒绝。当我回到西雅图的家时，我把我所学到的告诉我早年的一位大学导师、诺门·克列布斯（Norman Krebs），一位哲学家，我景仰他特殊的批判分析能力。当时我很吃惊地被告知，我描述的这些科学理念有可能（potentially）是西方思想三百年来最重要的哲学进展。设计论观点能否在现代科学的发现中起死回生？DNA 是否就是关键？这一条新的思路固然很吸引我，我脑中却产生了越来越多的问题。我在想，究竟信息在生物学上是什么意思？生物学家把 DNA 分子里的化学序列称为信息时是否仅仅是比喻？或者这些化学序列真的起到像人类用的“密码”或“文字”那样的作用？如果生物学家用这些词仅仅是比喻，那我就不知道遗传信息是否真的指向实在的东西，如果不是的话，DNA 里的“信息”是否还能指向什么东西，更甭说“智能的因由”了。但即使 DNA 的信息和人类所设计的信息有相当大的相似性，也不一定就能说一个过去的智能是这些信息唯一的解释。那天的会议是否还有一些没有被考虑到的信息还有其他起因呢？或许还有别的信息之源会被发现来更好地解释生命起源所必需的信息？总之，我在想，是否真有智能设计生命的证据，如果是，这证据有多强？去考虑一个这么激进的可能性是否如塞克斯顿的反对者所说可能在科学上不太成熟或不恰当？

塞克斯顿和他的同事们为他们结论所提的理由加深了我这些顾虑。《生命起源之谜》做了一个大胆的宣告，就是智能原因或许可以被认为是生命起源的一个合法的科学假设。为支持这个说法，塞克斯顿和他同事们提到了有一种称为**起源科学**的科学探索方式，它允许用智能的单个行动的假设来对某个现象做解释。他

细胞中的印记

们把“起源科学”和“操作科学”（operation science）区别开来。照他们看来，操作科学着重于宇宙的持续的运行。这些科学描述重复的现象，例如行星的运行和化学的反应，这些都可以用物理和化学的普遍定律来描述。起源科学则不同，它讨论独一的历史事件和造成这些事件的原因。这些事件包括宇宙的起源、大峡谷的形成和古工具古农业的发明等。塞克斯顿和他的同事们认为，在起源科学上用指向智能为原因是合法的，因为这些科学专门研究单个的事件，而智能者所作的行动往往是独一发生的。另外一方面他们论证说，在操作科学中用智能原因来作解释则是不合法的，因为这些科学只讨论有规律和重复的现象。智能者的行动不是僵硬的、规则的或像定律一样的方式，所以，它不能用自然律的数学运算来描述。

虽然他们用的词汇是那么拗口，但它确实抓住了一个直觉上的明显分别。然而，我还有问题。塞克斯顿论证道，操作科学的理论可以随时用它们所描述的重复现象来验证。规律性使之能够预见。如果一个描述一种重复现象的理论是正确的话，它就应该能够在特定的时间，或在受控制的实验室条件之下预测该现象在将来的发生。可是，起源理论没有这种预测性，因为它们所讨论的是独一的事件。由于这个理由，塞克斯顿认为这种理论是不能被测试的。过去事件的（起源）理论仅可以产生令人信服的，但并不是决断性的结论。作为一个地质物理学家，我知道地球科学家时常对过去的事件提出假设，但我不能说这些假设是决不能测试的或不是决断性的。我们有很好的科学理由认为恐龙先于人而存在，农业是在最后一个冰河期以后才兴起的。但如果塞克斯顿是对的话，那末上述这些对过去的结论就不过是令人信服而已——并不比稍有可能（possible）是真的为好（译注：possible 比 probable 可能性要低）——而且是完全无法验证的。

我就想，如果关于过去事件的假设无法测试，如果没有办法来判断它的强弱或拿它跟别的互相竞争的假说比较的话，那为什

么说历史性的或“起源”的理论是有意义的呢？要是声称 DNA 的证据和我们最好的科学推理，强烈指向生命的智能起源是挑战性的。说 DNA 有这样的起源不过有可能是真的（“貌似有理的”），也就没有多大的意义。许多说法也不过仅仅是貌似有理的或可能是真的。但这并不是说我们有理由认为它们很可能是真的。严格的科学测试通常可以给这些说法提供以证据为基础的理由，或在两个假设中作取舍。如果没有这样的可测试性，那我就不知道塞克斯顿的科学论点究竟有什么重要性和科学性。

即便如此，我仍然深深地被整个的问题所吸引。1985 年 9 月，我了解到我将被石油公司解雇，因为原油价格从 32 美元跌到 8 美元一桶。但我却非常的释怀。慷慨的公司的解雇金足以支持我做自由科学作家。但不久我又获悉扶轮社（Rotary club）给了我奖学金可以到英国去留学。次年春天，一张薄薄的航空信通知我，我被录取到剑桥大学研读科学历史和哲学。这课程将令我可以探索长久以来令我着迷的科学和哲学交界的许多问题。此外也给我机会去探索在我和塞克斯顿的讨论中所产生的问题。科学家们在研究生物起源时是用什么方法呢？历史科学的研究是否有特殊的方法呢？关于生物信息和生命起源科学证据告诉了我们什么呢？是否可能有一个严格科学论证来说明生命的智能设计呢？最终，我完成了关于生命起源生物学为题的博士论文。我在这论文中不但探索了有关生命起源科学思想的历史，而且也探讨了有关科学定义的问题和科学家如何研究与推论过去历史等等的问题。

目前的争议

在我离开英国的时候没想到，当年我对塞克斯顿想法的两个主要问题（“它是否科学？”和“他的证据有多强？”），廿年之后会卷土重来成为国际争议的中心，诚然，它吸引了主流传媒、法

细胞中的印记

庭、有地位的科学界、出版业和电影业等的注意。2005年，一位联邦法官裁定宾夕凡尼亚州多弗县公立学校的科学学生不允许学习生命指向一个智能的起源，因为这个思想既不科学，又无法验证。主流科学机构，例如，美国国家科学院和美国科学推进协会等，都发表了类似声明。

2006和2007年，一批书籍例如《上帝的妄想》（The God Delusion）、《上帝并不伟大》（God Is Not Great）等争辩道生物学中没有设计的证据，所以，上帝的存在没有好的证据。牛津进化论生物学家道金斯和其他新派无神论者认为设计缺乏证据，使得有上帝的观念成为妄想。2008年，围绕着现在所称之为“智能设计论”的论证转移到了电影院、音像店和议员记者招待会上。今年，在庆祝达尔文200周年诞辰和《物种起源》出版150周年之际，当科学家们、学者们、教师们和媒体评论员们评价达尔文的遗产时，达尔文他自己提出来的主要问题，“生命是设计的还是貌似设计的？”被重新提了出来。

然而，在所有的讨论中，从多弗到道金斯到达尔文周年纪念，很少有人提到DNA。然而，对我和其他许多科学家和学者们来说，到底科学是否否定了设计论，还是让它起死回生？其关键在于生物信息起源这个中心之谜。本书考察了许多不断为解决这个DNA之谜而做的努力，最后本书将提出自己的解决方案。

第二章 一个奥秘的演化和它的重要性

本章提要

* 沃勒 (Wöhler) 的发现, 标志着对“有机物和无机物间存在不可逾越的界限这个原始信念”挑战的开始, 并打破了“活力论”。

* 我发现达尔文本人倒是承认, 他的理论并没有解释到生命起源本身。

搭起哲学的舞台

* 牛顿: “所有的 (自然现实) 背后都有一位全能全智的存在。”

* 19 世纪末, 许多科学家已经接受了物质第一性的观点。

* 但这自然主义解释的美妙织锦上, 依然有个第一生命起源的小窟窿。

* 维多利亚时期对第一生命起源无动于衷, 看起来是有一点奥妙之处。

* 奥巴林的理论。

* 米勒 - 尤里试验。

没有几个学生能记得住 19 世纪化学家弗里特里奇·沃勒 (Friedrich Wöhler) 的名字, 他那个最著名的实验中所产生的排泄

细胞中的印记

物也不会让人产生什么美丽的遐想。不过，正是这位德国科学家在1828年所作的实验，使得人们对生命的理解起了革命性的变化。

他在柏林科技学校（Polytechnic School）任教授时，就着手研究一些在加热后会释放氰化物的物质。一天，他加热了一些氰化铵，预想着它能释放出氰化物。结果却不是这样。加热改变了氰化铵的结晶，它的熔点和外观都变了。事实上，所生成的白色结晶不具备氰化物的任何典型特征。发生了什么事？这种新物质看起来还有点面熟。之前在什么地方曾遇到过它呢？起初他认为可能是某种生物碱（膺碱），但是用通用的生物碱实验进行测试，这种神秘物质并无任何反应，他只好放弃这个猜想。沃勒绞尽脑汁，在他博学的化学和医学知识中搜寻着答案。终于得到了。这是**尿素**！¹沃勒疾书一函，告知他的同僚，雍斯·雅可·贝西里乌斯（Jons Jakob Berzelius）：“我再也忍不住不把我的化学水研究公布与众；我要让人知道，我能制造尿素，而不需要借助于一个肾脏，甚至一个动物，不管是人还是一条狗：**氰酸的铵盐**就是尿素。”²

这个试验在世界各地的实验室得到反复的验证，最后，表明了生活体的化学物是可以人工合成的³。沃勒之前，化学家可以化学合成自然界的矿物类等的无机物，但是许多人认为合成机体内的化合物是不可能的。他们认为有机物质内包含有神秘的非物质的“活力”（vital force）⁴。正如弗里特立克·高兰·霍布金斯爵士（Sir Fredrick Gowland Hopkins）后来说，沃勒的发现，标志着对“有机物和无机物间存在不可逾越的界限这个的原始信念”挑战的开始⁵。由于这个缘故，沃勒的工作将对以后一个多世纪以来生命起源科学研究产生巨大影响。这也正就是我对这个主题探讨的起点。

始于起点

当我到达英国时，我对生命起源很是着迷，憧憬着尽我所能

学到所有有关生命起源科学思想的历史。自从和塞克斯顿讨论以后，我还想探讨古代研究生命起源事件的科学家们是否采用什么独特的有别于今的科研方法，如果是的话，这些方法是怎样的。

不曾料到，作为一个美国人，对英国教育系统的复杂性没有一点了解，我才发现，很难找到最适合我目标的英国学术课程的相关知识。扶轮社给我的奖学金规定，只要我得到接纳，我就可以去任何国外五个大学之一。有几所大学给我提供了科学历史或科学哲学的课程，但在国际互联网时代之前是很难得知有关他们教员的专长细节的。最后，我把希望放在剑桥，因它在科学上比列在名单上的其他大学有更高的声望。

我妻倚莲和我在 1986 年秋季到达时，在靠近剑桥中心的 Trumpton 街上，当把我们租用的车停在宏伟壮丽的歌德式建筑物的荫下时，不无胆怯之感。然而，几个星期后，我就适应了我的研究生的生活。又过了不久，我发现我过去所作的选择远远比我当时想象的要好。这不单是 DNA 和分子生物学的许多关键的发现都出自于剑桥，而且它有卓越的科学历史和哲学的课程，其中有一位仁慈的荷兰籍学者哈穆克·康明斯（Harmke Kamming），而她刚好正是有关生命起源科学理论历史的专家。

在校第一年，我周旋于辅导和听讲之间，学习从分子生物学的历史到物理学的哲学，再到科学社会学各个方面，我常规与哈穆克会面讨论生命的起源问题。在她指导下，我开始研究当前生命起源的理论，还有在它们之前并引导出它们的早期理论。所以我是从起点开始的，学习生命起源的研究如何在 19 世纪达尔文和他的科学同代人的时期是怎样以科学事业的面貌而出现的。

很快，我就面对一个有趣的历史困惑。大多数生物学家在接受了达尔文的进化理论之后，就赞同自然选择可以解释生物学中的设计的表象。由于这个缘故，大多数哲学家和科学家早已认为，达尔文的自然选择的进化理论已经摧毁了设计的论证。然而，我发现达尔文本人倒是承认，他的理论并没有解释到生命起

细胞中的印记

源本身。事实上，一天，一位叫 Peter Gauthy 的大学图书馆手稿室的档案保管人允准我查看达尔文写于 1871 年有关这个题目的手稿。此信是在《物种起源》出版后十二年所写，写在一张脆弱的纸上，内容非常清楚地显明，关于地球上第一个生命如何起源，他所能提出的比模糊猜想没什么太大差别。⁶

这和我以前所知是相符的。在《物种起源》这本书中，达尔文并没有试图解释第一个生命的起源问题。他所探求的是怎样解释新的生命形式如何从已经具有了繁殖的能力的较简单的生命演变而来。他的理论对第一个生命的起源仅仅是做了假定而非解释。由于达尔文理论这方面的限制在当时是众所周知的，这就产生一个问题：“为什么 19 和 20 世纪生物学家和哲学家们是如此确信地认为达尔文动摇了生物学的设计论证呢？”如果当时的科学家对第一生命怎样出现无法做出详尽解释的话，他们怎么能够知道设计（实际上是智能设计）在这个极为重要的事件中无分参与呢？

本章讲的故事是我在求解这些问题时所学到的。在此过程中，会谈及有关生命起源一些最早期的科学理论。这个背景对以后的讨论会有帮助，因为许多现代的理论是在总结早期理论的基础上所形成的。本章还要重点谈一谈我在这探索过程中所学到的其他东西。从一开始，生命起源的科学理论不可避免地引出更深的哲学问题，不单是关乎生命，还指向最终现实的本质问题。正如本书结尾时我所提到的，这些哲学问题到今天还在纠缠着我们，同时也是 DNA 之谜的不可或缺一部分。

当然 19 世纪后叶科学家们并没有试图解释生物信息的起源，更不用说储藏在 DNA 中的信息了。他们并不知道 DNA，或至少不知那个名称。他们也没有作为概念思想过生物信息。然而他们却是试图解释生命的起源，而且他们也敏锐地意会到他们所提出的理论所带来的后果。尽管他们缺乏细胞内部运作的知识，却奇怪地对这些理论的充分性持有信心。这种信心大部分来自沃勒的

“我发现了”（Eureka!）（源于阿基米德），或作他的尿素（Urea）（两者在英语中谐音）时刻。在那重要时刻，科学家们是如何看待生命本质的。

搭起哲学的舞台

自古希腊开始，西方知识界对最终的现实（Reality）一直有两种基本的观点，在德语称之为 weltanschauung，即世界观。一种世界观认为意念（mind）是最初或终极的现实。按这个观点，物质现实或是从先存意念所发出，或是受先存意念所塑造，或二者兼有。因此，意念，而非物质，是最初或终极的现实，也即万物都由这存在体（entity）而出，或至少物质世界能够被此存在体所塑造。柏拉图、亚里斯多德，古罗马的斯多亚派，犹太的哲学家例如摩西·迈蒙尼提斯，基督教哲学家如圣多马·阿奎纳等都持该观点或看法的某一个版本⁷。在被科学史学家称为科学革命的时期（1300 - 1700），绝大多数现代科学的奠基者也都持有意念为先的现实观。许多这些早期的现代科学家们认为，他们对自然的研究为证实这种观点提供了证据。以牛顿爵士的话来说就是，“所有的（自然现实）背后都有一位全能全智的存在”⁸，这种对现实的观点称为唯心主义（idealism）（译者按：似乎译为“唯意念主义”为佳），以标示理念（idea）在先，物质在后。有神论（Theism）则是唯心主义的一个版本，它认为上帝（God）是意念的源头，他创造和塑造了物质世界。

与它相反的观点则认为物质世界（宇宙）或自然界是终极的现实。按这个观点，物质或能量（或兼有二者）是一切其他东西的产生之源。它们是自存的，并不需要由意念来产生或塑造。在自然律管辖之下，简单物质实体（entities）的自然互相作用最终从基本粒子产生了化学元素，然后从这些简单的化学元素产生了复杂化合物。复杂化合物产生了简单生命，最终，从较简单的生

细胞中的印记

命出现了有知觉的生命，例如我们人类。按照这个观点，先有物质，而有知觉的意念在很晚以后才出现，它的出场不过是一个物质过程和无方向的进化演变的副产品。被称为原子论者（atomists）的希腊哲学家卢希普斯（Leucippus）和德谟克拉提斯（Democritus）等大概是首先将这观点诉诸于文字的西方思想家⁹。启蒙运动时期的哲学家托马斯·霍布斯（Thomas Hobbes）和休谟（David Hume）等也信奉这种物质第一性的哲学¹⁰。在19世纪末叶达尔文进化的理论被广泛接受之后，许多现代科学家选择了这个观点。这个世界观称之为**自然主义**（naturalism）或**唯物主义**（materialism）。有时也称为科学自然主义或科学唯物主义。称之为“科学”是因为许多持有此观点的科学家和哲学家认为科学证据支持了它。

由来已久的先有意念或先有物质的争论，切入了生命起源之谜的正中心。生命起源是否能由纯粹的物质过程，例如无方向的化学反应或分子的随机碰撞所解释呢？它能否不借助于设计智能而解释呢？如果是的话，那末这样的解释意味着一个唯物的世界观（声称所有的现实世界可以完全用无方向的物质过程来解释）是更加可信的。如果可观测的物质过程本身能够产生生命的话，谁还会乞求于一个无法观察的设计智能来解释生命的起源呢？另一方面，如果生命中有些事情指向设计智能的活动的話，那就提出了其他的哲学可能性。到底物质为先或意念为先？谁能最佳地解释生命的起源？不论怎样，生命起源不但是一个本身有趣的科学题目，它还提出了顽固的哲学问题。对我来讲，那才是它有趣的部分。

揭秘遗失了的奥秘

19世纪末，许多科学家已经接受了物质第一性的观点。然而，许多早期现代科学的奠基者——例如开普勒、波义尔和牛顿

等——都有深切的宗教信念，他们相信在所观察到自然的井然有序和设计的科学证据背后，指向一个合理的意念。不过，19 世纪末的科学家，开始认为宇宙是一个自我维持的、自存的、自创的系统，并不需要超然的（transcendent）原因，无需外来的指导或设计。

许多 19 世纪的科学理论支持上述的观点。在天文学上，法国数学家拉普拉斯提出了一个被称为“星云假设”的新颖理论来解释太阳系的形成完全是由于自然的重力所形成¹¹。在地质学上，莱尔对地貌上最突出的特征——山脉和深谷——的起因解释为出于完全自然的缓慢、逐步的过程，例如侵蚀和沉积¹²。在物理和宇宙学上，空间和时间无限的信念则免去了思考物质的终极源头的必要。最后，生物学上，达尔文的自然选择进化理论提出无方向的过程能够产生新的生命形式，而用不到上帝的介入、引导或设计。总体来说，这些理论使得解释所有自然界历史中显著的事件成为可能。从太阳系的起源之前，到现代生命形式的出现，都可用自然的过程来解释，没有任何设计的智能或思想的帮助和指导。物质，按照这个观点，是一直且永远长存的，事实上，它还能够自我组织而不需外来的、先存意念的帮助。

但在自然主义解释的美妙织锦上，依然有个第一生命起源的小窟窿。虽然拉普拉斯的星云假说给了宇宙唯物论以更多的支持，但它却把以纯唯物思想来解释地球的生命搞复杂了。拉普拉斯的理论中认为地球在一个时期中太热，不能支持生命。因为支持生命的环境条件一定要冷却到水的沸点以下。由于这个理由，星云假说暗指生命并不是永古长存的，而是在地球历史某一个确定时期出现的¹³。但对科学唯物主义者来说，生命应被当作是一个永古的赋予，是一个自存的现实，它和物质一样。但这已不是地上生命来源可信的解释了。因为地上有一段时期是没有生命的。生命在以后才出现。许多有唯物思想科学家认为，这就暗指生命一定是在冷却了的前生物（prebiotic）地球上，从某种无生命的

细胞中的印记

物质进化而来。然而，没有一个人能详细的解释这一切是如何发生的。达尔文本人在 1866 年这样说：“虽然我期望将来某个时候生命（起源）能被解释清楚，但目前看起来它是在科学领域之外。”¹⁴

当时，生命起源的问题变得更为迫切，是因“自发生命说”的失败，这个理论认为生命是可以从过去生命遗体物质中自发不断产生的。路易·巴斯德的工作让这个说法在 19 世纪 60 年代遭受了一系列的挫折。在 1860 和 1861 年，巴斯德证明了空气中存有微生物，它们在合适条件下可以繁殖¹⁵。他又示证，如果空气进入消毒的器皿，就发生了器皿的微生物的污染。巴斯德还论证道，例如观察到的所谓“自发生命”，即腐败食物或死肉中自发产生的霉或细菌群落，可以解释为实验者未能防止大气中已存的微生物的污染所致¹⁶。在实验的详察之下，巴斯德的工作看来驳斥了当时唯一生命起源的唯物理论¹⁷。尽管有这样的僵局，对于生命如何首次出现缺乏详尽解释的情形，维多利亚时代晚期的生物学家即或有的话，仅表示了很少的关切。对我明显的疑问是，为什么？处于 1986 年这样有利的角度，在刚刚目睹了我同时代科学家关于生命起源研究的僵局之时，维多利亚时期的无动于衷看起来是有一点奥妙之处。

当我在剑桥第一年开始查考这个问题时，我发现确实有几个理由支持这些科学家持守这个观点。尽管许多科学家知道达尔文没有解决生命起源的问题，但他们有把握相信这问题是可以解决的，因为沃勒的实验在他们心中留下深刻的印象。许多 19 世纪前的生物学家有一个几乎是不证自明的看法，即制造生命的物质和非生命的物质在性质上是绝对不同的。这些生物学家认为生物具有非物质的要素或驱动力，*élan vital*，它赋予有机体以独特和性质上迥然不同的存在¹⁸。持有这种观点的科学家被称为“活力论者”，这一群人也包括许多先锋的生物学家。

鉴于这个神秘的 *élan vital* 赋予有机物体独特的性质，活力论

者还认为，要从通常的无机物变成有机物是不可能的。归根结底，无机物就是缺了一个特殊的成分，一个无形的“恰好的成分”（right stuff）。这就是为什么沃勒的实验是如此的具有革命性。它证明了两种不同的无机物能够联合而成有机物，尽管这个物质不大能登上大雅之堂。虽然有些科学家一直到 20 世纪还支持“活力论”，但他们要改用另外的理由。

沃勒的实验，因为对思考生命起源起了直接的影响。如果有有机物可以在实验室中用两个无机物联合而成，那可能在远古时代自然界的有机物也是用类似的方式产生。引而伸之，如果有有机物可以从无机化学物中产生，难道生命本身不也可以用同样的方式产生的吗？总之，如果现在来看活力论是如此的错误，那么生命是什么，不就是化学成分的组合吗？

其他的科学领域的发展，也加强了这种思想的潮流。19 世纪 50 年代，德国物理学家亥姆霍兹（Hermann von Helmholtz），一位研究热和能量（热力学）的先驱者，证明能量守恒定律同样适用于有生命和无生命系统。能量守恒律是说在物理过程中，例如燃烧、爆发（汽缸内）等，能量并不产生，也不消失，只不过改变了它的形式。

例如汽油中的化学能，被发动机用来驱动车辆。发动机燃烧汽油而消耗了它。但汽油中所含的能量并不消灭，而是转换成热能，在气缸中就转换成动能来驱动车辆。亥姆霍兹用量度肌肉运动所产生的热证明能量守恒律也同样适用于生命系统¹⁹。他的实验证明，虽然肌肉消耗化学能，但消耗的能量被用来做功和产生热。这些过程的平衡（译注：方程式两边）支持以后被称为“热力学第一定律”的原理——能量既不产生也不消灭。

即使在热力学第一定律最后完善之前，亥姆霍兹还用了它的某一版本（version）来反对活力论。如果生物机体不受能量守恒约束，如果一个非物质的和不可量度的活力能够“无偿地”提供机体以能量，那末永动机运动就有可能²⁰。但是，亥姆霍兹论证

细胞中的印记

说，从我们的观察看来这是不可能的。此外还有其他的进展支持对于活力论的批评。19世纪60至70年代，科学家认识了细胞是生物体转换能量的场所。动物呼吸的实验研究确立了利用化学分析来了解呼吸和其他细胞内能量的处理过程²¹。由于这些新的化学分析能够说明所有细胞代谢中用到的能量，生物学家们就越来越认为用不到考虑活力的力量了²²。

新的科学发现动摇了由来已久的活力论，同时加强了科学唯物主义者的信心。德国唯物主义者，如生物学家海克尔（Ernest Haeckel）否认生命体和无生命物有任何质的不同，“在有机体和非有机体（原注：非生物活体）之间，我们再也划不出一个根本上的界限来”²³。1858年在一篇标题为“The mechanistic Interpretation of Life”（生命的机械论解释）的论文中，另一位德国生物学家魏尔啸（Rudolf Virchow）挑战活力论者是否能“指出化学和机体活动的区别来”²⁴。在活力论者逐渐式微中，魏尔啸大胆地肯定了他的唯物主义信条：“不论何处都只有机械的过程，并其间无间断的因与果的必然性”²⁵。现在，生命过程能够用不同的物理或化学机理来解释。在我们经验中，机制就是像齿轮推动轴一样，只有运动着的物件而无其他。这就意味着机体现时的功能可以单单用物质和能量来解释。

这样的前景鼓舞了科学唯物主义者，他们大胆地设想用同样的原理可以轻易地解释生命的起源。海克尔本人是作这样尝试的第一批科学家中的一员。如果生命是单单由物质和能量所组成的，那末要解释生命的起源，除了运动中的物质——物质的加工过程，还有其他什么可能性是必要的呢？在像海克尔这样的唯物主义者来看，科学家在解释生命怎样起源于较简单的化学前提上取得成功是无可避免的，而且他们只需要借助于唯物的过程就能实现。对海克尔来说，要找到生命起源的唯物解释不但科学上是可行的，而且哲学上绝对必要的²⁶。

进化论连连获胜

如果这个时期的许多科学家以物质第一性为绝对必要的，就越来越以进化论为其中中心形象，即自然界是无指导地展现开来的，且星云说和达尔文的假设揭示着一条不间断的进化链一直延伸至今的可能性。没错，在这条链中，生命的起源是一个遗失的环，但是可以肯定，在他们认为，这个缺口很快就可以补上。达尔文的理论，还特别启发了许多进化论生物学家开始筹划理论来解决生命起源的问题。我的导师康明斯博士，有一个便于记忆的方法来描述这个现象。她注意到达尔文理论成功激发了“把进化论往更早伸延”的尝试以解释第一生命的起源。

达尔文的理论能如此地鼓舞人们的信心有几个原因。首先，达尔文开了一个重要的先例。他表明有一种合理的途径，机体既然可以通过纯粹无指导的物质过程逐渐地产生新的和更复杂的结构。那么，为何相似的过程不能用于解释生命从先存的化合物起源呢？

达尔文的理论还暗示生物的种类并不具有根本的、不变的本质。自亚里斯多德以来，绝大多数生物学家相信，生物的每一个种（species）或型（type）都具有不变的秉性或表型（form）；他们相信，这些表型反映了先存于（*a priori*）设计者意念中的一个想法（idea）。但是达尔文的论证是，生物种在时间变迁之下可以改变或“型变”（morph）。这样，这个理论就对古老的生命观点提出了挑战。种、属、纲（原文 classes 顺次应为“科”）之间分类的区别，并不反映恒定不变的秉性。它们所显示出的不同特征不过是在某一时期才具备的。它们是暂时和因袭的（conventional），并非一成不变²⁷。如果达尔文是对的话，那生物学基于不变的型或性质的理念来硬性做区分就是徒劳无功的。这就更加强了生命和无生命之间没有不可逾越的分野的信念。化学物质可以

细胞中的印记

“转型”到细胞，就像一个种（species）转型到另外一个种一样²⁸。

达尔文的理论还强调环境条件对发育新生命形式的重要性。如果新环境条件的出现使某一物种或生命形式较另一种更为有利，那这些条件就会通过自然选择的机制影响群体的发展²⁹。达尔文理论在这一方面提示了环境条件可能在从非生物的化学物中产生出生命上起了关键作用。在这些背景之下，达尔文自己就首先设想过生命之起源。1871年，在他写给植物学家约瑟夫·胡克尔（Joseph Hooker）的一封信中，我曾在剑桥图书馆档案中见到此信，达尔文勾画了一个纯自然的生命起源场面。他强调特殊环境的作用，也要有化学成分恰好的混合为关键因素，方能使生命起源成为可能：“常有人说，所有产生第一生命所需的条件都在场……但如果（哦！那是多大的如果呀！）我们设想有个温暖的小池塘，内有各种的铵和磷酸盐、光、热、电等等，一个蛋白化合物就被化学合成，准备好进行更复杂的变化，（如在）现今的条件下这些物质会很快被吞噬或吸收掉，但在第一生命形成之前，当时的情形却可能不一样。”³⁰虽然达尔文承认他的设想远超过当时所有的证据，其勾画的基本思路却越来越可信，这是因为一个关于生命本质的新理论于19世纪60至70年代占了主导地位。

生命的原生质理论

在第一年的研究中，我读到一位俄国科学家奥巴林（Aleksandr Oparin）的见解。奥巴林是无可争议的20世纪生命起源研究的前驱者。他的陈述使我又找到另一个重要原由，可以解释为什么维多利亚时期对生命起源的问题满不在乎。他说“生命的本质和生命起源的问题成为不可分割了”³¹。

要解释生命的起源，科学家们必须先了解什么是生命。由这

样的理解，依次再来规定他们对生命起源的理论必须解释什么。维多利亚时期，对生命起源的问题不十分关注是因为他们认为简单的生命，就是简单的。他们真的想不出它有什么需要解释的。那个时期的生物学家设想生命起源最终可以用几个简单化学反应的副产品来解释。

那时和现在一样，科学家认识到植物和动物的精致结构尽管看起来是经过设计的，但达尔文将这种现象解释为随机变异和自然选择的结果。不过对维多利亚时期科学家来说，单细胞生命看起来不像是经过特别设计的，很显然的原因是那时科学家看不到单个细胞中的细节。细胞被看成是“均匀的无结构的一团原生质 (protoplasm)”³²，不过是一袋无定型的化学果冻而已，没有精妙的结构，看来也不像是经过设计的。

19 世纪 60 年代，一个新的生命理论激励了这种观点。这就是“原生质理论”，它把生命功能和一种单一的、可被认知的、被称为原生质的化学物质等同起来³³。这个理论认为，生活体的属性 (attribute) 是从位于细胞壁内的单一物质所衍化出来的。这个想法的提出是 19 世纪 40 至 50 年代多项科学进展的结果³⁴。1846 年德国植物学家莫尔 (Hugo von Mohl) 证实，植物细胞含有一种富氮的物质，他称之为原生质 (protoplasm)³⁵。他还证实，植物细胞的生存能力有赖于这物质。莫尔和瑞士植物学家内戈里 (Karl Nägeli) 后来还提出原生质负责植物细胞的生命功能和属性，而细胞壁只不过组成一个“铺躺在细胞内容物表面上，由内容物自身分泌而形成的封隔。”³⁶

这点后来被证实是极大的不准确。细胞壁是一个分离的并有着惊人细致的结构，它有一系列的门和孔以控制进出细胞的交通。不管怎样，莫尔和内戈里强调细胞内容物的重要性得到了支持。1850 年，一位生物学家科恩 (Ferdinand Cohn) 显示了植物原生质的描述和早年对单细胞动物腔内的“sarcodé” (中文仍译：原生质) 描述是吻合的³⁷。科恩把二者联系了起来，认定动物细

细胞中的印记

胞的“sarcodé”就是莫尔说的原生质。因为植物和动物都有赖于这种物质以生存，科恩就建立了原生质是所有生命体之必需的学说。从1857年开始，法郎兹·雷碧（Franz Leybig）、德巴里（Heinrich Anton de Bary）和麦克斯·许而兹（Max Shultze）等科学家发表了一系列的论文，他们认为细胞可以不借细胞膜而生存（事实上，我们现在知道它们不能）。原生质是生命的必要成分，对这点科学家们认为越来越在理³⁸。因此，1868年英国著名科学家汤玛斯·亨利·赫胥黎（Thomas Henry Huxley）在广泛宣传的爱丁堡的演说中宣称，原生质构成了“生命最重要的物理或物质基础。”（赫胥黎的原文为加重的 *the*）。他的肯定性表达了集体的共识³⁹。

原生质理论既然把生命定义为以化学为基础，看起来只要有恰当的化学品，在一个恰当的环境下，就可能结合而成简单的原生质物质的说法是可信的。若果真如此，或许生命起源就可以用简单的化学物结合过程来类比，如氢和氧结合成水一样。如果水可以从两个与水完全不相似的成分，氢和氧结合而成；那或许生命也可以由简单物质成分的结合而诞生，虽这些成分本身与生命原生质没有显然的相似性。

生命起源的早期理论：化学的两部曲

我还发现另一个理由，使得科学家们持守他们对于生命和宇宙能够完全用唯物观点解释的自信。自19世纪年代后期起，科学家们开始提出生命起源的唯物理论。之后约八十五年中的大部分时期（世纪交替之后的一个间断除外），这些理论基本跟得上当时有关生命复杂性的新科学发现。换言之，大体来说，这些有关生命如何而来的新理论，能够解释科学家们当时所认识到的生命是什么。

两位科学家，汤玛斯·亨利·赫胥黎和恩讷斯·海克尔，首

先提出生命是如何从无生命的化学物产生。虽然赫胥黎是英国人，而海克尔是德国人，这二位却大体上识同而道合。他们都摈弃活力论，都是以达尔文式的进化来解释物种起源的坚强捍卫者。他们也都热心于科学唯物论，都以雄辩宣讲原生质的生命理论或为其作辩护。在诸此方面，赫胥黎和海克尔也体现了维多利亚时代对生命起源问题缺乏兴趣的原因。他们各自所拟就的无生源 (abiogenesis) (生命从非生命产生) 的理论也反映了当时的学术立场。

赫胥黎想象生命起源于一个简单的两步化学反应过程。首先，简单的元素如碳、氢、氮和氧等化合生成水、碳酸和氨等普通的化合物⁴⁰。他相信这些化合物再在某些还未确定的 (unspecified) 条件下组合而形成原生质，那就有了生命的化学要素。

同时，德国的海克尔⁴¹提出了尽管增进无多但略微详细的理论。他指出了物质本身所具有的“建造性的内力”和“形成性的倾向”——像我们在无机晶体中所发现的一样——是生命自发生成之源。他宣称产生构型的动因在无机晶体和有机生命中都是一样的⁴²。因此，对海克尔来说，生命之起源可以解释为从简单碳水化合物自发结晶为“无定形的蛋白团”而形成⁴³。海克尔相信，第一个单细胞生命体，他称之为 Monera (无核原虫类) 一旦形成之后，他设想就已经逐步具有了比较简单的结构，它们藉此来同化 (assimilate) 周围环境中的新物质。然后，由于它们半流性的质地，经过较长时日，这些原始细胞继续在内部重整自己⁴⁴。即便如此，他清楚地认为“无定形的原生质小球”自发结晶之后，无生源过程中的最重要的一步就算是完成了⁴⁵。

赫胥黎也认为生命的本质和无机物的结晶没有太大的区别。许多别的生物学家也接受类似的观点。爱德华·普弗吕格尔 (Eduard Pflüger)、内戈里 (Karl Wilhelm von Nägeli) 和奥斯卡·勒夫 (Oscar Loew)，他们都把生命基本特性归于单一化学物的实体，而不是包含许多关联部件的复杂过程⁴⁶。例如普弗吕格尔认

细胞中的印记

为蛋白质中碳和氮的存在以氰胺基根，(-CN) 来区别“活的”和“死的”蛋白质。⁴⁷将生命的本质等同于单一的化学单位诸如，“Living Protein”（普弗吕格尔），“Active Protein”（勒夫），“biophors”（Weismann），“Probiotics”（内戈里）或“均匀原生质”（海克尔和赫胥黎）等，19世纪70和80年代的科学家们就使得生命起源变得易于解释了。但是只有他们简单化的生命本质的概念还居主导地位时，他们的同样简单化的生命起源模式才显得可信。

之后的六十年，生物学家和生物化学家逐步修改了对生命本质的看法。19世纪90年代，科学家开始得知酶和其他种类的蛋白质。1894年前，科学家只是观察到酶在细胞外的催化反应⁴⁸。实验技术的进步使科学家们可以收集到细胞内酶活动的证据，并发现酶在细胞内代谢反应诸如氧化、酵解、脂肪和蛋白合成等担任的重要作用，一种叫做“酶学理论”的新理论就取代了原生质生命理论⁴⁹。在世纪之交，绝大多数生物学家开始认识到细胞内是一个高度复杂的系统，整合了不同的化学反应，根本不是那种用含糊其辞的结晶过程就能充分解释的。一段时期，对这种化学复杂性的察觉日渐增加，这却阻碍了对解释生命起源的尝试。但到了20世纪20至30年代，一位俄国先锋科学家创立了一个新理论以跟上不断增长的对细胞复杂性科学意识的步子。

奥巴林过来搭救

1922年5月，一位年轻苏维埃生物化学家奥巴林（Aleksandr I. Oparin 1894 - 1980）⁵¹向俄国植物学会提出了一套新的进化性的无生源理论，他设想从简单化合物转变到复杂的代谢系统经历数十亿年的时间⁵⁰。这是，奥巴林首先于1924年在俄国出版了他的理论，经过修改完善之后又于1938年以英文出版。两本书的书名都是简单的《生命之起源》。

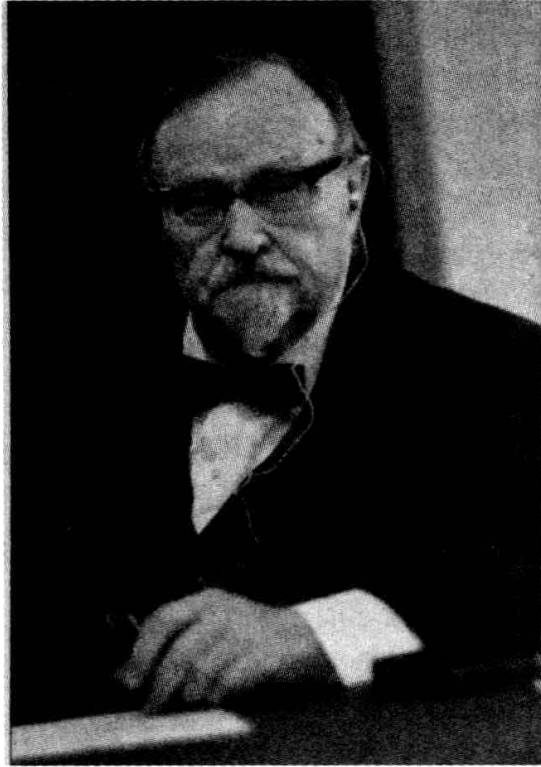


图 2.1 奥巴林 (1894 - 1980)
化学进化论先驱者理论家
Novasti/Photo Researchers Inc. 藏

奥巴林对生命起源的兴趣是在听了植物生理学家季米里亚泽夫 (Kliment Arkadievich Timiriazev) 关于达尔文主义的演讲后觉醒的。季米里亚泽夫是一个坚定的达尔文主义者。科学历史学家洛伦·格雷厄姆 (Loren Graham) 写道：“对奥巴林而言，季米里亚泽夫认为达尔文的进化论和革命的政治思想如此的紧密相关联而近乎成为一件事。照此观点，达尔文主义是唯物主义的，它呼求各方全位的变革，它是无神论的，在政治上是激进的，它也导致了思想和政治上的变革。”⁵²

奥巴林是在一个迷人的时代中出现的一个迷人的人物。布尔什维克革命后正好五年，他出版了自己的第一套生命起源的理

细胞中的印记

论。他当时住在莫斯科，马克思的标语和思想宣传遍地都是，特别是在知识分子圈子里⁵³。起初，我觉得有点奇怪，在这天翻地覆的社会变革时期，竟然会有人思想到如此不着边际的第一生物起源的问题。后来我发现许多早期的马克思主义者对生物起源问题是很感兴趣的。马克思本人和达尔文曾有书信来往，他认为达尔文的进化理论为他自己的社会进化理论打下了一个坚牢唯物的和科学的基础⁵⁴。

恩格斯是马克思的智力上的合作者，实际上他写过一篇关于第一生命起源的论文⁵⁵。和马克思一样，他认为大的社会变革是对社会、生活和物质条件改变的突然爆发。他想显示有一种类似的“革命”在产生生命的过程中也曾发生过，这样，就能使马克思的学说有理有据。马克思有一个关键的思想：“量变到质变”，即某些条件和情形小幅度量变的累积，会突然产生一种革命性的质变。例如，工人中对资本主义的不满和疏远，会随时间逐渐加增，但最终会达到一个点，这时一场革命就会突然发生，带进一个全新的社会秩序。恩格斯认为如果他能显示一个化学系统中，复杂性的小量的加增，会使该系统突然产生质的改变（革命），从而产生第一个生命，就能有效地阐明马克思的概念。⁵⁶

这种特定的马克思主义者的想法是否也影响或激发了奥巴林呢？除了季米里亚泽夫，他被奥巴林称为是一个在政治上“非常进步”的列宁主义者。1920年之后，奥巴林还和另一位年长的马克思主义生物化学家和早期的革命家、巴克（A. N. Bakh）交往甚密⁵⁷。即便这样，我们还不很清楚马克思主义本身究竟在多大程度上影响了奥巴林的对于生命起源的思考。不过，奥巴林不接受任何形式的唯心论，这一点倒是很清楚。他取而代之以接纳的是现实的唯物观。相应地，他认为生命起源的问题需要在唯物主义思想的架构下来解决⁵⁸。

与此同时，奥巴林认为有一些科学理由提示出生命之起源可借助于纯粹的化学过程来解释。首先，沃勒著名的尿素之合成，

展示了生命和无生命的物质具有共同的化学基础。从奥巴林的著作中可以清楚地看到，时隔一百年以来，沃勒实验还一直在深刻地影响着对自然和生命起源的思考。对奥巴林来说，沃勒的实验建立了一个新的认识，即生命细胞的工作过程“没有什么用常用的物理和化学的规律无法解释的特殊或神秘之处”。奥巴林也注意到，除了尿素，还有其他几种非生命的物质也支持这点，这些物质过去一度被认为是生物机体所特有的⁵⁹。

例如碳，此元素是所有生活的原生质和机体中所共有，在自然界无生命的矿物，如石墨、钻石、大理石和钾碱（碳酸钾）中也能找到。此外，奥巴林说，和生命体一样，许多无机物质也显出化学性的组织和结构。无生命物质如水晶和磁石具有非常固定和有序的组织。水晶甚至可以自我复制，虽然和细胞的方式不一样。尽管奥巴林承认水晶等无生命物并没有像活细胞中所见到那样“复杂而有序”，但他所看到的生命和无生命的相似性，使他对科学家能参照普通的化学过程来解释生命的起源表示乐观⁶⁰。

即便这样，鉴于细胞内所进行的复杂化学反应，奥巴林认为任何回到自然发生说企图都是徒劳无功的。正如他所宣称：“那种认为如此复杂的结构并有完全预定的精致组织可以自动在数小时内产生的想法……就是像青蛙能从五月初一的露水（译注：有魔力的）⁶¹，或老鼠能从玉米中形成一样无稽。”他认为，生物机体必定从较简单的化学反应经过漫长岁月逐渐进化而成⁶²。

奥巴林的设想

对于生命的产生过程，奥巴林的理论设想了一系列分别的事件。不过，他的理论所描述的过程可以分成两个基本的阶段。第一个阶段描述构成生命的基本化学结构如何从地球大气和海洋中更为（图 2.2）简单的化学物中形成。第二阶段讲述这些基本的分子结构如何产生出第一个有机体。让我们先看奥巴林的第一步。

细胞中的印记

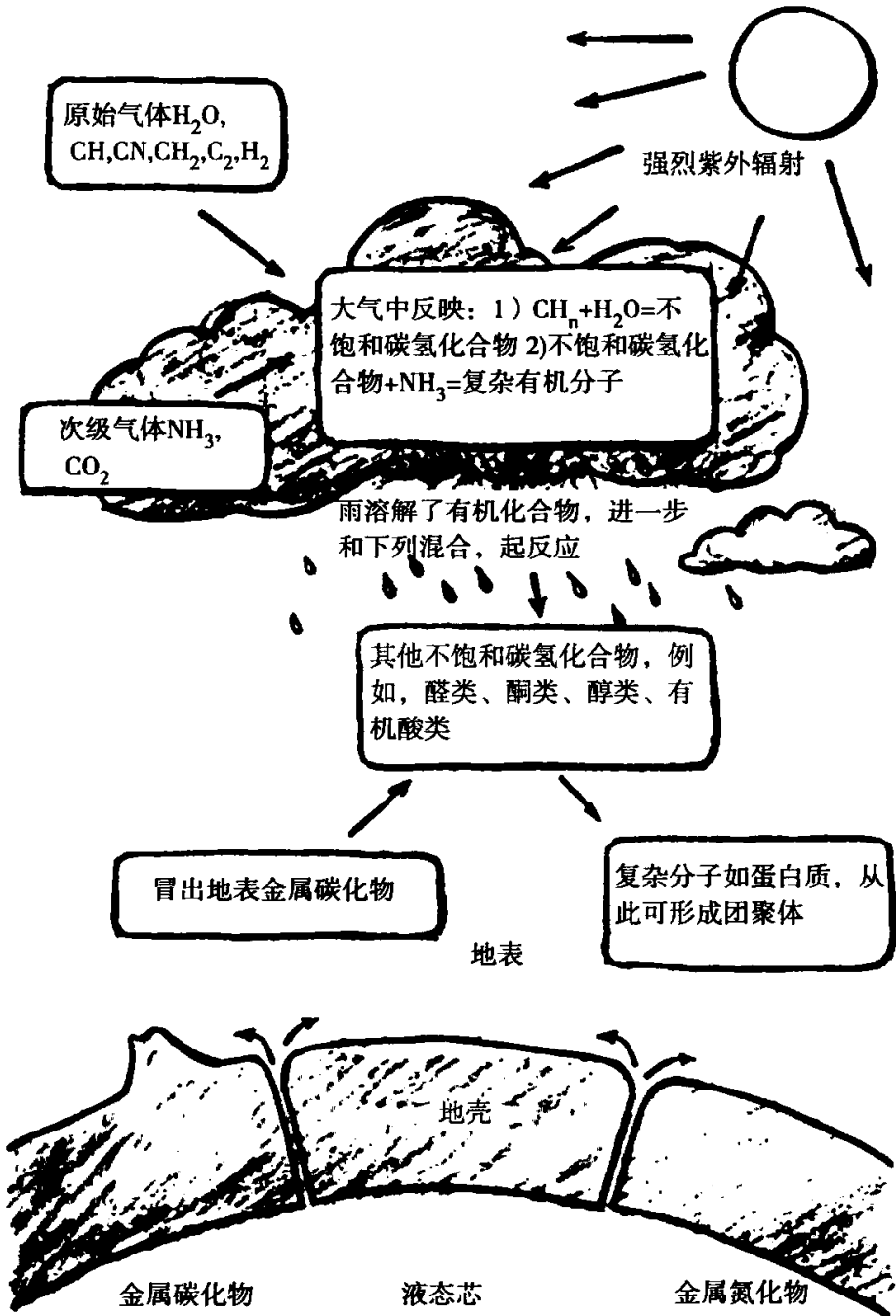


图 2.2 奥巴林 1936 年生命起源早期地球示意图

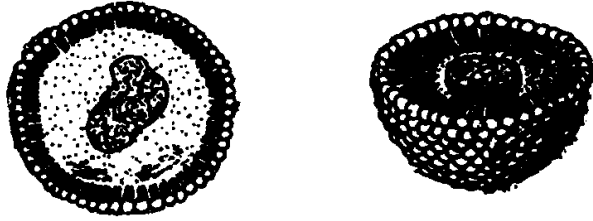


图 2.3 团聚体的切面图（左）立体图（右）

奥巴林设想早期的地球有一个由重金属构成的地核⁶³。初始形成后，早期的地球逐渐冷却，他假设地核会收缩，裂纹和裂隙就会暴露于地表上。这时，来自地核中的重金属就和碳形成了称作碳化铁的化合物。这些化合物就像牙膏一样从管内被挤压到了地表上来（见图 2.2）。

这些碳化物到达地表后，就开始和大气起反应。到 1936 年时，奥巴林已经想到了早期地球的大气是没有游离氧的。他所设想早期大气中含有各种富能而有害的气体例如氨（ NH_3 ）、二碳（ C_2 ）和氰（ CN ），水蒸气和简单的碳氢化合物，例如甲叉（methene）（ CH ）、亚甲基（methylene）（ CH_2 ）等。顺理成章地，他设想大气中这些简单的富氢分子和达于地表的碳化铁起化学反应。这就会形成富能的碳氢化合物，就是第一个有机分子⁶⁴。

如此形成的化合物⁶⁵就和大气中的氨（ NH_3 ）反应而产生多种富氮化合物⁶⁶。这是极有意义的一步，因为奥巴林知道构成蛋白质的氨基酸本身也是富氮的。奥巴林还设想富能的碳氢衍化物在水中可以参与细胞中的各种化合反应，其中也包括聚合反应。这是很重要的，因为聚合反应是可以使氨基酸联合起来形成蛋白质的反应。总而言之，奥巴林的假设认为这些碳氢衍化物之间以及和海洋中其他化合物的相互作用可以形成氨基酸，然后相连而形成蛋白质。

奥巴林关于第一个有机体来源的解释

奥巴林构想的第二步，专门地应用了达尔文的进化概念来解

细胞中的印记

释从有机分子到生命体的转变。具体是，他提出了小的蛋白分子包含体之间出现了生存竞争。这种竞争最终产生了原始细胞，细胞内可以容纳各种复杂的化学反应在其中进行。但是在他能够描述原生细胞（*protocell*）之间如何互相竞争以产生生命之前，他必须找到一个具有像原始细胞那样功能的化学结构，或至少有一个原始细胞的膜般的结构。他需要一个非生物的结构用以包含蛋白质并把它和环境隔离开来。

在一个不知名的荷兰化学家、本根伯蒂江（H. G. Bungenberg de Jong）的著作里，他找到了所寻求的东西。1932年，本根伯蒂江描述了一个他称之为“团聚体”（*coacervate* 此词源于拉丁文 *coacervare*，意为“形成群体”）的结构。一个“团聚体”是指一小群脂肪分子，团在一起呈球形结构，因为这个结构能拒水于外（见图 2.3）。因为这些脂肪分子，或类脂质，有一个拒水的一面，还有一个亲水的一面，它们就能形成一个既把水拒之于外，也能将其包之于里的结构。如此这“团聚体”就定下了和周围环境明确的界限。它甚至容许有机分子进入和离开这个“团聚体”，与细胞膜的功用相仿佛。

奥巴林认为，在原始海洋中，有生物学意义（用处）的分子，例如碳水化合物和蛋白质等可被包含在这结构中。当这些分子在“团聚体”内开始相互起反应时，就逐渐产生了某种原始的代谢。由于这个原因，奥巴林将它们看作是介于有生命和无生命化学之间的结构。“有所保留地讲，我们甚至可以将第一片有机粘体（*slime*）的产生看成是地球上的第一个生命。”⁶⁷

奥巴林推演说这些“团聚体”的作用在于会使现代生物细胞中特有的复杂的生化体系经由自然选择的过程而逐步产生。当一些“团聚体”成长时，它们就会发展出更为有效的方法以从环境中吸收同化新物质，而提高其生长率。那些不能开发有效的途径以从环境中吸收同化新物质的，就会衰弱。吃得好的就兴旺，吃得差的就衰弱。当环境中营养物的相对丰度改变时，就形成了对

第二章 一个奥秘的演化和它的重要性

高度组织的机体有利的选择条件。低效率的原始细胞不久就消耗了所储藏的能量，当营养的供应消失时，就被分解了。而那些效率高的，因着机遇发展了雏形代谢的原始组织则继续生存发展下去。达尔文式的竞争最终产生了第一个活细胞⁶⁸（见图 2.4）。

如此，奥巴林运用达尔文原则来解释生命之起源。他显示了复杂结构能够逐步从简单开始，在环境改变发生时使得复杂的结构在竞争中更有利而能存活。

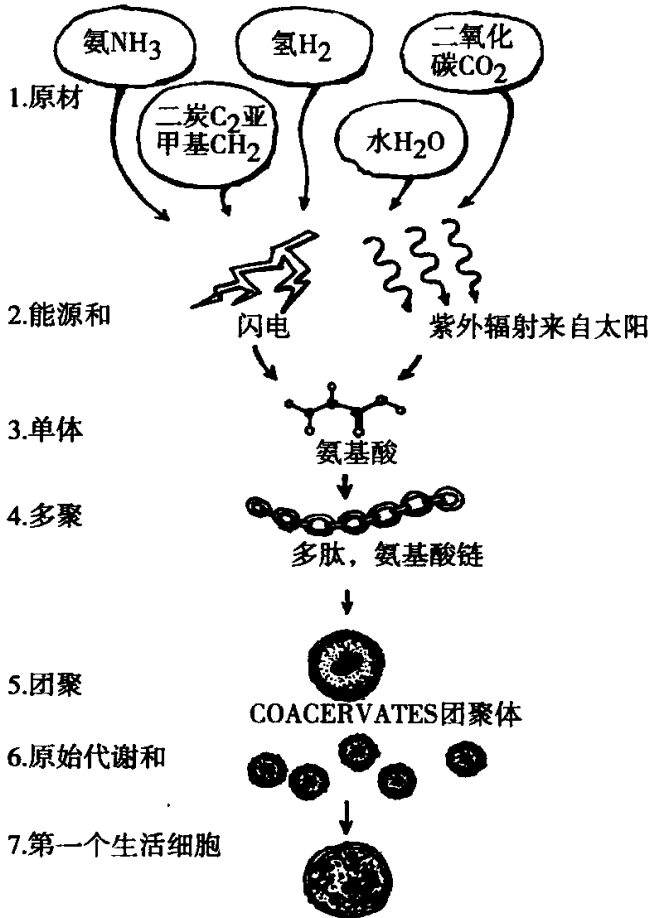


图 2.4 奥巴林 1936 年描述的化学进化论简图。

图示从简单化学物到较复杂生活细胞（经 John Wiester 许可采用）

米勒 - 尤里试验

随着奥巴林著作英文版的出版，他的理论也激发了许多的科学探索。一些科学家在 20 世纪 40 至 50 年代早期发展并改良了奥巴林的理论以寻求一种更为详细的化学进化理论。或许最重要的推动奥巴林的研究计划是以实验研究的形式出现的，这包括多次的尝试，通过模拟从简单的气体来产生生物学的原始材料，这个在他的历史叙述中是重要的一步。其中最著名的莫过于通行全球的高中学生物课本中不朽的米勒 - 尤里试验了。

1952 年 12 月，米勒 (Stanley Miller) 在芝加哥大学尤里 (Harold Urey) 手下做研究生时，完成了第一个 (见图 2.4) 验证奥巴林 - 霍尔丹 (Oparin - Haldane) (译注：英 Haldane 于 1930 独立提相似理论) 化学进化模型的实验。米勒使用沸腾的水，将甲烷、氨气、水和氢气循环经过一个玻璃容器，其中包括一个放电室⁶⁹。米勒给钨丝通以高电压来仿效史前大气中的闪电 (见图 2.5)。两天以后，米勒 U 形的水阱中找到了氨基酸，这水阱在器皿底部，是用来收集反应物的。通过纸色层分析技术来分析混合物，他找到了氨基酸，包括甘氨酸、 α - 丙氨酸和 β - 丙氨酸。

米勒成功地造出了制造蛋白质的原材料，这件事被欢呼为一个突破，并被看作是对奥巴林理论强有力的实验支持。这篇论文于 1953 年发表之后，他的试验结果在别的实验室也得到了重复，因之各方的情绪也日益高涨，认为对生命起源的全面理论已经成功在望。米勒的实验受到了广泛的普及宣传，充斥在如《时代杂志》(Time) 等大众读物上，并且几乎一夜之间就赋予化学进化论以教科书正统的地位。⁷⁰ 如一位科学作家 William Day 所写的：“这是打破障碍的一个试验。实验的简洁，生成物的高产和特定的生物学化合物……从这个反应中所得到的证据，都足以显示生命起

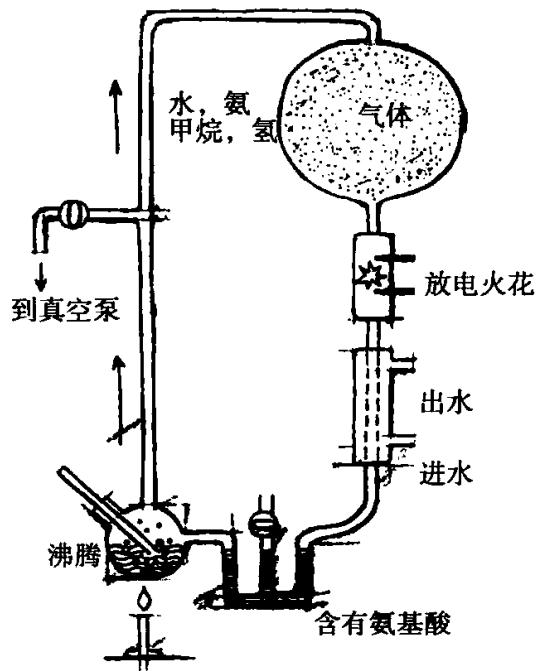


图 2.5 米勒 - 尤里试验

源的第一步并非一个偶然事件，而是不可避免的。”⁷¹

到了1959年，达尔文的《物种起源》一百周年纪念时，情绪和希望高涨。看起来对生命、地球和宇宙全方位的唯物主义的解释已经全面贯通了。一方面达尔文理论的现代版“新达尔文主义”已经牢牢确立，另外证实化学进化论的实验也出现了，进化论科学现在提供的对生命世界每一个貌似设计深刻而全面的自然主义解释，从不起眼的单细胞细菌到最精致的人脑神经结构。一个全面的自然主义的生命起源和发展理论已经天衣无缝地出现了，如果说还不够完整的话，至少它已有足够详细的内容可以把过时的，认为有设计之手参与的想法拒之于外。最终，生命起源问题被解决了。至少看起来如此，直到科学家们开始更深入地思考1953年的另一项伟大发现。

第三章 双螺旋

本章提要

- * 历史性科学的“多种工作假设法”首次露面。
- * 但着手解决历史性科学的问题之前他们需知道要解释的是什么。
- * DNA 的发现是所有解释生命起源所必须解释的。
- * 生命本质的问题和它起源的问题是分割的——奥巴林。
- * 核酸重要性的发现史。
- * 沃森和克里克的详细发现经过。
- * 从今以后信息的来源就成为生命起源所必须解释的问题。

生物学的信息革命于 1953 年正式开始，这是由于 DNA 的分子结构被阐明了。然而这两位终于点燃这场革命之火者在过去却好像是不引人注目的一对。在生物化学发展领域中这两位是无人知晓的，沃森和克里克并没有第一手的实验数据，而他们的有关化学知识却是非常有限。克里克甚至还没有完成他的博士学位，而他所有的学位却是物理学¹。

当时有三班人马在竞争谁能先打开 DNA 结构之谜。当时大多数生物学家假定它对解释遗传特征如何代代相传是有帮助的。

当然跑在前面的首推诺贝尔奖得主鲍林 (Linus Pauling)。其次是以劳伦斯·伯莱格 (Lawrence Bragg) 和迈克斯·佩鲁茨 (Max Perutz) 为首有名气的剑桥科学家。此外伦敦大学的伦敦国王学院 (King's College)，以毛里斯·威尔金斯 (Maurice Wilkins) 为首的第三班人马拥有全世界最精良的影象设备。至于沃森和克里克，则没有一个科学家会把他们放在竞争者的行列中。大多数人看他们为不过几个想跟上研究的年轻人，在卡文迪许实验室东张西望地，窃取 (pilfer) 别人的资料，既没有深度，又在竞赛之外。

一方面伦敦班子在威尔金斯领导之下，以他的 X-射线专家罗莎琳·弗兰克林 (Rosalind Franklin) 刻苦工作收集这神秘分子的实际资料，另一方面看起来沃森和克里克不过在玩高级玩具模型。他们所提出的见解被罗莎琳·弗兰克林所嘲笑。弗兰克林以 DNA 材料制成的晶体所得 X-射线影像广泛的知识，直截了当地说服沃森和克里克和在场的其他人，说他们的玩具模型是离靶心太远。

沃森有一头的野头发，随时愿意不工作去看海迪·拉玛 (Hedy Lamarr) 影片的人；而克里克呢，一个短小精干的人，但已不再是低年资研究人员了，看起来他博士论文还定不下来。他们是谁？他们的实验室曾一度被他人拿去。最后，是取回来了，但几月之后到卡文迪许实验室再张望一下的话，还是看不到任何对他们有信心的迹象。克里克还没有到达，而野头发的沃森在桌子上摆弄他的硬纸片模型，比起伦敦国王学院的精良技术装备相差何止十万八千里！

但是到底还是沃森和克里克点燃了革命之火。后来叫做分子生物学革命，它将会重新定义对生命本质的了解，他强调了信息对生物内部工作的重要性。这个革命还重新定义了科学家研究生命起源的问题，这是从今以后所应当解答的。

起源的本质

在我读博士过程中，知道科学家研究过去的事往往像推理小说中侦探一样的论理。侦探会考虑一些疑犯，并重新建构现场来找罪犯。相仿，历史性科学家——如地质学家、考古学家、古生物学家、宇宙学家和进化生物学家等——他们衡量互相竞争的解释的长处和短处。搞清楚过去某一事件是如何发生的。或一个结构、一件证据是如何产生的。在这过程中历史性科学家用了一个科学方法叫做“多种工作假设法”² (method of multiple working hypotheses)。但科学家在评价使某事件或某结构发生的互相竞争的观念前，他们必须有一个清楚的理解，他们需要解释的是什么。

科学家想要解释生命的起源，最重要的线索是生命的本身——它的结构、功能和组成成分。这就是奥巴林，这位第一个提出全面科学理论的生命起源的科学家说：“生命本质的问题和它起源的问题是不可分割的。”³ 我的导师哈穆克·康明斯的说法是“关于生命起源的中心问题是一个基本的问题：我们所要解释的起源，究竟确切指的是什么？”⁴

沃森和克里克的发现，以及不久在它以后跟随着的，这对我们理解生命的本质起了革命性的变化。这些发现也重新定义了生命的特征，这就是科学家们“需要解释它的起源的”。本章将讲述这个发现并由它所带来的理解生物学的革命——双螺旋的故事。这个历史背景将对以后几章是不可或缺的。为了评价不同生命起源和生物学信息的互相竞争的思想，了解 DNA 是什么是很重要的，它的功能、形状和结构使它能储藏数字信息。在以后几章中我会证明，几个近代理论之所以失败就恰恰是失败在不能解释上个世纪以来科学家的发现，有关 DNA 的化学结构和生物学信息的本质。

遗传的奥秘

自古，人们已经知道一些生活体的基本事实。首先，所有生命都来自生命（*Omne vivum ex vivo*）。其次是当生物繁衍其后代，后代与其亲代相似。相似的产生相似。但是究竟什么东西在生物体内能保证它的后代像他呢？繁殖的能力位于何处？

这是生物学上的长期存在的奥秘之一，过去多个世纪中也有许多的解释。一个理论认为动物把自己的微型复制体保存在男性生殖器官中。另一个称之为泛生论理论（pangenesis）认为，身体每一部分，器官或组织都把自身的一部分称之为无性芽，无性芽（*gemmules*）送到生殖器官以影响它使之传于后代。但当19世纪中叶，这目标就不断转移集中到小的球形包容物称之为细胞的身上，这只有在当时最完好的显微镜下才能看得到的。1839年施莱登（Matthias Schleiden）和施旺（Theodor Schwann）提出“细胞学说”（cell theory），他们肯定地说，细胞是最小的也是最基本的生命单位。在此学说影响之下，生物学家就越来越把他们遗传秘密的研究集中在这些看起来魔术般小单位上，以探图它关键性的内容。但对整个19世纪的后半叶，细胞的机构是完全的奥秘。这就是为什么有名的科学家如海克尔也只能描述细胞是“均匀无结构的一团原生质”⁵的缘故。

与此同时，科学家开始注意到一些遗传特征的传递看起来是依照某些可预测的规律的（先不管这些特征储藏在哪儿）。19世纪60年代孟德尔（Gregor Mendel）在这方面有特殊重要性。孟德尔所研究的是不起眼的豌豆（garden pea）。他知道有些豌豆有绿色种子，有些是黄色的。当他将黄色和绿色豌豆杂交，那第二代的植株一定结黄色的豌豆。如果孟德尔就此停止，他可能会认为使第二代生绿色的能力失去了。但它并没有停在哪里。他杂交那些杂交了的植株。每一亲株都是黄色种子的，但他们的子代却有

细胞中的印记

75%是黄色的而25%是绿色的。显然，第一代杂交种子，黄色的一批，却有某些造绿色种子的东西藏在里头，等候时机在以后世代中，合适条件下再冒出来。⁶

孟德尔称这黄色特征为“显性”而绿色特征为“隐性”。后者可以在某一代失了踪，但是它并没有消失。它存在种子里，以某种形式、信号、记忆、或潜在的能力，准备在将来传代中现出来。孟德尔证明，产生某一特征的因子（以后叫做基因）有它自己的存在方式，并不有赖于此特征是否在个别植株中见到。

孟德尔的发现提出了一个明显的问题：遗传的记忆或信号是如何和在那里储藏的？美国南北战争以后，生物学家集中于细胞核的研究。1869年，米歇尔（Friedrich Miescher），一位瑞士医生之子，发现了以后称之为DNA的东西。米歇尔有兴趣于研究白血球细胞的化学。要找到这些细胞，他从手术后的绷带中收集浓液。然后他加盐酸到这浓液中，溶解了除了细胞核以外的所有其他物质。之后，他加碱，再加酸到细胞核。米歇尔称这过程以后的灰色有机物质为“核质”（nuclein），是因为它从细胞核中提取出来的。不久，其他科学家利用染色方法分离了细胞核中的带状物质。这就叫做染色质（Chromatin）（现在我们叫他做染色体），这是因为细胞染色后它呈鲜明的颜色之故。其后，由于染色质带和米歇尔的核质对酸和碱二者反应相同，科学家们认为它们是同一物质。生物学家观察到，当卵和精结合成一个细胞核时，是同样数目的染色质带合成的。因之，许多人认为染色质和遗传有关。⁷

为了进一步解开遗传之奥秘，遗传学家要详细观察这些染色质带。1902年到1903年，沃森·萨顿（Watson Sutton）发表了两篇文章描述孟德尔遗传律和染色体之间的联络关系⁸。萨顿提议，孟德尔律可以从观察生殖时期的染色体来解释。由于子代从各亲接受同等数目的染色体，它就有可能接受不同特点的能力——孟德尔特征——分别从父体和母体染色体而来。因为这些特征是成

对的，而染色体也是成对的。所以可能产生这些特征的能力是由染色体携带的。

有些科学家想，这个想法是可以试验的。如果想办法去改变染色质带的构成，看由它所产生的生物上所呈的改变效应如何。要找的生物应是繁殖快，具有较简单的特征，当暴露在放射线下能产生改变或突变，而不引起道德上的考虑的。果蝇就是一个最理想的选择。他的生殖周期是 14 天，只有四对染色体，而且，没有人会为它们布置纠察线（译注：例如美国动物权益保护组织）来提出抗议的。

1909 年开始，哥伦比亚大学的摩尔根（Thomas Hunt Morgan）进行了大量的果蝇试验。施以不同突变剂（mutagens）（就是能造成突变的物质），使突变成倍增加。然后他就繁殖它们，积累了大量如山的数据，有关突变的后果以及它们如何从一代传到另一代。他遇到果蝇所有在自然群体中见到的变异例如双胸（bithorax）和白色眼（white eye）等，还有一些新的变异如退化翅（vestigial wing）（见图 3.1）在研究了许多代之后，摩尔根发现，有些特征有联合性。他特别指出四个相联组，他们提示负责携带突变信息的两个实体是位于染色体上相邻的部位。摩尔根设计了一些试验，证明了基因在染色体上据有肯定的直线的次序。⁹



图 3.1 摩尔根所研究的正常果蝇和三种突变果蝇。

到 1909 年，科学家已经能够从染色质带的蛋白质部分分离

细胞中的印记

出一种酸性的物质来。化学家很快确定了这种酸性物质的化学成分。他们称他为“核酸”因为它们来自细胞核。他们还称它为“去氧核糖核酸”，因为他们在分子中称之为核糖的糖分子中找到了去氧的糖（见图 3.2 来比较去氧核糖和核糖）。科学家还知道了这个分子还有磷酸根和四个碱基（base），称之为腺嘌呤（adenine）、胞嘧啶（cytosine）、鸟嘌呤（guanine）和胸腺嘧啶（thymine）它们的化学公式和结构，化学家们已经知道了有一个时期了（图 3.3 显示去氧核糖核酸 DNA 每一个化学组成部分的结构）。

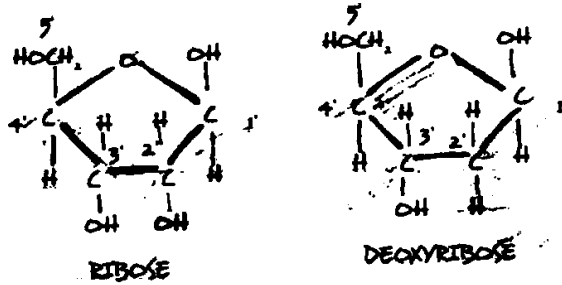


图 3.2 核糖的结构（左）

去氧核糖的结构（右）

科学历史学家们时常描述伟大发现的过程为，“把拼图的小片拼在一起”。以 DNA 说来，这个比喻是很恰当的。1909 年，DNA 的组成和化学部件的结构绝大多数都已经知道了。但是整个分子的结构却还不知道。若要进一步探索遗传信息就要求科学家把各部分用不同的形式组合起来。如果这些片段能正确地拼上——按照我们所知各构成部件的空间、形状成键倾向（proclivities）——这个谜的解答可能就会明朗。每一件都要正确拼上。但是在 1909 年，科学家们还远远不能懂得 DNA 的各分子片断是如何配搭起来的。事实上，过了多年，有许多人对 DNA 的结构缺乏兴趣，因为他们不认为 DNA 与遗传有什么关系。

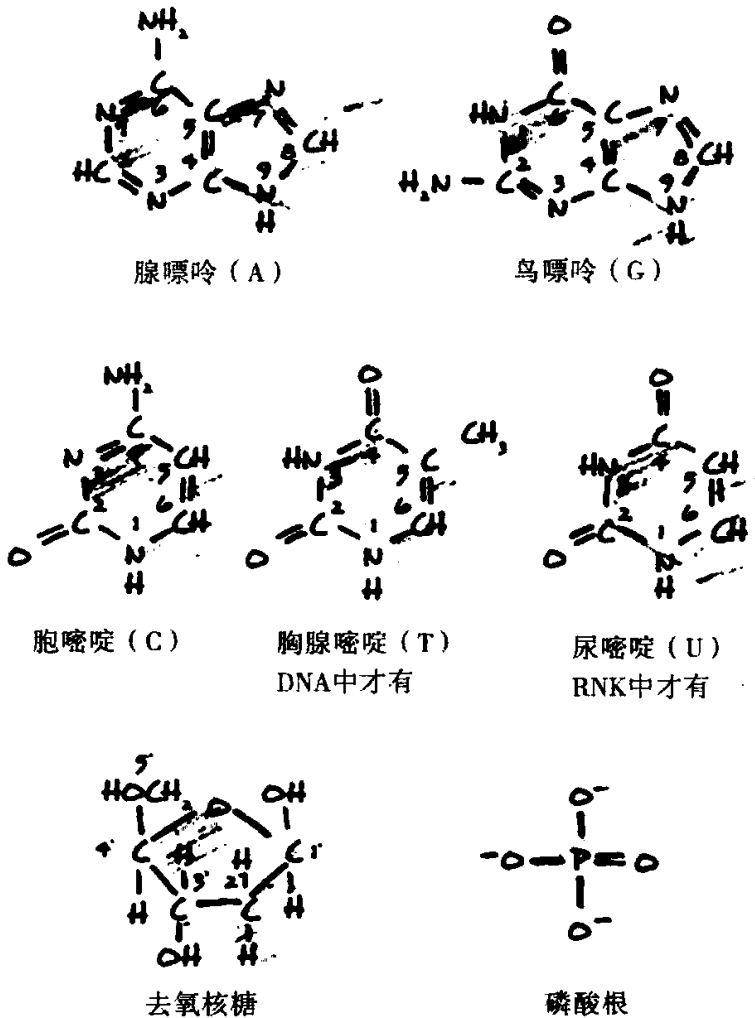


图 3.3 DNA 各组成部件的结构式 (包括 RNA 核苷酸基尿嘧啶), RNA 中有磷酸、尿嘧啶、胞嘧啶、鸟嘌呤和腺嘌呤等碱基以及核糖 (见图 3.2)

许多科学家忽略了 DNA, 因为他们相信蛋白质是传递遗传特性的关键物质。他们偏爱蛋白质是因为他们误解了 DNA 的化学结构。20 世纪早期, 科学家知道了、除了糖、磷酸、核酸之外还有四个碱基, 即腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶和胸腺嘧啶为组成成分。但 1909 年化学家列文 (P. A. Levene) 不正确地报导这四个核苷酸碱基在 DNA 分子中永远是等量出现的¹⁰。为建立他假设的事实, 他提出“四核苷酸假说”(tetranucleotide hypothesis) 按照这

细胞中的印记

个假说，四个核苷酸基以同样重复的次序形成序列，例如 ATC-GATCGATCGATCGATCG。

列文的模型使许多科学家迷失了方向，但这是可以理解的。如果要 DNA 担任产生遗传特征的物质，他一定要具有一些特点能够产生大量不同生物机体的生理特征。即使摩尔根用来做突变试验小小的果蝇也有许多不同的特点，如不同种类的眼睛、腿、翅膀、刚毛和体节比例等。如果建造这些结构的特征比作一种信号的话，那末如果一个分子不断重复同样的信号（例如 ACTG）就不能担负起这个职能来。最多它只能产生一种特征。然而科学家们知道，他们必须在遗传物质内（或生殖细胞系内）找到一种能变的、不规则的特定性。一个信息的源头，具有表现在生物上许多不同特征的能力的来源。因为照列文的说法，DNA 硬性地不变的重复而无变异，DNA 具备上述的功能看起来是先天地非常的有限。

由于若干理由，上述的观点在 20 世纪 40 年代的中期开始有了改变。首先，一个名叫艾弗里（Oswald Avery）的科学家成功地辨认了 DNA 是不同细菌菌株遗传特征的关键因素。¹¹

当时艾弗里在纽约洛克菲勒研究所工作，他对格里佛（Frederick Griffith）对肺炎球菌（*Pneumococci*）所作的试验感兴趣。这个实验是从一个非惊奇的，变到一个惊奇的过程。如果一个致命性（毒性）细菌菌株经过加热而死去，把他注射到鼠上是无害的。没有什么惊奇。然后将活的非毒性菌株注射到鼠上，鼠不死亡。这也无惊奇之处。格里佛把两者——一个毒性的死亡的菌株，一个非毒性的活的菌株——注射到鼠上。鼠就死亡。这是个惊奇的事情。应该是鼠不受影响才是，因为两种细菌在前已经证明完全无害。但两者混合鼠就死亡，好像死细菌突然变得有毒力了¹²。（见图 3.4）

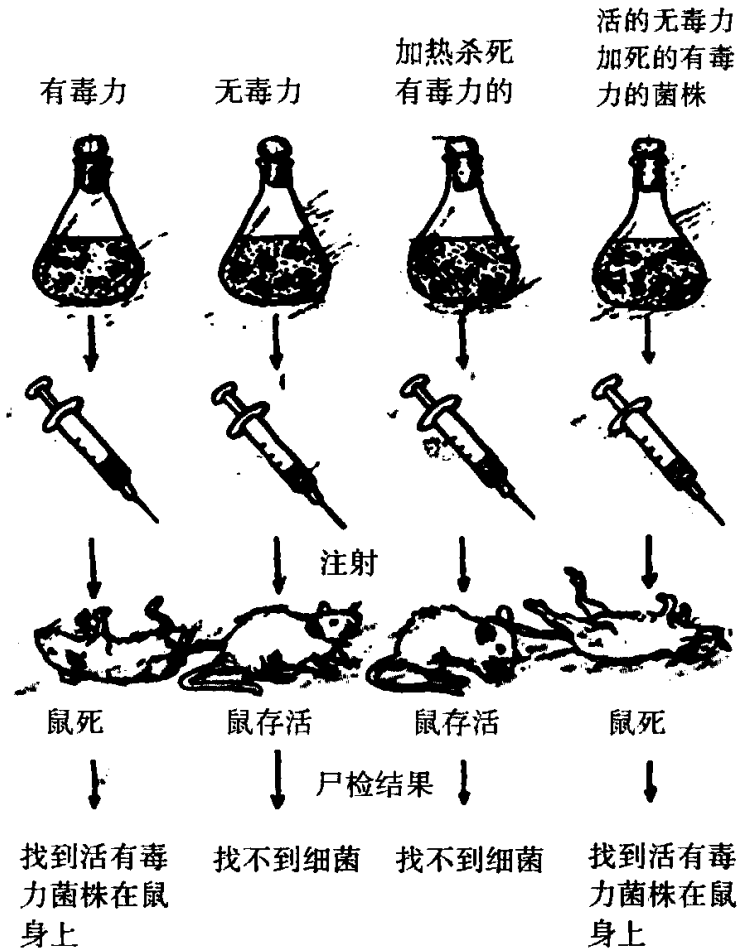


图 3.4 格里佛注射鼠试验

这事几乎太奇怪，不可置信。好像美国的僵尸老电影（zombie movie）一样，一个走动的死人，进攻并转变一个通常的好人成为一个杀人机器一样。艾弗里要追根究底查清这奇怪的现象。他的实验首先把鼠排除在因素之外。科学家们开始为细菌制备丰富培养基，然后把两株细菌放进去，一株是无害的肺炎球菌，另一株是有毒力但是死亡的菌株。而让他们两者在丰富培养基中有直接的接触。几代以后，艾弗里可以开始找到有毒力的活菌株，而过去它是死的。

这里只有两种可能性。一是死菌株活过来了，那是荒诞的。

或者，死菌株中某些物质转移到了活菌株上去使它突然有了毒力。既然除去了白鼠的加杂因素，艾弗里就清楚了找到罪犯的路径。他就着手寻找造成这惊奇转变的物质。1944年，艾弗里和他两位同事，麦克劳德（Colin MacLeod）和麦卡蒂（Maclyn McCarty）在《实验医学杂志》（*Journal of Experimental Medicine*）共同发表了他们的发现。这转变的因子是什么？艾弗里和大家一样，惊奇地发现，这是列文看起来无兴趣的核酸 DNA，从死菌株上的 DNA 转移到了活的菌株上，使得一个无毒菌株突然成为有毒力的菌株¹³。

当哥伦比亚大学的欧文·夏盖（Erwin Chargaff）读到艾弗里的文章后，他立即意识到它的重要性。他看到了“生物学语法开初的模糊轮廓”，他回忆道：“艾弗里给了我们新语言的第一句话，或者说他告诉了我们到哪里去找。我下了决心去找出这第一句话来。”¹⁴

夏盖的试验工作最终给我们更多的证据，DNA 的结构可能是生物变异的来源。他还给我们关于 DNA 分子结构的重要线索。夏盖纯化了 DNA 样本，然后分离他的化学组成部分：糖、磷酸和四个碱基。他用定量分析的技术，找出了每一个成分的比例。在这过程中，他发现了一个令人不解的规律性。腺嘌呤的量永远和胸腺嘧啶相等，鸟嘌呤的量永远和胞嘧啶相等。¹⁵

这个发现是费解的，部分原因是夏盖还发现了意外的不规律性。这意外和列文的“四核苷酸假设”是相反的。夏盖发现个别核苷酸的频度，在种与种之间是不同的；但在同一种或在同一机体的器官或组织中却是恒定的。¹⁶更重要的是，夏盖发现，即使核酸的碱基（A、T、C 和 G）有同等比例，序列变化的数目可以是“巨大”的。他说，不同 DNA 分子或部分 DNA 分子，可以“在序列上相异……（虽然）在成分比例上可以相同。”¹⁷

换言之，一条 DNA 可以像是一条二进位计算机码。这个富有信息的零和一将是一个完全不规则，不重复的二码序列，但如

果这条链够长，零和一的总数会接近相等。所以夏盖论证道：和“四核苷酸假设”相反，DNA 的碱基序列很可能展现了高度的变化性和不规则性，符合任何遗传的携带者的要求。¹⁸由此，1940 年后半期，许多人都开始猜想 DNA 是传递遗传信息的好候选者。但当时没有一个人知道它是如何操作的。

不起眼的英雄

詹姆斯·沃森要渡洋去找。作为一个廿三岁的人，他的业余时间一度全花在观察野鸟上。在寻常的一瞥之下，他并不显得有任何经验或是具有非凡的洞察力以解开这奥秘的人来。但看起来不过是个和气的年轻人却有他不凡的一面。沃森过去是芝加哥“测验孩子”（*Quiz Kid*）电视节目的神童，十五岁就进入了芝加哥大学，十九岁就得到生物学士学位。到廿二岁他在印第安纳州大学获得博士学位。他的导师卢瑞亚（Salvador Luria）是病毒遗传专家。沃森的博士研究集中在病毒遗传学上。在这过程中他学习了不少生物化学和放射遗传学。有一个时期他还选修了缪勒（Hermann J. Muller）的一门课。缪勒是研究果蝇而著名。虽然沃森夸奖了这一门课，但他认为基因放射研究的黄金时代已经过去。要用新方法来叫 DNA 揭露它的秘密¹⁹。

在他毕业以后，沃森不断地思索，并打听是否有消息研究 DNA 的新方法。他到了哥本哈根去做博士后研究。在那里他和丹麦科学家玛楼埃（Ole Maaloe）共同作实验，玛楼埃使他不断加强对 DNA 而不是蛋白质才是遗传信息的携带者的信心。然后 1951 年春季，在那不勒斯的 X - 射线单晶衍射学（X - ray crystallography）会议上遇见了毛里斯·威尔金斯（Maurice Wilkins），他是伦敦国王学院的实验室主任。在那次交谈中，沃森被一个思想所抓住，那就是要搬到英国剑桥去。在那里有不同的专家聚集以发现遗传的秘密²⁰。

1951年他在卡文迪许实验室找到了一个位置，是在奥地利人佩鲁茨（Max Perutz）和英国人布拉格（William Lawrence Bragg）手下，他们二位都是用X射线研究大生物分子的名专家。沃森很快和克里克结成伙伴，他是理论物理学家，他懂得可贵的一点化学，但他曾用高深数学来发展理论的洞见使他用X射线来研究蛋白质的结构²¹。沃森找到了和他有共同思想的伙伴。他们俩都对遗传有兴趣，但他们都想若要更深地了解遗传，只有科学家了解“基因是什么和做什么”²²才行。对沃森来说，至少，这意味着了解DNA的结构。他不久就说服了克里克，解开了这问题就使它有可能了解遗传信息的传递。克里克对蛋白质结构了解的经验 and X线影像技术就对此很有帮助。他具有在完全不同的场合下，找到其他更专门的科学家们所遗漏但有意义的图案的技巧。

沃森和克里克还有一个重要的素质不常在科学家们中找得到的，但对新发现，或挑战过时的思想框架却是不可或缺的。有必要的话他们二位敢于问问题，即使这个问题暴露了他们的无知也罢，自己羞愧也罢，就为了追求解答。²³他们没有为世界级的名誉而担忧，他们不怕失去什么。他们追求解答，不会受到因考虑自己的尊敬而被束缚。他们把精力都投入收集原始资料上，但是真正需要的是新思想，他们也不觉得害羞。他们可以让别人去收集材料而自己集中精力在全局上。但他们专注把不断增长的每片的拼图部件重新组合，以寻求卓越的、明了的、综合性解答。²⁴

1951年，他们不过刚开始在这问题上工作了几个月，沃森和克里克就把他们的首度模型在剑桥卡文迪许实验室的学术会上公诸于众。毛里斯·威尔金斯、罗莎琳德·富兰克林和其他两位从伦敦国王学院来的科学家也出席。他们在卡文迪许的上级劳伦斯·布拉格也出席了。这次会议结果很差。沃森和克里克把DNA表达为三条螺旋。富兰克林不同意。虽然糖-磷酸的骨架分子可以形成一个螺旋，但她坚持，对X线研究这想法还没有“一丁点儿的证据”²⁵。不过仅仅因为最近新发现的蛋白质结构是螺旋形

的，所以这种想法才会悬在半空中。

其他方面，这个模型显然是错的。沃森算错了 DNA 分子的水的密度（DNA 所吸收的水会决定度量是采用“A-型”或“B-型”的结构，二者取一。）如果用正确水密度来计算 DNA 的空间度量，这个模型的合理性就被瓦解了。沃森和克里克还把糖-磷酸的骨架放在分子的中间，而碱基则向外支出，看起来有点像一棵扭曲的树，支在外面的是粗短的树枝。富兰克林正确地指出，DNA 只有当磷酸分子位于外侧，不是内侧，才能方便地吸收水分。磷酸分子组必须在模型的外侧，方能易于吸收和保持水分。²⁶

布拉格教授自己即使没有什么，他却是为他们而受窘。他就令沃森和克里克停止 DNA 的工作。克里克则继续去完成他的博士论文，沃森则分配去做病毒的工作。

收集线索

失败并没有令他们气馁，这两位迂回曲折地回到了他们原先的工作上去。他们思忖着，探听着，摆弄他们的玩具模型，采取英国和外国不同专家好的想法。1952 年，不断增长的科学家们放弃了分散注意力的蛋白质分子，而集中注意力于去氧核糖核酸。其中有两度诺贝尔奖得主鲍林，他是加州理工学院的化学家，曾经找出了蛋白质分子中的一个重要结构的形状，alpha-螺旋。沃森和克里克意识到时间不容等待。随时都会有人在他们之先发现这个神秘分子的结构。然而他们的担心却也带来他们的窃喜，可能科学界总体上已经知道得够多的了。可能并不需要新证据，所需要的却是新鲜的洞见，如何把各零散的证据拼到合适的位置上。

当其他人有条不紊地在解决这个问题，不断地在实验室集合数据时。沃森和克里克的行动则像电影故事中穿软底鞋的侦探一样，从一个地方溜到另一个地方，寻找线索来帮助他们决定不同

细胞中的印记

假设的优劣。直到 1953 年 1 月 28 日，沃森从鲍林的儿子那里获得了一份鲍林写的科学文献草稿，他儿子名叫彼得，当时正在剑桥约翰·肯德鲁手下做博士生。²⁷老鲍林设想 DNA 是一个三螺旋结构和年前沃森和克里克所提很相似。他给了彼得，彼得转手给了沃森和克里克。

和沃森和克里克原先模型一样，鲍林设想三条糖 - 磷酸骨架在分子正中间（在内部）而核苷酸的碱基在外，面向外侧。这时，沃森的担心就如一块石头落了地。他太知道了，鲍林的模型不能是对的。那末，该是什么呢？两天以后，以鲍林的手稿为引，他跑到伦敦大学去看看他能发掘出什么来。²⁸他要到伦敦国王学院实验室，一窥 DNA 最好最新的影像。

此实验室虽然备有最新的尖端技术，从概念上来看这技术也就是用物理学的方法。向目标投掷一些东西，来看它们的反弹和穿越。收集信息，分析它们，研究目标的原形是如何的。蝙蝠用这个技术为飞行导航。它的回波导航系统对目标发出声波，然后计算回波的时间，它就能“看”或定位周围的目标。我在第一章曾提到，地质物理学家也用同样的技术。他们发送声波向地下深层，然后收集回波，来看地球表面下的影像。

研究 DNA 结构的关键技术也适用这个原则的。代之以发出声波来探测 DNA 结构，伦敦国王学院用 X 射线射向 DNA 的纤维。代之以分析反弹的波，他们收集通过分子的射线。看射线如何改变方向，如何被目标所衍射，通过这些科学家最后能了解 DNA 的结构。

罗莎琳德·富兰克林是公认研究 DNA 技术的专家。这就是沃森去那里的原因。起先，富兰克林发现取决于水是否存在，DNA 有两种型具有不同的度量（dimensions）。这本身就是一项巨大的突破。因为以前，如果任何人要用 X 射线去观测 DNA 的话，这两型交混在一起，就会模糊了结果。有了这个突破，富兰克林就着手研究分离这两型的方法。她开发的这技术要求非常高，但



图 3.5 罗莎琳德·富兰克林 (1920 - 1958)
(经 Science Source/Photo Researcher 准许)

也非常有效。现在她能做“B - 型 DNA”的衍射图。当沃森出现在国王学院实验室中时，他和富兰克林在一个紧张的气氛下交谈。他教训式地向她讲课，论述螺旋理论，并且为什么 DNA 必须是一个螺旋。富兰克林则坚持还没有得到证明。富兰克林就从实验室长桌后愤怒地站起来，明显是因沃森的自以为是和低看了她而愤怒。沃森匆忙地从富兰克林实验室中退了出来。后来他说他怕挨打。²⁹

但从实验室往回走之先，沃森去见毛里斯·威尔金斯。给了他几句激将词之后，威尔金斯就将富兰克林最好的 DNA 的 B 型 X 线图给他看。这图像相当清晰地展示一种称之为马尔他十字形 (Maltese cross) 的图案 (见图 3.6)，沃森极为高兴。因为从克里克所教他的，他知道他看到了螺旋图形的证据。在回家的火车上，沃森凭记忆把图像草图画了下来³⁰。克里克见到草图和询问沃森之后，同意这一定是个螺旋。但它是什么样子的？和 DNA 各个化学组成部分是如何镶合到这结构上去的？

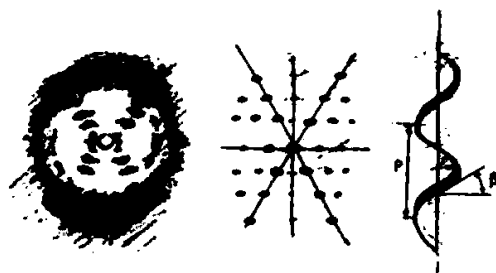


图 3.6 马尔他十字形 DNA 结晶的 X 射线图像，右边的螺旋代表科学家认为这个结构产生了马尔他十字形 DNA 结晶的 X 射线图像。

从其他来源得到的线索终于帮助了沃森和克里克解决了这个问题。年前，他们和态度生硬而智慧的欧文·夏盖共进过餐。那时夏盖正在剑桥访问。在进餐的时候，他们问了一些问题而暴露了他们对有关化学的无知。具体来说，显然席间他们并不知道夏盖有名的对应性（correspondences），或称“规律”，它建立了 DNA 中鸟嘌呤的量 and 胞嘧啶的量相等（ $G = C$ ），以及腺嘌呤的量和胸腺嘧啶的量相等（ $A = T$ ）³¹。这位有名的生物化学家，基本都知道当时有关 DNA 的化学，他被这对有说有笑的，没有基本知识而有进取心的年轻人所惊呆了。夏盖还逼克里克承认，他并不知道四个核苷酸基的化学结构，而在当时所有其他竞争者中，这应是个常识。³²

夏盖后来回想这对看起来不大有智慧的科学家却完成了世纪的发现的讽刺意义。“看来我错过了认识这一个历史意义时刻；这是一个改变生物学心跳节奏的时刻。据我所知他们并不会因化学知识所妨碍，尽力想找到如何把 DNA 放到一个螺旋里。我并不记得我是否实际上看到他们的多核苷酸链的比例模型，但我不认为曾看到它，因为他们还不清楚核苷酸的结构。”³³虽然他看不起这对雄心勃勃而什么都不知道年轻人，但或许就是为了这个原因，夏盖还是把他所发现的对应性告诉了他们³⁴。

所以，当沃森在 1953 年 1 月末从富兰克林和威尔金斯那里访

问回来后，他和克里克知道了核酸的几个关键事实。夏盖的规律之外，他们还从富兰克林 X 射线图像知道 DNA 几乎完全肯定它是以糖和磷酸组成为骨架的一个螺旋。从 X 射线图他们还知道 B - 型 DNA 的关键度量。横 20 埃 (angstrom) 纵 34 埃为一整圈的螺旋 (一埃为一个氢原子的长度，为十分之一微米) 他们还知道富兰克林肯定糖和磷酸的组成为骨架磷酸应在外侧。³⁵

他们还知道他们有竞争者。毫无疑问，沃森去伦敦的部分原因是因他偶然的获得鲍林的原稿。虽然沃森因鲍林的错误而大大宽心，但他也理解用不到多久，鲍林会发现他自己的错误。读了鲍林的原稿，富兰克林也知道这是错的。鲍林所提出的结构糖 - 磷酸螺旋条索通过分子正中。因此这模型就要求碱基水平地从螺旋指向外侧。这就是说这些外指的分子不会形成一个光滑的或肯定的边界，这就形成一个参差不齐的突出结节。而富兰克林知道 X 射线资料这些分子显示肯定的 20 埃的直径。这个精确的度量是鲍林所提模型的不规则边缘所不能达到的。³⁶

鲍林的模型还不能实现夏盖的对应性。此外他还有密度问题。三个螺旋通过分子正中，位于分子正中的原子密度就太高和已有的数据不符。X 射线和化学测验发现，每一圈螺旋的碱基数 (约为 10)。三重螺旋的每单位长度的密度就比双螺旋的相比要高。当沃森发现了这个密度测量 (DNA 分子纤维每单位长度的碱基数) 以双螺旋比三螺旋为接近。他和克里克不但拒绝了鲍林的模型，他们还拒绝了全部的三螺旋模型。他们确认 DNA 最接近双螺旋的某一种模型。³⁷ 他们离开解谜已经相当接近了，但对竞赛的其他人也是如此。沃森和克里克意识到，时间紧迫，而他们还有他们自己的空间问题。

模型和分子

为了解开这谜，沃森匆忙开始建立一系列的模型。他首先的

细胞中的印记

一个就是双螺旋，但还是处在分子的正中，无视富兰克林早先的坚持要把磷酸暴露于分子的外侧。克里克后来回忆道，他们持定这个样式是因为他们想生物学要求这么做。如果 DNA 真是遗传信息的分子，那末，DNA 应该有某些方法来复制这些指令。把碱基放在外侧使他们容易想象这些碱基是如何在细胞分裂时被复制的。此外，把碱基放在分子外侧，就不必设想这些碱基在条索中是如何配合的。“只要碱基在外，我们就不愁如何把它们装进去。”克里克说。³⁸

不幸，放置在外会在解释其他事实上造成更大的困难。首先，外侧参差不齐的碱基不会产生一个稳定的 X 射线测量的 20 埃的直径——这是富兰克林早先所提出的一点。还有，把碱基放在糖-磷酸骨架的外侧，难于解释 DNA 怎么会形成结晶的。结晶是固态的化学结构，它形成高度规律的结构叫做晶格或点阵 (lattice) 是同一化学结构不断重复的结果。当长条索 (A 型) DNA 分子互相靠近排列就形成 DNA 结晶。打个比方来看 DNA 结晶是怎样的，譬如在赛车场一系列的平行道径，DNA 就像每一道径有同等宽度。现在想象着这些道径不是笔直的，假想他们来回曲折但还保留着等距离。

沃森所设想的碱基在外侧的模型，其参差不齐边缘的分子并不符合于形成等间距平行条索 DNA。不规则的边缘可能互相黏连起来，但只是一个不规则的镶嵌。既然能用 X 射线来研究 DNA 分子，只有其分子式等距，平行排列的才有可能。

把碱基放在外侧，骨架放在里边，还有一个困难，这个结构不能满足所量到的碱基之间的距离。X 射线测量数据表明，每一个在骨架上的碱基之间的距离为 3.4 埃。但是把骨架放在正中，而不放在外侧，这个螺旋会有一个较陡的坡 (上升角)。沃森，很快发现他的内骨架模型的坡会有太多的空间位于糖和糖之间 (也就是碱基之间) 来符合 3.4 埃的 X 射线测量。沃森在摆弄这模型时，他还理会到骨架的化学性质限制它压缩或伸张以调整一

定间距的要求。科学历史学家欧尔比 (Robert Olby) 回忆道, 总的结构看起来是“挺糟糕的”³⁹。

所以, 很清楚必须改变方向。沃森就试把骨架放在外侧, 开始并不理想, 但是两件新突破发生了。

两次“啊哈”

第一个突破是克里克的一闪念的洞见。当沃森想把碱基放在螺旋内部, 把骨架面外, 他仍有困难。沃森不知道, 如何把两条糖-磷酸骨架互相地放置起来会有相关性。他知道 DNA 分子的骨架有结构上的不对称性。每一磷酸联合到核糖一头的碳原子, 而在另一边连到了核糖的不同碳原子。磷酸一头连于核糖 5' (5' 炭); 另一头连到了 3' 炭 (见图 3.7), 化学家知道他们的区别, 沃森当然也知道。

但当沃森在建造模型时, 他假设两条骨架是以*同一方向*伸展的, 互相平行。每一个骨架都从 5' 一头开始走向 3' 一端不管怎么摆弄, 他还是不能将碱基拍合——互相连接——成为一个稳定的分子*全部*。这时一个关键的洞见来到了。

克里克的博士论文是研究蛋白质的。所以他了解蛋白质的螺旋结构。他知道有时一段蛋白的甲型 (alpha) 链可以平行而反方向的。那就是蛋白质螺旋的一段可以向上, 再转身向下行在螺旋的第一段旁, 好像一个倒置的“U”形。有一天当他读医学研究会议 (Medical Research Council) 报告那份高度技术性的 X 射线 B 型 DNA 的衍射图的描述, 总结了罗莎琳德·富兰克林的数据⁴⁰, 克里克理会到她所描述的图案——称之为“单斜 (晶系) 的 C_2 对称性” (monoclinic C_2 symmetry) 是指向了一种相反平行双螺旋结构。不再是两条 5' 到 3' 同方向行进, 克里克理会到, 富兰克林的数据指示了螺旋的一条*自下而上* 5' 到 3' 的方向, 另一条*自上而下* 以*不同方向* 的 5' 到 3'。他还理解从研究 X 射线数据所得

细胞中的印记

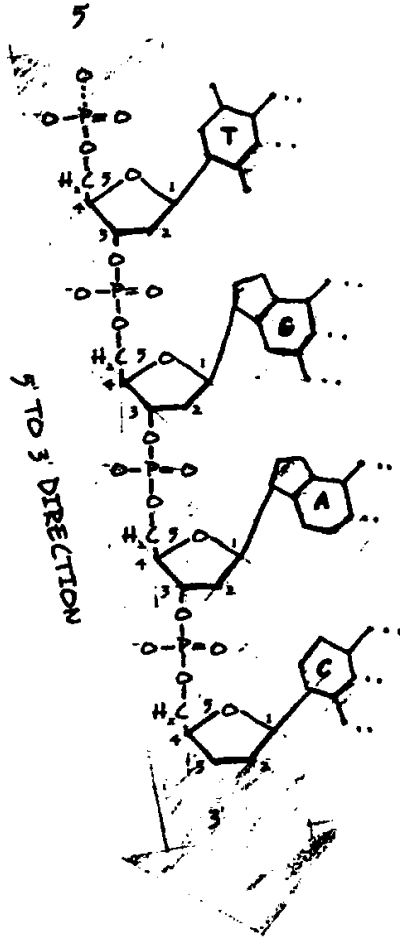


图 3.7 DNA 的糖 - 磷酸骨架，图示磷酸如何一头连到糖的 5' 碳原子，而另一头连到另一个糖的 3' 碳原子。遗传文字（一串碱基）就书写于这 5' 到 3' 方向的 DNA 分子内。

的量度，这对相向而平行的骨架不是分别的分子，也不是像蛋白质一样同一条分子跑上去再转回来。它确是两条分别的条索互相环绕。它们只不过靠得太近，不可能是其他。（见图 3.8）

克里克的洞见只有他具有晶体学的特殊的专长才有可能。那时，沃森几乎不能明白克里克的议论。他花了好长一段时间才理解他。可一旦他用反向平行的糖 - 磷酸骨架，他的模型全部就较为满意和有成果——虽然他还首先要得到自己的洞见。

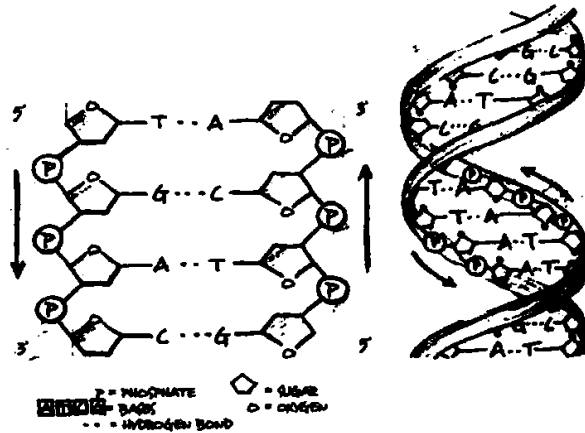


图 3.8 DNA 相反平行的条索互相绕环 (左) 平面表达 (右) 立体表达

我知道啦! (Eureka!)

沃森在 1953 年 2 月底重新建造模型，他用剪下的硬纸片来做，因为金属模型还在金工车间制造中。⁴¹对他的挑战就是把这四个不规则型的碱基放到两条绕曲的糖 - 磷酸骨架的有限空间之中。还要做到同时考虑符合每一个碱基的性质和如何与糖相连。他研究了他所能找到的每一篇科学文献有关碱基的度量、化学倾向等。沃森还知道碱基之间会形成一种弱键称之为氢键。可能他能够用两个碱基的氢键来连接两条骨架以占有其空间。看起来这是可行的。但有一个复杂因素，碱基不是同一个尺寸。其中两个，腺嘌呤和鸟嘌呤，称之为嘌呤类有大双环结构。另两个胞嘧啶和胸腺嘧啶，称之为嘧啶类，是单环较小的结构 (见图 3.9)。

沃森试图把同类的碱基放在一起，它能够连在一起形成双氢键，同类和同类能够架在两个骨架之间。诚然，他能想象它们能够形成绕曲扶梯的各级。但是这有问题。沃森发现，如果他用同类和同类为一对，那他的螺旋两条骨架之间就不能是等距离的。

细胞中的印记

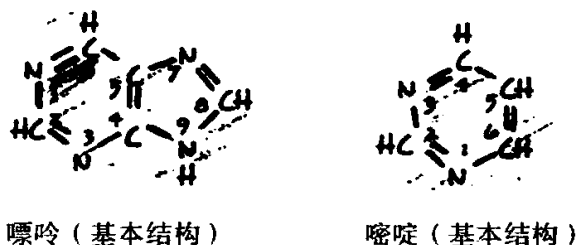


图 3.9 嘌呤和嘧啶的基本结构。注意嘧啶是一个单环结构而嘌呤则有双环。腺嘌呤和鸟嘌呤是嘌呤类。胸腺嘧啶和胞嘧啶是嘧啶类。由于互补碱基对永远一个是嘧啶另一个是嘌呤 DNA 扶梯上的每一级都有相近的尺码和形状，不论是腺嘌呤和胸腺嘧啶对或是鸟嘌呤和胞嘧啶对。

那对大的嘌呤碱基就引起螺旋在某处鼓胀起来，而那对小的嘧啶就使间距缩小。此外，还有其他困难。实验室助理杰里·多纳休 (Jerry Donohue)，他对含氮碱基的特性非常熟悉。他坚持认为沃森是错了⁴²。是的。绝大多数碱基有一种或两种形式，一种较常见的“酮” (Keto) 式和不常见的“烯醇” (enol) 式。这两式在结构上稍有不同，反映了他们原子结构形式上的不同。沃森不自觉地四个中的三个碱基采用了少见的“烯醇”式而不是 DNA 实际上的“酮”式。沃森听从了多纳休内行人的意见，重新用正确的“酮”式来做碱基。但是这一来氢键就难以在同类和同类对之间建立。⁴³

这节骨眼上沃森的洞见就启发了他。他回想起那是在 1953 年 2 月 28 日，他在等待他的金属模型从卡文迪许车间送来。他清理了桌子上的纸张，建造了一个临时硬纸片模型，他开始变着方向试着把他们配合起来。一开始，他仍以“同类和同类的偏见”，但很快他发现此路不通。他开始试其他的配搭：“突然我发现腺嘌呤和胸腺嘧啶对能以双氢键连接，而这与鸟嘌呤和胞嘧啶对（他们至少有二对氢键）有同样形状。所有的氢键看起来都是很自然地形成的，不需做任何的修改和加工以使两种碱基对形状上相同。”⁴⁴

在螺旋的每一级上 AT 对和 GC 对在长度和形状上完全相同。他把这些对放到两条骨架之内。现在这绕曲的扶梯就能维持同等

的间距。即不鼓也不凹，一切都恰到好处。

睿智的双螺旋

沃森惊叹着那被立起在他面前的双螺旋，“两种不规则序列的碱基能够有规律地放置在螺旋的中心，”⁴⁵这个新结构也解释了夏盖的规律。如果 A 只和 T 配对，C 只和 G 配对，那末当然 A 的量永远等于 T，而 C 的量永远等于 G 了。另外，还容易看到如果两条分离以后，再让 A、T、G 和 C 各就各位，在一单条上寻找它们氢键的自然伙伴，不用多久，这个单条就会成双条，一下子，螺旋的扶梯就自我复制了。克里克来到实验室很快地发现，沃森的新模型还解释了几个明显的 DNA 的事实。⁴⁶

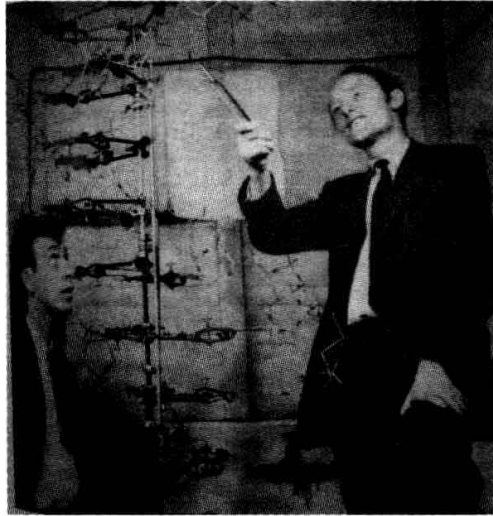


图 3.10 沃森和克里克在讲述他们的 DNA 双螺旋模型

A Barrington Brown/Photo Researchers, Inc

这个新模型是美丽的，而且特别符合试验数据。克里克看到他和沃森在“几度错误”以后最后终于找到了他们的所要的金子。⁴⁷午饭时，克里克告诉每一个在鹰吧（Eagle Pub）的人（鹰吧在剑桥 Free School Lane 卡文迪许的转角上），说他们发现了生命

细胞中的印记

的秘密⁴⁸。1953年4月25日，一篇看起来颇为含蓄的文章发表在《自然》(Nature)杂志上。这篇文章只有九百字长，签署者是一对不知名的人物 J. D. Watson 和 F. H. C. Crick，文章题目是不显眼的“核酸的分子结构：去氧核糖核酸的结构”。然而这是生物学的革命。

这个沃森 - 克里克模型很清楚地表达 DNA 结构的复杂性，令人有深刻的印象。它是一个非常长的分子，其外侧有糖和磷酸规律地排布，但在内侧可有许多四个碱基的不同排列的潜力。因此它具有令人印象深刻的变化性和复杂性的序列，这也是传递遗传信息所必要的。正如沃森和克里克后来所解释的：“我们模型的磷酸 - 糖骨架是完全有规律的，但是任何碱基对的序列可以适合地放置其中。因此在一个长分子中，许多不同排列组合都是可能的，所以很可能这些碱基的精确排列就是携带基因信息码的所在。”⁴⁹因此，他们的论文不但描述了 DNA 的结构，它还预测了在它之后的发现：DNA 是信息的储存地。

沃森和克里克的发现彻底改变了我们认识生命的本质。19世纪末，绝大多数生物学家认为生命只是依靠物质和能量。但在沃森和克里克之后，生物学家开始认识到第三个基本实体 (entity) 在生物上的重要性：这就是信息。这个发现将要重新定义生命，从今以后，它是凡有关生命起源的理论所必须解释的。

第四章 细胞中的印记

本章提要

* 信息的定义：一连串特殊排列的东西，其内在的属性可以传递并能产生一些特定的效应。

* 香农信息量度了非机遇性，但是不能辨清信息是否有意义，故不能达到上述信息定义下半的要求。

* 蛋白质的复杂形状和功能的发现显示它并无携带遗传因子的功能。

* DNA 序列假说的全面求证显示 DNA 携带有特定功能的信息，超越了香农信息的范围。

在达尔文的时代，绝少生物学家（若有的话）谈论生物或遗传信息。但如今，他们经常提到 DNA、RNA 及蛋白质为信息的传递者或贮存库。生物学家告诉我们 DNA 贮存并传递“遗传资料”，它表达“遗传信息”，它贮存“装配指令”。它是“遗传蓝图”，或“数字码”。¹生物学已经踏入了它自己的信息时代了，试图解释生命起源的科学家也注意到这些发展。生命不仅仅是由物质和能量组成，还有信息。物质和能量的存在远早于生命，那么这生命系统的第三个组成部分就登上了舞台的中心。在宇宙历史上的某一点诞生了生命的信息。但如何开始的？自称能解释生

命起源的理论必须回答这个问题。

然而严谨地说，到底什么是信息？什么是生物的信息（biological information）？自从上世纪 40 年代末以来，数学家和计算机科学家开始定义、学习、量度并量化信息。但他们认为，信息是可划分为几个具有不同概念的种类。DNA 所含的属于哪一种信息呢？研究生命起源的科学家必须用哪类信息来解释 DNA 的起源呢？

正如我们将要看到的，回答这些问题是很重要的，因为 DNA 含有一种特定的信息，它的起源加深了它的神秘性。

信息的两大定义

大多数的人用“信息”（information）一词描述一些知识。当我们说，某人传递了一些有趣的信息，我们的意思是说某人告诉我们一些前所未闻的事，现在我们知道了，感谢他。也就是说，信息相当于知识。韦氏大字典给信息下的第一条的定义反映了这观念：信息是“传达或接受知识或智慧”。这个观念在我的许多学生中已根深蒂固，因此当我谈到化学分子中贮藏了信息时，他们一时会感到费解。在某种意义上可以这样说，DNA 分子中贮藏了“如何”在细胞中制造分子的信息。但 DNA 与接受它指令的细胞机器并没有意识，在此将生命信息视为知识是有点不相配。

但是我们的英文字典指出另一个常用的含意适用于 DNA。例如韦氏大字典给信息下的第二个定义是：“一连串特殊排列的东西，其内在的属性可以传递并能产生一些特定的效应”（The attribute inherent in and communicated by alternative sequences or arrangements of something that produce specific effects）。按照这个定义，信息是由一连串能担负交流以至于完成特定使命的符号组成。因此，在常见的使用中，信息不单指语句中一系列的英文字母的排列，也可以是软件程序中一段二进码。在这种意义上，信息并

不需要一个有意识的接受对象；它只涉及一连串的、能产生特定效应的符号。这就给“DNA 带有信息”下了一个很精确的定义。DNA 中含有的核苷碱基属于“特殊序列”（alternative sequences）它能产生某种特定效应。当然，无论是 DNA 或使用它所包含信息的细胞机器都不是有意识的。同样地，书中的一段，或软件中的一节（或计算机中能“阅读”它的硬件）也并非有意识的。然而，软件是明显地含有某种信息在内。

这一切对我来说，早于 1985 年已相当清晰了。当时我刚开始思考 DNA 之谜，但有一些使我困惑的事。我作为一名技术人员，惯于每天用计算机处理信息。我很熟悉信息贮存、处理和传递这门科学，这称之为“信息论”（information theory）。信息论是 20 世纪 40 年代由麻省理工学院一位年轻的工程师和数学家克劳德·香农（Claude Shannon）研发出来的。香农研究的是一支偏门的代数，自然很少人关注。他后来因发明喷射推进的飞盘（Frisbee），并在贝尔研究所的走廊里骑着单轮自行车穿来穿去，并同时抛耍四个球而扬名。1937 年他在整理他的硕士论文，对很多人来说那却是绝对枯燥乏味的东西。香农借取 19 世纪数学家布尔（George Boole）将系统中的逻辑公式表达为数学形式如“是”与“非”，应用在电子线路的开关上。

1983 年，香农承认：“我素来在追逐我的兴趣上，并不多考虑经济价值或对世界的价值；我花了很多时间在毫无用处的事上。”²但他的硕士论文绝非无用，后来被称为“可能是本世纪最重要和最著名的硕士论文”³，并且成为数字线路和数字计算机理论的基础。在这些基础上，他并不中止铺设基础，而是继续发展他的理念，最后终于出版了《通信的数学理论》（The Mathematical Theory of Communications）一书。《科学的美国人》称之为“信息时代的大宪章（the Magna Carta of the information age）”⁴。

香农的信息论提供了一套数学法规，以分析符号和字母怎样在通信的渠道中传递。自从 1985 年的会议唤醒了我对生命起源

的兴趣之后，我开始深入研读香农的信息论。我发现他信息的数学理论可以应用在 DNA 上，但是有一个隐藏的问题。

香农信息论

香农的信息论基于一个基本的直觉：信息与不确定性（uncertainty）成反比。一段陈述的信息量越多，它的不确定性就越低。

试想以下例证。我住在多雨的西雅图，特别是每年的 11 月。如果有人告诉我 11 月会下雨，这句话没有太多信息。我可以相当确定 11 月会下雨的。这句话并没有减低不确定性。相反，我不知道明年 5 月 18 日西雅图的天气会是怎样，我不能确定。如果一位经验老到（能做跨时间来回），从不食言的天气预报学家告诉我，明年 5 月 18 日西雅图天气特冷将会下一场小雪，这一句是充满信息的话。它告诉我凭我自己已有的知识所不可能预测的事——它将减低我对西雅图那一天天气的不确定性。

香农想要发展出一个理论能够量化贮存于或在传递渠道中信息的多寡。他的做法首先将信息的概念与不确定性结合，然后结合这些概念来量度概率。

根据香农的理论，在一系列的符号或字母中传达信息的量（和减低不确定性的量）是与一件特殊的事件、符号或字句的体现的概率成反比。试想投掷一颗六面的骰子；然后想象抛投一个硬币。结果骰子显出了一个六；硬币的尾朝上。在掷骰子之前，它有六个可能性。在抛硬币之前，它有两个可能性。投掷骰子的结果减低了不确定性，而根据香农信息论，掷骰子携带的信息量大于抛硬币。请注意，这可能性越低的事件携带了更多的信息。将信息与降低不确定性结合，香农的理论暗示着信息与机率之间的数学关联。具体地说，它显示了某一事件所携带的信息量是与实现它的概率成反比。可能性越大，其中之一实现的可能性越

小。因此，当其中某一个可能性实现时，它所传递的信息量也越大。

香农的理论暗示，当一连串字母的数量增长时，它的信息量也随之增长，正如我们所期。抛出一块公平的硬币得到头像的机率是二分之一。一连得到四个头的机率是 $1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2$ ，也就是 $(1/2)^4$ 或 $1/16$ 。因此，获得一特定的头尾组合的概率将随抛掷的次数降低。而其信息量则随抛掷的次数增加。⁵ 正如所期。一段书所含的信息量比其中一句的要大；一句的信息量比其中的一个字大。如果所有事物都相等，短的序列所包含的信息量少于长的序列。香农的理论用数学的形式解释了为什么：不可能性与字母的数量（和所有可能性的总和）同步增加。

香农主要的贡献是他的理论提供了一种衡量一串符号或字母系统中的信息量。而他计算一个传递系统中，信息量的公式很容易应用在任何一连串的符号或编码系统。如果这系统用的单元具有像英文字母那样的功能。在一套的字母中若可能有 x 个字母（每个字母出现的机遇是相等的），那么每一个字母出现的机率是 x 分之一。例如，如果有一只猴子在一个简化的打字机上随机地打字，而这打字机只有二十六个英文字母的键。假设它是一只完全随机的小猴子，那末，在任何时间它打出任何一个字母的概率是二十六分之一。

在一套字母表中，字母的数目越多（ x 值越大），其中每一个独特的字母所含有的信息量也越大。在一个已知 x 的系统中，如一套编码或一种语言中，数学家可以用香农的公式准确算出其中的信息量。在一个序列中，每一个位置可能性的字母越多，以及序列越长，其中的香农信息也越大。

香农的理论不能说明的是什么

但是，如我前面所说的，它有一个隐藏的问题。虽然香农的

理论和他的公式提供了一种有效的方法，能计算贮存在一个系统中或在一通信渠道中传递的信息量，它具有重要的局限性。特别是香农理论不曾也不能分辨，哪一些只是可能性很低的一系列的符号，但是能传送有意义或“产生特定效应”的序列——如韦氏大字典中第二个定义所说的。香农的同事，Weaver 在 1949 年就解释道：“文字信息在这理论中所用的是一种特殊的数学含意，不能与日常用语混淆。特别是信息这词不能与意义混淆。”⁶

请看以下两串字母：

“Four scores and seven years ago”

“nenen ytawoi jll sn mekhdx nnx”

两串序列中都含有相同数目的字母。它们都是由英文的二十六字母组成的，每一字母或空隔所排除的不确定性是完全相同的。因此，两个序列用香农论衡量所得的信息量是相等的。但是，其中一序列传递了一些东西是另一序列不能的。为什么？

显然，两者的分别与其中字母的排列有关。第一例中，字母的排列与既存的惯例或编码（英文辞汇）相符——可以用来传递一些东西。当林肯写下这葛底斯堡演讲的第一短句时，他将这些字母排列成一个特定的序列：

f - o - u - r - s - c - o - r - e - s - a - n - d - s - v - e - n - y
- e - a - r - s - a - g - o -

同时，他动用了一些概念，如“four”、“years”等，这是讲或写英文的人长久以来结合某些声音和词汇的排列。他用的这特定的排列使这些字产生了交流的功能。然而，第二串字母并不是按照与任何已建立的惯例或译码来排列。因此是毫无意义的。由于两个字串使用了相同数量的、相同不确定性的字母，都可以用香农的理论计算，而且得到相同的信息量。但是，第一串字母特定的排列——一种特定的安排——使它能“产生一特定的效应”或完成某种功能；而第二串字母却不能。

这就是隐藏的问题了。香农的理论不能分辨有功能或有意义

的序列与随意或无用的序列。它只能衡量整条序列的（不太）可能性而已。它可以量化一系列的符号或字母中可能含有的有功能或有意义的信息量，但不能测定该序列是否能“产生特定效应”。因此，信息学家常说，香农论衡量一系列字母或符号中“信息的载容量”而不是其中有功能的特定信息，即“信息内容”。这衍生了一个有趣的矛盾。根据香农信息论，冗长毫无意义的字母序列所含的信息量可能比较短的有意义的序列为更多。

这些例子告诉我，讨论 DNA 的信息时，我们必须对信息作重要的分辨。首先，信息可以是“人所认知的一项知识”也可以定义为“可以产生某种特定的效应的一系列的字母或其他东西的排列”。第一项定义并不适用于 DNA，而第二项却可以。我们也需要分辨香农的信息与能产生效应或携带意义的信息。必须分辨一些序列的字母：（1）它仅仅是可能性很低而已和另一种序列的差别就是（2）它的可能性很低，但同时又是能产生功能的**特定**排列。这就是说，我们应区别信息的携带能力（容量）有别于功能性信息。

那么，到底 DNA 含有哪一种信息？香农信息还是有其他？回答这问题之先，我们需要回顾自 1953 年以来分子生物学家发现 DNA 在细胞的微世界中所承担的任务。

遗传信息：它作什么？

1953 年，沃森和克里克发表了那篇划时代的文章之后，科学家很快就认识到 DNA 可以贮存极大量的信息。这分子的化学特性允许任何一个碱基附在骨架中任何一个糖分子上，使序列能有各种变化，这是任何遗传信息的载体必备的条件之一。此外，两条反平行的链（antiparallel strands）用较弱的氢键连接，使该分子的两股链可以分开——正如维可牢尼龙拉锁的对称边——允许露出的碱基序列可以复制。如此看来，DNA 是理想的载体，可以

细胞中的印记

贮存信息量很高的化学字母序列。但是，DNA 如何表达这些信息和细胞怎样使用这些信息尚未清楚。答案很快就找到了，这要感谢蛋白质化学方面的发展。

蛋白质之谜

现今科学家知道蛋白质分子完成细胞内绝大多数关键性的功能。蛋白质组建细胞内的结构和机器，它们运输传递细胞的材料，并且催化细胞生存所必须的化学反应。蛋白质还处理遗传信息。通常一个细胞要使用数千种不同的蛋白质来完成这些关键性的工作。而每一个蛋白质分子都有与它功能有关的独特的形状，正如木匠的工具箱中各种工具的形状各异，才能发挥它们的相应作用。

到了 19 世纪 90 年代，生物化学家开始认识到蛋白质对维护生命不可或缺的重要性。他们知道蛋白质是大分子（“高分子量”）参与细胞内部很多的化学作用，20 世纪的上半叶，化学家确定蛋白质是由较小的分子氨基酸组成的。在这段时间中，很多科学家都认为蛋白质最重要，它们是遗传信息的贮存库，而非 DNA。即便如此，直到 20 世纪 50 年代，科学家仍不断低估蛋白质的复杂性。

其中一个原因造成这错误的观点，那就是因英国一位卓越的科学家的新发现。威廉·阿斯伯里（William Astbury）是非常杰出的科学家，他的资历无可挑剔。在英国一著名的寄宿学校时已被正式选为“顶尖学生”。第一次世界大战期间和战后，阿斯伯里在剑桥大学研读物理学。然后跟随 X 射线单晶衍射学鼻祖老布拉格（William Bragg）工作，他的儿子劳伦斯后来作为沃森和克里克的导师。阿斯伯里对实验室工作的热忱很能感染人，而且还具有天生的说服力。但他有时过于兴致高涨，或急于下不成熟的结论，这也是众所周知的。

阿斯伯里确信蛋白质是理解生命之匙。因此他认为蛋白质应该呈显出一种简单、规则的结构，可以用数学公式或某种定律描述。或许他职业的偏见趋向这个观点。作为一位晶体学家，他惯于研究高度规则和整齐的结构。例如食盐结晶，这是首次用 X 光技术确定的具有高度重复性或有规律的结构，钠和氯原子以三维晶格安排以每一种元素都有六个另一种元素包围着的模式（见图 4.2）。阿斯伯里深信蛋白质——生命的秘密——应该也呈现同样的规律。20 世纪 30 年代期间，有一项发现似乎肯定了他的预测。

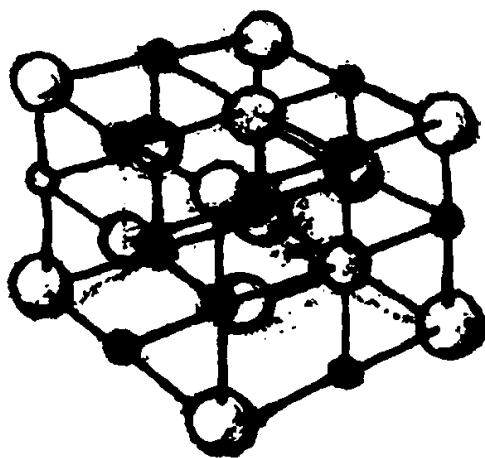


图 4.1 盐晶体的三维结构。浅色的球代表钠离子；黑球代表氯离子。

阿斯伯里用 X 射线测定一种纤维蛋白质的分子结构，那称为角蛋白质（keratin）是毛发和皮肤中重要的结构蛋白质。⁷ 阿斯伯里发现角蛋白质显示简单、重复的分子结构，它的氨基酸模式不断地重复——正如结晶中的化学元素重复又重复（或如列文（P. A. Levene）错误的提议 DNA 的结构中碱基不断地重复）。阿斯伯里总结出所有的蛋白质，包括那些神秘的、对生命极重要的球状蛋白质，都会正如他发现的角蛋白质一样有同样的基本结构。许多与阿斯伯里同时代的人和他持相同的观点。例如 1937 年，两位来自洛克菲勒研究所美国生化界的领袖人物，麦克斯·伯格曼（Max Bergmann）和卡尔·尼曼（Carl Niemann）辩论道，

所有的蛋白质中氨基酸的排列都按比例呈规则的。⁸

20世纪50年代初，正当沃森和克拉克在努力解开DNA结构之谜时，另一位剑桥科学家的发现向主流的蛋白质观提出挑战。生物化学家弗雷德·桑格（Fred Sanger）工作的地方，距离沃森和克里克就是现在著名的分子生物研究所没有几哩路，在那里他找出蛋白质胰岛素的结构。生物化学家桑格展示胰岛素是由不规则的氨基酸的序列组成，桑格的发现后来为他赢得他两个诺贝尔化学奖中的第一个。桑格证明胰岛素有点像一串不同颜色的珠子无法用可察觉的或重复的模式穿起来。⁹随后对其他蛋白质的研究揭示同样一个事实：氨基酸的序列通常都是很不规则的，并且完全没有任何普遍的规则可以描述它。¹⁰

然而，偏见顽固地挥之不去。当时很多生物学家认为蛋白质是生命的基本单元，仍然预期蛋白质会展示规律性，若非在它们的氨基酸排列上，至少在整体的三维形状和结构上。大多数人认为，蛋白质的三维结构最终会显示某些规则的几何形状。例如，有人想象胰岛素和血红蛋白会像“一捆平行的棒条”。¹¹正如约翰霍普金斯大学的生物物理学家乔治·柔斯（George Rose）所描述的，“蛋白质结构曾是科学的未得之地。没有多少证据支持，生物学家模糊地描绘蛋白质大概像无特征的椭圆体、圆球、雪茄或小圆面包。”¹²

然后，约翰·肯德鲁（John Kendrew）的文章发表了。肯德鲁出自书香门第，父母为牛津的科学家及美学历史学家。他在剑桥学习化学，1939年毕业时二次世界大战刚开始不久。大战期间他从事雷达技术的研究，之后1946年，他开始在剑桥的医学委员会研究所学习分子生物学。在该所开始与奥地利结晶学家麦克斯·佩鲁茨（Max Perutz）密切合作。佩鲁茨与劳伦斯·布拉格（Lawrence Bragg）后来就成为沃森与克里克的正式导师。1958年，肯德鲁为分子生物学的革新作出了他自己的贡献，他发表了一篇肌球蛋白的三维结构的文章。

历史学家霍勒斯·贾德森（Horace Judson）描述：“那篇登在《自然》的报告，由于它的怪僻使人挑起眉毛并发出滑稽的惊讶笑声。”¹³因为它与生物学家所想象的相距太远，肯德鲁发现的氨基酸链扭曲、旋转、纠缠成一个非常复杂和不规则的三维形状。而蛋白质专家所预期的蛋白质结构应像晶体一样整齐规律，（见图 4.1）却想不到找到的是复杂的三维结构如图 4.2 所示。正如肯德鲁用英国典型的低调描述：“最使人惊讶的是，它是如此地不规则。”¹⁴他在《自然》中写道：“或许这分子最显著的特点是它的复杂性和缺乏对称。它的排列似乎完全没有我们本能所预期的规律性，并且比任何蛋白质结构的理论所预测的复杂得多。”¹⁵

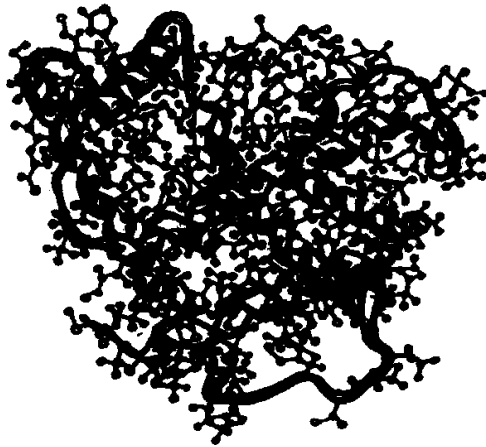


图 4.2 肌球蛋白复杂的三维结构。

但生物化学家很快认识到蛋白质呈现另一种异常的特性。除了它们复杂的外形和氨基酸不规则地排列之外，蛋白质还显示**特定性** (*specificity*)。生物学家所指的特定性是分子必须具有它本身的特性，并只能有极少的误差，否则该分子不能行使细胞中重要的功能。

蛋白质的特定性有二。首先，蛋白质分子呈现**特定的形状**。肯德鲁或其他人发现蛋白质不可思议的不规则形状，原来是它的功能所必须的。特别是蛋白质的三维形状使它与其他同样特定和

细胞中的印记

复杂的分子（或较简单的底物）有如手和手套一样地吻合，使它在细胞内能催化特定的化学作用或建造特定的结构。由于三维的特定性，一种蛋白质分子一般不能取代另一种蛋白质。拓朴异构酶不能执行聚合酶的工作；正如斧子不能完成烙铁的功能，或锤子作扳子的工作。

图 4.3 说明三维特定形状的匹配确定蛋白质的功能，此例为一酶。酶是催化特定化学反应的蛋白质分子。图中显示的酶叫 β -半乳糖苷酶与一个由两部分组成的糖分子（双糖）叫乳糖。由于酶的形状和大小完全符合该双糖的大小和形状，这糖可以镶嵌入酶的凹陷部位。然后，酶里面的一个活力中心促成一个化学反应。这反应切断了连接双糖的化学键，释放出两个葡萄糖的分子，让细胞容易使用它。

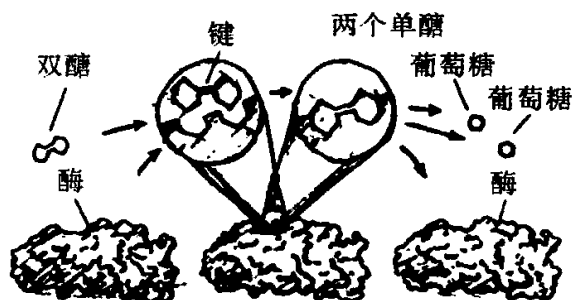


图 4.3 β -半乳糖苷酶将一个由两个部分组合的糖（双糖）切开。请注意酶的活动中心，它与双糖之间三维形状紧密的配合促成化学反应。并注意活动中心与整个酶的大小相比只是很小的一部分。

请看另一例说明蛋白质特定的形状使它们能完成特定的功能。真核细胞有神奇的能力将信息浓缩贮存在 DNA 中（**真核细胞 Eukaryotes** 含有细胞核和其他有胞膜的细胞器；**原核细胞 prokaryotic** 却缺乏这些特征）。将 DNA 链卷在线轴状的核小体（nucleosomes）上面。这些核小体是由组蛋白（histone）组成。这又是因为组蛋白的特定形状使它有此功能。例如，组蛋白 3 和 4，摺叠成为特定的三维形状，并且它表面上还有精确分布的正电荷。

由于这精确的形状与电位分布使 DNA 链紧紧地卷在核小体上面，在很小的空间里贮存了极大量的信息。¹⁶应用核小体卷轴的方法，DNA 贮存信息的密度比我们最先进的硅芯片还要高很多倍。¹⁷

为了把这一过程视觉化，请想象先有一个大的木卷轴，它的表面有很多条槽。然后有一条螺旋状双股的粗绳。再想象，这绳子卷在木轴上的槽沟里。最终，想象槽沟的凹痕正好与旋转的粗绳的外形吻合——凸出的部分陷入较深的槽中，凹进的部分在较浅的槽中。粗绳表面不平滑的地方正好与沟槽完全吻合。但在真正的核小体上，轴上的不是槽沟而是组蛋白表面非常精确分布的正电荷，它们与双螺旋的 DNA 表面的负电荷的分布完全吻合。¹⁸（见图 4.4）

但蛋白质分子还有第二种特定性——它能帮助解释第一种特性。蛋白质不但显示很特定的外形：它们还呈现很特定的排列（arrangement）。虽然蛋白质的“原材料”是较简单的氨基酸，它们不同的功能却取决于这些构筑单元特定的排列序列。氨基酸在其长链中特定的排列及所引起的氨基酸之间的化学互动，大致决定整条链最终的三维结构。它的形状及结构决定它在细胞中是否有功能，有什么功能——或许成为酶、结构材料或处理信息的机器。¹⁹

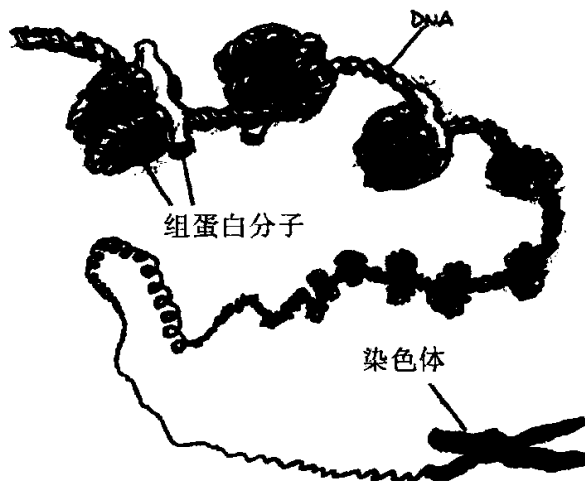


图 4.4 互相配合的正负电荷精确地分布使信息丰富的 DNA 紧紧地卷在组蛋白上，这过程称为核小体卷轴。染色体是由 DNA 卷在组蛋白质上组成的。

当我给大学生上课的时候，我常用一种叫**扣锁珠链** (Snap - Lock Bead) 的儿童玩具来演示氨基酸序列与蛋白质结构和功能的关系。扣锁的珠子是用塑料做的，有各种形状和颜色。每一粒珠子的一端有一个洞，另一端有一个对应的突起，所以可以将这些珠子串连起来成一条长链。在我的演示中，不同形状的珠子代表二十种不同的氨基酸；整串的珠子代表一个可能的蛋白质 (potential protein)；两粒珠子中间的扣锁代表一个化学键。当我将不同形状的珠子串连在一起时，我告诉学生蛋白质就是由氨基酸串连起来的，它们之间的化学键叫**肽键** (peptide bond)。氨基酸“串连”起来之后，所得的长链叫**多肽** (polypeptides)。如果这些多肽中有一个能摺叠成某一特定的形状，使它在细胞中能做一些工作，它就称为一个**蛋白质**。

但事实上，这“如果”是基于一个很大的“假设”。只有当长链中氨基酸的排列非常特定的时候，它才能摺叠成有用的形状称为**构形** (conformations)。个别氨基酸有特殊特性叫做**侧链** (side chains)，它们以不同能力相互影响。大量各种力的总和使整条链扭曲、并且有时旋转，摺叠成一个稳定的结构。但是，大多数氨基酸的排列所产生的长链完全不能摺叠成稳定的结构。另一些虽能产生稳定的结构，但也不能完成任何任务。只有极少的序列才能够产生有功能的结构。其中的差别，每每取决于氨基酸的排列。**序列的特定性** (Specificity of sequence) 使蛋白质从一般、无用的多肽中脱颖而出。

我将扣锁珠链串起、拆开、再重串，向学生解释特定序列的重要性。我会扭曲这长链显示某种序列可能使长链摺叠成一特定的三维形状。然后，我又重新调换珠子，显示不同的序列和随之产生的各种力量总和可以使链子格律紊乱变成松软不成形的一团。我强调我们需要解释蛋白质具有的一种“特定性”——称为“序列的特定性”。如果一个完整系统的功能依赖其部件的特定排

列，该系统或字母的序列显示的是“序列的特定性”。语言有此特性。软件有此特性。蛋白质也有此特性。

分子生物学的革命对蛋白质的研究取得一些令人兴奋和惊奇的发现，并提出了一个很有趣的问题。如果蛋白质的结构依赖氨基酸特定的排序，是什么因素决定氨基酸的排列呢？

序列假说

20 世纪 50 年代的发现显示 DNA 和蛋白质都是由很长的线性分子组成，而每个线性分子又是由很多小分子亚单元以不规则的序列组成的。这两种很不同的分子之间还有什么重要的、尚未发现的关联？

随着桑格的发现，大多数的分子生物学家假设蛋白质是不能从悬浮在细胞中的氨基酸自动组合成的。细胞中有太多的化学作用依赖特定的具有正确的形状和氨基酸序列蛋白分子，不可能让这些分子们单凭机会组合。同时，大概也不是什么一般性的化学定律或一致性吸引的力量可以解释这些不规则、异状的结构是怎样来的。相反地，如法国分子生物学家莫诺后来回忆说，分子生物学家开始在细胞内寻找信息之源或“特定性”，希望能解释建造这些高度特定和复杂分子的指引从何而来。²⁰

沃森和克里克重要的发现暗示那些信息或“特定性”的来源，或许就藏在 DNA 糖与磷酸的骨架中。²¹但 DNA 中的信息又与氨基酸在蛋白质中的排列到底有什么关联？1958 年，克里克提出一个解释，后来被称为“序列假说”（*sequence hypothesis*）。²²

序列假说认为 DNA 中碱基的功能就像英文中的字母或软件中的二进数字或一种机器代码。根据克里克的假说，这些碱基的**精确排列或序列**（*precise arrangement or sequence*）确定了氨基酸的排列——从而确定了蛋白质分子的摺叠和结构。换句话说，蛋白质中氨基酸的序列的特定性是由先存的 DNA 分子中核苷碱基的

细胞中的印记

排列而来。²³

克里克的序列假说并不是单个实验就能证明的。它也不能基于某一个发现。相反，它涵盖了一连串其他的发现和见解，所以需要很多实验或新发现去证实。那也是从已知或至少是猜想的基础上自然的延伸。

自从 20 世纪 40 年代早期，美国遗传学家乔治·比德尔 (George Beadle) 和塔特姆 (Edward Tatum) 发表了一篇研究论文之后，很多遗传学家开始猜测基因与蛋白质之间有关联，虽然当时尚未确定基因是由 DNA 组成的。比德尔和塔特姆研究的是果蝇的眼睛和面包酶。他们用 X 射线刺激诱导这些生物染色体上的突变。以面包酶 *Nurospora* 为例，比德尔和塔特姆发现突变后的酶缺少一种必须的化合物——这化合物是需要一个酶才能合成的。比德尔和塔特姆提议，这突变的基因在正常情况下是负责制造这酶的，但是基因的突变使它失去这功能。他们进一步提出，基因的一般功能就是产生酶；甚至还认为其规则是：一个基因一个酶。²⁴

克里克序列假说是建立在基因与蛋白质相关的推测上，再加上一些较近的认识，包括艾弗里鉴定 DNA 可能携带遗传信息，桑格发现氨基酸的线性和不规则性，还有沃森与克里克本人对 DNA 化学结构的认识。如果氨基酸的序列决定一个基因，如果基因指导蛋白质合成，那么碱基特定的序列可能决定氨基酸特定的序列。到 1958 年，克里克认为这已远不单单是一种合理的假设了。序列假说可以解释很多关键性的事实流行于当时英国、美国和法国的一群精英的生物学家们中。他们试图努力来破解 DNA 的确切功能。

即便如此，要确定克里克的序列假说，最终至少需要两类新的实验数据的支持。狭义来说，确定序列假说意味着证实基因内部的改变造成蛋白质内的氨基酸序列的改变。²⁵到了 20 世纪 60 年代，科学家已建立了很多方法研究 DNA 变化对蛋白质序列的影

响。这些实验手段使科学家在 DNA 序列与蛋白质序列之间建立了明确的关联。通过这些实验最终揭示了 DNA 中碱基的序列与氨基酸的序列相对应。这后来被称为“遗传密码”（genetic code；见图 4.5）。

	U	C	A	G
U	UUU PHENYLALANINE	UCU SERINE	UAU TYROSINE	UGU CYSTEINE
	UUC PHENYLALANINE	UCC SERINE	UAC TYROSINE	UGC CYSTEINE
	UUA LEUCINE	UCA SERINE	UAA STOP	UGA STOP
	UUG LEUCINE	UCG SERINE	UAG STOP	UGG TRYPTOPHAN
C	CUU LEUCINE	CCU PROLINE	CAU HISTIDINE	CGU ARGONINE
	CUC LEUCINE	CCC PROLINE	CAC HISTIDINE	CGC ARGONINE
	CUA LEUCINE	CCA PROLINE	CAA GLUTAMINE	CGA ARGONINE
	CUG LEUCINE	CCG PROLINE	CAG GLUTAMINE	CGG ARGONINE
A	AUU ISOLEUCINE	ACU THREONINE	AAU ASPARAGINE	AAG SERINE
	AUC ISOLEUCINE	ACC THREONINE	AAC ASPARAGINE	AAC SERINE
	AUA ISOLEUCINE	ACA THREONINE	AAA LYSINE	AGA ARGONINE
	AUG METHIONINE START	ACG THREONINE	AAG LYSINE	AGG ARGONINE
G	GUU VALINE	GUU ALANINE	GAU ASPARTIC	GGU GUANINE
	GUC VALINE	GCC ALANINE	GAC ASPARTIC	GGC GUANINE
	GUA VALINE	GCA ALANINE	GAA GLUTAMIC	GGA GUANINE
	GUG VALINE	GCG ALANINE	GAG GLUTAMIC	GGG GUANINE

图 4.5 基因表达中标准的遗传密码揭示，每三个碱基经过转录和翻译之后指定一个特定的氨基酸。

然而，广义地说，肯定序列假说还需要等待全面性的解释，也就是如今称为基因表达的系统——这系统使用 DNA 中的信息制造出蛋白质来。知道 DNA 碱基的序列与蛋白质中特定的氨基酸有关是一回事。但研究出这关联是怎样产生的是十分不同的另一回事。但无论如何，20 世纪 60 年代初，一连串的实验确定 DNA 中的信息如何产生蛋白质，并且这过程也更深入更全面地确定了克里克大胆的假设。²⁶

下一章，我将更详细地描述基因表达的精致复杂过程。在此只简单勾画科学家发现的这个过程是怎样进行的，因为认识它，才能回答我在这一章开始所提出的什么是生物信息的问题。

基因表达从抄录碱基的长链开始，这过程称为“转录”（transcription）。这样，贮存在 DNA 链中遗传装配的指令转录到另一称为“信使核糖核酸”（messenger RNA 或 mRNA）上。所得

细胞中的印记

的副本或“抄本”中，一系列的 RNA 碱基与原本 DNA 链中的碱基序列是完全相匹配的²⁷ [RNA 也用碱基分子贮存遗传信息，但是它用的化学字母却稍与 DNA 不同。RNA 用一个叫尿嘧啶 (uracil) 的碱基代替了 DNA 中的胸腺嘧啶 (thymine)]。

mRNA 产生之后，它就转移到核糖体去，这是一个协助转译 mRNA 中组装指令的分子机器。这些指令是由一系列用三个字母拼成的“字”叫“密码子” (codon) 组成的。每个密码子中有三个碱基，它们指挥细胞在一不断增长的氨基酸链上再加一特定的氨基酸。例如，mRNA 中有一个字 UUA，它指令核糖体加上一个叫亮氨酸的氨基酸，而 AGA 指定的是精氨酸。还有一些密码子是指指挥核糖体启动或停止制造蛋白质。这个转译的过程需要特定的中介转接器分子协助（它们叫转移核糖核酸或 tRNA）和一特种酶（叫氨酰 - tRNA 合成酶； aminoacyl - tRNA synthetase）²⁸（见图 4.6。查看该基因表达过程的动画，请看本书的网站）。

顺便提一下，阐明基因表达系统，进一步说明上一章讨论的死亡老鼠的实验。艾弗里正确的决定：老鼠致死的原因是 DNA，而非细菌（无论是活的或死的）。但当科学家确定，是 DNA 指挥蛋白质的合成时，艾弗里的发现就能以新的亮光来看。不错，是 DNA 使老鼠死亡，但它是经过指挥制造对老鼠有毒性的蛋白质来完成的（明显的，不是那些细菌本身；虽然 DNA 是从它们来的）。

无论如何，既然基因表达得到了完美的解释，克里克的序列假设正式得到肯定。然而，DNA 中所含的是哪一类的信息呢？发现 DNA 指挥蛋白合成使分子生物学家在香农的理论建立二十年后才能回答这个问题。

香农信息或香农再加什么？

用一个故事比喻可以帮助分辨和定义一些关键的专用词，这些是本书余下的章节需要用的。史密斯先生答应琼斯先生，当他

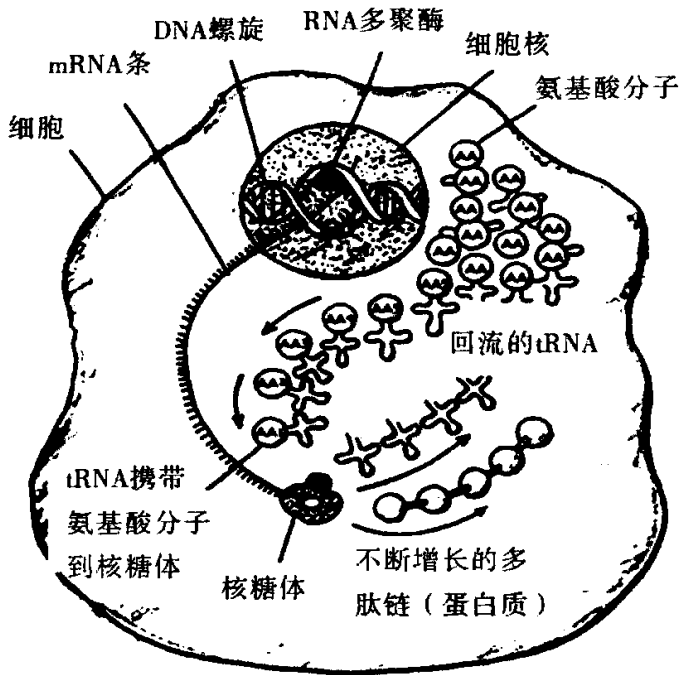


图 4.6 简单的基因表达示意图显示转录和转译。(这里并没有画出 tRNA 合成酶, 虽然它们是必须的。) I. L. Cohen of *New Research Publications* 提供。

从芝加哥回来时会到里根国际机场去接他，但他要求琼斯到达时给他打个电话。当琼斯下机时，他伸手到口袋中找史密斯的电话号码时才发现，写上号码的小纸条不翼而飞了。可是，琼斯并没惊慌失措。他知道所有的长途电话号码都是由十位数字组成的。他用另一张纸写下了从 0 到 9 的数字。他吐了一口气如释重负。他现在有了原材料、构筑单元，可以产生史密斯电话的十个数字了。

他很快就随机排出一串十位的数字。他现在得到一些信息了，这是香农信息。他有数学头脑，用熟悉的香农公式很快计算出他得到的信息量。他放心了，印象很深刻。他这新的十位电话号码含有大量的信息——准确地说，共 33.2 比特。他拨了这号。可惜，他的问题来了。这序列的数字的编排并不能“产生一特定的效果”。他并没有找到史密斯，他却听到电话公司的录音：

“你拨打的是个空号……”

过了一阵，史密斯先生开始担心了。他还没有接到他预期的琼斯的电话。但是他记得，他有一些可以让他联系琼斯的信息。他有琼斯手机的号码。也是十位数字。但这些数字却排列成一特定的序列：202 - 555 - 0973。他输入这序列到他的手机中，然后按拨打键。琼斯接了电话，并告诉史密斯他已经到了。他们联系上了，喜剧收场。

在我们的说明中，史密斯和琼斯有相等的、不大可能的、十位数字的序列。得到其中任何一个序列的概率是一样的： $1/10 \times 1/10 \times 1/10 \times 1/10 \times 1/10 \times 1/10 \times 1/10 \times 1/10 \times 1/10$ 或 $1/10^{10}$ 。所以，他们的两个序列都有信息载容量，或香农信息，而且两者用香农的理论测得的量是一样的。但显然两个序列之间有明显的不同——史密斯的号码的排列特定可以产生一个特定的效果，就是打通琼斯的手机；而琼斯的号码却不能。因此，史密斯的号码有**特定的信息**，或**有功能的信息**；而琼斯的却不能。史密斯的号码有**信息内容**，而琼斯的只有**信息载容量**（或香农信息）。

史密斯和琼斯的序列同样地**复杂**。复杂的序列呈现不规则，不重复的排列，是不能用一般的规律或电算法则（algorithm；一套指令完成特定任务或数学运算）表达的。与复杂的序列相反的，是高度规律的序列如 ABCABCABCABC，其中的字母或单元是不断重复又重复，有一基本规则；运算法则或一般的规律。

信息理论者说，重复的序列是**可压缩**的（compressible），而复杂的序列却不能。可压缩的意思是一个序列可以用简短或更短的字母表达。例如，一位计算机程序员写两个指令就可以产生一个三百字母序列的 ABC，他只要写“写 ABC”和“重复一百次”。本例中，一个简单的规则或运算法则就可以产生这序列不需要个别指定每一个字母。但是，复杂的序列不能压缩，或用更短的序列或编码指令表达（或者，更准确地说，一个序列的复杂性反映了它不能被压缩的程度）。

信息科学家经常将“复杂性”和“不大可能性”联在一起，也就是说他们认为重复或冗余序列的可能性较高。这有道理。如果你知道有一原因，某事将重复发生，当它发生了你不以为奇；你也不会认为这是不大可能发生的事。基于我们对太阳系运作的知识，明天太阳很可能会再上升。如果你知道计算机在执行“重复”的指令——产生同一序列，重复又重复——那么，很可能这序列会再出现。既然信息与不大可能性成反比，高可能性的重复的序列如 ABCABCABCABCABCABC 所含的信息量很低（载容量或内容）。这也很有道理。当你看到第一组 ABC 出现，其他的是“冗余”的；它们没有传达新信息。它们不能告诉我很多信息。这样的序列也并不复杂。为什么？一简短的运算法则或一套指令就可以产生一条很长重复的 ABC，这序列也就是可压缩的。

在我们的比喻中，史密斯和琼斯都有十位数的号码，都是**复杂**的；两个序列都不能压缩或用简单的规则表达。但史密斯的序列是特定排列能产生功能，而琼斯的却不能。因此，史密斯的序列显示被称为**特定的复杂性**，而琼斯显示的是**单纯的复杂性**而已。因此，**特定的复杂性**一词是与**特定的信息**或**信息内容**同义。（见图 4.7）

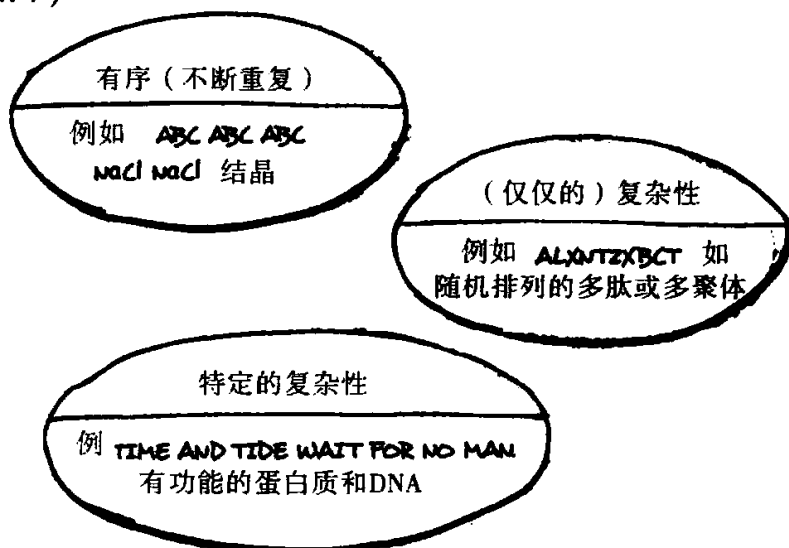


图 4.7 规律、复杂性和特定复杂性的例子。

细胞中的印记

那么 DNA 所含有的是哪一种信息呢？香农信息或特定信息？单纯的复杂性或特定的复杂性？答案是，**都有**。

首先，DNA 当然含有可以量化的信息载容量，可以用香农的理论计算。由于 DNA 含有制造蛋白质的组装指令，细胞的基因表达系统作为传信渠道。²⁹ 还有碱基作为该系统中的字母。这使科学家可以用香农的公式计算 DNA 中的信息载容量。既然沿着 DNA 骨架上任何一分支点以相同的机会可能出现四个碱基中的一个³⁰，任何一碱基出现的概率是 $1/4$ 。某两个碱基出现的概率是 $1/4 \times 1/4$ 。三个是 $1/4 \times 1/4 \times 1/4$ ，或 $1/64$ ，或 $(1/4)^3$ 等等。³¹ 拥有 n 个碱基的序列所含的信息载容量可以用熟悉的香农公式 ($I = -\log_2 \cdot p$) 计算，只要先算出有 n 个碱基的概率 p 值， $p = (1/4)^n$ 。因此 p 值也是衡量有 n 个碱基序列的信息载容量或语法信息量 (syntactic information) 的方法。

正如数学家和工程师可以应用香农的理论分析一段文本，一段加密的传达，或一个软件，数学生物学家可以用这理论分析 DNA、RNA 或蛋白质分子的信息载容量。这就是 1985 年查尔斯·塞克斯顿 (Charles Thaxton) 告诉我的意思，对 DNA 和英文文本的处理在“数学上是一样的”。两个系统的符号或字母都可以用相同的方法分析。当我写这句话时，每加一个字母就消除了另外二十五个可能写下的字母，与等量的不确定性。因此，也增加了句子的信息量，这量可以用香农的理论衡量。同理，沿着 DNA 分子的每一点都可能加入四个碱基之一。由此，每增加一个碱基，就消除了可用香农理论量化的不确定性。

这很重要吗？有几方面很重要。DNA 能用化学单元如字母携带或编码信息是引人注目的。另外，DNA 作为一个传信的渠道并可以轻易地用香农信息论的数学工具分析也属意外。还有，科学家已经应用香农信息论量化 DNA 序列和相应蛋白质的信息载容量 (或复杂性的毛量)。这些分析显示这些分子都是极度复杂，并且是可以量化的。DNA、RNA 和蛋白质都有巨大的容量，至

少，能贮存和传递信息。

尽管如此，信息论在分子生物学上的应用也造成一些困惑。DNA 中碱基的序列和蛋白质中氨基酸的序列的存在可能性都是极小，因此信息载容量也很大。但有些科学家却错误地描述 DNA 蛋白质，以为他们**只含香农信息或单纯的信息载容量**。

但如有意义的句子、计算机代码或史密斯用来打琼斯手机的电话号码，DNA 中碱基的排列和蛋白质中的氨基酸也都是**特定的**有功能的。这项确定是由克里克的序列假设直接用实验验证的结果。事实上，自从 20 世纪 60 年代序列假说被证实以来，生物学家已经知道细胞制造有功能的蛋白质有赖于 DNA 中碱基精确序列的排列。于是，以克里克为首的分子生物学家认为**生物信息**不单具有不大可能性（或复杂性），而且有“特定性”。“特定性”或“特定”的意思就是“功能所必需的”。³²

因此，DNA 除了具有可量化的香农信息（或复杂性），它也含有根据韦氏大字典第二个定义的：“将一些东西有选择性地组成序列或排列，并能**产生一些特定的效应**”。虽然 DNA 传达的信息并不是让有意识的头脑去接受、理解或使用，它确实含有信息被细胞的机器使用，制造维持生命所必须的结构。DNA 显示了一种特性——功能特定性——它远超越了香农论单纯的数学形式。

这很重要吗？事实上，它充满了深奥的神秘。除了基因表达系统中的分子和细胞的机器之外，序列或结构显示如此特定的复杂性或特定的信息，都是自然界中——非人类的世界中——绝无仅有的。自然的化学物质中常见一些序列或结构会显示冗余或**单纯的**复杂性。但显示特定复杂性的结构，除了 DNA、RNA 和蛋白质之外，是闻所未闻的。正如研究生命生源的 biochemist 莱斯里·奥格尔（Leslie Orgel）说：“生物以它们的特定复杂性脱颖而出。晶体……不能算是活的，因为它们缺乏复杂性；随机混合的高分子也不能，因为它们缺乏特定性。”³³相反地，人类的遗物和工艺——绘画、标记、书面文字、话语、古代的象形文字、集成

细胞中的印记

电路、机器代码、计算机的硬件或软件——都彰显了特定的复杂性；其中，软件和数字字符的编码序列在功能上最接近 DNA 的碱基序列。

因此，奇妙地，当计算机科学家开始发展机器语言的几乎同时，分子生物学家发现活细胞打开始就用上了相似的机器代码³⁴或软件³⁵。我再引用信息科学家休伯特·约基（Hubert Yockey）的话：“遗传代码的建造是为了面对并解决传信和记录的难题，它用的原则竟然与……现代传信的计算机代码相似。”³⁶DNA 代码区正如软件，直接在复杂的物质系统中操作，运用了高度变化和高度不大可能性，但又是精确地特定的化学字母的序列。这些 DNA 中的数字编码和特定排列的指令到底是怎样来的？并且，它们怎样在传递信息的渠道中出现？

解释“起源”

正如我们在第二章所见，早期生命起源的理论并不需要解释，它们也未预期这些问题。既然科学家并不知道这 DNA 有携带信息的特性，也不知道细胞如何使用在功能上特定的信息去制造蛋白质，他们并没有为如何解释这些生命的特性而烦恼。但自 1953 年之后，景观有了不可逆转的改变。认为生命的基础有如一个重复的、晶体一般整齐的思想消失了，取而代之的生命图景中充满信息的大分子指挥着生物的新陈代谢和机械。研究生命起源者因而转向关注这关键的特定形式的信息。它的起源构成了 DNA 之谜的中心点。但在考究科学家怎样尝试解释这个奥秘之前，必需检示另一个在细胞中操作的信息系统的特性，因为 DNA 有另一面的奥秘是研究生命起源的科学家必须先解释的。

第五章 分子迷宫

本章提要

* 细胞信息处理系统本身就是生命的一个重要特征，这是每一个生命起源理论所必须要解答的，克里克的洞见“序列假设”使得 DNA 和蛋白质之间必须以“码”来传递指令和信息。

* 需要转接器分子起转换翻译作用，可以识别并转换从碱基序列信息到特定氨基酸序列信息。

* 克里克由理论上需要而提出的假定用了几乎五年的时间，经历了紧张而密集的研究和许多大西洋两岸的交流、会议来验证和启发来确定。

* 查曼尼克发现核糖体的功能和在细胞中的部位。

* 信使 mRNA 及其各相应酶的发现。

* 阐明细胞如何用数字码来生产和制造蛋白质，蛋白质机器和 CAC - CAM 是惊人地相似。

* 细述转录、翻译和复制的过程，其中有不只一个的鸡和蛋的起源问题。

一位军医在前线医院医治一个营级指挥员，他是即将到来的战役是否胜利的一位关键人物。医生要从他内脏中取出弹片来，但要有效地施行手术，需要先进的软件和影像技术，但在野战医

细胞中的印记

院没有这个设备。他电告他的上级，上级再转告华盛顿一个大医院的官僚。不幸，这位官僚就是上一章中所提到的琼斯先生。

琼斯立即开始工作并获得了诊断影像技术所要的软件。他就拿了这软件上了军用飞机，飞到那远方目的地。他把这个高密度储存设备交给了外科医生，并举起他的手，表示不必谢我，“不必提了，”他说，“我的工作就是解决问题。”

然而，问题仍然存在。问题不是那软件。软件没错，其中文件的信息是毫无错误的，其中正是那程序，还包括如何进行诊断操作的指示。问题是那位外科医生既没有计算机，也没有操作系统来使用这个软件。这软件是在诊断仪器或是影像设备中早就放进去的，而这设备正是外科医生所急需的。外科医生有了软件而没有工具来取出、翻译或应用。这些信息对他毫无用处。结果伤员死了，战争还得继续下去。

这个故事所要表明的在人类科技经验中是很明显的事情。如果没有一个系统的话（不论是用头脑或是机器——能读、翻译或其他方法来处理这些信息），单单有编码信息是毫无用处的。那么以上的情形对 DNA 之谜有什么意义呢？

当科学家们经过不断努力发现了细胞利用 DNA 中的信息来制造蛋白质，却发现 DNA 不过是表达和处理信息复杂系统的一部分。他们领会到没有整个的系统，DNA 就什么也不能做。

前一章中，我们看到细胞用 DNA 中储存的信息来建造蛋白质。确认了这点，现在我们就能够来回答 DNA 中的信息种类，那就是功能上**特定的信息**（functionally specified information）。然而，前一章中并没有详细交代细胞如何处理这信息，或科学家是如何发现它的。详细地考察它是值得的，因为，我们发现这个细胞信息处理系统本身就是生命的一个重要特征，这特征是每一个生命起源理论所必须要解答的。不像在本章开始所说的那个倒霉的外科医生，细胞确有一个系统用来处理储存的信息。至于它是如何工作的，关键的洞见来自克里克，当他意识到信息从一种形

式转到另一种形式，细胞必须用一种码来翻译，而这码是通过互相依赖（interdependent）分子系统所中介的。这个洞见就提出了一个古老的鸡和蛋的问题。

追溯码的根源

20 世纪 50 年代后期，DNA 和蛋白质的关系，就逐步成为关注的焦点。在那时，领先分子生物学家明白了蛋白质立体（三维空间）特定性有赖于氨基酸的线性（一度空间）序列的特定性。他们还猜疑蛋白质的氨基酸链是从 DNA 分子的核苷酸基的序列所得到的。但是问题还是存在着，DNA 碱基序列是**如何**指挥蛋白质的分子的建造呢？特定的四字（译注：ACTG）DNA 碱基序列是如何产生二十字（译注：二十种氨基酸）的特定序列呢？

克里克再度预料到答案：细胞是利用了某种的码。克里克首先猜想到这点是因为他受到了乔治·伽莫夫（George Gamow）建议的启发。伽莫夫是生于俄国的理论物理学家和宇宙学家，他在战后几年转移了他部分天才的智力和能量来思想分子生物学的新发现。

伽莫夫在著名的哥本哈根理论物理学院工作之后，1930 年移民美国，来到华盛顿大学（George Washington University）就任所授予的职位。¹1953 年到 1954 年他提出了一个模型来解释 DNA 的特定序列如何产生蛋白质特定序列。²按照伽莫夫的“直接样板模型”（direct template model），蛋白质从同等间距的 DNA 链直接组成蛋白质。伽莫夫设想氨基酸可以直接钻到 DNA 两条骨架之间所产生的菱形空挡中（见图 5.1）。按照这个模型，从两条平行的骨架之间四个核苷酸基可以形成一个特殊形状的空间，而这空间只能有一种氨基酸刚好配合得上。³当每一组核苷酸伙合接受一种氨基酸，这些氨基酸就联合起来成为链。按照伽莫夫的设想，在蛋白质中几乎等间距的氨基酸和同样间距的 DNA 就能使氨基酸

细胞中的印记

配合到 DNA 之误核苷酸组的样板中，此相匹配的发生是由于假定的碱基形状和氨基酸侧链形状配合和碱基氨基酸亲和力的配合。

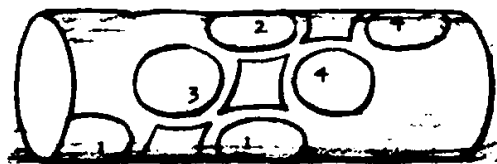


图 5.1 乔治·伽莫夫自画的简化图，其中显示了蛋白合成的“直接样板模型”。方块形是他所认为二十个不同氨基酸在 DNA 双螺旋所连接的地方。圆圈形代表四种核苷酸碱基之一，伽莫夫设想氨基酸会嵌入核苷酸碱基间的沟中，且 DNA 分子的结构会定下某些氨基酸的结合性，由此直接决定蛋白质的序列。



图 5.2 DNA 螺旋的放大图表达了它的大沟和小沟

克里克是首先发现伽莫夫这个假设不成立的人。在他有名的对“RNA 联络俱乐部”（RNA tie club）会员的讲话中解释道，碱基的化学特性、形状，不能保证只有一种氨基酸恰好能适合或附着那个碱基组所形成的空间。⁴ 首先，许多氨基酸很难从结构上来分别，因为他们有相似的侧链。其次，这些碱基本身不一定能构成一个空间以刚好配合形状，更不能相互之间区别开来。克里克说：“那些漂亮的疏水性面如何区别缬氨酸、亮氨酸、异亮氨酸。还有那些在特定部位带电荷的组，怎样和酸性碱性的氨基酸配合？”⁵ 按照贾德森的说法：“克里克是蛋白质晶体学专家，他知道没有理由来认为伽莫夫所设想螺旋中的孔可以有不同精确的形

状，来区别二十多种彼此相似的氨基酸对象目标⁶。然而没有这种空间配合和建立有关的化学接触，就没有可靠的信息传递。若要这个“直接样板模型”解释蛋白质氨基酸序列中的不规则性和特定性，每一个碱基（或一群碱基）应当表现出立体几何的区别性来。形象地说，DNA 碱基不但需要配合每一撇到相应氨基酸的一捺，DNA 还要在不规则的条件下做到这一点，这样方能产生氨基酸的不规则序列以造成有特色的蛋白质。然而，克里克意识到，个体碱基本身和它们不同的组合都没有物理的特征可以解决氨基酸序列的特定性。不但如此，DNA 分子整体上，在它的大体形态层面上表达为一个高度重复的或大或小的沟的系列（见图 5.2），所以它不能在蛋白质综合上起直接模版的作用。克里克解释道：“DNA 的结构确实显出……是一个氢键的特殊模样，而没有其他。”⁷ 如果 DNA 碱基的化学特征和形状不能直接产生蛋白质的特定性序列，那末什么可以呢？克里克坚持核苷酸基的特殊安排不在于它们本身的物理或化学的特征以指挥氨基酸的序列。⁸ 克里克的洞见有深刻的含义。如果一个蛋白质不能像“直接样板模型”直接抄录 DNA 的信息，那末，如莫诺（Jacques Monod）后来解释的：“你绝对需要一个码⁹。”因此，克里克提出他的第三个因素和它的序列假设是一致的。他假设有遗传码的存在——这是一个从一个化学领域翻译信息到另一个领域中去的方法。可以这样来想象克里克的洞见，如果人类字母只能用四种不同形状来组合，以不同特定的方式形成字，而且这字，相应于每一个像英语字母那样大小的字母，然后用这些字母（每一个都是从那四个形状组合而来）来组成句子。当然，我们实际上已有一个符号系统来做十分相似的工作。计算机程序所用的二进制用一个翻译键使程序员能够从二进序列码变成英文字句。每一个英文字母都以特殊组合的 0 和 1 来代表。例如，字母 A 在 ASCII 码是以 100 0001 串来代表，字母 B 则为 100 0010 为代表，以此类推。每一个英文的二十六个字母部有一个相应的二进制码来代表（见图 5.3）¹⁰。克里克

细胞中的印记

THE AMERICAN STANDARD CODE FOR INFORMATION INTERCHANGE (ASCII)

A	100 0001	H	100 1000	O	100 1111	V	101 0110
B	100 0010	I	100 1001	P	101 0000	W	101 0111
C	100 0011	J	100 1010	Q	101 0001	X	101 1000
D	100 0100	K	100 1011	R	101 0010	Y	101 1001
E	100 0101	L	100 1100	S	101 0011	Z	101 1010
F	100 0110	M	100 1101	T	101 0100	a	110 0001
G	100 0111	N	100 1110	U	101 0101	b	110 0010

字母之后就随之以其他二进制符号

图 5.3 部分的 ASCII 码

领会到如果这个序列假设是真的话，那末就必定有某种相似的翻译系统在细胞里，这就是用来转换四字 DNA 字母转换成二十种氨基酸字母的系统。现在，DNA 侦探们就有了一个来破这个密码的案子了。然而在一个物理系统中，和社会科学语文系统不同，一个码一定要有物理的表达。因此克里克就提出了第三种分子的存在假设。这是一种**转接器**分子起转换翻译作用，可以识别并转换从碱基序列信息到特定氨基酸序列信息。¹¹更具体一点，他提出了二十种分别的转接器分子，以对应二十种制造蛋白质的氨基酸。每一个转换器以熟悉的碱基互补机制配对，一端结合到 DNA 分子，而另一端则附有特定的氨基酸。他还假设特殊酶的存在（每一个相应于二十种对应转接器 - 氨基酸对之一），以连接指定的氨基酸和它的转接器。¹²这一组一方面为一段遗传密码，另一方面则为和它们相应特殊氨基酸组成的基因码（见图 4.6）。虽然这些对应性是物理上通过转换器分子和酶，这个克里克所构思的复杂系统，不但受制于化学亲和力信息转换的需要，还要服从化学上任意的已存物所必需的物理、化学定律。确实，克里克想象的这个系统，并不提到 DNA 文字的碱基和氨基酸存有直接的、指定的化学上或物理上的关系。这个码是不能从氨基酸或核苷酸基

的化学特性上推导出来的，它是要破译的。就好像英文某一字母可以以任何二进位数字组合所代表，同样，一个氨基酸可以对应于任何核苷酸基的组合。上述二例说明，这种指定性是完全任意的。由于这个理由，不断筛选许多化学上可能的码就最终证明为一个颇为繁难的工作。然而正是由于这一特点，即化学上的不确定性，以后就成为理解 DNA 信息携带能力之关键。贾德森解释道：“克里克释放了核酸模版的最严格的物理限制。人们可以这样正式地去思想它。”¹³ 像一个信息携带者而不是仅仅一个化学物质。克里克的提议的惊人之处，在于他的理论上明显的大胆性。生物化学上还没有一丝的转换器分子或它们相应的酶的直接证据。克里克仅仅推导出码的需要性，他想象若要使细胞的信息交换系统能工作，什么是所需要的。只有码才能有利于翻译 DNA 四字母碱基序列转到蛋白质的二十字母“语言”中去。他的转换器假设是合乎逻辑的，且是直觉的，正是基于他对信息转换功能和对有关分子化学结构有限信息容量的了解，从而所得出的结论。简单的有规律的几何架构加上化学亲和力，并不能产生功能性蛋白的特定的复杂性。但是几个物理上简单碱基的复杂组合就有字母或符号一样的功能，能够特定一大群可能的结构，就好像仅仅两个符号改变安排，就可以特定以 ASCII 码所特定的许多字母和符号。现在如果碱基序列的安排——没有其他——指定蛋白质的结构，那末，细胞应有一个方法来翻译和表达储存在 DNA 中的信息。细胞需要一个码，就是需要一个整体翻译和表达系统（那就是一个实体系统）。所以克里克构想了“转换器假设”——贾德森描述之为，“从理论的需要，所得出的新的生物化学实体的假定”¹⁴ 克里克由理论上需要而提出的假定用了几乎五年的时间，经历了紧张而密集的研究和许多大西洋两岸的交流和会议来验证和启发。上世纪 50 年代后期和 60 年代初期，一系列的实验使科学家能够证明 DNA 的信息是如何指挥蛋白质的合成。首先是查曼尼克（Paul Zamecnik），他是麻省总医院（Massachusetts

细胞中的印记

General Hospital) 的研究员, 发现蛋白质是在细胞的结构核糖体中产生的, 此核糖体存在于外细胞浆中远离 DNA 所在的细胞核。¹⁵ 这个发现揭示了需要有不同的机制来抄录、转运和翻译 DNA 中的信息, 以使氨基酸链可以在这地方被建造起来。因为查曼尼克发现, 核糖体中没有 DNA。克里克和两位分子生物学家法兰索瓦·雅各布 (Francois Jacob) 和西德尼·布伦纳 (Sydney Brenner) 提出, 还有另一种分子, 它是原始 DNA 基因的复制品, 在核糖体中做实际的蛋白质合成工作。他们还提议这个“信使”分子是由 RNA (或称核糖核酸) 所组成的。不久, 布伦纳和同事也找到了信使 RNA, 正如克里克和雅各布所预见的一样运作。¹⁶ 差不多就在那个时候, 奥乔亚 (Severo Ochoa), 一位纽约大学医学院的西 (西班牙) 裔医生和在马利兰州的美国国家卫生研究所 (NIH) 工作的尼伦伯格 (Marshall Nirenburg), 二人的实验结果使得科学家们能够解开遗传信息的密码¹⁷。奥乔亚分离出一种酶使他能够合成 RNA 的分子。尼伦伯格则用奥乔亚的技术来制造信使 RNA 可以用来指导蛋白质的合成。¹⁸ 他们的工作结合起来证明了信使 mRNA 每三个核苷酸为一组 (称之为密码子 codon), 可在蛋白质合成过程中以特定加上二十个氨基酸之一。其他科学家发现了细胞用了一组的转接器分子来帮助转换 mRNA 上的信息, 正如克里克所预期的。¹⁹ 诚然, 转接器分子和它们相应的酶和克里克原先所预想的一样, 当然这却是比他所预见的那部分要远为复杂的过程。

“CAD/CAM” 和蛋白合成

2008 年 4 月, 好莱坞拍摄了一个名为《排挤掉: 智能是不容许的》(Expelled: No Intelligence allowed) 的电影, 喜剧演员本·斯坦为主角。此电影在美国全国影院中上映。部分的剧情是和现今生命起源的争议有关的。当制片者来到我的办公室计划各种访

谈时，他们希望能有一个表达 DNA 工作的视觉图像成为此片的一部分，这样观众可以跟随此片科学讨论的思路。他们邀请一组分子生物学家和他们的动画家紧密合作，制作了一个 DNA 在细胞内部如何工作的精彩立体动画。当这电影在影院上映时，观众对动画的美和它所表达的细致过程印象深刻。制片者很慷慨地容许我把这些动画，包括电影中所没有的也放在 [www. signatureinthecell. com](http://www.signatureinthecell.com) 网页上。这个动画很生动地表达了 DNA 中的信息是如何指挥蛋白质合成的。我建议你将它和下面的文章按先后顺序观看。虽然《排挤掉》的电影动画给一个细胞如何用信息来指挥它的制造操作提供了一个视听表达，此片的制片者却认为，如果观众能够见到许多工业制造过程的模拟，会有更深印象。就是用“计算机辅助设计与计算机辅助制造”或简称“CAD - CAM”利用数字信息来制造的不同的机器和产品，它可制造飞机、汽车，甚至车房门²⁰。在西雅图的波音飞机工厂，工程师们用 CAD - CAM 来指挥飞机中许多重要部件的制造。²¹ 一个 CAD 程序用来设计飞机的一个部件，例如，机翼。工程师们就输入特定的具体要求，CAD 程序就绘制出一个三维图形，这是一个特定部件的视觉表达。工程师就可以用这个视觉影像来考核它是否达到了所设计的指标。CAD 软件还以二进位数字记录并储存上述的视觉表达。在 CAD - CAM 过程中，在 CAD 程序中的数字信息被传到了另一个计算机程序中，称之为 NC（即数字码）接口（interface），这个程序就将 CAD 程序中的指令翻译成能指挥及其操作的机器码，例如机器人的铆接臂——如何做飞机的部件。在此影片中，制片者展现了一个用 CAC - CAM 工作的生产厂来举例证明细胞如何用数字码来生产和制造蛋白质和蛋白质机器。事实上两个过程的相似性是惊人的。像波音或福特生产工厂一样，细胞用数字码的信息来指挥它机器的部件。此外，基因的表达性，包含了信息从一个数字指令换到另一个指令格式之后才进行制造。在 CAD - CAM，CAD 内原始数字码的信息，经过 NC 接口换

细胞中的印记

成另一个机器码，然后用来指挥生产飞机部件。在基因表达系统中，DNA 原始的数字信息被转换成 RNA 格式，再用它来指挥蛋白质的制造。这是一个神奇的精良系统，值得仔细详察。影片随后就带领观众进入到分子迷宫内精良的信息处理系统作短短的巡视，这将有助于明确生命起源的研究者所需要解释的。如果你没有生物化学的背景，不必担心有些细节不太明了。这整个程序的细节是神奇的，但是从它总体上展现出来的全面图景是个关键。细胞的信息处理系统是惊人地和 CAD - CAM 技术相似，然而它和 CAD - CAM 至少有一个要点不同。细胞信息处理系统不但制造机器，它还自我复制。

基因表达 (Gene Expression)

分子生物学家描述蛋白质合成过程或称“基因表达”为两步信息传送处理过程，它包括了许多分别的小过程和许多分子机器。这个过程是从抄录长条三联核苷酸（基因信息）开始，这个过程称之为“转录”，然后，转送（通过分子信使 mRNA）到一个复杂的叫做核糖体的细胞器（organelle）。在核糖体中，基因信息就在一套叫做转换 RNA（transfer RNA）的接合器分子中被“翻译”来生产一步步增长的氨基酸链。这些链再被折叠成为有功能的蛋白质以供细胞生存所必需。且让我们逐步地观看每一阶段的基因表达吧。

转录 (Transcription)

蛋白质合成的第一步叫做转录。转录时 DNA 信息的抄录者（机器）是一个大蛋白质复合物，叫做 RNA 多聚酶，此酶在 DNA 链上向前移动时读出了 DNA 原始的信息。RNA 多聚酶前进时就把 DNA 转录成同等的 RNA 格式的复制（和 DNA 相同，RNA 也

有四个化学基称之为核苷酸基。这些基和 DNA 相同，但有一个是例外。RNA 的一个基不用胸腺嘧啶而用尿嘧啶)。最后形成单链 RNA 复制，或转录，然后就离开染色质，移到核外的外细胞浆的核糖体准备做翻译。就是基因处理的第二步。²² (见图 5.4)

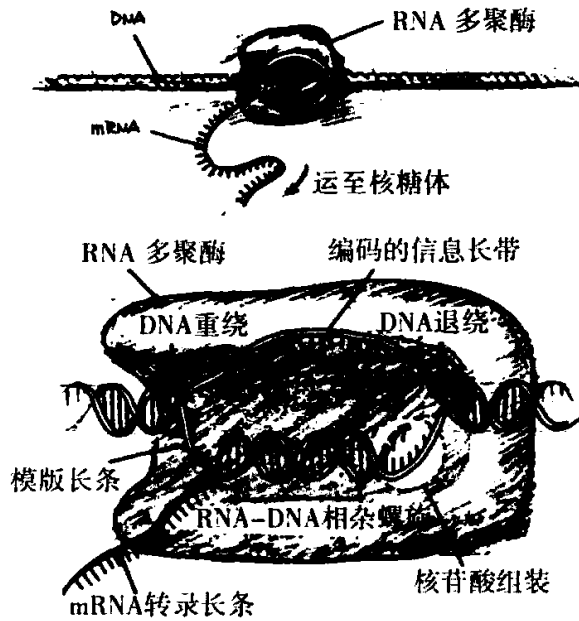


图 5.4 互补

转录可以如上用几个简单的句子来描述，但是这简单性掩盖了它令人叹为观止的复杂性。首先，RNA 多聚酶是一个非常复杂的蛋白质机器，它的特定性非常的高。RNA 多聚酶可以在最简单的细菌中（支原体 *mycoplasma*）见到，它包含有几个分开的蛋白质下级单位，总起来有几千个特定的氨基酸序列。²³

RNA 多聚酶在转录过程中担负了几个具体的工作。第一，它识别了并联接到 DNA 上的具体标志着基因的起点的区域。其次，它打开或帮助打开 DNA 文件。使这部分 DNA 用做为 RNA 复制的模版。第三，它抓住并将 RNA 碱基（A、U、G、C）放置到 DNA 模版（T、A、C、G）相应且互补的位置上。第四，它将 RNA 核苷酸连接起来，或多聚起来。这样就形成了一条携带信息

细胞中的印记

的长带 mRNA。²⁴ 分子生物学家乌尔夫 (Stephen Wolfe) 解释道：“RNA 多聚酶的结构，反映了 RNA 转录过程中的复杂活动。这个酶有一个部位可以识别启动子 (promoter)，和起始、延伸、终止等因子相互作用，识别 DNA 的碱基以备 RNA 核苷酸正确配对、结合与水解之用。形成磷酸双脂键，终止转录，甚至打开（退绕）和关闭（重绕）DNA。”²⁵

虽然有如此的复杂性和专门性，单凭 RNA 多聚酶还是不能保证正确的转录。这个过程包含了数个复杂而功能上互相配合的部件和步骤。例如，RNA 多聚酶要取出遗传密码，就必须打开 DNA 双螺旋而暴露核苷酸基。再者，要开始转录，RNA 多聚酶必须被结合到 DNA 字串的正确部位，以便从起点开始转录，而不至于从中点或终点开始。为了实现这一目的，DNA 的密码就在真正编码序列备上有启动子序列或称信号上游 (signal upstream)，以助 RNA 多聚酶辨认地点。这还不够，RNA 多聚酶凭它自己无法可靠地找到这个地点。在原核细胞 (prokaryotes，细胞中没有细胞核)，一个叫做 Sigma 因子的和核心 RNA 多聚酶之酶（它本身是酶的多聚物）一起形成一个“全酶” (holoenzyme)。这个 Sigma 因子的加入，这样就使 RNA 多聚酶和 DNA 结合的准确性大约被提高一百万倍。就有可能认清启动子序列，才使正确转录成为可能。²⁶

转录是一个高度规范的过程。不同的蛋白质，结合在各个 DNA 特定的部位可以抑制或促进某一基因，以回应细胞的不同需要。例如，当细菌没有乳糖作代谢资源时，就在产生乳糖消耗或代谢的蛋白质的基因旁有“乳糖抑制”蛋白结合在那里。这就防止 RNA 多聚酶转录此基因时产生不必要的蛋白质。但一旦乳糖进入细胞，有一个乳糖的化学衍生物和乳糖抑制蛋白结合，使之改变以至于抑制者从基因上脱落，这就容许此基因被转录，从而用来代谢乳酸的蛋白质就可被合成。²⁷ 调节转录，抑制者和促进者蛋白就维持细胞中有恰当的蛋白质水平。因此，即使原核细胞

中，也需要许多不同的蛋白质，以促进（或调节）转录。

真核细胞（细胞内有细胞核）的转录过程要更加复杂。²⁸ 启动识别要借着一大批复杂的必须的启动因子，这些都是各种酶，像拼图玩具那样互相配合。还有在 DNA 分子上的启动子序列，再加上 RNA 多聚酶（见图 5.5）。在转录之后，此转录的 mRNA 还要有另一个蛋白质和另外蛋白质反复地核对才能送到核糖体部位来翻译。（原核细胞中此核对过程大大地简化但仍为必要的过程，见图 5.6）²⁹

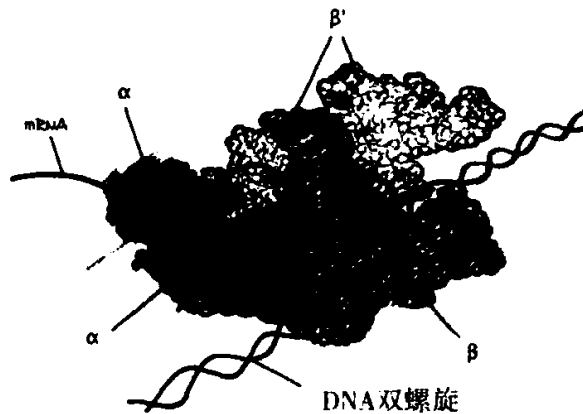


图 5.5 RNA 多聚酶（全酶）的各部分（其中未显示 sigma 因子）

后来发现，真核细胞原有的 DNA，有长段的密码称之为“内含子”（introns）的，它们一般并不编蛋白质的码。虽然这些内含子曾经认为是无功能的“废物 DNA”，现在知道，它们在细胞功能上具有重要的功能。³⁰（我会在第 18 章和结语中讨论这内含子和其他类型的非为蛋白质编码的 DNA），不论怎样，原始的 DNA 转录，也有一段密码并不参与蛋白质的码，但它们散置在蛋白质编码部分。要把这些非编码部分切除才能开始翻译。细胞必须核对原始 mRNA 转录，以使剩下的只有编码区。这个过程需要其他特殊的酶——外切酶（exonucleases），内切酶（endonucleases），剪接体（splicosomes）等等——它们能识别并切除原始 mRNA 非蛋白质编码部分，然后把它们剩下的编码片断以正确的次

细胞中的印记

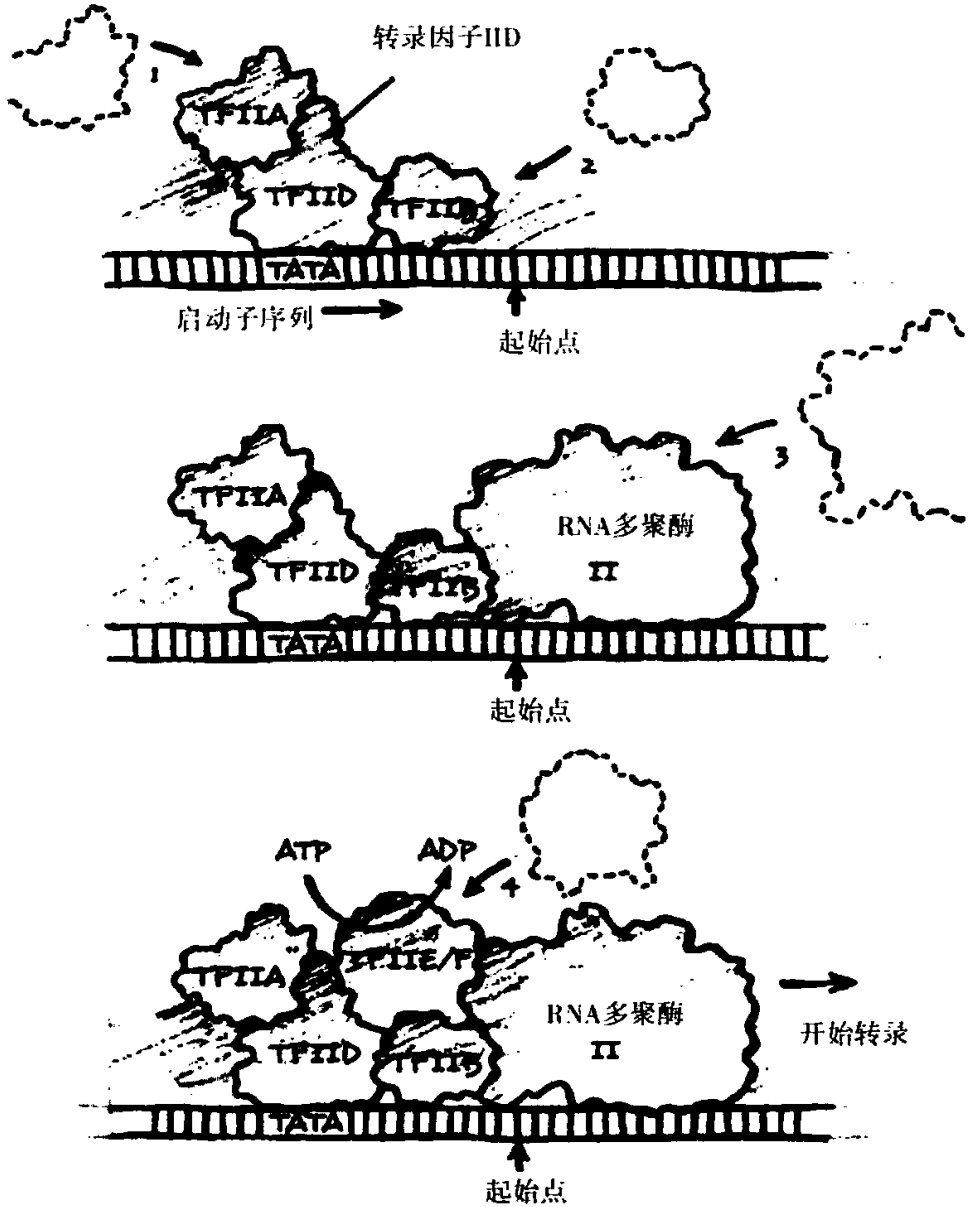


图 5.6 转录的初始阶段，图示启动子序列 TATA，和许多转录因子，用以帮助 RNA 多聚酶正确地沿 DNA 使 RNA 多聚酶定位

序剪接起来。³¹

因此，不论是原核细胞或真核细胞，它们的转录是一个复杂

的，功能上为一个整体的过程，其中包含了多个特异的并个体必要的蛋白质。然而，每一个这样的蛋白质本身的制造也是要靠上述的转录过程使之成为可能。例如，要造 RNA 多聚酶，细胞必须从基因密码转录有关制造 RNA 多聚酶的指令信息。它转而还要依靠 RNA 多聚酶来转录。制造 RNA 多聚酶和其他有关的酶以及转录中蛋白质辅助因子的指令都储存在 DNA 模版中。要表达 DNA 模版本身以制造转录系统中的蛋白质，本身需要绝大多数转录系统中的蛋白质。

翻译

基因表达的下一步，称之为翻译，显示了更大的整体复杂性。转录是把单条 DNA 信息转录到 RNA 格式，而翻译则利用此信息来制造蛋白质。由于许多生物学家认为蛋白质分子本身就是一个有丰富信息的，由二十种氨基酸字母所组成的分子，他们认为蛋白质合成过程，就是从一个四字母的 DNA 和 RNA 信息传译到二十字母的氨基酸信息。因之就称之为“翻译”。

就是最简单的原核细胞，翻译过程也要用几十个不同蛋白质或蛋白质机器，它们每一个也都同样在翻译过程中被制造的。³²信使 (messenger) RNA 到达外层细胞浆，它到达了一个大的化学处理单位叫做核糖体 (ribosome)，这就是蛋白质合成的场所。单单原核细胞的核糖体就有五十个不同的蛋白质，有三条长 RNA 分子，组成两个不同但又互相关联的次单位。³³

翻译过程是从两个次单位分离开始，而 mRNA 被结合到两个次单位较小的一个上去 (见图 5.7)。辅助蛋白叫做起始因子 (initiation factor)，以催化的方式解离并暂时使处于解离状态第二个次单位得以稳定。与此同时，转运 RNA (transfer - RNA，或 tRNA) 上碱基三个一群和第一个 mRNA 上三联碱基结合。此时，mRNA 正停泊于核糖体内。mRNA 上三个一组的碱基称之为密码

细胞中的印记

子 (codon) 或三联密码 (triplet)。tRNA 上的三个碱基和 mRNA 结合的叫做反密码子 (anticodon)。这时 AUG 字串就成为“起始密码子”在 mRNA 转录的头上。³⁴

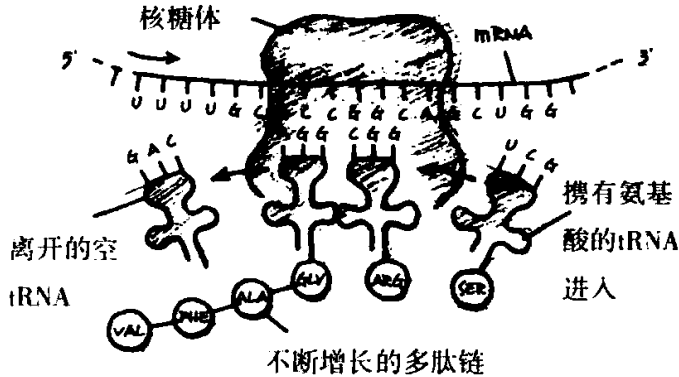


图 5.7 在核糖体内从信使 RNA 翻译成不断增长的多肽链

在 mRNA 转录上起始密码子 (AUG) 之后, 就与 tRNA 相当的反三联密码子结合, 然后核糖体的第二而较大的次单位重新和第一个次单位联合, 成为一个大的复杂分子, 它包含了两个核糖体次单位, mRNA 和携带着相应氨基酸的 tRNA 分子。这时蛋白质链就可开始形成。再加上一个氨基酸 - tRNA 组合 [叫做氨酰 - tRNA (aminoacyl - tRNA) 分子] 和相邻核糖体的活性部分相接把它的氨基酸和前一个靠拢, 核糖体内的蛋白质叫做肽基转移酶 (peptidyl transferase) 就催化两个氨基酸的 (仍在 tRNA 上) 聚合 (连接) 反应。此过程, 第一个氨基酸就脱离 tRNA 而附着第二个氨基酸, 形成一个二肽链。然后核糖体就排斥了第一个空的 tRNA, 再移一步“读”下一组 mRNA 上的三联碱基。另一个 tRNA - 氨基酸是和下一组 mRNA 密码子配合的氨基酸。携带着一个新的氨基酸向增长着的氨基酸链靠拢。整个过程就不断地重复直到 mRNA 上的终止信号为止。然后, 一个终止蛋白因子, 而不再是氨酰 - tRNA, 结合到第二个核糖体部位, 而催化水解 (解离) 肽链与第一核糖体部位 tRNA 的键, 这时新形成的蛋白质就

脱离了。³⁵

翻译过程的每一步，专用的蛋白质起了关键的作用。例如，专有氨基酸结合到专有 tRNA 分子（克里克接合器）有赖于二十种专用酶的催化作用。一种就催化一对 tRNA - 氨基酸对。基因密码的正确翻译有赖于这些酶的特性，这些酶就叫做氨酰 tRNA 合成酶。³⁶

这些合成是必要的，因为，正如克里克所预料到的，DNA 碱基的（或在 mRNA 上的）化学性能没有倾向来和任何两个特定氨基酸形成化学键。事实上四叶苜蓿形 tRNA 分子一头接到 mRNA 的转录上，另一头携带着一个特定的氨基酸。（图 5.8）显示氨基酸和密码 - 反密码对分别在 tRNA 的两头。他们之间的距离保证了 mRNA 的密码和 tRNA 的反密码都不能够和氨基酸起化学反应。正如克里克所预见的，碱基（密码子）和氨基酸之间的化学反应，没有决定基因码上指令的能力。

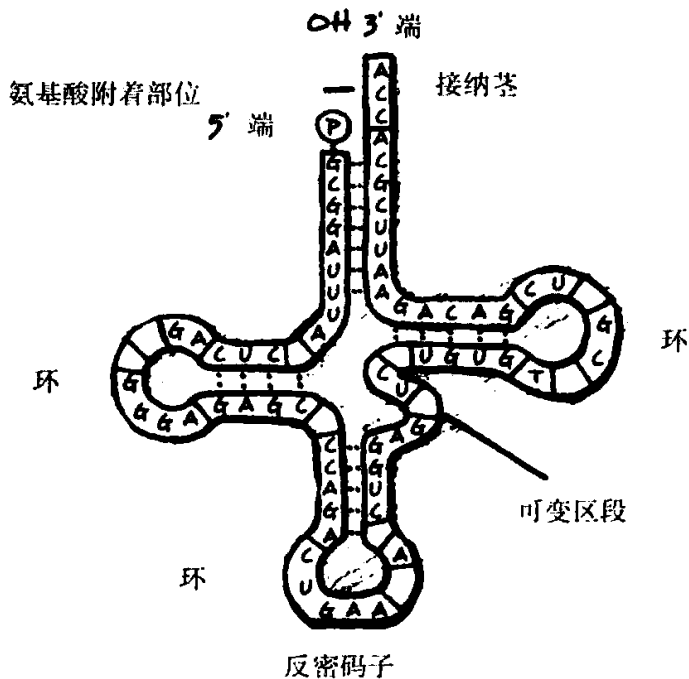


图 5.8 转运 RNA (tRNA) 分子，图示反密码子在分子的一端，而氨基酸则连接在分子的另一端。

细胞中的印记

代之以这些联合是间接地通过氨酰 tRNA 合成酶 (aminoacyl-tRNA synthetases) 来完成的。这些合成酶具有几个活性中心使它们能够：其一，辨别一个特殊的氨基酸；其二，辨别相应的特殊的 tRNA (有一个特殊的反密码)；其三，使氨基酸和 ATP (三磷酸腺苷) 反应而成 AMP (一磷酸腺苷) 衍化物；其四，联合上述 tRNA 和与它相应的氨基酸。目前的研究提示这种合成酶能识别具体 tRNA 分子的三维或化学特性 (例如甲基化的碱基 Methylated bases) 等。由于它们必须有识别能力，每一种合成酶都有高度特殊的形状，这是因为有氨基酸序列的特殊安排缘故。换句话说，合成酶本身就是特殊性的一个奇迹。³⁷

作为核糖体，它也要完成很多功能。其一，加强 mRNA 转录和氨酰 tRNA 之间密码子 - 反密码子的配对。其二，多聚反应 (通过肽基转移酶) 使肽链生长。其三，能量变换器的功能，把化学能转变为机械能使氨基酸从 tRNA 携带者上脱离出来。其四，保护在生长中的蛋白质链不致被蛋白酶所破坏，可能使用保护性隧道。其五，协助水解 (解离) 氨基酸和 tRNA 作为结束。此外，尚有几个分别的蛋白质因子和辅助因子，促使不同的特殊的化学转换分别在以下三个翻译的步骤：启动、伸长和结束。在真核细胞，仅仅启动就需要十二种分开的蛋白质辅因子。在原核细胞，翻译过程中三步中的每一步，都需要三个特殊的蛋白质辅因子来做特殊的 (在某些情况之下是必需的) 功能。如此，在转录系统中，生命起源的研究者，就面对一个鸡和蛋的问题。

复制

除了转录和翻译，细胞的信息处理系统还复制 DNA。在细胞分裂的时候它们就自我复制。同转录和翻译一样，DNA 复制有赖于许多不同的蛋白质催化剂来退绕 (unwind)、稳定、复制、编辑和重绕 (rewind) DNA 的原始信息。在原核细胞中，DNA 复制

要用三十多种不同的专用蛋白质，这是建立和正确复制基因分子所必需的。这些专用蛋白质包括 DNA 多聚酶、原始酶（primases）、螺旋酶（helicases）、拓扑异构酶（topoisomerases）、DNA 结合蛋白质（DNA - binding proteins）、DNA 连接酶（DNA ligases）和编辑用酶等³⁸。DNA 需要这些蛋白质来复制 DNA 中的基因信息，然而，这些用来复制 DNA 中信息所用的蛋白质它们本身就是由这信息所制造的。再一次问到，或至少要有一个好奇心，制造蛋白质需要 DNA，而制造 DNA 则反过来需要蛋白质。

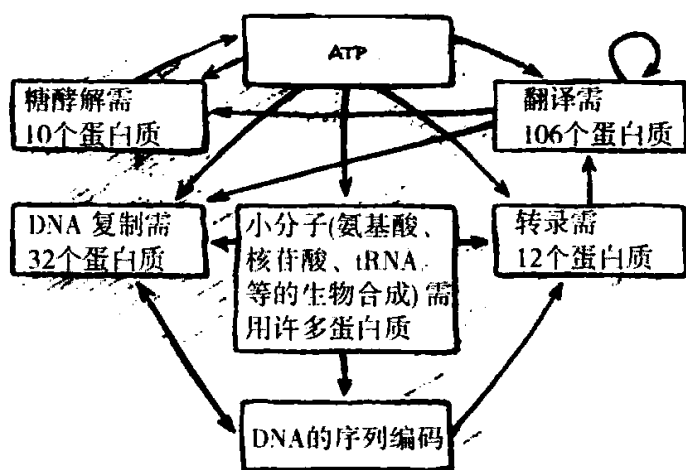


图 5.9 显示细胞信息处理过程中所包含的一系列蛋白质，在某些功能上互相依赖的关系。

复杂之事还不仅于此，蛋白质必须催化细胞生活的基本材料，例如糖类、类脂质、醣脂类（glycolipids）、核苷酸和 ATP（三磷酸腺苷，细胞内的主要能量来源）。而每一个材料也是要用这些蛋白质来催化的。例如，处理遗传基因的每一步都需要能量。细胞内 ATP 或是一个相仿的 GTP（三磷酸鸟苷 guanosine triphosphate）就是能源。当这些三磷酸中的一个水解被放出能量，就是供应能量的需要。细胞制造三磷酸腺苷是从葡萄糖开始，经过一个叫做糖酵解（glycolysis）的过程。而这糖酵解要经过十个不同步骤，而每一步都需要一个特殊蛋白质。这些蛋白质，例如

细胞中的印记

己糖激酶（hexokinase）、醛缩酶（aldolase）、烯醇化酶（enolase）和丙酮酸激酶（pyruvate kinase）等都要从 DNA 取得信息通过转录翻译来制造的。因此，细胞信息处理系统要用 ATP，而 ATP 的制造（通过糖酵解）需要细胞的信息处理系统。再一次形成一个闭环。甚至制造 ATP 糖酵解时也要用到 ATP。³⁹

总体的复杂性和生命的起源

20 世纪 50 和 60 年代早期随着阐明了 DNA 结构和功能，一个根本性生命起源的新概念开始出现。不但分子生物学家发现了 DNA 携带信息，不久他们开始猜想生物体必须有一个处理基因信息的系统。正好像储藏在光盘中的信息，如果没有一个设备来读光碟是毫无用处的。同样，DNA 的信息如果没有细胞的信息处理系统也是毫无用处的。正如理查德·列文廷（Richard Lewontin）说：“没有一个活的分子能够自我复制，只有全细胞才可能含有必需的自我复制的机器。不但 DNA 不能够自我复制，助它或不助它，但它也不能作任何其他的东西……细胞的蛋白质是从其他蛋白质所组成的，但是如果没有做蛋白质的机械什么也做不成。”⁴⁰

克里克说得对：细胞不仅仅是基因信息的储存场所，还翻译 DNA 分子中的信息（和它的 RNA 转录）来做蛋白质。但是这需要一些具体的信息传递的媒介。克里克和其他科学家认识到这种传递是不能用氨基酸对个别核苷酸基的吸引力来达到的（伽莫夫设想一组核苷酸基）之后，这就明显转录和翻译基因密码要通过复杂的信息处理系统，其中有许多核酸（例如 mRNA 和 tRNA）和许多特殊的酶。

以上这些，和自 1960 年以来分子生物学的发展显示细胞信息处理系统有赖于“紧密整体”的部件系统——它确实是一个系统中的系统。转录和翻译都要依靠许多的蛋白质，其中很多还必

须联合工作，不然蛋白合成就不能发生。然而所有这些蛋白质，又都是从这个过程中产生的。例如转录中所需的蛋白质 RNA 多聚酶，是从 RNA 转录的指令上制造的。翻译 RNA 转录指令有赖于其他专用酶例如各种合成酶，然而要合成这些不同的酶还是要用回这些酶在它们自身的合成的过程中。

生物化学家，戴维·高赛尔（David Godsell）曾描述这个问题：“使得现代生命之可能发生的关键分子过程是蛋白质合成，因为蛋白质在几乎每一个生命过程中都要用到。蛋白质合成过程，要用一个紧密的整体的一系列的反应，它们中的绝大多数本身是用蛋白质来合成的。”⁴¹ 或者像杰奎斯·莫诺（Jacques Monod）在 1971 年所说：“编码若不翻译出来是无意义的。现代细胞的翻译系统包含至少由五十个大分子所组成，**他们本身是在 DNA 中被编码的：他们除了用翻译的产物之外，是不能用其他翻译过程所造成的。**”⁴²（科学家现在知道翻译需要一百多个蛋白质）⁴³

细胞信息处理的整体复杂性导致一些深刻的反思。列文廷问道：“制造蛋白质的蛋白质是如何制造的？”⁴⁴ 戴维·高赛尔说：“这是生物化学未解开的谜之一。什么在先，蛋白质或蛋白质合成？如果蛋白质是制造蛋白质所必需的，那末这整个事情是如何启动的？”⁴⁵ 在它开始以前，蛋白质合成的终端产品是必需的。

蛋白质和核酸的互相依赖性提出了许多明显的“鸡和蛋”的进退两难的困境。这个困境在上世纪 60 年代前生命起源理论上既未被预料到，也未被提到过。细胞需要蛋白质来处理 and 表达 DNA 中的信息以制造蛋白质，但是建造 DNA 分子（在 DNA 复制过程中）也需要蛋白质。那么是谁在先，鸡（核酸）在先或是鸡蛋（蛋白质）在先？如果蛋白质必须先在场，那末它是怎么来的？因为所有各类细胞无例外都是从 DNA 组合指令来制造蛋白质的。它们如何能够独立上场而没有另外的一个？

已故英国哲学家卡尔·波普尔爵士（Sir Karl Popper）沉思地

细胞中的印记

说：“使得生命起源和遗传密码成为一个令人困扰的谜是这个：密码除了用它自己的某些翻译产物不然就不能进行翻译。这就真正形成了一个为难的循环，看起来是一个恶性循环。这个前景是想要建立遗传密码起源的理论或模型的科学家所必需面对的。”⁴⁶即使是最简单的生物，也要用到一个许多互相依赖部件的复杂系统。而这个生命的特征之能够发生，按莫诺的话说：“是极其难以想象的（exceedingly difficult to imagine）”⁴⁷。

重新来定义问题

现代分子生物学下细胞的画面，导致科学家们重新定义生命起源的问题。生命信息处理系统的发现，和它们极其精密细致的蛋白质和核酸的功能整合的发现，使得科学家们清楚认识到，现在研究生命起源必须解释至少生命的三个关键性特征的起源。第一，一定要解释细胞数字信息的编码、储存系统的起源和 DNA 储存数字信息密码的能力。第二，必须解释 DNA 大量复杂特定信息（specified complexity）或功能上特定的信息起源。第三，他们必须解释细胞信息处理系统的整体复杂性——功能上互相依赖的部件——的来源。

此书的后面几章（八至十六章）描述了科学家们试图解释细胞有赖于自我维持的信息来源和信息处理系统的各种尝试。我们将会看到三个基本途径来解释生命信息特征。第一个，大量依靠分子随机（机遇 chance）运动。第二个，依赖像定律一样的力/必需（necessity）来解释。第三个，途径联合上述的机遇和定律。但是在我详细讨论这三个可能解释之前，我还研究了大量过去科学家对生命起源是怎样想的和现代科学家是如何探索它的。部分的目的是我希望知道是否还存在第四个选择——设计假设——成为合理合法被考虑为 DNA 之谜的一个可能的科学解释。

第六章 科学的起源与设计的可能性

本章提要

- * 实验室工作不是唯一的科学研究办法。
- * 以沃森和克里克的发现为例。
- * DNA 之谜用类似的方法也是合理。
- * 智能设计论的提倡者被控因不做实验为不科学，此乃鼠目寸光之辈之见。
- * 设计理念之探讨。
- * 古代剑桥对设计概念的友好态度与今日剑桥的反对态度大相径庭。
- * 设计的理念使西方科学从希腊哲学的推理与无须求实中解放出来。
- * 设计的理念对科研的精髓是：其一，自然界是可理解的；其二，必须探索才得到的梅尔和斯科特对簿公堂，牛顿之《原理》明白说出行星轨道起源需设计。

在我刚开始研究生的学习时，并不深入了解细胞复杂性的程度，也因此没有充分意识到作生命起源的研究时将会面临的挑战。当我开始学习更多有关生命起源的各种可能的场景，我也开

细胞中的印记

始尽可能的学习过去三十五年来一切关于分子生物学和在该领域里超凡的发现。所幸的是，剑桥大学的制度允许研究生参加各种学科的讲座。尤其是我们的历史和科学哲学的指导教授们，特别鼓励我们参加和研究主题相关的科学讲座。我发现在分子生物学中学习新技能的挑战很令人兴奋，也由于明智的选择新朋友而得到进一步的帮助，他们当中有几位是分子生物学家，并在医学研究委员会实验室工作，其中包括两名美国博士后研究生也对生命起源的研究感兴趣，并且愿意或多或少帮我解答对细胞内部运作机制的锲而不舍的查询。

当我学到更多关于 DNA 的化学、序列假说 (the sequence hypothesis)、基因表达系统 (gene - expression system) 和分子生物学一般的对生命起源问题的解答，我也更多地了解了关于沃森 (Watson) 和克里克 (Crick) 所提出的著名的发现。有一天，晶体结构专家莫里斯·威尔金斯 (Maurice Wilkins) 来到我们系上讲学，他和沃森、克里克因双螺旋结构理论 (double helix) 共同得到了诺贝尔奖。在他的谈话中，威尔金斯提到有时与罗莎琳德·富兰克林 (Rosalind Franklin) 工作之间的紧张关系，她的工作的重要性，并他如何遇到了沃森和克里克，后来促使他们最终发现的关键性的科学见解。他自己对于曾参与在这历史性的成就中表示谦逊，并明显地就此机会而重温了当时的兴奋。他有点感叹地说，如果当时他有更多的时间，他有可能独自首先解决了 DNA 的结构。

随后，一些学者询问威尔金斯有关沃森和克里克使用从他 (威尔金斯) 那里得到的富兰克林的 X 射线图像，以致确定了 DNA 结构，是否合乎道德。威尔金斯的反应很有意思。他承认，在被授予诺贝尔奖金之前过世的罗莎琳德·富兰克林，没有得到因她的重要发现而该得到的她那份功劳和荣誉。但他还为他的剑桥大学的竞争对手们辩护，因他们愿意并有能力从不同的来源和学科来综合证据，以便把所有的谜团组合成一个协调一致新的现

实的图片与景象。

之后我有机会跟威尔金斯谈话，以及他为沃森和克里克的辩护，帮助我了解了科学研究运作的关键。许多人以为，科学家花费所有的时间在实验室做实验，以验证假设。DNA 结构的发现过程显明，科学研究当然包括谨慎周密的实验室工作。罗莎琳德·富兰克林刻苦的收集和分析 X 射线数据，在发现双螺旋结构中扮演了不可或缺的角色，无疑的，她并没有得到足够的荣誉。但是，双螺旋结构的发现过程也表明，科学研究有时也取决于综合广泛不同来源的证据，以便使全局能呈现出意义。在这方面，沃森和克里克表现出色。从这个角度看，有更多的方法（更多的科学方法）是竭尽所能的收集并综合所有可用的数据，（有些似乎）超过他们的一些批评者可容许的程度。

虽然沃森和克里克较没名气，也确实是资格稍嫌不够，但他们解决了自古以来最伟大的科学奥秘之一。此外，他们成就了这个功绩并非从逐步获得地位开始，这通常涉及出版一系列非常专门的专注于自己的实验研究的技术性论文，而是将已存在的各种证据用一个更可协调一致的方式作出创新的解释。是否类似的方法可以帮助破解其他关于 DNA 之谜？例如在分子中所存在的数字信息的起源之谜。

当我思索这些问题时，我发现沃森和克里克的例子颇令人启发和鼓舞。我不是一个实验者，过去是应用科学家和（现在）科学哲学家。在我研究 DNA 之谜时，我开始收集整理所有可以找到的相关的知识界的（intellectual）资源与宝贵的洞见（从科学、历史、数学和哲学的领域之中）。沃森和克里克的例子说明，科学研究涉及如此的跨学科的交互活动。许多研究关于生命起源的科学家都特别意识到这一点。撰写大量关于生命起源的普林斯顿物理学家弗里曼·戴森（Freeman Dyson）解释说：“很少数的科学问题有如研究生命起源所涵盖的广泛性，几乎必须使用所有科学学科的思考与创见。”¹

不幸的是，这种对科学研究如何运作的理解并没有深入到一般大众的心里。科学家们自己也不常承认这一点。几年后，当我们这些在智能设计论（ID）的研究者们开始推动一个我们视为对生命起源和生命本质的新的综合理解，我们却一再的被诬蔑为不“做科学”。在2004至2005年间，我所领导的发现学社（Discovery Institute）部门突然成为一个被充满狂热敌意媒体报道的中心，记者不断重复同样的批评，宣称“智能设计论的提倡者不是真正的科学家，因为他们不做自己的实验。”然后记者要求参观我们的实验室，好像做实验是科学活动的唯一形式。

当时，我知道世界各地的实验室中都有支持智能设计论的科学家。这些科学家中有些人也做实验来验证智能设计理论的不同层面，其中有些实验是使用我们所提供的研究经费。除此之外，我们实际上已经成立了自己的实验室。虽然起初我们对此事保持低调，以保护一些在其中的科学家和防止敏感的项目过早曝光而被诋毁。后来，我们公开发布了被称为“生物研究所（Biologic Institute）”的实验室，有些我们的批评者也承认我们的科学家正在解决重要的科学问题，但许多人仍试图诬蔑生物研究所的实验研究为出于“宗教动机”²。无论如何，因为我的职务是在发现学社（Discovery Institute）监督智能设计论的研究工作，故我知道第一手的资料，那些对智能设计论的批判是不准确的，许多智能设计论的科学家确实也在实验室进行实验的工作。

正如沃森和克里克的发现过程显明，即使智能设计论的提倡者不在实验室做科学实验——我个人是不太做实验的——这也不等于我们不是在“做科学研究。”否则就显出他们对科学从业精神那种带上（马）眼罩的狭隘和主观的看法。沃森和克里克在他们的长期职业生涯中曾进行过多次实验。但他们最出名的发现成果却几乎全部是用来自其他来源的（从科学期刊、其他科学家和其他实验室所获得的资料）基础数据来建立模型。

在科学上的许多重大发现，不只是由实验者所生产的新的事

实性知识而取得，而是由理论家所教导我们对已知的知识的不同看法。这种科学工作的例子如：哥白尼的《天体运行论》（*De Revolutionibus orbium coelestium*），牛顿的《自然哲学的数学原理》（*Principia*），和爱因斯坦在他奇迹的1905年（*annus mirabilis*）提出的论文。爱因斯坦当时的工作只是一个专利办事员，并没有机会接触任何实验室设备，他经由重新思考现代物理学的整体框架，在这过程中解释了许多过去纠结不清的异常事实的情况。³

查尔斯·达尔文也很少做科学实验。他做过几个关于藤壶和蠕虫的描述性研究和一些关于物种如何通过种子传播和其他蔓延进程的实验研究。然而，在他的杰作《藉由自然选择的物种起源论》中，没有用到一个数学公式，也没有任何独创的实验研究报告。然而，他制定了一项伟大的科学理论。他的方法是将广为不同途径的观测证据归纳起来，并提出了一个对观测证据做全新解释的论点。当然，达尔文自己做了一些观察来支持他的理论，但即使他没有这样做，也不会改变他的理论。达尔文的调查方式，是许多其他历史性科学家典型的研究方式。他们的角色更像一个侦探，通过收集线索来发展一个案件，与老一套的实验科学家在严格控制的实验室条件下验证假说的运作方式大不相同。

我有喜欢沃森和克里克的故事的另一个原因，特别是他们遇到欧文·夏盖（Erwin Chargaff）的故事。当他们轻率地试图从他那儿获取有关那奥秘分子的化学结构资料，因而在他面前所受惨痛受窘的经验。我在剑桥的几年间，甚至之后，也有多少类似的经历（虽然我不是没有受到过警告）。

有一天，我参加了系上邀请的一个访问学者引人入胜的演讲，他对康德哲学的研究可能是世界排名一二的权威。在随后的讨论中，我问他是否可引介我一个良好的资料来源，好让我可以更加了解他刚讨论的某一方面的康德哲学。他回答得非常客气，但我从旁人那儿隐约感受到我可能制造了一个尴尬的时刻。当我离开演讲大厅时，我的部门主任，迈克·霍斯金（Michael

细胞中的印记

Hoskin) 教授，一名好心的剑桥传统绅士，轻轻把我拉到一边。“梅尔，”他操着很重牛津剑桥口音说，“我知道你在美国学到：唯一的一个愚蠢的问题就是不问问题。但在这里是不同的。每个人都在虚张声势，如果你要成功，就必须学会吹吹牛。所以永远不要承认你没有读过什么东西。以后，如果你有会显得无知的问题，请私下来问我。”

霍斯金教授的建议无疑很好，但我的个性是倾向不愿遵循。每当我在贵宾晚宴或普通的会见厅与剑桥大学的科学家、哲学家和研究生讨论，我会经常和他们分享我对 DNA 之谜的兴趣。当我遇见了有相关知识的专家，就会深入探求他们的特殊见解。通常我会学到一些东西，但有时我会因为找错了对象被嫌问太多而感到讽刺的难堪。

我或许愚蠢，有时也不小心透露出我对“设计论”这个问题感兴趣，具体而言，我的问题是：藉由现今对 DNA 信息承载性的发现，是否可以为设计论重新建构一个严谨的科学论证。虽然我是个天真的美国人，但也没有花我很长的时间去明白，这并不是一个受欢迎的话题。有时其他的研究生会警告我不要冒险进入这种危险的主题，但更多的时候，我收到的是别人的白瞪眼。剑桥毕竟是达尔文的母校，而且设计论的假设在生物学中也将近一百五十年没有被认真地辩论过。

奇怪的是，我常有好运气会遇到一些愿意讨论这些议题的颇为杰出的科学家。在进入剑桥之前一年，我有机会在耶鲁大学的会议上采访到诺贝尔奖得主物理学家尤金·维格纳 (Eugene Wigner)。我直接问他有关生命起源的问题，他向我解释为什么他认为“无方向的化学进化过程能制造生命”一说，其机遇是压倒性地并不支持。

维格纳进一步表示，他对于“由 DNA 所呈现的信息而指出背后有智能设计来源”的想法，持开放的立场并表同情。

我在抵达剑桥后也有一些类似的经验，但同样也只有那些非

常杰出的科学家，他们也许对自己的声誉感到足够的安全，因此敢公开地考虑研究近似异端的想法。有一次，我作为霍斯金教授的客人，出席一个丘吉尔学院的贵宾宴，一个迷人的匈牙利男子打破剑桥礼仪，在休息室内盘腿与我对坐在高年师生公用休息室的地毯上。他谦逊地介绍自己是赫尔曼（Herman），并开始询问关于我的研究兴趣。当我向他解释时，他对我关于 DNA 的想法表示很感兴趣，并分享他自己关于生命起源的一些问题。之后，我们在晚餐后恢复我们的谈话。由于晚餐时许多反美的谩骂像畅饮加烈葡萄酒，霍斯金教授在一旁盘旋，以确保我们彼此之间有适当的引介。

他说：“哦，邦迪，我很高兴看到你遇见了年轻的梅尔。”当我突然意识到这位与我愉快的讨论有关生命起源的各种想法的人是谁时，差点被酒噎倒。“赫尔曼”是赫尔曼·邦迪（Herman Bondi）爵士教授，他是数学家和天文学家，并曾与弗雷德·霍伊尔（Fred Hoyle）爵士制定了宇宙的稳态理论，他也因他的广义相对论的工作而著名。除此之外，我知道邦迪是一个著名的世俗人文主义者。他可以有绝对的哲学倾向来不假思索地罢黜我的想法。然而，他盘腿坐在一个研究生面前，公开讨论解决生命起源问题的一个激进的提案。我永远不会忘记他。

后来邦迪的合作者，弗雷德·霍伊尔爵士，也来到剑桥，讨论关于生命起源的看法。这是一个我不能错过的演讲。霍伊尔闻名于正确预测碳原子的共振程度，并他在物理学和宇宙学对微调问题的先锋工作。但他并不是来剑桥讨论以上这些。他来这里解释他为什么拒绝化学进化理论。后来我直接问他是否认为在 DNA 内存储的资讯可能指示有智能设计来源。他的眼睛发出亮光，并示意我在演讲之后继续一同步行跟他谈。他说：“这肯定会使生命容易解释得多”。

现代剑桥，古代剑桥

除了少数此类经历之外，当代剑桥对我的设计论并不感兴趣。不过，用不多久我就发现古代剑桥对设计论却是很感兴趣的。剑桥是闻名世界的城市，在此，你不仅仅可以研究科学历史，而且它创造历史。我很快发现，那些建立了科学事业和几百年来创造它光荣历史的科学家们，并不像他们后人那样蔑视探讨设计论的假说，像我曾遭遇到的那样。科学革命的创办人（约公元1300年至1700年）许多是很敬虔的信徒，并且对生命和宇宙的设计深表赞赏。此外，对这些科学家而言，设计论的概念不仅仅是一个敬虔的情操，而是整个科学事业所奠基的一个不可或缺的前提假设。

就如许多科学史家所指出，现代科学的创始人需要假设：当他们仔细研究自然界，它将显示出它的秘密。他们这个假设的信心基础，是建立在希腊和犹太-基督教的一个观点：宇宙是一个有秩序的系统，是一个有序的体系，而不是一团混乱。正如英国哲学家怀特海（Alfred North Whitehead）解释说：“除非对**万物中存在着秩序**，对此有着普遍认同并坚定的信仰与直觉，尤其是大自然中**存在着秩序**，否则不可能有活生生的科学。”怀特海说，对这一命题的信心，主要是启发于中世纪时。对上帝的合理性之坚持。”⁴

其他许多科学史学家更扩增了怀特海的想法。他们坚持认为，现代科学特别启发于一个信念：即宇宙是一个理性设计后的产品，并且是被设计来让人类的心思能去理解它。正如社会科学家史蒂夫·富勒（Steve Fuller）所说，西方科学是建基在一个信念：“自然界中的秩序是一个单一的智能产物，而我们自己的智能也源于这个智能源头。”⁵从这个基本的假设带出一个理念：自然界是可“理解”的，因它设计成与有迹可寻的定律相呼应，因

此可被那些进行认真审查的人所理解。或者如天文学家开普勒 (Johannes Kepler) 所说：“科学家们的工作是跟踪上帝的思想。”⁶

虽然希腊、犹太和基督教哲学家们都同意自然界的合理性，但他们并不一定同意该如何去发现探索它。许多科学史家们注意到，希腊对于探索自然界的理念，倾向于以贫瘠的不切实际的哲理演绎而并不受通过实际观察的制约。若要推动科学的进步，则需要制定一个更经验上的方法。主要发生在科学革命之时，在中世纪的哲学家和早期的现代科学家们与这方面的希腊思想作了一个决定性的决裂之后，开始了这个改变。

虽然希腊哲学家认为自然界反映出一种潜在的秩序，他们却认为这个秩序并非源于设计思维，而是源于一个潜在的和不言自明的逻辑原则。基于这个原因，很多人认为他们可以从第一原理 (First principle) 出发来推断自然界会如何运作，而不必做实际上的观察。例如，在天文学中，希腊人 (亚里士多德和托勒密) (Aristotle and Ptolemy) 假设，行星必须在圆形轨道上移动。为什么？因为根据希腊宇宙论，行星移动在“最精密”的晶球体领域，一个在天上的领域，只有完美才可能存在其中。他们推断，因为最完美的运动形式是圆形，故而行星必须在环形轨道上移动。还有什么比这更合乎逻辑的？

设计的理念使西方科学从无须求实的推理中解放出来。就像希腊哲学家一样，早期的现代科学家也认为自然界呈现出一种潜在的秩序。不过，他们认为这种自然秩序是被一设计思维铭刻在自然界中，他们尤其认为那个设计思维就是犹太教和基督教的上帝。基于这个原因，他们认为，自然界的秩序，并非是逻辑之必要性 (logical necessity) 的产物，而是理性的思考和选择后的产物。因为是源于同一个设计了大自然的思维 (设计者) 也设计了人的头脑，故早期的科学家们一直认为自然界是可以理解的，并且是可以被人类的智能所理解。但由于自然界的秩序是仰赖其设计者的意愿，他们意识到他们必须观察大自然，以便能揭示它的

细胞中的印记

秘密。

正如有许多方法可用在绘画、设计时钟，或编排图书馆的书籍，同样的亦有许多方法可用来设计和组织宇宙。因为它是一个理性的选择，故自然秩序也可以有所不同。因此，自然哲学家就不能仅仅从第一原理出发来逻辑的推论自然秩序，他们需要仔细的和系统性的进行观察。就如化学家罗伯特·波义尔的解释：自然哲学家（科学家）的工作不是要问上帝必须做了什么，而是尽可能去瞭解上帝究竟做了什么。波义尔认为，上帝是个拥有绝对自由的设计者和创造者，因此研究自然秩序的方法，需要我们用实验和观察的方法：**观看**→**观察**→**发现**⁷，而不是演绎的方法。

因此，宇宙是一个理性的设计的假设产生了两种理念，可理解性和不可预见性，这反而为研究自然界提供了强大动力，并为“研究将会产生理解”增加了信念。牛津的物理学家和科学史家彼得霍奇森指出：“根据犹太教和基督教信仰，世界是上帝自由地从无中生有的创造。应当因此世界的结构不能用第一原理来推导，我们必须观察它，并加上实验，以找出神是如何创作。这强化了亚里士多德的原则，即所有的知识必须通过感官而来，但要求它处在一个更广范围内的世界本质的信念之中，并且蕴含于创造论的教义之中⁸。霍奇森注意到，早期的科学家们一直认为世界是同时具有合理性——因为它是一个智能的创造——且具不可预见性——因为智能自由运作——这些假设导向“一个全新的科学思想”，并且“是由于犹太教和基督教的世界观而成为可能。”⁹

在剑桥城内无论我到何处，总会遇到这一长期占主导地位的观点的证据。每一天，当我走在“自由学校巷道”去我系办公室时，总会经过老卡文迪许实验室，其中三十多年之前，弗兰西斯·克里克和詹姆斯·沃森意识到，他们的DNA模型是如此美丽因而它必是正确的。¹⁰卡文迪许拱形道横跨大木门上是一个拉丁铭文：*Magna opera Domini. Exquista in omnes voluntates ejus*。这是

物理学家詹姆斯·克拉克·麦克斯韦 (James Clark Maxwell) 教授坚持下铭文才被放置在那里的。麦克斯韦是卡文迪许 1871 年的第一任教授。铭文引述诗篇上说,“耶和华的作为本为大. 凡喜爱(它)的都必(去)考察(以得知)”(诗篇 111: 2 译者补充和合本中译是为体现作者英文原意)。这题词概括了麦克斯韦对科学研究所受到的启发: 认为大自然的作品反映了一个设计的思想。在这一点, 他的信仰已经加入了四百多年来许多西方文明领导科学家们的队伍: 哥白尼、开普勒、约翰·雷 (1627 - 1705)、林奈、居维叶 (Georges Cuvier)、阿加西 (Louis Agassiz)、波义尔、牛顿、开尔文、法拉第、卢瑟福等等一长串名单。

正如我研究科学史, 我很快发现, 许多科学家认为, 这些设计的信仰不只是假设或断言, 他们也以这个假说为他们在本学科的发现而论证。开普勒认为行星运动的数学精度, 以及他描述行星运动的三律, 看到了智能设计。其他一些科学家认为在自然世界的结构的许多特征或赖以运作的自然规律上也发现了设计。路易斯·阿加西, 他是领先 19 世纪美国自然主义者, 为了他, 哈佛大学命名了阿加西讲席。他认为, 化石记录出现的模式明白无误地指出了设计。¹¹ 林奈的设计论证是基于植物和动物容易地被纳入有序的“组内的组”的分类系统。¹² 波义尔坚持认为, 极其错综复杂的钟表样有规律的物理机制, 提示了这种活动是“一个绝顶智能的设计者所致。”¹³

牛顿, 在这方面特别值得注意。正如我在第一章所讨论的, 他提出了具体的设计论证是以物理学、生物学和天文学中的发现为基础。在他的经典工作《光学》(Opticks) 中他认为眼睛是智能设计的。在他的杰作《自然哲学的数学原理》(平时用它的拉丁名简称《原理》*Principia*) 他还主张行星系统的智能设计¹⁴ 在他《原理》的“一般注释 (General Scholium)” (即前言) 中, 牛顿提示, 行星系统的稳定性不仅取决于万有引力的正常作用, 而且还取决于行星和彗星与太阳关系的精确的初始定位。他解释

细胞中的印记

道：“虽然这些星体可能，仅仅以重力律维持它们的轨道，但是绝不能从这些定律可以导出它们本身起初的正常轨道位置……（因此，）这最美丽的太阳、行星、彗星的系统只能是从智能和强大的存在（being）的咨询和统治而来。”¹⁵

牛顿的科学观点的设计想法是如此的居于中心位置上，以致当我在研究《原理》中有关牛顿论重力时，我一再被告诫不要错过它。一位辅导，也是我的上司，他是一个坚定的无神论者，提醒我不要被现代世俗的偏见来读牛顿的作品。“如果你错过了牛顿的有神论，”他告诫我说，“你已经错过了一切。”

几年以后，我发现我当年所研究有关牛顿的著作很是有用。1999年，美国民权委员会要求我在有关生物教学上所谓的起源观点歧视的听证会上作证。这个听证会上与我的对立专家证人是尤琴妮·斯科特，她是人类学家并主管国家科学教育中心（NCSE）。斯科特是一个出名的热切批评智能设计科学合法性的专家，她不断地宣称，智能设计的理念违背科学的规则。据斯科特的观点，这些规则排除了援引任何非自然或非物质的原因（以一个设计智能的行动）来解释自然世界的特征。

在听证会上，委员们问我一个有趣的问题。他们想知道，显然牛顿在物理学上以智能设计为论点，这和斯科特博士所说被广泛接受的科学定义不同，那么，我们目前的教育环境下牛顿物理学是否符合“科学”？斯科特的反应是坚持认为民权委员在牛顿讨论智能设计时误解了它的前后关系，她解释说，牛顿讨论智能设计，只不过是一个神学信仰——他（牛顿）煞费苦心地把它和科学分开，以避免为它进行实证检验。以下是根据听证会的谈话内容纪录，她说：“牛顿提出了一个非常清楚的区别——他作为一个非常富宗教情操的科学家——关于科学应该如何工作，他提出了明确的区分。牛顿的观点是，我们应该仅由利用自然的过程来了解自然世界。他这样说是因为他的宗教原因，因为他不希望神的存在，或上帝的超越表示——我们是否可以说——以至需要

用科学的基本方法来做检验。”斯科特接着重申，援引智能设计将违反核心的科学守则，即如她所说，“我们限制自己以单单的自然的原因来解释自然世界。”¹⁶

碰巧，我刚刚完成了设计科学论据历史的论文，它详细引用了牛顿《原理》——这一个无可争议的科学论文——中的论证。当时这篇论文就在我的公文包里，听证记录写得清楚，我马上挑战斯科特对牛顿的写照：“在牛顿的历史上，恐怕，你显然是不正确的。人们如果一打开‘一般注释’对《原理》的介绍时（这本可以说是最伟大的科学著作），人们可以发现一个精致的设计论证。牛顿明确指出行星的安置，他说，不能以自然法则作解释，他非常明确地说，它只能是一个最明智的设计者才能所为。”这是他巨著的引言部分说的。有几位委员们表现了好奇，于是我就接着往下说，指出制定这样的设计论证，牛顿不是单独的。我继续说，“你在整个科学革命中可找得到这样的设计论证，从波义尔，从开普勒也可从别人著作中找得到。”¹⁷

废止设计

根据我的研究（以及注意到在剑桥的许多标志性建筑），我已经了解到，在历史纪录上，在（设计论证）这一点上是无可辩驳的。我开始在想：援引这么一个科学历史如此基本的概念，竟然会完全违反了科学本身的规则？（因为我曾多次听到许多科学家们如此断言）如果智能设计的信念首先启发了现代科学的探求，怎么可能仅仅对设计假设保持开放的态度？现在竟然会如一些科学家们所担心的，被称为“科学的阻挡者”，并威胁到富有成效的科学研究。

显然，智能设计的理念发挥了在现代科学基础形成过程的作用。许多伟大的科学家们提出了具体的设计假说。这似乎暗示了我，我认为智能设计可以作为一个可能的科学假设。但是，许多

当代科学家不假思索地反对这一建议。为什么？

对历史的科学推理的性质

我记得我的达拉斯导师，查尔斯·萨克斯顿，认为许多现代科学家不假思索地拒绝设计，是因为他们不承认有不同类型的科学探究，具体而言，有一个独特的科学研究它是针对探讨和解释过去事件的。他区别出了起源科学和运作科学（operational science）两种。把它们区别开来就可以将“智能原因”作为可能解释生命起源的原因提供了一个理由。萨克斯顿认为，由于生命的起源是一个独特的历史事件，因为智能者的单独行动往往产生独特的事件，一个设计者的行动就可能提供这一事件的一个科学的解释的适当形式。当我第一次听到萨克斯顿提出的区别，我觉得这是很有道理的。在我看来，援引“智能的原因”作为一个过去事件的解释可能是一个完全合理的事情。这个理由很简单，因为一个智能者的活动实际上有可能导致了有关的事件。

我现在在想，科学革命中的伟大科学家们，他们曾提议设计的假设，这样做通常是解释某些系统或世界的**起源**——如眼睛功能、太阳系、宇宙，生物系统“互相关联的生物部件”的起源。¹⁸因此，也许萨克斯顿是正确的。我们也许可以制定出例如生命的起源现象的设计假设作为严格的科学解释。但要决定这个问题我需知道科学家们是如何调查过去的，以及他们是如何制定理论并使之合理的。所以我研究的重点从所需要作解释的生命的特征（见第三至五章），转向研究历史性科学家们是如何去解释在遥远的过去事件和具体特征的起源（见第七章）。

第七章 从线索追溯原因

本章提要

* 达尔文和他的导师，地质学家查尔斯·莱尔和一些不太有名的名人，一起开拓了专用在阐明生命、大地和宇宙等科学研究方法。

* 威廉·维赫维尔（William Whewell）出版了归纳性科学的历史和哲学二书。他认为“古因科学或叫做历史性科学”可以三种方式和非历史性科学区分：

其一，不是建立自然界进行运作的普遍定律；

其二，解释不是参照普遍的定律；

其三，从结果来推断历史的特殊伦理模式。

* 溯因论理（Abductive Reasoning）如何不犯“肯定后件”（affirming the consequent）的谬误。

* 彼得·利普顿（Peter Lipton）和他的最佳解释推理，怎么令致解释成为最佳？

其一，应当援引从我们一致的经验中已知有能力产生所要回答问题效果的原因；

其二，当科学家能够推断唯一的、可信的原因时，他们能够避开肯定后件的谬误；

其三，造成“果”的“因”必须当时在场。

* 用莱尔和达尔文自己的论理规则，和用他们的合理科学解释测试，智能设计论就至少一定够格。

1986年，当我离开达拉斯时，我和查尔斯·塞克斯顿在讨论中出现的问题牢牢地抓住了我。以DNA推理到设计，能否构成一个严格的科学论证？是否有独特的科学方法来研究遥远的过去？当我去剑桥的时候我是被塞克斯顿的理念所迷住了，但是没有被完全说服。至少有一点，我并不认为他区分两种不同类型的科学说法是完全满意的。这个区分貌似有理，但是还需要澄清和证实。

即便如此，我不久就发现，其他科学家虽然通常用了不同的词汇，但也作了相似的区别。哈佛古生物家和科学历史学家斯蒂芬·杰伊·古尔德（Stephen Jay Gould）坚持“历史性科学”，例如地质学、进化论生物学和古生物学等，它们和“实验科学”，例如化学和物理应用了不同的方法。有意思的是，他还论证道，理解历史性科学和实验科学的不同，有助于使进化理论合法化（面对要求它的科学严格性和被质问它的可测试性时）。古尔德论证道，历史性科学理论是可测试的，但是并不意味着在实验室可控的条件下的测试。反之，他强调历史性科学家们以评估它们的解释能力来验证他们的理论。¹

那么设计假说是否可以同样地应用这个原则？或许智能设计理论也能表达为关于过去曾经发生过的历史性科学理论。如是，可能这样一个理论能够用它的解释能力来验证，而用不到在实验室控制条件下试验它的预测能力。

剑桥第二年，我已经比较懂得了在生命起源问题上哪些是需要解释的，我开始探索那从塞克斯顿讨论中所首先提出来的问题。在历史性科学研究中是否有一种特殊方式呢？如果有，那么科学家们如何论理和推断过去的呢？这些推断是否是可测试的？如果可测试，又是怎么作的？然而在我的思索中还有一个问题久

留不去：如果能有一个用历史方法的科学论理的话，那么这种论理方式能否给智能设计作出一个严格的科学辩护来？

当我开始研究过去科学家们如何研究时，我详察了 19 世纪科学家和科学哲学家的工作，他们首先发展和改进了这些方法。² 最终引导我到了他们的大师面前：达尔文和他的导师，地质学家查尔斯·莱尔和一些不太有名的名人。他们和达尔文、莱尔，一起开拓了专用在阐明生命、大地和宇宙等科学研究方法。

过去原因的科学

访问加拿大阿尔伯塔的皇家泰瑞尔博物馆（Royal Tyrrell Museum）时，你会见到一个美丽的仿真寒武纪海底，其中有令人惊诧的古生物集锦。或者你读剑桥古生物学家西蒙·莫里斯对伯吉斯页岩的书第四章（论到寒武纪时）你也会被带到一个生动的古海洋环境的导游，内有许多神奇的生命形态。³ 科学家是怎么知道这种古代环境的呢？他们用了什么论理的办法来研究如此长久以前地球上发生的事呢？

过不多久，我发现自己不是发出这个问题的第一人。19 世纪 30 和 40 年代，威廉·维赫维尔（William Whewell），一位出色的科学家和哲学家，并是剑桥三一学院的院长，出版了两本科学性质问题的书，其中论到了这个问题。⁴ 维赫维尔的著作刚好遇到维多利亚时代的英国对自然历史兴趣高涨的时期。因为当 19 世纪 30 年代，莱尔已经出版了他的开创性的地质学原理（*Principles of Geology*），此书首次科学地描述了恐龙化石的形成，以及新的关于生命历史的进化理念，这些都在科学界上层人士中流传。

在那册《归纳性科学历史》（1837）和《归纳性科学哲学》（1840）里，维赫维尔对物理学、化学等科学和他称之古因科学，（*palaetiological* [science]）之间作了区分，古因科学就是对过去原因的研究。他认为古因科学或叫做历史性科学，可以三种方式

细胞中的印记

和非历史性科学区分。⁵ 第一，古因科学或历史性科学有一个明确的目标，就是确定古代的条件或过去的原因，而不是建立自然界进行运作的普遍定律。⁶

第二，这一类的科学“解释”现在的事件（译注：例如化石）（“表达的结果”）是靠着参照过去的（原因）事件，而不是参照普遍的定律（虽然维赫维尔也承认，定律往往也对这种解释起支持作用）。⁷ 历史性科学以过去发生的事件或一系列事件作为对一些现在可观察的现象的解释。⁸ 例如，地质学家会以一系列地质学事件来解释阿尔卑斯山的形成，这些事件包括某种板块碰撞，其上的沉积层的过度挤压，以及这些地层后来的折叠和缺陷等。科学历史学家乔纳森·霍德吉（Jonathan Hodge）解释道：维赫维尔领会到历史性科学并不研究“永久起作用的产生运动的力量，例如重力吸引等”，它却研究“在暂时因果中起作用的原因。”⁹

第三，在他们意图重建“古代的条件”时，维赫维尔议论道，历史性科学家还用了一种特殊的论理模式。¹⁰ 以因果关系的知识，历史性科学家“倒退计算”和用“表达的结果”来“推断”过去的条件和原因。¹¹ 古尔德后来说，历史性科学家是以“从结果来推断历史”来工作的。¹² 例如，若要重新再现寒武纪的环境，古生物学家，例如古尔德和莫里斯就以现今化石和其他线索为根据来推断过去。¹³ 他们用了过去的环境和一组条件来推断现在他们所找到的证据的原因。和其他历史性科学家们一样，他们从线索追溯到原因。¹⁴

溯因论理（Abductive Reasoning）

这一类的论理称之为溯因论理，或简称溯因。这是美国哲学家和逻辑学家查尔斯·桑德尔·皮尔士（Charles Sanders Peirce）所首先描述的。他注意到，它不像归纳式论理，从对同一现象的

反复观察中建立了普遍性的定律和原理，它也不像演绎式的论理，后者则应用普遍的定律推导出某一事实或事件。溯因论理则从现有线索或事实来推断过去未见事实、事件或原因。¹⁵

皮尔士自己证明，溯因论理有一个（逻辑上的）问题。¹⁶让我们思考以下的三段论；

如果下雨，街道会潮湿。

街道是潮湿的。

所以下（过）雨了。

在这个三段论式中，一个过去的情况（下雨）是从一个现在的线索（街道是潮湿的）推导出来的。然而，这个三段论式犯了一个逻辑学上的谬误叫做“肯定后件”（affirming the consequent）。如果街道是潮湿的（没有其他的证据来作决定），那就只能作出“可能”下了雨的结论。为什么？这是因为街道潮湿还可能由其他原因。扫街车、救火龙头失控，或下雨等，这些都可以使得街道潮湿。所以从现在推断过去的困难是因为对某一种结果往往可以得出许多可能的原因。因此，溯因推断只能作出貌似有理的（plausible）的但不是肯定的结论。

皮尔士因之就提出了一个重要的问题：为何虽有“肯定后件”的逻辑障碍我们还往往能够做出对过去的推断呢？他说，例如，我们没有人会怀疑拿破仑的存在。然而我们用溯因推断出他过去的存在，而并不是越过时间的隧道回到当时直接观察他，而是用现在的证据（物件和文件）来推断。尽管我们有赖于溯因论理来作出这个推断，没有一个正常和受过教育的人会怀疑拿破仑曾经真的在地球上生活过。这怎么可能呢？如果肯定后件谬误会阻挠我们溯因推断的企图呢？皮尔士的回答是很有启发性的：“虽然我们没有见到拿破仑这个人，但是不假设他的存在的话，我们‘不能解释’我们所见到的东西。”¹⁷皮尔士认为，如果能够

细胞中的印记

证明它代表了最佳或唯一的“表达的结果”（manifest effects）的解释，某一个溯因推断就可以牢牢地建立。

皮尔士认为，溯因推断论理的问题是，往往有不只有一个的原因可以解释同样的结果。提到在地质学上的问题，19世纪后叶地质学家托马斯·张伯伦（Thomas Chamberlain）勾画出一个论理的方法他称之为“多种运作假设的方法（method of multiple working hypothesis）”¹⁸。地质学家和其他历史性科学家们在遇到同样的证据却有多于一个的可能原因的假设时采用这个方法。在这种情况下，历史性科学家们谨慎地权衡有关证据，以及他们所知的不同可能原因以决定哪一个具有最佳解释。现代科学哲学家称之为“最佳解释推理”。那就是当试图解释过去某一个事件或结构的原因时，历史性科学家就会比较不同的假设，一个假设如果是真的话，就能给予此事件以最佳的解释。他们就会暂时认为对此事件的最佳假设就最可能是真的。

彼得·利普顿（Peter Lipton）和他的最佳解释推理

1990年春季，当我在紧张地完成我的博士论文之际，我有幸遇到了美国科学哲学家，他帮助我明白溯因推断。他是彼得·利普顿，那时，他刚刚离开马萨诸塞大学威廉学院被请到剑桥的历史和科学哲学系。他担任了剑桥讲师之职（相当于美国副教授），以后他升为教授并成为系主任。不幸于2007年英年早逝，享年五十三岁。当利普顿在1990年春访问剑桥时，一位剑桥教员，见到我们有一些共同的兴趣，介绍我们相见。那时利普顿完成了他一篇重要的论文称为 *Inference to the Best Explanation* “最佳解释推理”，此文以后就被当代科学哲学界认为是一个小经典。我已知历史性科学家必须权衡互相竞争的假设，我立即对利普顿的主张产生兴趣。他友善地给了我一份尚未发表的稿子。

利普顿系统地研究和维护了一种论理方式，他称之为“最佳解释推理”。他说这种推理在科学和日常生活中常常用到。例如，“看到雪地里一些特殊形状的轨迹，我就可以推断一个穿着雪鞋的人不久前走过这里。还有其他可能性，但是我作出这个推理是因为它提供了我所见到的事物的最佳解释。”¹⁹从他所用的许多阐明“最佳解释推理”的例子，我们就很清楚这种论理方式对科学家们试图提供某一个事件或情境证据因果的解释，是特别有用的。

我很欣赏利普顿的工作。他叙述清楚，以实际的科学例子来说明关于这个科学方法的意念。他的工作并不像用行话或对抽象有偏好的学者那样，会令日常工作的科学家们给科学哲学家们一个坏名声。相反，他显然尊重科学的实践而希望给出一个正确的意见，那就是科学家当如何正确制订和判断他们的假设和推断的合理性。

有意思的是，利普顿在剑桥的博士论文，开始时他的论文却是反对以“最佳解释推理”作为对科学推理的正确理解！他说，他之所以这样做，因为作为一个博士生，他没有时间对它进行足够全面的论证。相反，他决定以最好的论证来反对它，这样他会充分地了解反对方，以此作为写一本书来为它辩护的准备。他的事迹显示了他能够在决定问题之先权衡互相竞争议论的利弊。利普顿是个言行一致的人。

根据利普顿的观点，“从对我们所具备的证据开始，”我们一般会“推断，如果是真的（假设和理论的）话，看它是否能够最好地解释这个证据。”²⁰这就和皮尔士的说法相呼应，就是单单这项对证据的唯一解释如何增强了溯因推断。然而利普顿使解释和推理之间的关系更为清楚。他还证明对解释能力的考虑往往会影响到互相竞争的推论或假设的评估。皮尔士和古尔德说服了我。就是说，历史性科学家们用了一种独特的推断法，那就是从现在的结果来推断过去的原因。维赫维尔和其他科学哲学家证明了历

细胞中的印记

史性科学家形成了一种独特的解释方式——过去曾经发生过的事件或原因用来说明某种事实。利普顿现在证明推断和解释这两个智能活动是如何联系起来的。²¹

他证明了科学家们往往用比较解释能力来评估互相竞争的推理或假设。那就是，评估一个推理的解释能力决定了我们放进去了多少筹码。利普顿挑战了一种流行对科学的概念，这就是科学家们仅仅评估他们的理论对未来事件预测的准确性，以此来测试他们的理论。²²利普顿展示了在评估一个推断或假设时，对已知事实的解释能力往往相当或高于对预见的成功的价值。²³

但是这样的推理有一个问题，是利普顿和科学哲学家们都意识到的。许多人认为“最佳解释推理”不过比一个口号好一点点而已，因为没有人能够肯定怎么才算得“最好”的解释。“当然”，有人会说“我们经常推断一个假设，如果它是真的话，就最佳地解释了证据，但是怎么叫做解释了一些问题还要最佳地解释它呢？”²⁴

回答这个问题之前先要答复这个问题：“什么构成一个最好的解释？”利普顿给出了个一般的条件，一个好的解释应当像什么。他注意到科学家们有时解释普遍的一组现象（例如凝聚）有时一个具体的事实或事件（例如恐龙的消失）。利普顿认为，典型的好的解释是因果性的（不论是普遍的现象或一次发生的某种现象）。

如果是一个普遍现象，例如凝聚，好的解释应该说明因果的机理。例如，一个物理学家，就会以一个热交换的普遍机理来解释凝聚（当暖水蒸气遇到了冷固体，较冷固体把热从水汽上吸收过来，令致水从汽状转为液状）。

如果现象只发生一次，利普顿展示了一个好的解释，应说明了一个以前的原因，典型的就是一个事件，这事件就是正在讨论事件的“原因历史”的一部分。进一步，利普顿展示了，要证明这个事件的原因，科学家必须指出事件原因的历史中某些东西造

成了关键的区别——确实发生了的，不然的话我们就会期望得到的将会是什么，这二者的区别。好的解释是以下列方式回答问题，“为什么是这，而不是那？”好的（或最佳）解释，提出一个事件“原因的不同（causal difference）产生后果的不同。”²⁵

这是利普顿的例子。假设一个古生物学家要解释为什么恐龙在白垩纪消失。他理解有许多事件导致恐龙消失，从大爆炸到大陆的形成到恐龙本身的起源。所有这些事件都是恐龙消失“原因历史”的一部分。但是这些事件中，其最佳解释消失的事件——原因——足以解释发生了什么和不然的话会发生什么之间的区别。在这里恐龙消失和（要不然的话）恐龙继续在大地漫游之间的区别。大爆炸是恐龙“原因历史”的一部分，但它并不解释恐龙的消失。为什么？因为它解释不了结果的不同。不论恐龙继续漫游或消失，大爆炸还是它“原因历史”的一部分。

于是，古生物学家提出了一个说明原因差别的理论。作为不同证据的解释，他们推断了一个巨型陨石在白垩纪末打击地球，造成了环境剧变。他们还提出，陨石打击产生尘埃和碎片，阻挡了阳光使地球降温，最后杀死了所有冷血的恐龙，因为食物供应被断绝了。

这个解释说明了利普顿完美的原因解释的概念。它解释了一个事件（恐龙消失），用了在此以前的事件（陨石打击所造成的环境剧变）作为原因。它也说明了区别：所发生的（恐龙的消失），和不然的话期望什么会发生（恐龙继续生活繁殖）。诚然，如果陨石没有打击地球，恐龙大概会继续生存直到白垩纪之后。因此，陨石打击就可能造成了一个原因上的差别。这个打击假说还可以解释许多其他证据——例如那时岩石的铀含量和尤卡坦半岛（Yucatan Peninsula）的大陨石坑——所以它有广泛的解释能力。对它上述任何一个单独事实没有足以证明这个假设是对的，但是他们对它提供了支持且把它放进了可能最佳解释的竞争者行列中去。

细胞中的印记

在《最佳解释推理》中，利普顿进一步发展了更为全面的原因解释，以加强它的最佳的原因解释的推理是如何工作的。在这过程中，他还提供了一个普遍的、尽管是部分的、对问题“怎么令致解释成为最佳”的答案。由于他比较集中于较普遍的 IBE（最佳解释推理）如何工作，他没有谈到我所最感兴趣的有关历史性科学的论理中的具体问题。然而，他对科学家如何用其解释性能力来评估推断的一般叙述足以说明历史性科学家们如何评估他们的理论。诚然，他的许多例子都采用了科学家们如何试图以过去的原因来解释具体的事件。

不但如此，他的方法直接了当地道出了往往在历史性科学研究中所产生的主要问题。利普顿注意到，引用能可信地产生原因差别的过去原因，有时有不止一个可能解答可以满足他的普适“最好”的指标。例如，古生物学家还假设了其他可能的原因来导致恐龙的消失——例如火山活动的突然增加——这也能解释为什么恐龙会消失而不继续存在。利普顿注意到，在这情况下，当有一个以上适切的解释原因时，科学家就用一种比较和排除的方法来评估互相竞争的可能原因假设。²⁶

同时，在这些例子中利普顿并没有试图建立标准来断定在*过去*的一组可能原因中哪一个具有最好的解释。有幸的是，我发现几个历史性科学家奠基者，已经发展了他们自己的实用的标准，以判定什么是对过去事件的一个“最好”解释。这些标准就补充了利普顿的工作，这对研究过去事件的科学家们起了有实际价值的作用，帮助他们来回答“什么令致对过去事件的解释为‘最好’？”

现在工作着的原因

历史性科学家研发了两个关键标准来决定在一组互相竞争的可能原因中，对一些有关证据群而言，哪一个提供了最佳解释。

这些标准中最重要的就是称之为“因果充分性”（causal adequacy）。这个标准要求历史性科学家，作为一个成功解释的条件，辨别出那些已知有能力来产生为须作解释的效果、特征或事件。在作出这些决定时，历史性科学家以现存的因果知识来衡量各种假设。如果一个原因已知会产生问题中的效果的话，就被判定比那些达不到的原因为佳。例如，火山喷发对地球灰层的解释要比地震要好，因为喷发被观察到产生灰层，而地震则没有。退行的湖岸对解释有波纹的沉积岩比火山喷发较好，因为，湖被蒸发后已被观察到会产生波纹的痕迹，而火山喷发则无。

在开发这个原则的诸多科学家们中的第一位就是地质学家莱尔（Charles Lyell），他在发展 19 世纪历史性科学上起了巨大的影响——也特别对达尔文起到了很大的影响。具体来说，达尔文航行在猎犬号上读到了他的巨作《地质学原理》（Principles of Geology），并应用了其中论理的原理到他的《物种起源》上。地质学原理的副题总结了他的方法论原则为：“**企图以参照当今运行的原由来解释地球表面过去的改变。**”莱尔论证道，当历史性科学家寻求对过去事件的解释，他们不应当援引未知的或神奇的原因，因为我们并不知道它们的效应如何。他们应当援引从我们一致的经验而来已知有能力产生所要回答问题效果的原因。²⁷历史性科学家应当援引“现今起作用”的或现今正在起作用的原因。这就是古今一致观的基本思想，其格言为：“**今为古之钥**”。据莱尔，我们**现今**对因和果的经验应为指导我们对过去事件的理解。正如维赫维尔解释的：“我们对（过去）原因的知识……必须以肯定这个**因能够**产生这样改变的果才可得出结论。”²⁸

达尔文本人就用了以上的方法论原理。他称现今起作用的原因为“vera causa”，这是指一个实在的、已知的或真正的原因²⁹达尔文认为解释过去的事件，科学家们应当寻求已确定的原因——已知能产生问题中效果的原因。达尔文诉求了这个原理来论证现今观察到的微进化产生改变的过程可以用来解释古代新生命

细胞中的印记

形式的起源。³⁰因为观察到的自然选择过程能够在短期内产生小量的改变，达尔文论证道，这就能够在长时间产生大量的改变。³¹如果这样，自然选择就具有“因果充分性”。在上世纪50年代后期或60年代早期，一位在加州大学伯克莱分校的领先科学哲学家迈克尔·斯克里文（Michael Scriven）对历史科学家们如何重建过去作了一个详细的研究。他论证历史性科学家用了一个独特的论理方法，他称之为“回顾性因果分析（retrospective causal analysis）”³²在描述这个论理的方法时他附和了为达尔文及莱尔肯定的因果充分性的标准。据斯克里文的描绘，为了要确定过去事件的原因，历史性科学家必须先证明，任何候选原因，“已经在其他情况下清晰无疑地表达了它能够产生所研究的那种效果。”³³拿斯克里文的话说，历史性科学家必须证明“独立的证据能够支持声称产生这个效果的能力的（原因）”³⁴

只有这么一个

科学哲学家和领先历史性科学家都强调，因果充分性是在仲裁互相竞争的假设的主要标准。但是科学哲学家还更知道要评价引向合理推断的解释能力，只有当证明有一个已知的原因能造成问题中的效果或证据才行。斯克里文就指出历史性科学家当他们面对的证据或条件只有一个已知的原因时，就能够自信地推断过去。³⁵当历史性科学家知道对过去的某个结果只有一个已知的原因，他们就能从这个结果的发生推断出它的原因。当科学家能够推断唯一的可信的原因时，他们能够避开肯定后件的谬误——就是忽视其他同样能够产生这种效果的谬误。³⁶

《重建过去》（*Reconstructing the Past*）这本书的作者，艾略特·梭柏（Elliott Sober），证明推断过去的任务可以容易也可以很难（甚至不可能），它有赖于回答产生这个果效的是有许多原因还是只有一个。他认为面对历史性科学家问题的困难程度有赖于连

接现在和过去的过程是“保持信息”或“破坏信息”³⁷。对梭柏而言，信息保持过程是一种将现在的状态能追溯到单个的过去状态，而信息破坏过程则是将现在的状态反引到许多可能的过去状态。他图示了这两种一般情况（见图 7.1）。

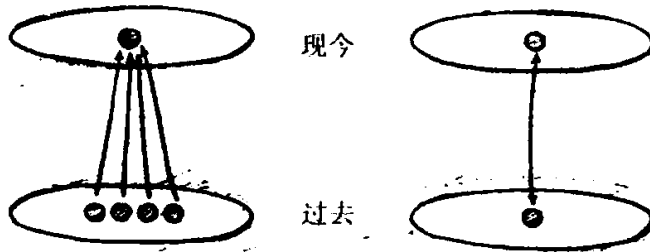


图 7.1 有关复制的逻辑问题图示。复制过去之易或难有赖于是否现今状态的产生只有单一的原因或条件，还是有許多可能的原因（或条件）来产生这一个现今的状态。图示的左方是信息破坏的状态，其中许多过去的原因（或条件）可以产生当今的状态。图示的右方就表达了信息保持的状态，其中只有一个过去的原因（或条件）能够对应于当今的状态。据梭柏重画（*Reconstructing the Past*, 4）

梭柏用了一个简单的机械系统来说明重建过去是容易还是困难。他提出如果在凹面的金属锅的边缘上释放一个小金属球，它就会顺着一个复杂的路径最后达到了锅的底部。单单观察小球的最终静止状态（平衡状态）不能完全地了解小球的起点，因为边缘上任何起点都可达到锅的底部。现在假想，这个球在锅中沿着一个两侧有高边缘的槽下行，而锅中央还有一个洞，这个球就一定会从释放的地方沿这条路并停止在洞内。在本例，球的最后休止处可以大量告知此球的起始位置。诚然，最终状态就与单个起点对应着。这就可以从观察到的最终状态来重新构建它的初始状态。³⁸梭柏的图示说明了如果科学家们能够找到只有一个唯一有道理的原因造成的果效，他们就可以大有信心地推断过去的原因。³⁹但是如果他们做不到，那么确立过去的原因就十分困难。两个逻辑

细胞中的印记

辑三段论解释了这个要点。第一式：

如果有 X 那么 Y 出现
Y 出现了
所以有 X

这种论证形式犯了肯定后件的谬误，然而，如果能够证明 Y 只有一个独一无二的原因（就是 X）或 X 是 Y 的必要条件的话，它就能够在逻辑上的正确性：

X 是产生 Y 的必要条件
Y 存在
所以 X 存在。

这就是，这种议论是历史性推断的逻辑上正确的形式，过去的原因或事件能够单单从效果建立起来。⁴⁰例如，考古学家知道书写家（scribe）是碑文上文字的唯一已知原因，所以当发现了石板上有古代的文字，就可以推断是书写家所为。历史地质学家知道火山喷发是大面积堆积火山灰唯一已知的原因，这就为现今所发现的火山灰层说明了过去的喷发。一位英国的哲学家加利（Walter Bryce Gallie）注意到，如果一个过去的原因对导致随后的效果已知是必须的话，“这个效果的发生就可以认为足够确立原因的发生。”⁴¹

另外的例子

那么，历史性科学家如何对待较为困难的例子？例如对问题中的证据有多于一个可能性原因——多于一个“有因果充分性”的解释——如何来解答这个问题呢？科学家要寻找外加的证据来

考虑能否对剩下来的解释能力如何。在这种情况下，理想的状况是，科学家们试图发现一些事实或一组事实，对它们只有一个“有因果充分性”的解释。换言之，如果探讨过去的科学家们找不到解释完美的单一事实（用参照已知能唯一产生那个效果的事实），那么他们就会试图找唯一能解释较广的一组事实的因素是否存在。⁴²

当然，许多这样的例子，研究者要付出巨大的劳动一步一步地回溯到真正的原因。例如，风切变和压缩器叶片的损坏都可导致飞机失事，但是法律事故检查员要知道究竟是哪个原因，或是其他的原因。如果二者都能够解释失事这个明显的事实，检查员就要在二者之中寻找另外的有关失事的唯一能解释其他具体外加的事实。例如从黑盒子，或现场中找到的证据。理想的状况是，检查员能够找到只有一个已知原因的额外证据或一组证据，这就容许从中排除互相竞争的解释而得到一个正确的解释。

我和同事们设想了一个例子来说明这个过程是如何工作的。⁴³假如我午睡醒来，看到我家的车道有闪光的水迹，停在车道上的汽车也是湿的。从这两个事实或证据，我能够下什么结论？事实上它有几个“有因果充分性”的解释，可能午睡时下过雨，或自动浇花器的开动，或有人用水管浇洒汽车和车道等等。如果车道和车都是湿的是我唯一的资料的话，上述的解释都是可信的可能性，所提的每一原因都能够造成这个效果。

我将如何决定这些“有因果充分性”中哪一个的解释是最佳的解释呢？很清楚，我一定要找更多的证据。首先，我发现草坪和街道完全是干的，而天上没有一丝云彩。我现在该怎么想呢？虽然浇花器理论和下雨的理论仍有可能，但是这种解释在新证据下就变成不大可能了。下雨使车道变湿，但通常不会单单使车道变湿而周围都是干的庭院、街道和房屋。而且无云天空并不特别支持下过雨。因此，虽然下雨或浇花器假设提供了第一组的事实“有因果充分性”的解释，但是它们对第二组的事实上失败了。

细胞中的印记

这时，如果我再仔细察看一下，看到了汽车后一个盛有肥皂水的桶，还有一块海绵。以这外加的材料，整个一组观察的最佳解释就十分明显了：大概有人在洗汽车后再用水管洗刷车道。这个洗汽车假设就成为唯一“有因果充分性”地解释了全盘的事实。这个结论首先是（仅仅足够）解释一些事实的充分解释（湿汽车和车道），然后是一个唯一足够的其他事件的解释（一桶肥皂水）。

这个简单的例子显示了我们经常应用这个对同一个证据有多种解释时，以最佳解释做推断的方法来决定过去事件的原因。在我的研究中，我遇到了许多历史性科学家恰恰用的是这种方法。

这里有一个宇宙学上的著名例子。上世纪 40 年代后期，有两个理论——大爆炸和恒稳状态学说——能够解释宇宙学中的主要事实。根据大爆炸理论，宇宙在一个有限时间以前开始，而且从此就一直膨胀直到如今。可是据恒稳状态学说，宇宙是膨胀着，但是它是恒久地存在，且有恒常的密度。空间永远不断地在扩张，同时，新质量也不断地产生着，因此维持着宇宙中的平均质量。因此，两个理论都能够解释膨胀的宇宙，例如遥远退行银河系光谱的“红移”。

面对这个情况，宇宙学家就寻求额外的观察来决定什么理论有最好解释能力。当宇宙背景辐射在 1965 年被发现时，它就给宇宙学家作出了对这个问题的决定。大爆炸理论假设早期宇宙的物质是高度致密的，而恒稳状态学说则否。如果物质开始处于高密度状态，它随后就会产生到处都存在的背景辐射，充满了不断膨胀的宇宙。因此，背景辐射的发现有助于建立大爆炸的最优解释能力。联合其他有鉴别能力的证据，结果也拒绝了恒稳状态学说模型。尽管开始时二者的解释能力是势均力敌的，但是在最后大爆炸比起恒稳状态学说对全程有关证据提供了一个比较好，且有更多因果充分性的解释。

这就展示了决定最佳解释的寻求过程往往会产生一系列的

能假设，这就要对照有关证据来比较他们已知的（或理论上可能的）因果能力，必要时再寻找额外证据。然后，像一个侦探一样，一步步排除虽然有可能但是不足的解释，直到最后剩下一个对一系列有关证据有因果充分性的解释。斯克里文解释道，这种“回顾性的因果分析”“以排除可能原因而行进。”⁴⁴

因果关系存在的条件

当有几个可能原因会导致同样效果，还有另外一个思想方法来重新构建过去。如果对某一证据有不止一个有因果充分性的解释的话，科学家应该确立这一问题中的事件哪一个充分性的原因是确实在场所造成的。由于这个理由，有些科学哲学家论证道，过去事件的最佳解释一定要符合两个标准：因果充分性和因的存在。要符合第二个“最佳解释”条件，科学家必须证明一个假设的因，不但有能力产生问题中的事件，还要证明，这个因——在准确的时间地点上是存在的。这样就可能有机会产生这样的事件。斯克里文坚持，历史性科学家不但要证明一个假设的因能够产生需要解释的效果，他们还要“证明……这个因是在场的。”⁴⁵

斯克里文注意到，任何一个效果或现象，都可能有“一系列的可能原因。”其中每一个都已知有能力来产生问题中的效果或事件。⁴⁶单单提出其中一个可能的原因并不一定能解释这个事件，即使已知这个因在其他场合下有能力产生同样的事件也罢。为什么？这是因为所说的因（相对于其他可能的因）实际上不一定真正在场。因此他说：“我们并不仅仅以提到一些**可能**的因来解释某一个事件……”⁴⁷

仅举一例以示说明。为了要解释爱尔兰麋的灭绝，生物学家不是只举出可能导致灭绝的可能事件（例如掠食者的入侵或生活环境受污染等），他们还必须做更多工作。因为这些可能的原因并不一定真正的出现。所以显然，如果不出现就不会是灭绝的原

细胞中的印记

因，也就不是最佳的解释。所以生物学家必须证明其中有一个事件确实存在，例如掠食者或者环境污染破坏生态环境确实在场。科学家必须确立这个因的在场（或离此不远）同时也要证明它的充分性。

那么，历史性科学家如何确立一个已知原因在过去是否在场呢？科学家们如何达到“因的存在”这个条件呢？有两个办法，我已经描述了这两个办法。第一个办法，历史性科学家能够证明现在正在作用的因必定在过去存在，是因为这个候选者因是唯一已知能够产生这样的果的。如果在问题中一个明显的果只有一个可能已知的因，那么很显然这个果的存在就证明了这个因过去的在场。第二，历史性科学家能够建立这个因的存在如果察看广泛一点的一组事实，有那么一个可能的因能够解释整套的事实（那就是除了能解释主要的果还要解决附带的果）。如果只有一个因能够产生所有有关的事实，那么可以说那个因一定于那时在场。

第二个方案已经用在前述湿车道的例子上。因为有许多可能叫车道湿的原因，要知道究竟是哪一个就当用一群有关的事实来比较各种假说的解释能力。这个评估建立了具有充足诸原因之中只有一个能叫车道湿的原因，也同时解释了所有其他的有关事实。因此，它确立了有人洗过车和那假设所蕴含的原因——喷洒水管和四溅的水桶——当时在场。因此，洗车的假设就符合了“因的存在”的条件（它已经符合了因果充分性的条件，还符合最佳解释）⁴⁸。

这就清楚了，历史性科学家在寻找因的存在条件时要进一步评估它的因果充分性，所以在实行上二者是紧密关联的。符合了一个条件（因的存在）有赖于这个假设对另一个条件（因果充分性）符合性如何——或者一个单个明显的事实或是广泛的一套有关的事实。由于这个原因，许多历史性科学家不一定特别地提到（或甚至于根本不知道）要寻求符合因存在这另一个条件。实际上，他们往往不需要走这一步，因为或是从明显的事实或是广泛

的一套有关的事实，他们能够肯定达到这个条件只要辨认一个**独一无二**充足因果解释就可以了。如果单一的事实不足以分辨互相竞争的假设的解释能力，历史性科学家直觉上就会寻找外加的事实直到他们除了最好的解释（最有因果充分性）外把其他都排除在外了。这么做，他们就符合了因的存在的条件并同时也找到了最佳解释。

历史性科学的性质

即使这样，斯克里文描述这历史性的方法为“回顾性因果分析”。这是三步评估法，来评估所提议的各种因果性解释。许多历史科学家认为这方法是管用的，据斯克里文，要建立一个因果性的主张，历史性科学家要：其一，“这个候选者（因）在场的证据”。其二，“它在其他场合下（此因）清楚地显明了有能力来产生这种现下正在研究中的果效”的证据。其三，历史性科学家还要建立（经过仔细搜索）“**没有**找到其他可能的因的证据。”⁴⁹

许多其他领域，试图用过去的因来解释事件——如法医、进化论生物学、古生物学、地质学、考古学和宇宙学等——都应用这种“回顾性因果分析”⁵⁰。诚然，许多学者认为达尔文在《物种起源》中也用这种架构，来显示自然选择符合因果充分性和因的存在为最佳解释的。⁵¹这样做他可以同样检测他的理论。

根据达尔文的理论，“单一物种起源说（universal common descent）”不能在有控制的实验条件下预测未来的结果来测试，而应以证明它比互相竞争的假设对已知事实有更好的因果充分性的解释能力来测试。他在给阿萨·格雷（Asa Gray）的一封信中说：“我……测试这个假设（单一物种起源说）是以它和我所能找到尽可能多的和相当公认的假说（事实）作比较……我认为如果这样一个假设要用来解释如此普遍的提议时，我们应当与所有科学家惯例符合，承认它直到找到**更好的假设**为止。”⁵²

大盘点

在研究历史性科学家如何重构过去的因时，我认为查里·塞克斯顿找到了某些端倪，看来确实有一个与众不同的历史性科学的论理和研究方式。历史性科学家有一个与众不同的目标（找出过去的事件的因）；然后他们就形成一个与众不同的解释方式（他们引用过去的事件为因）然后他们用一种与众不同的逻辑形式（溯因推断）来推断。

但是我的结论是塞克斯顿在有些地方也错了。这就是历史性科学不是像他所认为那样的独特。历史性科学家用了普通的方法来评估他们的理论，他们评估一个推断的相对解释能力以决定它的强度、合理度或可能度。这就是说历史性科学理论和其他科学理论一样，是可测试的。不同的是，它以独特的历史性标准来衡量哪一个解释可称为“最佳”。历史性科学家以他们竞争者为对比看谁的解释能力强，一次测试他们的理论，也以我们对不同方案“因果充分性”或“因果能力”的知识为据。他们做出这些评价是以我们现今已经建立的因果关系的知识为据。莱尔所发展的达尔文所应用的因果充分性和较小程度上因的存在标准，就成为关键的以经验为基础的历史性科学理论的测试，这个测试方法就用来辨别不同互相竞争假设的解释能力（和价值）。

很明显，这种测试科学构思的方法是和实验性科学家所用的不同。他们是以可控实验室条件下是否实现他们的预测来测试他们的理论。即使如此，历史性科学家也不是使用他们的方法唯一的人。有论证说，沃森和克里克也用了这个方法测试他们关于DNA结构的构思和其他竞争的模型。许多其他科学家——理论物理学家、生物化学家、心理学家、天文学家、病理学家、医学诊断学家——以及历史学家、侦探和思想家等，每天到处都用这个论理的方法来思考他们的经验。

不论怎样，哪怕历史性科学家用了一个绝对特殊的方法也罢，对我看来都显得不太重要了。关键是（我）准确地了解它与过去的事件和其原因的结论是如何能严格地建立的。而我对历史性科学家如何制订他们的推论和论证的研究给了我一个清楚的了解。历史性科学家们以比较解释能力来评估互相竞争的溯因推断。在最好情况下，他们能够推断出一个清晰的最佳解释——就是问题中效果或多种效果的那个“唯一所知的因”所产生的。

智能设计论成为一个可能的科学解释？

以上所说的和 DNA 之谜有什么关系？我在想，简单地说，以智能作为因的话，能否制订出和过去历史性科学家对其他因果声称一样地也被认为合理呢？我所学到历史科学家如何决定过去事件的因，这给予我另一个原因认为智能设计至少可以成为生物信息起源一个可能的（历史性的）科学解释。在这个理论的倡导者的思想中，过去一个自觉设计者的活动构成了一个因的事件（或一系列的事件）。再者，“智能的因”很可能由因的不同，造成结果的不同。例如，设计的智能可能造成混沌的生物前环境和有规律的环境之间的差别，在前者中简单化学成分以自然熵（产生混乱）的过程互相作用。与之相对，在后者中高度特定安排的化学成分系统出现成为制造蛋白或蛋白机械的信息储存者。只有设计才能够造成富信息之源或另一方面持续化学混沌二者就有因果的区别。

再进一步，我的历史性科学的论理研究还提示以最佳解释的推断，至少有可能建立一个严格的智能设计推断。具体来说，作为生物信息起源的最好解释。这是因为不但智能者有目的的举动（或重复的举动）作为一个因果事件是可能构想到的，一个有意识的智能者明白无误地也代表了一个信息起源的已知（现在作用着的）且充分的因。一致的、且重复的经验肯定了智能者能产生

富信息系统，不论是软件程序、古代碑文，或莎士比亚的十四行诗。智能明显地能够产生特定的信息。

结论：现在正在起作用的因

当我第一次注意到莱尔那本书的副标题：“参照**现在正在起作用的因**，”有光亮照亮着我。我立刻问我自己：什么是**现在起作用的因**，能够产生数字码或特定的信息？是否有一个这种信息起源已知的因（vera causa）？我们的一致经验告诉了我们什么？我进一步思考，我发现，就用莱尔和达尔文自己的论理规则，以及用他们的合理科学解释测试，智能设计就至少一定够格，成为一个生物信息起源可能的科学解释。为什么呢？因为我们有独立的证据——“普遍的经验”——智能者能够产生特定信息。已经知道智能的活动能产生问题中的果。“产生新信息惯常地和意识活动息息相连。”⁵³

但智能设计是否是特定信息起源“唯一的已知因呢？”这时这个可能性使我大大迷住了，特别是就生物学上的设计论证所产生的可能的影响而言。如果智能设计成为特定信息起源的唯一已知的或是有充分性的因，那么过去的设计智能运作就能够建立在最强的，而且最逻辑上令人信服的历史性推理形式基础之上——这个推理是从问题中的效果（特定的信息）引导到这效果唯一必要的因（智能的运作）。此外，如果智能设计能被证明是唯一的因，如果能够证明是唯一的充分的因，那么智能设计同时就会自动符合最佳解释的“因的存在”标准。

是否智能设计事实上是生命起源上的最佳解释呢？我知道试图解释第一个生命起源的科学家所面对的中心问题恰恰就是：建造第一个细胞所需的序列特定的数字信息是从何处而来必要地产生第一个细胞？⁵⁴与此同时，我也知生命起源的研究者已经提出了许多生物信息起源的解释，其中包括一些新的和有希望的途径。

虽然我研究了奥巴林的古典化学进化论和一些当代的替代理论，我大部分的研究是集中在方法论上——历史性科学家是如何理论过去的因和果的。这些研究说服了我智能设计是一个可能的——因果充分的——生物信息起源的解释。但是要确定智能设计是否是最好——唯一因果充分的——解释，我就要探讨更多其他科学上的可能性。我要遵循斯克里文的指导“做一个全面搜寻”并评估其他可能的因。以后数年，当我作为副教授的时候，我所作的恰恰就是这件事。

第八章 排除机遇与识别模式

本章提要

* 以机遇作解释的前提条件。

* 借斯里克的赌场实践来说明两点：

其一，费史尔否定区辨别低机率；

其二，模式识别（有目标）以辨别低机率（初步导出特定复杂性概念）。

* 低机率要受机率资源的检查是否确无可能。

我在英国从事的历史科学论证法研究说服了我，智能的起因也许**可能**对生物信息起源作科学的解释。但是我想知道它是否可以提供一个比其他的解释更好的解释，是不是可以推断它是细胞中特定信息起源的**最好解释**？我必须对不同的其他解释做一个严格的审查。

到我在1990年完成我的博士学位时，我已经对当时绝大多数关于生命起源解释的主要理论相当熟悉。这些理论典型地采用几个关于解释的基本策略，其中的一些大量依据于机遇巧合——即随机过程和事件。另一些援引类似定律的过程——决定论的化学反应或强制吸引。还有联合这两种方法的类型。关于这个问题，生命起源的研究所依照的是一个被那些我们当代重要科学家

明确推荐的已经全面建立好的科学模式。

1953 至 1965 年的爆炸性发现，即现在被称为分子生物学革命，当时为弗兰西斯·克里克（Francis Crick）同事之一的法国生物学家杰奎斯·莫诺（Jacques Monod），他在 1971 年写了一本影响很大的书——《机遇与定律》，盛赞**机遇**演变的能力和**定律**样的过程在生命历史中所起的作用¹。作为一个随机碰撞过程的例子，莫诺说明机体的基因构成如何因随机突变，可以用来解释生物进化过程中群体增加如何变动。简略来说，莫诺认为“机遇”是指会产生诸多可能的结果的事件或过程，每一个结果都有发生的可能性。至于另一方面的“定律”是指过程或强制力所产生一个具体的有着完美规则的结果，以至于该结果是“定律（必然）”的，一旦一些前提条件具备时就是无法避免的。举例来说，牛顿的地心吸引力是以“所有非被悬吊的物体都下落”为前提条件的，所以，科学家们说所有未被悬吊的物体将“会必然”落到地面上，如果一锅水下面有足够的热，水终将——会必然——沸腾。

在《机遇与定律》一书中，莫诺没有试图解释生物信息的起源或处置信息的细胞系统。相反，他预先假设了这个系统，然后再论证。和达尔文一样，生命历史完全可以用机遇和定律这两个孪生因素来解释。对那些不愿考虑智能设计作为生命起源的可能解释的科学家，莫诺的著作对研究此议题和其他任何科学问题提供了常规的准则，并起了法典的作用。他的信息是清楚的：科学家可以并应当用机遇、规律，或二者结合来解释所有的现象。而且事实上大多数科学家已经寻求使用其中之一来解释生命起源。

继莫诺所展示的学说和差不多因该学说影响下，在 1953 年后产生的生物信息起源的理论，我开始测试那些主要基于机遇的假设事件。随机碰撞的生命分子构筑单元（building block）真可以解释需要产生生命的神秘的生物信息的起源吗？各家科学家已经有人开始提议该理论，但是许多生命起源研究人员表示有保留

细胞中的印记

意见，因为他们认为该理论与“我不知道什么使生命产生”的说法相差无几。诚然，在我用机遇为基础解释生命起源的测试中，我经常发现其结果令人沮丧，仅仅以随机为基础的提议在几乎没有或没有之间。即使出现，也是令人绝望的模棱两可。当阅读它们时，我的反应经常是相同的：“就这么一些？”

这情形使我对 DNA 之谜的调查研究陷入困境，尽管机遇假设应在生命起源中扮演重要角色，几乎没有科学家能准确地说明它意味着什么或提供一个严格标准来测试这些解释。“机遇”真可以用来解释一些东西吗？“机遇”是否是一个可以产生任何东西的东西？以“机遇”为基础的解释理论其详情是常规地那样稀少，令人无法接近。

什么是机遇

我对以机遇作为一项解释的不释然说存在几个基本的问题：当你说有些事情的发生是基于偶然机遇时，它意味着什么？什么时候使用机遇解释是合理的？怎么可以公平地将这种解释排除在考虑之外？设想几个不同的情况就能够回答我的这些问题。

在太平洋西北部，一个如今没有善名的桥，塔蔻码桥（以往别名为 Galloping Gertie），它在遭遇到虽然是强劲，但并不是那么异乎寻常的风后，使桥体上下起伏振荡越来越大，终于在 1940 年坍塌到普吉特湾（Puget Sound）海里。现在让我们想象工程师在调查坍塌原因时无法发现任何其他因素，就告诉当局桥梁是基于“偶然机遇”坍塌的，当局是否会觉得这个解释合理可信？

来看看第二个假设：一个名叫斯里克的男人刚刚在拉斯维加斯轮盘赌桌上赢了钱，该轮盘赌桌的赢牌数字是 1:38。尽管斯里克（译注：Slick，杜撰名字意为灵巧的）的名字，它并没有真的对其自信产生什么影响，赌场管理人员也证实他没有舞弊，轮盘也运转正常，赢牌是有效的，斯里克被支付了所赢的钱。他为什么会赢？

什么能够解释为何球正好落入斯里克所下的注上？赌场管理员旋转轮盘，球就——随机——落入斯里克所选的号码口袋？

一座桥梁坍塌是由于“偶然机遇”，一个赌徒在轮盘赌桌上赢钱也是“机遇”。在这两个假设中哪一个更加合理？明显的是第二个，不是第一个，但是为什么？

在第二个情况中，似乎公平合法地把事件推向机遇，因为这是一个被了解的过程，即旋转轮盘有三十八个区间，它可以产生有兴趣的事件——球落入红十六——以有规则或频率的方式。说这个事情基于机遇产生并不等于说机遇引起事情发生，事实上由于轮盘赌的机器构造，这里存在确定的机率——更准确地说，一个1:38的机遇，所有球都会有机遇落入红十六口袋。如果缺乏其他有影响的因素，我们说球落入红十六口袋基于“机遇”，说明我们认为这个事件发生是出于一个有规律的根本的过程而产生的一个正常可能。

而工程师调查桥梁坍塌事件是不同的，他们没有明确以一个可能结果的根本过程来解释桥梁坍塌，他们用“机遇”纯粹用来隐藏他们不了解桥梁坍塌的因素。任何官员接到这样的报告都会正确地把它归为承认无知，只是“我们不知道发生了什么”、“我们无法解释为什么”的另一种好听的说法罢了。

当然，这里还有第二个层面的意思。当科学家说某些东西是基于偶然机遇发生的，他们并不是否认某些东西使得那些事件发生（一些对量子物理学的解释作为一个例外）。相反，他们通常是指那些事件发生是基于一系列因素的组合，该组合是如此复杂以至无法决定具体哪一个因素是真正引起所发生或所预见到的。试想我抛个骰子投出一个五，这一结果可以有一系列因素引起或决定——具体哪一个因素对骰子产生作用、骰子在我手中的展现形态、它首先撞击桌子的角度等等。说五的出现是“机遇”并不否认事件是被物理因素决定或引起的，相反物理因素的精确组合是如此复杂以至我们无法对其全面了解，所以也就不能预测精确

细胞中的印记

的结果。

因此，当科学家说某些东西是机遇产生的，他们并不是说一些叫做“机遇”的东西引起某些东西产生。相反，他们是说有一个程序可以产生一系列的结果，每一个结果都有一个发生的机遇或可能，包括所说的那个结果。

机遇与否定测试

但是对机遇的叙述通常比上述的还多。当科学家把一个事件归结于机遇时，他们通常是说没有好的理由认为该事件的发生是设计的，或没有一个必须的绝对的、只能产生一个可能结果的被认知的物理过程。

试想一位统计学家，试图通过观察抛投硬币出现头和尾（正反面）的分布来决定一枚硬币是否是公平的。“机遇”假说在这个案例中说硬币是公平的；而其他假说却证明硬币是不公平的。如果头和尾的分布是大概均衡的，统计学家将选择“机遇假设”得出该枚硬币是公平的结论。这样来说，统计学家并没有说“机遇”产生了50：50的分布，或即使他知道任何具体结果的原因。相反，主张机遇假设，主要是为了否定另外不公平的假设（在这个案例中，一个负载的硬币是由设计产生的）。本质上为负性的“机遇假设”别名是“无效假设”（这个假设被其他设计的假设，或是规律样的必然性假设以致无效或被驳倒的）²。

这些否定，无论明示或暗示，都是机遇假设所提供的实质内容。说球落入轮盘红十六是出于机遇，等于说那个球并非有意地被抛出，并且轮盘桌的转轮也不存在任何设计构造能够使有球落入红十六的必然。另一方面，工程师认为机遇导致桥梁坍塌，是因为他们不知道任何其他原因，他们无法做出此否定。由于他们不知道原因，所以他们也把另外的可能性排除在外，是否是违规操作（设计），或是桥墩下地基由于气候环境变化导致陷落

所造成的构造瑕疵（规律）。空洞地诉诸机遇的情形既没有肯定一个原因，也没有否定一个原因。要是真正地乞求于机遇，实质上就具体化了一个相关的结果产生过程，同时也明示或暗示地否定（或称无效）了其他假设形式的可能。

但布斯基（William Dembski）、费史尔（R. A. Fisher）和排除机遇

当然，仅因机遇假设避免了空洞而作出一些确定的主张，并不等于这些主张就是真实的。成功地使用机遇必需给予合理的肯定，包括它们所暗示的否定设计和规律。那么统计学家和科学家如何测试机遇假设的实质性（而非空洞无物的）？他们如何决定在什么时间接受，什么时间拒绝机遇作为一个解释呢？

在我问我自己这些问题的时候，我遇见了数学家但布斯基，他后来成为著名的智能设计论的支持者。1992年的夏天，我回到剑桥与但布斯基和另外一名同事尼尔森（Paul Nelson）一起做一个研究项目，尼尔森当时在芝加哥大学读生物哲学博士学位。

在那前一年，一个研究机构来找尼尔森和我、探讨发展有严格的智能设计理论的可行性。研究机构希望赞助一个小规模的跨学科队伍，并请我们提出一个意向书。尼尔森和我都认为如果能够找到有信息和或然性理论背景的人员加入队伍是最为理想的。在意向书到期前一周，尼尔森碰巧发现了两篇文章，作者但布斯基是一名年轻的刚刚荣获芝加哥大学博士学位的数学家。文章令人印象深刻，一篇描述了关于理解模式认知的新基础，另一篇是关于如何将机率的理论应用在机遇假设之中。其中一篇文章的最后有一小段他的简历，描述了但布斯基所具备相当合格的资历。有一行这样写道：“但布斯基想用他在概率理论上的经验来研究设计假设的可行性。”我们找到了我们需要的人，或至少我们这样认为。

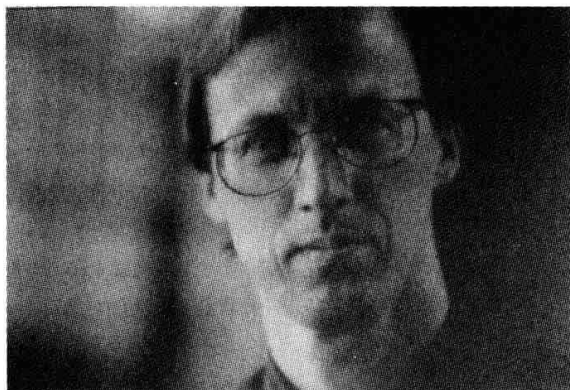


图 8.1 但布斯基（经本人同意）

不幸的是，尽管共同努力，尼尔森却没有找到当时在德国旅行的但布斯基。然后就在离期满还有一天的时间，我接到一位在达拉斯的朋友的电话，他想告诉我他认为我应该知道的人，果然他想向我推荐但布斯基。他描述但布斯基是罕见的出色，不摆架子还有些不讨人厌的怪癖。他也十分肯定但布斯基会与我们兴趣相当。听说了我们的困境，他鼓励我把但布斯基的名字列入意向书的队伍，事后再做解释。我们照做了。当我们得知意向书基于所有研究人员都愿意加入为条件而被通过时，尼尔森和我终于找到了但布斯基，并告诉了他我们所做的事，他非常吃惊，但因我们的大胆而很高兴。

我在剑桥与但布斯基的首次会面就肯定了我朋友的评价。但布斯基有不寻常的装备，包括逻辑和数学模式，并愿意使用这些工具去分析真正的科学问题。他也展现了一些相当令人喜爱的小怪癖。他提前为夏天准备了一些健康食品，以避免那些剑桥大学的热闹市集。他还有一个奇怪的嗜好，就是用硬币和骰子回答问题，却不说明他所要说的是用这些例子做解释。到夏季结束时，我鼓动他采用我在大学惯用的“豆子和谷物片”简单方式，并开始让他的回答在他引用硬币和骰子解释他想说的之前更直接一些，他呢，对我介绍了使用机遇解释生命起源的方法。

那个夏季，但布斯基、尼尔森和我经常讨论使用机遇做解释所存在的问题。但布斯基向我们介绍了前驱统计学者罗纳德·费史尔（Ronald A. Fisher）的研究成果。19世纪20年代，费史尔就已经发明了用统计假设检测的方法带来更加严格的对机遇的讨论³。一方面，费史尔的方法肯定了一些现象是可以用随机过程或机遇事件来做解释，或至少是有所帮助的。另一方面，费史尔的研究可以决定什么时候单单机遇可以被排除在最佳解释考虑之外。我被折服了。

这里有一个例子说明费史尔的排除机遇方法是如何操作的。显然被他在赌场的成功所鼓舞，斯里克第二天又回到赌场试试他在轮盘赌的运气。赌场工作人员暗自微笑，这是赌场如何从前日赢家手中把钱赚回来的机会——过于自信。但是一个最不寻常的上午开始了，接下来的几个小时，超级自信的斯里克仅仅在红十六号下柱，他不止赢了一次，而是连续赢了一百次（好在他只是下很小的柱，没有让赌场破产）。

赌场工作人员知道，基于轮盘的生产构造，球落入一个特定号码的机率仅仅是1:38。所以球连续一百次落入一个号码的机率微乎其微， $1:38^{100}$ 或 $1:10^{158}$ 。在这种情形下，赌场会合理地猜疑（甚至在远未到一百次转轮前）机遇之外的东西在起作用。不是轮盘有机械故障使球每次落入同一个地方，就是有人做了尚未被发现的手脚。无论是哪一种情况，鉴于他们对轮盘游戏或轮盘构造的了解，赌场管理人员会得出幸运女神绝非罪魁的结论。但这是什么原因呢？

平均来说球应该每转三十八次落入红十六号一次（这也是希望赢所需要等待的时间⁴，运气好可能球会在转一百次内落入两到三次，然而，由于转一百次轮盘而球落入那里一百次，绝对会令人担忧。这个情形无法合理地归结为轮盘的正常运作，因为这种情形的发生频率已经远远脱离了赌场所合理期待的。所以，“机遇”——尽管在这个案例中机遇是被上述有实质性方式所定义

细胞中的印记

的——已不再是一个恰当的解释。

按照费史尔的理论，在一系列事件远远脱离所期望的统计结果时，机遇假设可以被精确地排除掉。这些事件的统计分布是基于我们了解产生这些事件的整个过程，或是我们通过取样了解这些事件发生频率的典型案列所掌握的知识。费史尔发明了一个统计方法来找出那些不同于期待结果的变异，该方法的关键是取决于被他称为“否定区”（rejection region）⁵的东西。

费史尔明白任何真正的随机碰撞程序都会产生带有可预见的分布的事件范围。在上述轮盘赌的案例中，赌徒平均在赌三十八次后赢一次。有些赢牌频率低于这个，有些人会赢的多一些，更少的人会赢的频率更高或更低。这些赢牌频率（次数）可以用一个数轴（X轴）来表示，达到某赢牌频率（次数）的赌徒人数在另一个数轴（Y轴）上。以图标示分布模式是我们熟悉的“钟形曲线”，也是各地学统计的学生都了解的（见图8.2）。符合我们所期望会发生的情形（事件）应该落入钟形曲线的中心的附近，偏离我们所期望会发生的情形（事件）落入钟形曲线的边缘或尾部，而远远偏离统计期望所发生的情形（事件）——如斯里克连续一百次赢轮盘赌，将远远落入曲线尾部之外，经常是在之外很远的地方，以至我们没有这样的情形（事件）发生的例子，或至少不是仅仅基于机遇而发生的情形。

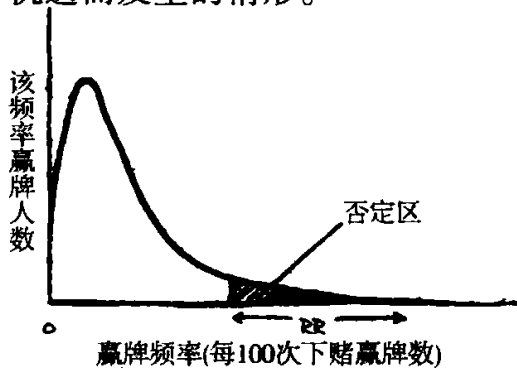


图8.2 钟型分布曲线，否定区以阴影标出

这就是费史尔所洞察到的。他论证道，统计员可以通过事先确认一个否定区来“捕捉”或“认出”那些出于机遇以外因素所产生的情形（事件）。否定区是钟形曲线或相似的统计学曲线上的一个地方，来定义一组远远偏离统计期望的结果，偏离是如此巨大以至统计者认为他们可以合理地得出该情形（事件）无法从正常的可统计运作过程中产生。举例来说，在赌场工作的统计员在任何一组统计学上有意义的结果中，轮盘赌徒赢牌比例超过50%时，就可确认为否定区。当事件情形落入否定区时，比如斯里克连续赢一百次，统计员就会否定机遇假设。进一步，如果事先明确否定区的具体位置，费史尔认为统计学家可以不至于下意识地将那些模式或要点加入到根本不存在的统计分布中去。事先明确否认区域可以防止对数字的偏取或（西方）叫做对数据“摘樱桃”⁶。

费史尔的方法给了我直观的感受，我想知道对随机碰撞的解释，是否可以合理地解释生物信息起源的问题？但是但布斯基的脑子里却想着其他问题，他在想为什么费史尔的方法在机率的论理中、在使人迷惑的条件下起了作用？而作为一名研究机率理论的学者，但布斯基知道我们凭直觉会把否定区作为一个极端不可能的情形事件来解释，费史尔方法中的排除机遇说明了这个。很明显，斯里克每次都赢的不可能性促使我们对机遇假设产生怀疑。但是，关于直觉定义同样也有一些迷惑之处，但布斯基为我指出这个点。绝对不可能情形（事件）——那些事件除了机遇以外不一定能用任何其他东西（说明的）——却是随时在发生的。确实，许多绝对不可能发生的事件似乎也根本无法合理地来怀疑（这是）机遇（所致）。

为演示上述内容，但布斯基让我想象投一枚硬币一百次，然后写下每次是头或是尾（正或反面）的序列。他指出如果我感到枯燥乏味，我可能实际上参与了一个极端不太可能的事件。重复该序列的发生会在 2^{100} 次中有出现一次的机率（或约 10^{30} 分之1），

细胞中的印记

然而这种情形（事件）的不可能并不意味着机遇之外的其他原因造成了这事件。总之，在那个诸多不可能之中总会有一个序列会发生。为什么就是这个（序列）不行呢？

该难题也在我关于斯里克赢轮盘赌的例子中得印证。当斯里克连续赢了一百次时，他实际参与了一件令人无法相信的不可能的事件。连续赢一百次的胜算机会可信度是如此之低，仅有 10^{158} 分之 1（可观察的宇宙中的基本粒子，elementary particles，也不过仅有 10^{80} ）。现在设想斯里克没有每次都赢，却仅玩一百次赢两到三次，更多是符合赢在机遇所期望的次数上。在设想每次球都落入一个不同数字，斯里克记录下这些结果以希望发现规律来引导未来的赌注，一百次之后，斯里克列出一百个结果的序列——红 10，黑 17，红 28，黑 5 等等。

这一百个结果的精确序列的胜算机会是什么？它们**就是**和斯里克连续赢一百次的胜算机会一样。因为球落入任何数字在任何旋转轮盘的机率是一样的（1:38），任何具体的一百个结果都会是相同的， $1:38^{100}$ ，或 $1:10^{158}$ 。尽管是失败了，斯里克却目击一个令人无法相信的不可能事件。[译注：下节将于第二个案例中详述本例和“特定复杂”（Specified Complexity）由来的关系。]

不可能性的悖论

我们在此遇见一个悖论，一方面，斯里克连续赢一百次似乎是一个显著的事实来决定一些机遇以外的东西在起作用。所有这一切之后，如果斯里克仅仅连续能赢两次——并非不可能，没有人会怀疑任何事。而另一方面，我们会很容易发现另一个不可能事件，和他连续赢一百次那样地不可能，却没有遭到相同的怀疑。

该悖论问题的关键是两个同样不可能的事件却似乎好像用两种不同的方法来作解释，该悖论问题使得但布斯基开始考虑仅仅

评估机率研究本身不是否认机遇的全部原因，也使他提出了一系列非常重要的问题。

除不可能性以外，有什么可以合理地排除以机遇作为一个不可能事件的解释？费史尔方法是一个可靠的方法来排除机遇除了是一个不可能事件以外、能发现“有些其他东西在工作”令它成为可靠的排除机遇的方法？很清楚，斯里克连续赢一百次引起合理的作弊怀疑，而他的赌一百次后赢了两次却没有。（译注：第二次出现的“序列”是一个机遇不可能事件）为什么他的方法在一个案例中显示，在另一个案例中却不显示？

当但布斯基想到这些问题时，他意识到费史尔把另一个因素引入他的分析当中。费史尔的方法并不仅仅分析一个不可能事件（或结果序列），它在一个更大事件（或序列）中寻找一个显著的模式。费史尔的方法对在一个更大事件中某种事件发生的结果与统计正常基准进行了比较。举例来说，他拿斯里克赢赌的频率与轮盘赌者的统计基准比较，但布斯基意识到当定义某种结果，例如赢牌的频率作为显著，费史尔在他的分析中引入了额外机遇性的因素。换句话说，费史尔的方法要求统计员确认某些具体事件为显著的。但是，但布斯基认识到所谓“显著的事件”和模式（pattern）并没有什么不同。

在那些轮盘被证实构造无误的事件中，考虑可以导致统计员拒绝机遇假设的两种结果或两种模式。首先，在测试一个新的轮盘赌桌时，赌场管理人员发现球反复落入同一个数字，当然依照机遇假设，轮盘运转得当，也没有其他外在影响，球反复落入同一个数字（如一百次）的机率非常之低。所以赌场管理人员怀疑机遇以外的东西在起作用，但是同样，不仅仅是因为可观察到的结果的机率微乎其微。很清楚，在此案例中，一个模式涌现了。同样的物理事件在重复地发生，尽管没有任何人对游戏有任何影响，赌场人员会得出什么结论呢？重复发生的完全相同的物理结果建议他轮盘会有物理缺陷。他开始检查，不出所料，在红十六

细胞中的印记

号后面有一个不同寻常的高槽子，每次当球划过红十六时，高槽子引球落入红十六号——基于必然性，而非机遇。

现在，考虑第二个案例，一个不同的模式也可引发对机遇假设的否定。在这个案例中，斯里克不停地变换他的赌数，却无论如何都赢。恰好的赌数没有形成明显的物理模式（诸如球反复落入红十六号）。相反，另一种不同的模式被引入了，在此案例中，一个看起来随机的物理结果序列**在游戏中**产生了一个显著的结果。物理事件的一个特定序列（specific sequence）两者结合以取得一个显著目标——斯里克赢了许多钱。不同于第一个案例，在那里模式可以通过观察事件本身被发现，在本例中，此模式相当于一个不可能序列的事件，所具显著性超出了轮盘物理范围的属性，该显著性是其他（译注：“其他”原文似乎本意为“非”）基于赌场管理人员或统计人员所知道的（即：轮盘赌游戏的目的和规则）。

在这个案例中，赌场管理人员或统计人员也会因一个好的原因否定机遇假设（不会说斯里克很公平地赢了牌或轮盘很正常地运转）。同样，结果的发生——如果没有机遇以外的东西在起作用，是不可思议地不可能。但是，除此以外，统计人员也认识到它结果的模式是在推行一个目标或履行某些功能，在本例即赢赌数赢钱。否定区通常暗指推行一个目标或履行某些功能的模式，所以统计人员用以排除机遇的否定区将不仅仅反映事件的不可能序列，也反映了游戏中胜利的不可能序列。它表明赢牌的频率远远偏离所期望的。并且因为赢牌是一个明显的目标，所有玩牌的人都希望取得，高度不可能的一系列赢牌表明有外界的活动。它提示的是作弊而非机遇。相反的，如果轮盘不成比例地给顾客很高的输牌率，高到反复地显著地高过轮盘赌能以纯机遇产生，游戏委员会可能会怀疑赌场在作弊⁷。

所以，但布斯基认识到当我们使用统计图标示来跟踪一些事件的发生频率时，我们隐含地在寻求一种模式，可以提示机遇以

外事件的模式。一些事件的模式可以展示其有兴趣的一面，因为有一些物理事件的情形在反复地发生。或者是一个事件的模式很有意义，因为它具有一些功能性显著（functional significance）的特征，独立于事件（情形）的物理特征之外。否定区有时可以找出这些反复发生的模式，其他时候则反映出我称之为“功能显著（Functionally Significant）模式”。不论怎样，但布斯基理解到从两种情况都认识到隐含在费史尔定义否定区是围绕着“发生频度远远偏离在预期之外”，就是识别特异种类（specific kind）的事件——也就是表达显著的东西或特殊模式的事件。

模式认知的作用，甚至在我们用不到使用如费史尔的正式统计方法时就可以容易地否认了机遇假设。考虑另一个例子，来说明模式认定以排除机遇的显著性。

在我大学教书生涯的第一年，我被分配帮助教授一门关于西方哲学历史的团队课程。在与其他教授一起评分时，我的资深同事会大声朗读一些学生的范文或典型错误。有次听朗读时，我有很快的反应：“嗨！这篇我已经读过了。”一名同事就笑道：“是啊，过一阵子以后，它们听起来都一样。”但我仍然坚持：“不，我的意思是我已经听过的就是那篇论文。真的。”我的同事继续读那一篇关于伯拉图的论文，我搜索我那叠纸张。差不多快到一半时，我看到了他正读的那一行，就把那一句接着读完了。他抬起头看我一眼，又接着读下去，我又帮他完成一段。我们像在演双簧。别的助教和教授发出了痛苦的声音，两篇论文一模一样。学生后来被叫来对质，经过一些激情否认后，其中一名学生终于承认了，正如同所见到的——是抄袭。

见到但布斯基之后，我认识到我与学生近距离的抄袭交锋，正好说明了他关于为什么我们排除机遇的观点，在这个案例中，假设那两个学生仅仅是恰巧写了三页打印得完全相同的论文，在每个句子中使用了相同的英文字母相同的序列，而没有彼此抄袭，也没有都从另一处共同来源抄袭而来。

为什么我的同事和我都会在这个案例中排除机遇假设呢？很明显，胜算机会在此起了作用。一篇典型的三页双空排的大学英语论文通常会有一千个精确序列的英文单词，大概六千个字母和空格。一名学生会独立地安排完全相同的一千个单词的序列，即便是在写同一个主题，机率几乎是无法计算的小。我们对这个事件发生基于机遇绝对不可能性的警惕，帮助我们作出抄袭的判断。如果学生仅仅重复两到三个短小词汇或一个小句子，我们怀疑的根据就不多，因为出现几个短的重复句的机率无疑要高的多。

尽管如此，我和但布斯基的讨论使我意识到在这样的案例中胜算机会并不意味着所有一切。（译者加：我意外地得知）取得任何六千个字母的具体序列的机会几乎和取得任何六千个在另一篇文章中六千个字母排列序列完全符合的具体序列的机会是相同的。那么不同的是什么呢？在一个案例中一个显著事件与另一个相符，而在另一个案例中该事件完全独立存在——即没有要求相对比。

这就是但布斯基所洞察到的关键，事件的不可能性本身并不能排除机遇，而是一个事件与一个模式的**相符**使我们能够加以识别。在检查抄袭文章时，我已经意识到不仅我的直觉所知道的绝对不可能的事件（一个具体的英语词组字母序列），还有我从完全不同事件所了解的该事件的模式，即我对另一名学生论文的阅读。是相符的——集中一个不可能的事件和另一个字母和单词的模式使我对抄袭有所察觉。模式认知帮助判断引发对机遇的否定。

但布斯基后来发展了他关于模式认知的理论的具体细节，他论证了一些我们认识到的与一些不可能事件相关的模式可以可靠地指向智能设计的活动。其他种类的模式，例如某些物理因素产生的高度反复模式，诸如一个硬币投掷一百次连续出现为头的序列也许可以表示某些物理原因导致的必然结果。但仍然在其他一

些案例中，我们假设或想象一些模式，而非认识它们，当这种情形发生时，模式却并不代表任何东西。（在十六章，我会论述但布斯基如何发明了一个测试方法来辨认或排除这类无需考虑的假模式。）无论哪种案例，基于我和但布斯基的探讨，我认识到模式认知在否定机遇中占有显著角色的地位。

我也认识到这一点是很合理的，特别是考虑到我自己早年对科学家所谓“机遇”是什么的哲学思维的反映。如果一个实质性的机遇假设定规地否定或废除了以物理或化学做出设计的解释，那么一个模式的出现必然否定机遇。有效的机遇假设说：“这个事件（情形）里没有什么正常的或可识别的因果因素的东西在运作。”由于模式一般表示一些有深度的因果因素或规律在运作着，模式的出现否定了机会。由于模式否定了无效的假设（即“没有什么在运作”），无效假设又是机遇假设，模式否定了机遇假设。模式否定了否定试——否定试是一个实质性机遇假设所必需的。

事后的模式认知和单一事件

在但布斯基思考模式认知在排除机遇（否认区域界定显著模式的方法）中扮演的角色时，他又洞察到另一个要点。他认识到为了合理地否定机遇，并没有必要预期或提前具体化一个模式（或否定区），如费史尔的方法所要求的。但布斯基认为费史尔的条件太有限制性，因为他可以想到许多例子认知模式是在一些事实之后，而并非在先规定否定区，这明显地合理地排除机遇假设。

例如，但布斯基举了一个间谍在战时偷听和录音敌方情报交流的例子。在一个秘密情报破译之前，该间谍并不能了解该声音组合是否是机遇组合，他也不能提前辨认哪些声音组合可以让他否定机遇假设——假设他一直在听那些随意碰撞的声音或杂音。一旦该间谍发现破解密码，能够破译那些讯号成有内容的文字，

细胞中的印记

然而他意识到——事后——他所接收的讯号并不是随机碰撞的。就像但布斯基所写的：“不同于总是在实验之前就找到模式的统计数字，破译电波密码要在事后找到模式。”⁸ 这一现象每天都在多数人身上发生，因为他们对之前已经发生的事件（情形）中的模式否定机遇作为一种解释，无论是一个机械设备或一个自然物体如水晶或沙丘中的明显模式。

但布斯基深思熟虑的结果是发现了一个排除机遇的方法，该方法使模式认知的显著性比费史尔的方法更为清楚地得到解释。就像历史学家经常可以成功地在事件之后解释这些事实，而他们不可能在事件发生前预见该事实，但布斯基认为经常可能的是在事实之后发现模式，而该事实是**事前**没有被特定的（即不是事先特定化的）。这就允许历史学家利用他的方法评估过去事件中的机遇解释，这些事件是已经发生的，并且是不会再发生的。由于生命的起源就绝对属于这类事件，他的方法可以被用来评估机遇假设对生命起源和生物信息的可能。

此外，如我在下一章中所解释的，尽管研究生命起源的科学家很少清晰地描述评估机遇假设的标准，在触及机遇解释生命起源时，他们通常使用但布斯基的标准（即便是含蓄的）。很明显，但布斯基不能被忽略的。

最后一个要点：机率资源

现在对我来说很清楚了，一个不可能事件的发生本身不能被认为可以排除机遇假设。即便如此，还有一点很清楚的是，对机率的判断并不能在我们分析是否有机遇以外的东西在起作用中扮演重要的角色。如果学生写两篇论文中仅仅有几个相同的短句，我和我的同事不会指责他们抄袭。如果轮盘球连续两次落入同一个数字，赌徒也不会认为轮盘赌机器有任何故障。尽管在这些事件中，模式是可以被认知的，但事件本身并没有达到不可能的程

度足以让我们相信有任何作弊问题出现了。

模式认知可以导致我们怀疑某些机遇以外的东西在运作，但模式出现本身并不能比任何一个单独无模式的不可能事件而被认为更可以否定机遇。相反，一个不可能事件和对模式的认知两者都要发生乃是必要的，或用逻辑分辨来说明：一个模式的出现是一个必要条件，但其自己本身不足以达到机遇排除的条件，还需要加入对不可能性的定量判断。

但这又引出另一个问题：一个事件要怎样的不可能才可以被认为应该排除机遇假设？如果我们开始在一个不可能序列的事件中发现一个模式，到什么地步，我们才应该怀疑机遇假设以致我们来否定它认为不能成立或不合理的？如一个玩二十一点的赌徒总是赢他的庄家，或球总是落入同一个数字，或者骰子总是出现同一面，或者如我们所观察的一个事件暗示在过去总是克服了一些罕见的机会——在哪个点上我们终于可以得出一个结论？——够了真的够了，是有机遇以外的东西。

答案是：“要看情况。”它取决于该事件的不可能性，也取决于有多少机会去产生该事件。我和但布斯基的讨论再次帮助我想清这个问题，他注意到另一个有关机遇和机率解释推理的普遍谬误。他已经向我展示一些人在解释机遇的原因时忽略了模式认知的重要性，现在他又解释在一个不可能事件形成一个模式的案例中，需要考虑另外的一个问题。他论证道，有关的不是一个具体事件的机率或一次偶然机会发生的结果（或在一个实验中），而是给予全部形成事件的机率并给予全部机会（或多次实验）而必定发生的可能性。如诺贝尔奖得主、并著有几本关于生命起源著作的生物化学家克里斯琴·德杜维（Christian de Duve）所解释的：“在‘评估一个机遇假设的机率’时，有关的是给一个确定事件与对此事件的机率所提供的机会的数量，方能算数。”⁹

让我们回到轮盘赌桌来描述这一论点。轮盘赌球连续两次落入红十六号的不可能率，是中等的，两次旋转轮盘是 38×38 ，或

1444种可能的结果。所以，这里只有 $1/1444$ 的可能让球连续两次落入红十六号。不管怎样，如果赌场管理员一周内有1444次机会旋转轮盘，他会在那一周内很快地目击，这件一般来说，是不可能发生的事件。虽然两次旋转轮盘就得到两个红十六号的机率很小，该事件在那一周内因机遇发生的机率就要大得多。赌场管理员有被但布斯基称为“机率资源”的东西——时间和实验次数——使该事件成为可能的要素。

但布斯基使用投硬币的例子来描述机率资源的概念，并指出人类在评估天文数字的罕见机会时，容易高估我们的可能机率资源。他讲了一个故事，是有关一个人因经营作弊赌场而被捕和判刑。当罪犯被带到法官面前判刑时，法官本人也是个赌者，法官给该罪犯一个选择，或者监狱服刑十年，或者刑期由一个机遇性质的游戏来决定。具体来说，法官告诉那个罪犯可以坐在牢中不断投掷硬币，投到连续一百次头（正面）朝上——中间没有任何尾部（背面）出现，就可以马上离开监狱。法官约定要他保证该硬币是很公平的，没有向头部或尾部的倾向。但布斯基问道：“聪明的罪犯应该怎样选择？”是选择投硬币还是十年刑期？

罪犯的直觉可能会令他误入歧途，他也许会想：“即便是投硬币，也不过两到三年的时间可能投到，也比坐牢十年要强。”但是设想在他选择投币之前，坐在第二排的他的会计师捅了他一下，递给他一个计算器，并小声在他耳边提醒他该法官是他那作弊赌场被欺骗的人之一。罪犯困扰地盯着计算器，他应该怎么办呢？“2的100次方”，会计师小声对他说。之后就全是他的了，做为赌场老板，他知道一些关于机率的计算，他在计算器上按了2的100次方，计算器出现了 1.2676506×10 的30次方，他忽然意识到那个数字是无期徒刑且不得缓刑和假释。因为任何100次投币，意味着他只有不足于1,267,650,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000,000分之一的希望可以得到全部头朝上，投一百年不够，一千万年都不够。罪犯应该忽略他最初的直觉，而信任会计

师的计算器。

但布斯基解释道：如果罪犯用一个合理的速度投硬币，每五秒钟投一次，一天八小时，一周六天，十年的时间他仅可以投 17, 797, 120（约等于 1.7×10 的 7 次方）次¹⁰。

然而这个数字还仅代表可能结果总数的一小部分（约总数为 10 的 30 次方机率中的 10 的 7 次方）。即便把就算这一小部分数字，在十年内能连续投出 100 次头向上的胜算机会也仅仅达到了 10 的 23 次方分之一（即 $10^7/10^{30}$ ）或 100, 000, 000, 000, 000, 000, 000 分之一。这个数字仍然比我们通常谈到的“合理的成功机会”所需的 1/2 或 50% 的标准，要小得太多。所以这比说该罪犯不可能在十年内连续 100 次投出头向上的硬币更为不可能，他没有必要的“机率资源”¹¹。

我和但布斯基的讨论还揭示了在有些情况下，机遇假设是可以被合理地拒绝的。有些时候，有足够的机率资源可以使一个不太可能的事件变为可能（比如：两个连续的红十六在一周内出现在轮盘赌桌上），有些时候却没有（由但布斯基的投硬币做判决的例子说明）。科学家永远也无法绝对证明一些天文数字不可能的事件没有因机遇发生过，但是他们可以决定什么时候不大可能，甚至非常不可能——这样的事件是不会也未曾单单因机遇而发生。

为了看清这一点，让我们把罪犯投硬币的例子倒过来想，假如判决书被送到监狱，该罪犯接受了法官的挑战，开始在一个便于法院判断胜利结果的监视摄像机前投硬币。两天以后，该罪犯要求和狱警一起看回放录像，在看了该罪犯的最后一百次投币后，狱警和监狱长都证明，是的，他确实投了一百次连续头向上。法院应该怎样对这意外的罪犯成功下结论呢？是罪犯在其首次尝试中就非常幸运吗？尽管是令人无法相信的不可能，这当然是一个基于机遇假设的可能。但是因为法院在该事件中看到了一个模式（或功能的显著性），并且因为他们知道该事件的胜算机

细胞中的印记

会和该罪犯的机率资源——罪犯几乎没有机会赢取胜算，法院会怀疑罪犯有舞弊嫌疑，所以他们在释放罪犯之前展开调查。果真，他们发现该罪犯偷偷地将一个有偏向的硬币带入了他的牢房。

进一步调查的工具

那么关于生命起源是如何的呢？机遇假设可以解释起初那些具体的产生生命的必要信息的起源吗？

作为对费史尔的统计假设实验方法和但布斯基关于模式认知和机率资源的洞察的思想，我意识到我有了一些可以找到那些令我感兴趣的具体问题的工具。我的关于机遇假设通常是如何被评估的调查研究，产生了一系列具体的疑问并提出了几个我需要回答的问题：对生物信息起源的机遇假设是一个实质性的假设还是仅仅是对无知的空洞的掩饰？如果是实质性的，有没有理由可以肯定机遇假设的足够性？或者有没有根据排除机遇作为考虑对象，至少排除其作为最好的解释？

我还想了解：在 DNA 碱基的序列中有没有某种模式，而这些模式在其他的情况下经常会导致我们怀疑机遇的假说？最后，什么是产生 DNA、RNA 和蛋白质相关信息的机率资源，它们是否足够令这些假设不可能的事件变得可能？下两章将描述我提出的这些问题所发现的是什么。

第九章 目标和机会

本章提要

极限的探索

- * 香农信息和特定信息不同举例。
- * 德杜维要求放弃生物信息的机遇解释。
- * 最少基因和理论最小生活细胞（最小复杂度）。
- * 细胞机制和产品与结构之间的互相依存性。
- * 威斯塔研究院研讨会及其所启发的实验。
- * 突变诱导（mutagenesis）探讨组合机会空间（space of combinatorial possibilities）索尔和艾克斯的工作。

我和但布斯基 1992 年夏天工作的结果，让我掌握了一个对评估诉诸机遇的尺度。那个夏天从剑桥回到我在惠特沃思（Whitworth）大学的教职之后，我开始重新检验对生命起源所必要的信息是如何由机遇产生的具体提议。无论如何，作为有着繁重教书任务的助理教授和年幼孩子的父亲，我并没有在后来几年取得像那个迅疾的夏天那样，我在海外乐观地所期待的成果。然而这也许是最好的安排，但我在当时并没有意识到，因为在但布斯基及其他那年夏天在剑桥碰到的科学家们完成了他们自己在拼图中那份研究难题后，我才会在一个更好的位置来做我的研究。

尽管如此，我还是尽我所能开始评估机会假说，我重新发现一些我在英国上研究生时就令我吃惊的东西。多数研究生命起源的著名科学家——但不同情设计假说——也对机会是唯一的解释的观点深表怀疑。另外，我如今意识到，尽管那些科学家很少明确地说明拒绝机会假说的标准，他们直觉地事前预设一个类似费史尔的机遇排除方法的标准，或是但布斯基的方法，或是二者兼有。一些科学家也会质疑“机会”的合理性，因为他们怀疑它只不过用作对无知的掩盖。

这些怀疑最初很令我惊讶，因为一些非正式的对生命起源的讨论和甚至大学水平的教科书都经常给人以“机会”是生命起源的主要因素的印象。例如：生物化学家里宁格（Albert L. Lehninger）在他畅销的大学教科书中就有令人难忘的段落，描述无生命的物质如何跨越大分水岭变成有生命，他在 1970 年写道：“我们现在来到了进化的紧要关头，第一个有‘生命’的外形出现了，穿越了一系列无生命（abiotically）所形成大分子各成分的机遇组合。”¹ 更早些时候，1954 年生物化学家乔治·沃尔德也主张机遇和大片长时间之间的因果功效。如他所解释的：“时间实际上是整个剧情中的英雄……。有了这么长的时间，不可能变为可能，可能的变成大约，大约变成真正的肯定。”² 类似的情形还有，1968 年弗兰西斯·克里克建议，遗传密码的起源也许是一个“被冻结的事故（frozen accident）。”³

多数机会假说假定，相当明智地，如果没有生物信息首先以某种形式发生，生命是无法起源的。在现有细胞里，DNA 储存了该信息以便生产蛋白质以完成最关键的功能。那么，科学家所必需解释的，要么是 DNA（或也许是一些其他相当的信息携带分子）中的信息是从哪里来的？要么是蛋白质没有 DNA（或类似的资源）如何直接产生？以机遇为基础模型已经采纳了这两种处理方法。有些场景，科学家设想 DNA 首先随机产生，而后和蛋白质分子进入到一个功能组合中，该功能组合是编写和翻译遗传

信息到蛋白质所必需的。在其他一些场景中，科学家设想蛋白质分子最先随机产生，然后与 DNA、RNA 和其他分子进入一个组合，也就是现代基因表达体系中的一部分。最近，第三种处理方法建议信息最先在 RNA 分子中产生，RNA 然后起遗传信息承载（如 DNA 现在所做的）和酶的催化剂的作用（像现代某些蛋白质的工作），尽管在这个假设中，机遇与其他机制是结合在一起的（见第十四章）。

几乎在所有这些假设场景中，生命起源理论工作者都首先想象了一些有利的原始环境有着丰富的构筑单元，DNA、RNA 和蛋白质的制造由此产生。继承奥巴林早期的理论提出这些化学构筑单元收集在地球的早期海洋中，该假设的环境采用了那个古怪的叫“前生物汤”的名字。科学家们通常想象 DNA、RNA 和蛋白质分子的次单元，会在那个汤中或一些其他有利的环境中自由漂浮，该前生物汤不仅仅会提供一个必要的化学构成的丰富资源建造蛋白质和核酸，还会提供很多让那些构筑单元合并、再合并的机会，以形成更大的生物相关的分子。

因此，典型的机遇生物信息起源理论，都假设了一个化学洗牌的过程，该过程终将会基于机遇，从各种不同的小一些的分子开始（如在蛋白质中的氨基酸，或 DNA 和 RNA 中的碱基、糖和磷酸）；产生大的有特定的排列序列的生物多聚体（DNA、RNA 和蛋白质）。一些人把这个过程比喻成中了“星球大奖”（cosmic jackpot），如同一系列幸运赌注使一个赌徒赢了一大笔钱，同样，可能化学构筑单元之间幸运的的相碰和连接，产生了第一个有功能的蛋白质或富有信息的核酸。

但是机遇是否对生物信息起源提供了足够的解释？或者它仅仅是隐藏起对真正所发生的事实的无知？以机遇为基础的理论，有没有引用那些已知的、能产生丰富信息构造的过程和以已知的、或有规律的频度？或者，有没有好的理由来否定机遇是生命必备信息起源的最好解释？在我和但布斯基的最初对话后，这些

问题在随后几年里激励我研究机遇假说理论。我知道许多研究生命起源的科学家，也对机遇是唯一的解释的观点深表怀疑，当我研究调查这个问题时，我也开始被说服这种怀疑是合理的，且有一些明显的原因。

功能上显著的模式

首先，DNA 和 RNA 的碱基和蛋白质中的氨基酸序列，所包含的并不仅仅是香农（Shannon）信息。相反，这些分子储存的信息也是功能上特定的。譬如：它们揭示了独一无二的模式——功能上显著的模式——，至少在那些极度不可能的场景中，该模式可以常规地使统计学家拒绝机遇假说。

让我们来看，为什么 DNA 中**特定**的信息出现，对机遇过程解释的足够性产生困难，还记得我们那位倒霉的官僚主义琼斯先生，当琼斯先生抵达首都华盛顿机场，丢了史密斯先生的电话，他并没有绝望，他知道随意组合数字 0、1、2、3、4、5、6、7、8 和 9，可以产生大量的香农信息。当然，他很快发现他不需要那些非特定的信息，而需要的是特定的信息。但他对二者的区别显得过于天真，他以为他可以随意组合和再组合十个数字，最终解决问题。所以他这样去做了，他试了 258 - 197 - 7292；他试了 414 - 883 - 6545；他还试了 279 - 876 - 2982，867 - 415 - 5170，735 - 842 - 3301，他试了几百个号码。几乎在每一个实验中，他得到的仅仅是来自电话公司的留言录音，有两次有人接电话，告诉他打错了。琼斯还在试，终于感到精疲力尽。简单地说，他没有足够的时间，仅仅以随机而可以有一个找到正确（也就是特定的）电话号码的合理机会。

假如琼斯更加敏感一些，他会学到一个重要功课。随意地按机遇组合和再组合字母数字可以产生大量的非特定的信息，但却不是一个产生特定信息的有效方法，特别是当时间又非常有限的

时候。

在我教书的头几年，我发现另外一种解释，可以帮助学生了解为什么许多生命起源研究者已经开始拒绝这样的看法：第一个生命产生所必需的特定的信息完全由机遇引起的。我拿着一整袋混在一起的字母，走过教室内的通道，让学生随意抓出任何一个字母，然后走到黑板前面，把该字母抄录在黑板上。当所有人都这样做了之后，我指出我们所做的只产生了一些丰富的香农信息序列，却没有**特定**的信息。随机所产生的完全是胡言乱语。之后我挑战学生用这种随机得到的做成一个有特定的意思的句子，任何有意义的句子。

有时候，好像学生意图抵制我展示的观点，他们会坚持不懈直到造成一个非常短小序列的字母，可以表现一些潜力来拼写成有意义的字，如“PLE”或“NES”或甚至一个短字如“RAN”。在这些时候，我的学生就开始发出“嘘声”好象他们赢了我，而这却正是我想要的。当这种情形发生时，我就会叫停并快速计算他们做成的特定的信息的数量，然后我拿他们的信息数量和在一个短句子中的信息（或叫功能基因）数量进行比较，再叫他们继续随意选字母，直到他们做成有同等信息量的数字的一个完整的句子，或甚至一两个多字母的单词。毫无疑问总是相同的结果发生。

经过几次筛选，开始有几个有潜力的字母组合又被后来的字母冲淡，变成更加无序的胡言乱语。当他们的失败显而易见时，我会挑战他们重新开始。但无论做多少次，他们也无法做成一个长句子，更甭说一个任何合理长度的自身有意义的句子。这时，我的学生们看到了故事的内涵：随机的寻找可能会产生少量的特定的信息，但不多，特别是当寻找可能组合的时间是有限的時候。

许多生命起源科学家都相同地意识到在早期地球有限的时间内（或者甚至在自从宇宙产生到现在的时间内），用机遇本身来

细胞中的印记

产生特定的生物信息是多么的困难。一位著名的生物化学家，卡门·史密斯（Alexander Cairns - Smith），在 1971 年写到：“盲目的机遇——是非常有限的，盲目机遇的低水平合作能够产生极度简单的东西（相当于字母和短小单词）；但它随机体形成（信息）数量的增加会很快变使它无能为力，不用多久，长时间的等待和大量的原料资源就迅速变得无关紧要了。”⁴

当这样描述这件事情时，科学家意识到重要的问题不仅仅是产生一个化学成分的不可能序列（例如 DNA 中一个不可能的核苷酸碱基排列）。科学家明白不可能的事件可以因机遇产生，而问题是要依赖一个随意的搜寻或洗牌，来产生能够有生物功能的非常稀少的核苷酸序列，区别就好像盲目发射一支无目的的箭让其射到任何地方，与发射一支盲目的箭让其落入靶心，后者当然是比前者难许多。

克里斯琴·德杜维（Christian de Duve）设计了一种演示方法，以我们对机遇假说的认知而强调了发现模式（和特定的功能认知）的重要性。他指出：“单一的、反常的及不可能的事件可以想象得到发生，许多极其不可能的事件可以发生，如选了赢乐透大奖的号码或玩桥牌时拿到一手好牌等经常发生着。但是一连串的这种不可能事件不可能自然地发生，如连续两次赢相同的乐透大奖号码，或连续两次拿同样的牌。”⁵

德杜维如费史尔和但布斯基一样，在此建议一个不可能事件或一系列不可能条件本身，并不能用来否定机遇假设的基础。相反，他的解释指出模式认知同样起着重要的作用。当一个人反复赢乐透大奖或在玩桥牌时重复拿到相同的牌，一个模式涌现了，确实，就是那个我称之为“一个有功能显著的模式（functionally significant pattern）”。在德杜维的例子中，一个不可能事件序列的发生也产生了一个显著意义的客观目标，如赢牌或赢钱，德杜维建议当我们认识到一个特定的事件产生了一个显著意义的结果，如一个人取得重要目标或履行一个功能，我们会很正确地怀疑机

遇以外的东西在运作。

基于这个原因，他建议我们应该怀疑对生物信息起源的机遇假说。根据机遇假说，由于 DNA、RNA 和蛋白质中的核苷酸构筑单元在一个前生物环境（原始）中相互作用，这些分子亚单元会一个个连接在一起，形成一个长长的链状的分子。氨基酸会连接到其他氨基酸形成增长的多肽链，糖和磷酸分子也会彼此连接，核苷酸碱基以各种组合与糖和磷酸的长支柱相连，所以机遇假说所提倡的是想象这种一分子一分子增长成的链条（一字母一字母）。

但是要形成有功能的基因和蛋白质，不是仅仅任何排列的碱基或氨基酸可以做到，决不能。压倒多数的碱基或氨基酸的排列根本不可能起到生物功能的作用。要组装一些工作蛋白质，例如在前生物汤中，经过一次又一次，尽管很多其他不幸的偶然结果机会都已经发生了，会要求功能上恰当的氨基酸将它们自己按机遇连接到一个不断增长的其他氨基酸链条上。德杜维似乎把这个过程与赌徒反复抽到赢牌的牌或好手气相比，在这两个场景中，他都建议一个敏锐的观察家会发现一个模式，一个可以带来重要结果的事件的模式。⁶

德杜维坚持当不可能的有利模式在一个偶然事件中出现时，我们对机遇假说的怀疑就应该增加。就好像我们怀疑一个玩牌的人总是抓到赢牌的牌，一次又一次，除非他作弊，所以我们同样合理地怀疑适当功能的碱基或氨基酸，会把它们自己按机遇可以反复连接到一个增长的蛋白质或 DNA 分子上。换句话说，我们应该怀疑随机的分子构筑单元会仅仅基于机遇在 DNA（或蛋白质）中产生有功能的**特定的**序列。

这是很可理解的，我们经验知道，随意寻找是不可思议的、没有效率的，方法用来产生单词或事件的**特定的**序列，就像我用一口袋字母挑战我的学生的例子。所以，当我们遇到有功能的**特定的**序列的单词（或同样有功能的分子），或当我们遇到在一个

细胞中的印记

事件结果中的一个功能性显著模式（如我们用德杜维的赌博例子），我们正确地怀疑是否机遇本身真在运作。DNA 包含特定的化学序列，其功能就如同数字或字母的功能，它包含功能性的**特定的信息**，不仅仅是香农信息。科学家如德杜维认识到了这一点，他们很合理地对机遇作为解释生物信息起源的理论产生了怀疑。⁷

由机遇产生基因和蛋白质的不可能性

怀疑机遇作为解释生物信息起源的理论，还有第二个原因：建造一个活细胞不仅要求有特定的信息，还要求要有**大量的该种信息**，而由机遇产生这么大量的特定的信息的机率是几乎无法看见的小。但是有多小？由机遇本身导致产生第一个活细胞所需信息的机率确切是多少？

当初数量化地回答这个问题显得很难，因为生物学家以前不知道产生和保持最简单的活细胞确切需要多少信息。另一方面，他们也不知道在一个现存细胞中有多少部分是保持生命所必需的，有多少部分不是。但到 90 年代初期，科学家开始做“最小复杂度”的尝试，他们试图把细胞功能降低到最简单的形式。从那以后，生物学家越来越知悉到最少的蛋白质数和基因最低数字的估算，这些为假设的原生细胞存活所必需。

现有最简单的细胞是生殖支原体（*Mycoplasma genitalium*），它是一个生长在人体尿道中的微小细菌，“仅”要求 482 个蛋白质来履行所需功能，需要 DNA 中的 562,000 个碱基（每个基因中低于 1,200 对碱基）来组合这些蛋白质。在最小化复杂度的实验中，科学家试图在这样简单的活物中找到无用的基因或蛋白质，科学家使用各种不同的试验仪器来“击死”特定的基因，然后检验在细菌细胞上的效果，来观察没有了那些无效基因的蛋白质产品后它们是否能够存活。基于这些最小化复杂度的实验，一

些科学家推测（还没有完全证明）一个简单的、仅有 250 - 400 个基因的单细胞也许可以存活。

当然要构造一个有功能的细胞——至少是一个类似我们今天可以通过一些办法观察的细胞——则需要比仅仅是指导蛋白质合成的遗传信息要多得多的东西。例如，它至少需要一套事前存在的蛋白质和 RNA 分子，即多聚酶、转运 RNA、核糖体 RNA、各种合成酶和核糖体蛋白质等来处理 and 表达储藏在 DNA 中的信息。事实上，一个简单的细菌翻译系统中要 100 多个特定的蛋白质，大约 20 多个参与转录，30 多个用在 DNA 的复制⁸。尽管 DNA 中的信息对构造蛋白质是确实必要的，许多蛋白质对表达和处理 DNA 中的信息也是必不可少的（见第五章）。所以现存的细胞需要两种类型的有丰富信息的分子，即核酸和蛋白质，紧密完整地共同运作。因此，任何我们今天所见的最小化复杂的类似原生细胞的细胞，不但需要遗传信息，也需要一套相当大的、事前存在的蛋白质来处理这些信息。

构造这样的细胞还需要其他事前存在的一些组件和成分，譬如蛋白质和 DNA 都是构造和保养细胞的能力生产和处理系统所必需的，还有醣酵解通道（包含有十种酶），把低能前体 ADP 产生高能 ATP。但是信息处理和蛋白质合成——和几乎所有细胞里的其他东西——都取决于一个事前存在的 ATP 能量供应（或与它紧密相关的高能的分子之一）。所以，要想使第一个生命诞生，ATP（或相关的分子）必须已经和基因和蛋白质一起展现了。

除此之外，第一个细胞还需要一种半渗透性的薄膜和一个细胞壁来保护它自己及发生在其内里的化学反应。在现代细菌中，保护性屏障是由蛋白质和那些小一些的分子、以多聚酶联结在一起所形成的磷脂双层和细胞壁所组成。除了蛋白质和核酸外，细胞还需要这些各种不同类型的小分子——磷酸、类脂、糖、维生素、金属和 ATP。许多这些小分子是在细胞里面蛋白质的帮助下合成的，但是蛋白质也需要这些分子，以便完成许多它们的酶

细胞中的印记

功能。所以，任何原始细胞看来都需要这些小分子供应的事前存在，以便建立和保养它们自己。

甚至一个“最小化复杂的细胞”的整体复杂性，已使它很难计算出完全由机遇、使其在这样一个紧密相连的系统里凑齐所有必须元素的机会。无论如何，作为一阶（first - order）大概评估，许多理论家对计算出建造一套必要蛋白质单元所需要的信息就感到满足了，虽然认识到还需要许多元素，以至于计算到的机率就大大地低估了他们手头工作的难度。

要计算这个机率，科学家通常使用一个不那么直接的方法。首先，他们计算一个单一功能的、普通长度的蛋白质完全由机遇产生的机率；然后他们用这个机率乘以其他每一个所需蛋白质完全由机遇产生的机率。这些乘出来的机率的数字就决定了一个最小化复杂细胞所需的所有蛋白质能够由机遇碰到一起的机率。

科学家当然可以分析 DNA 来计算相应的遗传信息由机遇产生的机率，但是由于每一个基因中的信息指导一个特定的蛋白质的合成，两个序列（基因序列和相应的蛋白质序列）承载着相同数量的信息⁹，蛋白质按照专业的说法，代表着 DNA 分子的编码区的“表达的功能”。更进一步，由于衡量机率和信息是相关的（尽管是倒数关系），一个特定的基因完全由机遇产生的机率，大约与相应的基因产品（有基因编码的蛋白质）所得出的机率是相同的。

基于这个原因，相关的机率计算，既可以通过分析排列氨基酸到一个有功能的蛋白质的机率，也可通过分析给那个蛋白质编码排列核苷酸碱基到一个基因中的机率。因为，结果是使用蛋白质做计算更加容易一些，这也是多数生命起源科学家所做的¹⁰。无论哪一种情况，到了 20 世纪 60 年代，由于科学家开始认识到 DNA 和蛋白质以及它们所包含的特定信息的复杂性，许多人开始猜疑由机遇本身来产生这些分子将是非常困难的。

威斯塔研究院研讨会

对机遇的解释首次引起了公众的关注，是现在著名的、发生于1966年在费城举办的有数学家和生物学家参加的研讨会上，研讨会的题目为“数学挑战新达尔文主义”¹¹。会议在一流的医学研究中心威斯塔研究院举行，由英国诺贝尔奖得主彼得·梅达沃爵士（Sir Peter Medawar）担任主席。研讨会旨在讨论在许多数学家、物理学家和工程师中产生的、越来越多的对随机碰撞突变可以造成生命新形态所需信息的能力的怀疑。尽管怀疑焦点主要表达在对生物进化的随机突变上，他们所提出的问题，对研究机遇在有关第一生命的化学进化理论中的角色，有着同样重要的指导作用。

这些怀疑最先在20世纪60年代中期，在麻省理工学院（MIT）物理学家魏斯考夫（Victor Weisskopf）日内瓦家中的私人集会上被讨论。在一次野餐时间，讨论转到了进化论。几名麻省理工学院的数学、物理和工程教授，明确提出了对生物学家有关突变在进化过程所允许的的时间内产生新生命形态的自信表示吃惊，争论变得很热烈，但没有达成一致。因此计划另外开一个研讨会来讨论这些疑惑的问题。

根据当时的一些MIT教授所讨论的，新达尔文主义的机制面临着被他们称为“组合的问题”。在数学上，“组合的”这个词代表可能方法的数目，这些可能的方法使一系列客观事物被安排和合并（相关数学分科被称为“组合学”）。举例来说，一个简单的自行车锁，有四位数字的密码号码盘，每一个号码盘有十组数字，一个偷自行车的小偷遇见这样的号码盘的车锁（没有切割工具），就碰到了“组合的问题”，因为这里有 $10 \times 10 \times 10 \times 10$ 或10,000可能的组合数字在所有四位数字组合中，但只有一个数字组合可以打开车锁。试想用随机的方法是不容易产生正确的组

细胞中的印记

合数字，除非该小偷确实有大量的时间去这样做。

威斯塔研讨会的科学家解释，达尔文主义的机制会遇到相似的困难。根据新达尔文主义理论，新的遗传信息，首先发生在现存机体的 DNA 中的随机突变，当机体所具突变给予它存活优势，产生的遗传变化就按照自然选择进入下一个世代。随着这些变化的增加和累积，一个群体特征开始随时间变化。无论如何，自然选择仅仅可以“选择”那些先由随机突变产生的东西。对进化过程产生新生命形态来说，随机突变，必须首先已经产生了新的建造崭新蛋白质的遗传信息。但这一点，对威斯塔的数学、物理和工程学家来说却是问题所在，为什么？

威斯塔研讨会的怀疑者主张，由于碱基和氨基酸可能序列的绝对巨大数字，单单由机遇组装成一个新的基因或蛋白质是极端困难的，因为每一个有功能蛋白质氨基酸化合物的产生，同时也存在着极大数量其他可能的化合物却不能产生功能蛋白质。并且随着所需蛋白质的长度加长，可能的氨基酸序列化合物的数字按指数增长，以至于找到一个有功能的序列的胜算机会，也就是一个有功能的蛋白质，就陡然地缩小了。

想看清这一点，请考虑下面的情形。鉴于我们有四种方法组合字母 A 和 B，使其成为两个字母的组合（AB、BA、AA 和 BB），有八种方法组合成三个字母的组合（AAA、AAB、ABB、ABA、BAA、BBA、BAB、BBB），十六种方法组合成四个字母的组合，并依此类推，组合的数字是按照几何级数增长的， 2^2 ， 2^3 ， 2^4 等等。这种增长在组合字母更多时候变得更加明显，对蛋白质链来说，由于每一个位置可以是任何一个有 20 个不同字母序列组成的字母，所以有 20^2 或 400 种方法做一个两个氨基酸的组合序列。类似的，有 20^3 或 8000 种方法做一个三个氨基酸的组合序列，有 20^4 或 160,000 种方法做一个四个氨基酸的组合序列，依此类推。随着可能组合数字的增加，找到一个正确序列的机会也就相应缩小。但是多数有功能的蛋白质是有几百个氨基酸做成

的，所以即便是一个相对较短的蛋白质，比如由一百五十个氨基酸代表的一个序列，在一个天文数字（大约 10^{195} ）的其他序列组合中它仅是其中的一个。

想象这种组合问题也许在假设的前生物汤中的蛋白质的场景中可以说明问题，在前生物汤中完全由机遇构造一个短小的一百五十个氨基酸的蛋白质分子，这里会有几个组合问题——机率障碍——需要克服。首先，所有氨基酸在蛋白质链中加入其他氨基酸时，必须形成一个被称为肽键的化学键（见图 9.1）。如果氨基酸不能通过肽键与其他氨基酸连接在一起，所产生的分子就不能折叠成一个蛋白质，自然界中其他种类的化学键就有可能在这些氨基酸之间形成。事实上，当氨基酸混合物在一个实验室试管中反应时，它们形成肽键和非肽键的机率是相等的。因此，每多一个氨基酸，形成肽键的机率约是 $1/2$ ，当四个氨基酸连接在一起，它们完全由肽键使之相连的机率约是 $1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2 = 1/16$ 或 $(1/2)^4$ 。建立一个一百五十个由肽聚合连接的氨基酸的机率是 $(1/2)^{149}$ ，或约 $1/10^{45}$ 。

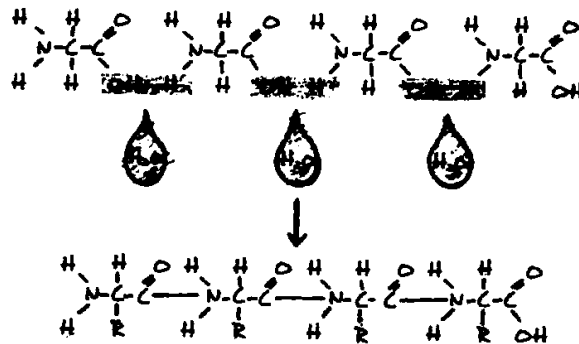


图 9.1 一个氨基酸中的氨基与另一个氨基酸羧基中的相联合成键。

注意：水只是该反应的副产品（被称为凝聚反应）。

第二，蛋白质中的所有氨基酸（仅一例外）在自然界中都有一个镜像氨基酸，有的是左手型的，或 L 型的，右手型的，或 D 型的，这些不同的型称之为光学异构体（见图 9.2）。有功能的蛋

细胞中的印记

白质仅可以接纳左手型的氨基酸，然而在前生物的氨基酸产品中，右手和左手型的异构体的产生频率大约相等。在进一步的计算获得一个生物学上的有功能蛋白质的不可能性时，需要考虑到这一点。随机地在一个假想的一百五十氨基酸长度的肽聚合链中，得到全部都是 L 型的氨基酸的机率是 $(1/2)^{150}$ ，或约 $1/10^{45}$ 。从 D 型和 L 型的混合开始，随机地在一个假想的一百五十氨基酸长度的肽聚合链中，得到全部都是 L 型的氨基酸的机率是 $(1/2)^{150}$ ，或约 $1/10^{45}$ ；随机地在一个假想的一百五十氨基酸长度的肽聚合链中，得到全部都是 L 型的氨基酸的机率是 $1/10^{90}$ 。

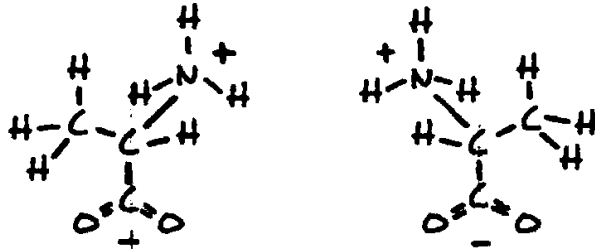


图 9.2 同一个氨基酸中的两个光学异构体。

有功能的蛋白质还有第三个独立的要求，也是最重要的：属于它们的氨基酸，如一个有意思的句子中的字母，必须按照特定的功能序列排列组合在一起。在一些场景中，在一个安排好的组合中，在某个点即便变换一个氨基酸，也会导致功能丧失。另外，由于有二十个生物所利用的氨基酸，在一个安排好组合中得到一个特定的氨基酸的机率很小， $1/20$ （事实上机率还要小，自然界中还有很多不能形成蛋白质的氨基酸）。假设每一个组合中一个蛋白质链每一个位置需要一种指定的氨基酸，在一百五十氨基酸长度中指定的蛋白质的机率是 $(1/20)^{150}$ 或约为 10^{195} 分之一。

尽管如此，分子生物学家已经了解到，大多数链条边的组合，可以接纳二十种不同氨基酸中的几种通常在蛋白质中发现的氨基酸，这些氨基酸不至于毁坏蛋白质的功能，但另一些却会毁坏功能。威斯塔研讨会上，这种接纳性被一些进化论生物学家作

为随机引起的突变足够产生新的有功能的蛋白质的证据。多数与会的数学家假定，在所有可能组合的空间中，功能序列是令人不可相信的稀少。但是一些进化生物学家提出：那如果功能序列比数学家所假定的要普遍会怎样？这引发了一个很重要的问题，该问题在 1966 年是不可能被回答的：在一条任何长度的氨基酸链中的所有可能的序列中，有功能的氨基酸到底有多稀少或多普遍？

20 世纪 80 年代末期，几个非常重要的研究课题在 MIT 生物化学家罗伯特·索尔的实验室中进行，以研究这个问题。他的课题小组使用了被人所知的“卡式突变诱导”（cassette mutagenesis）的取样技术，来决定在几个蛋白质中某个特定区域可以容忍多少氨基酸中的差异。这项技术可以帮助解决一个重要议题。如果蛋白质可以容忍很大的差异，那就会增加在其可能的空间中随机找到一个有功能的序列的机率。假如蛋白质更加挑剔，即假如功能所需条件对序列有着更限制和僵化的要求，那么就会减少随机成功产生一个功能蛋白质的机率。因此，索尔课题小组的发现无论怎样都至关重要，他们的实验结果将会帮助决定一个功能蛋白质在前生物汤中由机遇产生的机率。

那么他们发现的是什么呢？他们最明确的实验¹²好像表明：即便把上述（链旁）变异也计算在其中，在几个已知蛋白质（大约一百个氨基酸）中得到一个有功能序列的氨基酸的机率仍然是“绝对地小”，大约 $1/10^{63}$ （在我们的银河系中有 10^{65} 个原子）¹³。使用不同的突变诱导技术，他们和其他科学家都展示了蛋白质（因此基因是制造它们的）对生物功能来说是高度特化¹⁴，更早的研究指出许多部位的氨基酸残基，是无法变换而功能不会丧失的¹⁵。现在索尔和其他人展示了即便是在一些容许一些变换的部位，不是任何氨基酸就行，相反他们展示了在一些允许变换的位置在序列上对功能性要求的有明显的强制性。量化了容许的变异，使他们能在一大群组合可能性中，寻找一个拥有功能序列的

细胞中的印记

蛋白质的机率。

我最早是在 1992 年通过一名剑桥大学的博士后研究员道格拉斯·艾克斯 (Douglas Axe)，了解到罗伯特·索尔关于探索机遇假说的研究工作。艾克斯和我是在那年夏天、我与但布斯基共同从事研究工作时相遇的，艾克斯来剑桥与索尔一样做随机的实验工作，他在加州理工学院攻读 Ph. D. 期间接触到了蛋白质的构造以及它们为操作其功能所需要的复杂折叠。他开始想了解随机或分子随意互动产生这些折叠的困难有多大，他开始提出那个与威斯塔研讨会上提出的非常类似的问题：产生固定折叠使蛋白质履行其生物功能的氨基酸序列有多罕见或多常见？

当艾克斯开始检测索尔的实验方法时，他提出了一个问题：索尔是否低估了蛋白质序列可变换又保持功能的数字？为检测这一可能性，他发明了一个更加严格的评估方法，评估其允许变化的可能，以消除可能的评估错误。艾克斯欣赏索尔已经做成的实验，但希望产生一个更加确定的答案。他想用毫无合理疑点 (beyond any reasonable doubt) (译注：此标准为美国法庭对刑事案件定罪用，民事案件则用较宽松的标准) 来回答威斯塔研讨会所提出的主要问题，他对这一议题的兴趣最终使他来到了剑桥大学佛西特 (Alan Fersht) 的实验室，之后来到著名的剑桥医学研究顾问中心的蛋白质工程中心，就像在 20 世纪 60 年代早期在那儿工作的克里克 (Francis Crick)、麦克斯·佩鲁茨 (Max Perutz)、约翰·肯德鲁 (John Kendrew) 和弗雷德·桑格 (Fred Sanger) 那样。艾克斯的工作结果使一系列论文发表在 1996 到 2004 年间的《分子生物学及分子生物化学期刊》和《国家科学院期刊》上。

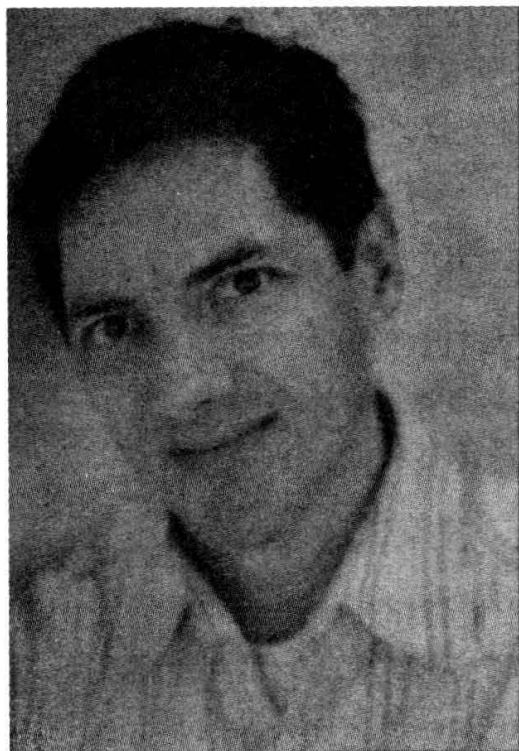


图 9.3 艾克斯 (Douglas Axe) (经艾克斯允许)

他在 2004 年发表的论文解释尤为具体¹⁶，艾克斯利用他加以改进的突变诱导方法，在称为 β 内酰胺酶 (Beta lactamase) 这是在细菌遇到抗菌素时赋予抗力的蛋白质，其中一段含有一百五十个有功能的氨基酸上，进行了突变诱导的实验。基于他的实验，艾克斯能够对 (a) 一百五十氨基酸可以产生那种特定的功能的数目，与 (b) 在这个长度的所有可能的氨基酸序列。作出一个仔细的估算，艾克斯估算的这个比例为 $1:10^{77}$ 。

这是一个令人震惊的数字，它暗示一个随机的程序很难通过碰撞或机遇而产生有特定的功能的蛋白质。但是我不想仅仅了解在一定空间的组合机率中找到有具体的功能蛋白质的可能性，我希望了解在类似空间找到任何有功能蛋白质的胜算。那个胜算数字或许会使评估机遇造成生命起源的场景成为可能，并可以接触

细胞中的印记

到一个单一蛋白质——**任何可工作的蛋白质**——是否会在地球早期因机遇而产生。

幸运的是，艾克斯的工作成果也提供了这个数字¹⁷。艾克斯知道自然界中蛋白质运作着许多特定的功能，他也知道为了实施这些功能它们的氨基酸链必需首先叠成一个稳固的三维结构。所以，在他估算实施一个特定的（ β -内酰胺酶）功能的序列频率之前，他首先做了可以使他能够估算序列产生稳定折叠频率的实验。根据他的实验结果，他计算出了（a）一百五十个氨基酸可以产生多少稳定“备有功能”折叠，与（b）在这个长度的整套所有可能的氨基酸数。他得到的概率为 $1:10^{74}$ 。

由于蛋白质如果不能折叠成稳固的构造就不能实施功能，艾克斯对序列空间中折叠序列频率的测量，同样提供了在那个空间中有功能的蛋白质（任何功能）的机率的测量。的确，利用他所知道的蛋白质需要折叠来考虑，艾克斯估算出（a）一百五十个氨基酸可以产生**任何有功能蛋白质**，与（b）在这个长度的所有可能的氨基酸之比的概率。艾克斯算出的 $1:10^{74}$ 的概率也表明在一百五十氨基酸长度的蛋白质中由随机而产生任何有恰当序列的机率也是 $1:10^{74}$ 。换句话说，在这样长度的氨基酸链条中有随机碰巧出一个有功能蛋白质的机率仅仅是 10^{74} 分之一。

考虑到罗伯特·索尔是在短一些的一百个氨基酸链条上做的实验，艾克斯的数字可能稍稍没有那么吓人的不可能性。但无论如何，它还是代表了一种令人吃惊的极小可能性。在和我的谈话中，艾克斯比较了一百五十个氨基酸（中等长度）随机产生有功能蛋白质的胜算，与在我们的银河系所有原子中用无导向的和盲目的寻找而找到一个第一有标记的原子的胜算相比较，无论你是否相信，在银河系中找到有标记的原子的胜算要比在那个长度中找到一个有功能的蛋白质的胜算大的多（约大十亿倍）。

这是一个很了不得的结果，在罗伯特·索尔及其他人工作的基础上，艾克斯对在所有可能的氨基酸序列空间中找到有功能序

列的稀少性，建立了一个可信的定量的估算，进而也回答了首先在威斯塔研讨会上所提出的问题。尽管蛋白质在某些地方容忍一定范围内可能的氨基酸，有功能的蛋白质在全部可能的氨基酸序列中存在的机率仍然非常稀少。

2007年6月，艾克斯有机会在波士顿发表他的发现，作为对四十年前威斯塔研讨会上所提出的原始议题的公开纪念。参加这次在波士顿举行的研讨会的有 MIT 退休工程学教授穆雷·伊顿 (Murray Eden)，八十七岁了却仍思维敏捷，是当年威斯塔研讨会参与者之一，也是对新达尔文主义所面临的组合问题的最有力的抨击者之一。四十年之后，艾克斯的实验结果肯定了伊顿最早的直觉：胜算机会是不可思议地否定随机可以产生有功能蛋白质的，有功能的蛋白质在所有可能的氨基酸组合中是极度稀少的。

艾克斯改良了的对有功能的蛋白质在“序列的空间”是怎样的稀少的估算，现在就有可能来计算一个一百五十个氨基酸构架在前生物汤中随机产生成为一个有功能蛋白质的机率。这种计算可以通过让三个独立的机率相乘：仅有肽键参与的机率 ($1:10^{45}$)，聚集左旋氨基酸的机率 ($1:10^{45}$)，取得正确氨基酸序列的机率 (使用艾克斯的 $1:10^{74}$ 估算)。计算方法：三个机率相乘用相加指数 $10^{45+45+74}$)，得出戏剧性的答案：在最普通的长度为一百五十个氨基酸中，在前生物汤中用随机找到一个有功能的蛋白质的胜算机会不会多于 $1:10^{164}$ 。

这里几乎无法表达该数字所代表的是什么，但还是让我们来试一下。英语口语有个说法：“那就像在干草堆中找一根针。”从这个口语所表达的是：我们明白找到那根针是极度困难的，因为我们想要的那根针混杂在大量的我们不想要的东西里，如果真希望找到那根针，我们需要寻找很长很长的时间。现在设想在可观察到的宇宙里的质子、中子和电子只有 10^{80} 个。如果我们说找一个有功能的蛋白质第一次就成功的其机率是 $1:10^{80}$ ，就好像我们说在宇宙所有物质中 (大得多的一堆干草) 中找到有标记的粒

细胞中的印记

子——质子、中子或电子（小得多的针）一样。不幸的是，情况比这还要糟糕，在最普通的长度为一百五十个氨基酸中，在前生物汤中用随机找到一个有功能的蛋白质的胜算机会 $1:10^{164}$ 的机率，要比在宇宙所有物质中找到一个有标记的物质——质子、中子或电子要小于 10^{84} （数量级）。换句话说，仅用机会找到有功能蛋白质的机率，要比在宇宙所有物质中找到有标记的物质——质子、中子或电子的机率小兆、兆、兆、兆、兆、兆、兆倍。[译注：一兆以 1trillion 即 10^{12} 计与计算机/电工术语中的兆 Mega (10^6) 不同]

情况还会因两个原因而比这更加恶劣：第一，艾克斯的试验计算的是仅凭机会找到一个相对短小的蛋白质的胜算概率，多数常见的蛋白质通常会有几百个氨基酸，很多时候它们的功能需要其他蛋白质链的紧密协作。譬如，典型的 RNA 多聚酶——巨大的分子机械在转录运作中抄录遗传信息（第五章所讨论的）——拥有三千多个有特定的功能的氨基酸¹⁸。以随机产生这样一个蛋白质及其他辅助蛋白质的机率，又要比产生一百五十个氨基酸蛋白质的胜算机会要小得多。

第二，如我们所讨论的，即便是最简单的细胞也会要求许多蛋白质，而不仅仅是一个蛋白质。如果把这也计算其中，由碰撞产生所需蛋白质，或产生它们所必需的遗传信息，几乎是匪夷所思。1983 年，杰出的英国宇宙学家弗雷德·霍伊尔爵士（Sir Fred Hoyle）计算出由碰撞产生一个简单的单一细胞有机体的所需蛋白质的胜算概率为 $1/10^{40000}$ ¹⁹。当时，科学家会对此数字质疑，科学家们知道蛋白质的长度以及在一个简单细胞中大概需要多少种类的蛋白质。但是，由于当时每一个蛋白质中有特定的功能信息的数量的资料没有被测量，类似霍伊尔这种机率的计算允许一些猜测。

艾克斯实验结果表明霍伊尔的猜测大致不差，如果我们假设一个最简单的细胞需要至少二百五十个蛋白质，平均来说，上面

所算出的一百五十个氨基酸中用随机找到一个有功能的蛋白质的胜算机会 $1:10^{164}$ 的机率，那么由碰撞产生一个简单的单一细胞有机体的所需蛋白质的胜算概率为 $1:10^{164}$ 自乘 250 次，或为 $1/10^{41000}$ 。这样的一个数字是经得起大量的对各种推测的挑剔，而不会改变结果的。由碰撞产生所需蛋白质，或产生它们所必需的遗传信息的机率是无法想象的小。

结论

艾克斯的工作结果肯定了老一代生命起源研究者和其他科学家的直觉，他们包括莫洛惠兹 (Harold Morowitz)、弗雷德·霍伊尔 (Fred Hoyle)、维克拉马辛 (Chandra Wickramasinghe)、卡门史密斯 (Alexander Cairns - Smith)、伊利亚·普里高津 (Ilya Prigogine)、休伯特·约基 (Hubert Yockey)、克里斯琴·德杜维 (Christian de Duve)、罗伯特·夏皮罗 (Robert Shapiro) 和克里克 (Francis Crick) (1980 之后)²⁰ 这些深深怀疑机会假说的科学家。他们许多人自己从事这种计算，假定在极度理想的前生物汤中，比早期地球的实际条件好的多，并且是在化学合成的蛋白质、DNA 和 RNA 中的最大限度的快速反应。并无例外地，这些计算对随机假说造成了更大的疑虑，特别是在生命起源研究者认识到 DNA 和蛋白质拥有特定的功能，而非香农信息 (Shannon information) 之后。

但是我从和但布斯基讨论及我自己对生命起源问题的研究中知道，还有其他原因来怀疑机会假说。在下一章，我会探讨这些原因，并与本章所探讨的因素一起，排除了机会作为最佳解释产生第一个生命所需的原始信息的考虑因素。

第十章 机遇也够不上

本章提要

- * 机率资源和宇宙机率资源的限度。
- * 以机率资源为条件的条件概率驳斥了“总是有机会说”。
- * 摩拉 (P. T. Mora) 称随机假设以它极低概率就可以证明任何东西。
- * 原始地球的化学。

当我探讨生物信息是否能由机遇产生的问题时，我越来越清楚指定事件发生的机遇是极其微小的。然而，基于我和但布斯基过去谈话中知道，一个事件的机遇不能仅仅靠它的本身来决定这个事件是否能够合理地用机遇来解释。或然率（机率），不论多么地小，不能就此下结论的。我记得我还要计算这事件可能发生机遇的数字。我还要对待但布斯基所讲的**机率资源**。

但是这些资源是什么呢？必要的蛋白质或基因有多少机遇能够以碰巧产生的呢？提倡机遇假设者想象氨基酸，或核苷酸基、磷酸和糖在广大的海洋汤水中互相碰撞直到机遇恰好在某处产生了正确构筑单元组合。当然，像这种环境下可能会产生有功能的蛋白质和 DNA 分子的机会。但是到底有多大？这里是否有足够的机会使其他极其不可能的事件变得可能了？

再一次，但布斯基的工作提供了我答复这个问题的方式。但布斯基已经计算出了，在可观察的宇宙历史中实际上可以发生事件的最大数目。¹他算出这个数是为了建立一个用来提供某个事件以机遇发生的“机率资源”的上限。²

但布斯基的计算是优雅而简洁的，然而这却表明了一个有力的论点。他知道，在可观察的宇宙中有 10^{80} 个基本质点。³（因为光速有上限，而只有这一部分可观察的宇宙能够影响地球。因此，只有这部分可观察的宇宙其机率资源会和地球上事件有关。）但布斯基又计算了从大爆炸到现在共经历了约 10^{16} 秒。[发表了 他的计算以后，这个数（ 10^{16} 秒）增加了少许，但无损于结果。]

然后他又引入了另一个参数以使他能够计算任何一个事件在宇宙开始之后，有可能在地球上发生机遇的最大数字。由于重力、物质、电磁辐射等因素，物理学家已经判定在给定时间单位中从一个物理状态转变到另一个状态的数目是有限的。物理学家们认为从一个状态到另一个状态不能比光在最小有效距离单位内通过为快（一个不能分割的“量子”空间）。这个距离单位就是所称的普朗克空间其长度为 10^{-33} 厘米。因此，以光速通过这最小的空间的时间就成为物理效果可以产生的时间。这个单位时间就是普朗克时间，这就是 10^{-43} 秒。

以上数据，但布斯基就可据此计算出最大机遇数。就是任何物质事件在大爆炸之后，在可观察宇宙中能够发生的最大数目的机会。从物理上来讲，就是一个基本粒子和另一个基本粒子互相作用事件的发生。但是基本粒子一秒钟内仅仅能够只有那么多次互相作用（最多 10^{43} 次），又因为宇宙内的基本粒子的数目有限（ 10^{80} ），还因为自从大爆炸后的总时间有限（ 10^{16} 秒），因之，任何一个事件要在整个宇宙历史中发生，其机遇总数是有限的。

但布斯基就把这三个有关的因素相乘：就是 $10^{80} \times 10^{16} \times 10^{43}$ 。他的计算就确定了整个可观察的宇宙从宇宙的开始可以发生事件的总数。那就是 10^{139} 次 [译注：机遇资源或可称普适机率

细胞中的印记

限度 Universal Probability Bound，于不同的版本其数值稍有不同此处为 10^{139} ，但布斯基原文为 $10^{150} = (10^{80} \times 10^{45} \times 10^{25})$ 此数就与通常所称（见 271 页）500 比特相当，二数值稍有不同（以后者较为合理）但无妨结论。]⁴。这就提供了整个可观察宇宙机率资源的量度。

其他数学家和科学家也作了类似的计算⁵。在上世纪 30 年代，法国数学家埃米尔·鲍雷耳（Emile Borel）做出了远远为小的保守的宇宙机率资源，他设定在 10^{50} 。⁶ 之后匹兹堡大学物理学家布莱特·范·德桑德（Bret Van De Sande）计算出宇宙机率资源为限定的 2.6×10^{92} 。⁷ MIT（麻省理工学院）的计算机科学家希斯·罗埃德（Seth Lloyd）计算出宇宙中能够做最多的比特（bit）运算为 10^{120} 次（假设整个宇宙就作这件单一的事），这就是意味着某一比特的运算如果他的不可能性比 $1/10^{120}$ 为大，就很可能决不会以机遇产生。⁸ 上述机率资源没有一个足以使随机假说（chance hypothesis）成为看起来是有理的。但布斯基是最宽容的，他给予机遇以“最佳机会”来成功。即使他的计算，不论乞求机遇来解释单个蛋白的信息也好，还是一组蛋白质来拼装一个最小限度复杂细胞的信息需要也好，他也肯定了随机假说的不可信性。

我们回忆以机遇产生一个一百五十个氨基酸的有功能的蛋白质，他的机会是 $1:10^{164}$ ，因此一百五十个氨基酸每一个有功能的序列就有至少 10^{164} 个同样长度的其他序列的不同排列。因此要有一个好的机会（也就是一半一半机会）来产生单个同样长度有功能的蛋白，也就是产生大于一半的 10^{164} 非功能蛋白序列对一个有功能同样长度的蛋白质。不幸的是，这个数字大大超出了最乐观的全宇宙机率资源的估计（ 10^{139} ），那就是说自从宇宙开始所能够发生的事件。

要看到这，为了有一个好的（比一半高的）机会来产生一个有功能的蛋白质，就必须产生多于一半的 10^{164} 个氨基酸序列。和宇宙总资源 10^{139} 二者相比，第一个数（ 0.5×10^{164} ）超过了第二

个数 (10^{139}) 二十四个数量级, 也就是大于亿亿亿倍。

这意味着什么? 它意味着如果在宇宙整个历史中全力以赴地在前生物汤 (prebiotic soup) 中为产生正确长度的氨基酸序列 (这是狂妄地大方和荒诞的假设), 能够产生各种氨基酸组合仍然是一小部分——小于亿亿分之一——以达到有 50% 机会得到一个有功能的蛋白质——纯粹以机遇得到**任何**一个有功能的中等长度的蛋白质。

换句话说, 即使这个理论的最大数 (10^{139}) 可能氨基酸序列给造了出来, 那还只不过是整个可能序列的数目的一小部分 (以给定的长度为目标)。由于这个理由, 那就是说以机遇来产生一个中等长度的工作蛋白质是大大地**不可能**的——意味着可以取得太少可能性序列, 以提供实际上的机遇真正会发生此事。即使拿全宇宙的机率资源出来, 即使单个那样长的蛋白质在早期地球也不能凭机遇产生 (此外, 在所附的材料中说明最小限度复杂的细胞中, 能够作必要工作的蛋白质至少要有一百五十个氨基酸的长度。再者, 有证据说明这些必要的大蛋白质不能从较简单的蛋白质或肽链进化而来的)⁹。

上述的论理可以用日常的生活中的例子说明。假使斯里克用一个麻布袋装满一万个蓝色弹子, 其中混了一个红色弹子。若要有大于 50% 的机会找到那个红色弹子, 斯里克一定要取五千个以上的弹子。但是斯里克只有十秒钟的时间来取。他每秒钟只能够取一个。在所给予的时间里, 他只能取出十个来, 他能够找到那个红色弹子吗? 显然不能。给他这个机率资源 (10 个), 他只有千分之一的机会取到红弹子。这比 1/2 (50%) 要小得多。¹⁰ 因此, 给予所有的时间 (十秒) 他很可能不会凭机会找到这个红色弹子的。同样, 随机过程不大可能在整个宇宙历史中产生或找到一个功能性蛋白质 (中等长度)。如果已知可能序列 (译注: 为示例还用 150) 应当取样的数字 (0.5×10^{164}) 和可得到机会的数字 (10^{139}), 成功的机会就大大低于 1/2——这 1/2 就是说如果达

细胞中的印记

到此点随机假说就成为合理的（见下）。诚然，在整个宇宙历史中产生单个有功能的蛋白质实际的机遇，比起上例斯里克得到红弹子的机会要远远为小。如果再要用机遇产生一套蛋白质来组成一个最简单的细胞则是要小到无法想象。这个不可能性——保守地计算（见第九章）是 $1/10^{41000}$ ——完完全全把宇宙机率资源变为一个小小的侏儒了。要拿这个机率资源—— 10^{139} 可能发生的事件——放进去只不过增加机遇最多到 $10^{40,861}:1$ ，仍然是一个无法想象的小可能性。

这就是生命起源研究者放弃随机假说的第三个理由。生命起源研究者所要解决事件的复杂性，超出整个宇宙的机率资源。换句话说，宇宙本身并不具备足够的机率资源能以机遇产生生物信息的起源。

机遇的“机遇”

我和但布斯基交谈时以及我研究统计假设试验时知道，一个不可能发生事件的本身，并不能合理地拒绝随机假说。要以排除机遇为合理，我知道还必须认定一个事件的模式然后再考虑可用的机率资源。上节所述符合以上两个条件。DNA 和蛋白质的功能上显著的模式。所以，以所有宇宙机率资源要（以机遇）产生一个中等长度有功能的蛋白质的机会是小于亿亿分之一。

作出这个计算时，我就是作出了统计学家所说的“条件概率”（conditional probability）。条件概率是在假设另外一件事是真的话某事件的概率。在此例中，我所计算的以机遇产生有功能蛋白的概率，是有关“已知条件”机率资源的最佳估计。

但是这个计算也是被某种事情“条件化”了的。回忆我一直试图确定有功能蛋白质产生的**机遇**。这件事本身是另一种条件或“已知”。我不仅仅在问：“一个有功能蛋白质产生的机率如何？我的问题：已知可用机率资源，一个有功能蛋白质，或最低复杂

度的细胞以机遇产生的**概率**是多少？这也就是说，我同时在问，**已知随机假说**（也就是以随机假说为真）有功能蛋白质，或细胞产生的机遇如何？回想在这情形下随机假说者断言功能蛋白质或富信息 DNA 分子是从前生物汤经过构筑单元分子随机碰撞而产生的。以这种方式划定问题——已知随机假说下蛋白质起源的机率如何的问题——那就提供了考虑是否接受随机假说的合理与否了。

这是重要的，因为我遇到的人们往往认为，只要有一丝机会就要抓住随机假说生命还是可能以随机过程（确定的或非确定的）产生的。他们往往说：“是呀，生命之起源确实压倒性地不可能，但是至少只有一丝以机遇来发生的机会，我们就不能拒绝它会发生。”

这种说法是谬误的，因为它忽视了机率资源能够告诉我们接受或拒绝机遇是合理的或不合理的。假使有一例所有的机率资源都周全地考虑到了而以**在随机假说为条件下它的条件概率**是大于 $1/2$ 。这就是说这个事件**较可能**以机遇发生（如果每一个给它发生的机会都实现了）。如果上例斯里克不是给他一分钟，而是，十二小时（七百二十分钟）来从麻袋中取样，那他就较可能在随机取样中取到红弹子。十二小时他能取样七千二百次，那就会给他比 50% 为多的机会找到红色弹子。

相反，如果所有的机率资源都考虑到了，而条件概率在此事件上是小于 $1/2$ ，那就是这个事件**不大可能**以机遇发生。如果这件事已经确实发生，但我们没有它是怎么发生的直接知识，拒绝接受随机假说要比接受它为合理。

我以前的例子解释了这一点。当假想的罪犯声称他在狱中的第二天抛了一百次硬币全部是头朝上，就当然会引起怀疑。因为所要求的结果是不可能的（抛掷硬币一百次全部是头）且犯人的机率资源是受限的，法庭假定——且合理的——犯人是作弊，那就是机会之外有其他因素在起作用。

细胞中的印记

相同的，想象我（在课间）开始一个拼字母游戏。我离开教室几分钟，叫学生继续随机取字母然后把结果在我不在的时候写到黑板上。想象当我回来的时候，他们给我看是一个清楚的信息，例如爱因斯坦的名言：“God does not play dice with the universe（上帝不在宇宙中玩骰子）”我是否合理地认为他们作弊了呢（或是一个玩笑）？或者他们真的那么幸运？很清楚，我应当（强烈地）认为他们作了弊。我要拒绝随机假说。为什么？

我应当拒绝随机假说作为最佳解释，不但因为我学生产生的序列是不可能的，而且我也知道了他们的机率资源是多少。如果在离教室之前我作了一个预测，我会预测他们*所有的时间*，他们不能产生这样长的一个序列。而且当我看到了黑板上的序列，我还是要拒绝随机假说。

诚然，我应当知道学生们并没有一个实际的单单以机遇产生这样的字母序列的随机假说的机率资源。一个小时内我的学生们不可能产生就是一小部分这黑板上那个总数为四十字母的序列。要在所规定的时间内随机取样产生那样的一个序列或任何有意义的序列的机遇是相当少的，远远小于 $1/2$ 。他们就是没有足够的时间。所以他们极可能产生不了一个有意义的那样长的序列，所以极可能机遇之外的因素在起作用。

决定时间：评估随机假说

和许多领先研究生命起源的研究者相同，我在有关第一个生命和甚至第一个基因或蛋白质起因的结论和他们一样：极大可能，单凭机遇**不能**产生这些现象。然而，生命当然是存在的。作为生命基础的富信息生物大分子同样也是存在的。但是要产生就是这么一个富信息分子的机率是如此的低。更不用说生命活动要一整套这样的分子来建造最低限度复杂的细胞的机遇是如此的小，以至整个宇宙机率资源看起来也成为侏儒。一个富信息分子

产生的条件概率——就是真有这么个机会的机会——比一半还远远要小。他比亿亿分之一还要小。所以我结论，拒绝它比接受它较为合理。

这是一个理性上获得自由的结论。因为不然的话任何人都可以声称一个极其不可能的事件可以以机遇产生。机遇，在这个情况之下永远是可能的。但是它并不是就此是一个最佳的解释。当我知道了历史性科学的方法之后，我要寻找生物信息来源的**最佳**解释。当我理解到，我用不着去绝对**否定**随机假说藉以客观作出它们的价值时，我就清楚了。以可用的机率资源来评价一个事件的机率，我可以合理地采用或拒绝对此事件随机假说的决定。当我知道拒绝有功能基因和蛋白质的随机假说是远远为合理时，我的结论是机遇并不是 DNA 之谜“最佳解释”的一个甚好的候选者。机遇当然不是比其他的反面来为较合理的解释。他的反面就是说生命信息的起源有其他因素在工作。诚然，当我回忆随机假说隐含地否定了设计也否定了定律样的必然性，那么拒绝随机假说，就意味着肯定“某些非机遇”因素在起作用。我就开始了对其他解释的评价。

我对随机假说的理解，代表了许多生命起源的研究者，他们中有许多人甚为不满地对有些科学家用“随机性”作为包罗万象的解释或是作为无知的掩盖。¹¹例如，在我开始阅读有关生命起源的科学论文后，我在 1963 年《自然》(Nature) 杂志找到了一篇生动的批评“随机性”的文章。那时正当分子生物学家们开始正视 DNA 和蛋白质的复杂性之时。这篇文章是摩拉 (P. T. Mora) 所写。他是美国国立卫生研究院 (NIH) 的资深生物学研究员。他写道：

企求统计概念、机率和复杂性来解释生命的起源和继续是不合宜且是不足够的。当分子集合的复杂性增多，且十分复杂结构和分子间互相关系对最简单生活单位是如此的必要，它要在物理

细胞中的印记

和化学力的破坏和随机影响下的生存可能性就要降低；它要不断以某种方式工作，例如，要吸收要修复的可能性就要更低。还加上要生殖，那就更低。统计概念、机率和复杂性等等，依据它们的逻辑含义提示生命起源和它的延续并不受这些原则所控制。承认这个就是应用了一段实际上无穷的时间来得到所要的结果。应用这种逻辑，我们就可以证明任何东西……当一个统计过程，其概率是如此之低，实际上要用无穷的时间叫这事件发生，统计学的解释是没有帮助的。¹²

我也得到了相同的结论。即使给予它所有的机率资源，不但生命以机遇出现的可能性极其微小，而且随机假说的方式并没有解释任何东西。要说“已知无穷时间内，生命可能以机遇产生的”其本质为（逻辑上的）赘述或同义反复（tautology）。赋予无穷时间，任何东西都可发生。但是它没有解释为什么生命在此起源或究竟它是怎么发生的。

环境因素

还有其他外加的理由来拒绝随机假说。这个富信息生物分子的随机假说是基于一个有利的前生物汤假设，其中有丰富的蛋白质的化学构筑单元和核酸在极长时间里可以随机地互相作用。而这些化学构筑单元，据称是由米勒（Stanley Miller）1953年所作的有名的实验、那种化学反应来的。但米勒的实验模拟产生氨基酸用了他所假定的、早期地球大气是化学家所称的还原性气体：即甲烷（ CH_4 ）、氨（ NH_3 ）和氢（ H_2 ）所组成。他还假设当时大气基本上不含氧气。¹³在他发表实验结果的随后几年，新的地质化学证据证明米勒所假定的原始大气不正确。新证据指向了中性气体，例如二氧化碳、氮气和水蒸气¹⁴——而不是甲烷、氨和氢气——为早期大气的主要成分。此外，一些地质化学的研究证明

自由氧即使在植物出现以前，已有明显的存在，这可能是光分解（photo-dissociation）水蒸气的缘故¹⁵。

这个新的地质学上和地质化学上的证据暗指前生物期的大气环境是极其恶劣的，对产生氨基酸和其他生物构筑单元并不友善。这些条件其实在米勒作试验以前，已被广泛地知道氨基酸可以在还原性气体混合中产生。然而在一个化学上中性的空气中气体要产生化学反应并不那么容易，即使真的发生了也只能产生极微量的生物构筑单元。¹⁶此外，就是小量的氧气会阻止足够的产品并且使这些产品很快降解。¹⁷

举一个例子以帮助理解。在还原大气条件下产生氨基酸就像醋和小苏打起化学反应一样。因为这个反应释放了其中所储藏的热能，这个反应是容易的（这是化学家们所称之为“放热反应”）。试图在中性空气中产生生物构筑单元，就像试图将油和水混合一样。¹⁸研究生命起源的科学家们没有在以上的发现上调整他们机率的计算。但是他们却肯定这些进展确实使得随机假说更为复杂化。更坏的是，越来越多的地质化学证据还显示——可能，在以上讨论下并非意外——很可能根本没有所谓的前生物汤。有两位地质化学家，詹姆斯·布鲁克斯（James Brooks）和戈登·肖（Gordon Shaw）认为，如果一个富有氨基酸和核酸的海洋曾经存在过，它就会沉积大量的富氮矿物（nitrogenous cokes）成为变质的前寒武纪沉积岩。这种沉积物的证据并没有找到。以布鲁克斯的话说，“前寒武的含氮有机物是相当的少（少于0.015%）。从这点我们可以合理地肯定：在形成前寒武沉积物时地球上没有大量的‘前生物汤’存在。如果真有那样的汤存在的话，这只能是一个短暂的时间。”¹⁹

对我所讨论的什么是实质性和什么是空洞的随机假说，这就有意义了。一个实质性的机遇假设一定要提供一个具体的过程，它的后果应当有固定的或统计学上可预计的出现率——就像一个轮盘赌轮盘产生不同的结果有一个可预计的出现率一样。随机假

细胞中的印记

说有一个设想，就是 DNA 和蛋白质是从一个有利的富氮原生汤海洋中以化学的轮盘赌的随机过程得到的。如果从来没有这种环境的存在，那么不论随机假说在过去说得怎么具体，一切都是不存在的。如果生命即便是不太可能但是却是不可能发生，没有化学的轮盘赌，机遇就怎么也不能成为实质性的假设。它就成为一个空洞的说法，充其量不过是用来掩盖自己对真实生命起源的无知而已。

此外，从我的 Ph. D. 学习时我还知其他显著的，尽管不太能定量的问题。如要在原生汤中以机遇产生富信息生物分子的话，绝大多数的生命起源的研究者意识到这一点。纵然有利的前生物汤在场，还有许多破坏性化学过程一定也在同时起作用。²⁰许多人重复米勒的实验反复证实上述的说法。无例外地，当生物构筑单元，例如氨基酸产生之同时，也产生非生物的物质。如果没有智能的参与，这些其他物质就立刻和生物有关物质起作用而产生于生物无关化合物——化学上不溶性沉渣。²¹为避免这事发生，要化学进化朝向有希望的道路，就一定要在实验中将这无关化合物除去²²，他们还必须在实验前人工操纵初始条件。例如，原始自然大气条件下有紫外线的长波和短波，但是他们只用短波紫外线，为什么？这是因为长波紫外线会快速降解氨基酸。²³

零时间

我开始思考，如果在随机假说提倡者所设想的条件下，生命产生的机遇至少不会等于零。假设一个赌场老板发明了一个赌法，以一组骰子摇出 777 个连续“7”。他让人计算一个竞争者的机会有多少。当然，是无穷地小。现在，他给了另外一些条件。骰子是用白色巧克力，其上的点子是以黑巧克力所作成。在反复操作和强光灯下很容易因热而融化。这个机会会变成多少？很清楚，还要更低。事实上它不仅效果上是零，在这个过程中的破坏

作用，它实际上是零。777个“7”不会发生，因为骰子的表面已经破坏了。破坏过程就保证了期望的结果不会发生。我要问，难道有同样问题的随机假说不会同样地阻挠生命起源的过程吗？

面对以上及其他困难，大多数生命起源的科学家们转而考虑其他不太多依赖机遇的理论。下一章我会讨论其中主要的竞争主张：自我组合。由于以纯随机过程产生生命看来渺茫，许多科学家结论道：有一些非随机、定律性的过程一定能够起作用来克服这个不可能性。如果机遇是不足够，但或许“必然性”可提供些帮助。克里斯琴·德杜维（Christian de Duve）表达了赞成这一途径的科学家们的想法：“一连串的不可能事件——连续抽到同样的彩票数码两次，或同样的桥牌分发——并不自然发生的。所有这些令我结论道，**生命是物质必然的表现，当条件合适时注定要发生的。**”²⁴（译注：克里斯琴·德杜维的结论是从唯物论的哲学所下的。）

然而，我还应当提到，少数的理论家企图维持或使机遇的作用起死回生。他们往往采用两种方法之一。他们或者以降低复杂性的阈值，使随机过程可以首先产生或提议增加机率资源以供过程之需。

有些理论家，尤其是那些提议起始的“RNA世界”的，还想保留机遇的作用。他们提议自然选择可能在生命起源中的关键作用，甚至全面工作细胞的开始出现以前的作用。他们提出结合机遇和自然选择（或其他定律般的过程）是解释第一个细胞如何产生的一个方法。他们提议，随机过程单单以机遇可能产生远为小的生物信息。一旦一个自我复制的分子或一个小的分子系统建立，自然选择就会“加入”来帮助产生外加的必要信息。在第十四章中我会讨论这个问题。

其他理论家们还想叫机遇理论起死回生，他们提出在我们宇宙之外还存在其他可能宇宙。²⁵他们企图增加机率资源以产生生命所必需的生物信息和生命。他们假设外界的宇宙更多的机会来发

细胞中的印记

生有利的环境，其中随机过程能够产生大量的组合（combinatorial）可能性以给生命在某处发生成为事实。因为这个想法有赖于一个高度推测性的和理论性的宇宙学模型，我决定在附录 B 中来单独评价它。我在那附录中表明，纵然不可能否定其他宇宙的存在，这些假设的宇宙实际上并没有提供满意的解释，更不用说是生物信息的最佳解释。我解释说，有几个理由表明这些模型是做不到的。可以现在先说一句，公平地讲，绝大多数认真的生命起源的研究者认为，推测性地讲外界可能的宇宙对早期我们的行星——地球究竟如何发生第一个生命并没有太大的关系。所以下一章，我就集中注意力来评估我研究 DNA 之谜所遇到的其他领先竞争者。

第十一章 自我组合与生化预定论

本章提要

- * 肯尼昂蛋白质为先的自我组合模式。
- * 帕兰易的论断。
- * DNA 碱基化学亲和力的问题。
- * 分子自由性为信息媒介所必需，自我组合分子无法存储信息。
- * DNA 碱基间互相隔离，tRNA 三联码和氨基酸隔离。

到1968年，随机假说（chance hypothesis）已受到质疑。之前十五年间，不断揭示出了细胞王国里不可思议的复杂性。虽然要探明一个有功能的蛋白质或核酸完全通过随机而产生的确切机率，还需要再有数十年时间，但一些科学家已经对用随机来解释生命起源的说法产生了怀疑，旧金山州立大学年轻的生物物理学家迪恩·肯尼昂（Dean Kenyon）便是其中之一。正如他在一年之后所写道：“有时，关于生命起源的推测性文章会提出，经过漫长的地质时期，事实上极度不可能发生的事件（比如恰好在相同空间区位，同时自发形成了一个核酸分子和一个核酸多聚酶）也会必然发生。然而，没有认真的定量的数据或证据来支持这些

结论。”相反他认为：“这些假说和多数已有的证据相违背。”¹ 肯尼昂特意强调此点，他指出：“如果氨基酸的连接是一个完全随机的事件……假定地球全部由氨基酸组成，这样的体积也不足以用来形成单个的低分子量的蛋白质，不论是何种可能的序列。”²

肯尼昂开始探索另外一条不同的途径。他拥有斯坦福大学的博士学位，并曾在领先的生物化学家及生命起源学者——加州大学伯克利分校的麦尔文·凯尔文（Melvin Calvin）门下工作过。肯尼昂沉浸于上世纪 60 年代后期科学研究。他很清楚杰奎斯·莫诺（Jacques Monod）关于随机性和必然性的概念二分法。他知道相对于随机性，逻辑上的另一选项便是莫诺所称的必然性，后者出自于物理和化学上律性样（固有的）的驱动力。如果随机性不能解释生物信息的起源，那么，肯尼昂想到，也许必然性可以。最终他和他的同事，盖瑞·司提恩曼（Gary Steinman），提出了这样的理论；不过他们没有称之为“必然性”，而是命名为“预定论”——生化预定论。肯尼昂和司提恩曼于 1969 年写了一本同名的书，该书成了整个上世纪 70 至 80 年代早期最畅销的有关生命起源的研究生教科书，也使肯尼昂成为该领域的领先学者。

在《生化预定论》中，肯尼昂和司提恩曼不仅提出了一个生物信息起源的新理论，他们也开创了诠释生命起源问题的一条全新的途径，后来被称为“自我组合”。在物理学中，“自我组合”意指由于一些自然过程、驱动力或规律的作用，一个系统秩序的自发性增加。例如，浴缸的排水管，当水在重力和其他一些物理驱动力如科里奥利作用力（Coriolis force）之下以漩涡形式流出时，会形成涡流这样一种高度组织的结构。在这个系统里，一种驱动力（重力）作用于一个系统（排水浴缸中的水）会产生一种结构（涡流），这样就使系统的秩序增加。生命起源自我组合理论试图把生命物质的组织归结于物理或化学的驱动力或过程，像自然规律一样可以用数学方法描述。

当然，“自我组合”理论家认识到他们不能简单地断定生命起源于物理或化学的必然性。他们需要验明起始于一些特定的条件下，一个特定性的规律性过程（或一系列的过程）能够产生生命或者活细胞的关键成分。换言之，“自我组合”理论家需要证实决定性的过程能够有助于克服用随机理论来解释生命起源中极低的概率的问题。这正是肯尼昂和他的追随者们着手所做的。在此过程中，肯尼昂和其他自我组合理论家整理了一些理论，这些理论要么尝试解释 DNA 之谜，或者绕开了解释 DNA 之谜的必要。

不仅是总和

是什么造成了一块大理石和一件伟大雕塑的不同呢？什么可以解释一片云彩和表演飞机以尾烟所描绘出的信息之差别呢？是什么导致了一个功能性的细胞和组合成细胞的各种分子之间的差异呢？这些问题都提出了简化论中经典的哲学难题。整体是否可化解为各个部件之和？或相反，各个部件的特性能够解释整体的结构和组织么？正如许多诸如此类的问题一样，最好的答案是，“不约而同。”

设想一个银质小刀、叉子和勺子。这三者的金属材质都有一组特定的化学特性，可通过物理或化学的法则来描述。银原子在特定条件下会与某些原子反应，而与另外一些原子不反应。银会在一定的温度和压力下溶解，而在其他情形下则不。银有一定的强度，能抵抗剪切。某种程度上这些特性可靠地表明在一些特定的条件下，它们可以用一些共通的规律来描述。不过，所有这些银的特性并不能决定各种不同的用具的形状以及它们的用途。

从一个纯化学的观点来看，一个勺子的银和小刀或叉子的银没有任何区别。这些用具的化学性也不能解释标准餐位的餐具摆放，为什么餐刀在左，叉子在右。这些银具的化学属性并不影响它们怎样摆置。餐具的摆放取决于放置人遵循人们惯例所做的理



图 11.1 迪恩·肯尼昂
经迪恩·肯尼昂同意

性选择，而不取决于银的属性和描述它们的化学规律。

然而，也不能因此一概而论所有的结构。许多物体展现的结构和秩序取决于它们所含成分的化学特性。例如，盐晶体的晶格结构表现出惊人的高度重复模式。这一结构便由晶格结构中原子的交互静电引力（可藉由自然规律来描述）所造成。类似地，螺旋状的银河系有确定的结构，很大程度上来自于银河系中各个星球间的重力吸引这一固有的驱动力。因而结构并不是一贯地不能简化到物理和化学。

那么活细胞和它们所含的复杂分子呢？它们的组织是由它们部件的物理和化学特性驱动的吗？蛋白质和核酸分子的化学构成有使它们有自我组合的特性吗？在看似合理的生命前期条件下，有什么物理或化学的力量能使富含信息的分子一定会产生呢？肯尼昂认为这些问题的答案很可能是“yes”。

生化预定论

肯尼昂受到亚历山大·奥巴林 (Oparin, Alexandr I.) 的启发, 也像他一样, 通过一系列渐进式的步骤去追溯第一个生命的起源。同样, 肯尼昂也设想了一种模式用以描述生命如何经过一系列化学转化过程而产生, 这其中简单分子逐步产生了复杂的化学结构。他的模式中, 简单单体分子 (例如, 氨基酸、碱基和糖) 来自于更简单的气体分子和能量; 多聚体 (蛋白质和核酸) 来自于单体; 原始膜围绕这些多聚体形成; 当不同的多聚体相互之间发生化学反应时, 原始的代谢开始在膜内出现。与奥巴林不同的是, 他不是依赖于随机的改变获得一些化学转化, 肯尼昂完全依赖于一些确定性的化学反应。在他的设想中, 迈向生命起源的每一个台阶都是由确定的化学过程所驱动, 这也包括生物信息的起源这个最重要的阶段。

鉴于奥巴林认为在原始汤中单体自我组装成多聚体的过程本质上是随机的, 肯尼昂和司提恩曼则认为是化学必然性的驱动力成就了这个过程。确切地说, 他们认为像盐晶体中钠 (Na^+) 和氯离子 (Cl^-) 的静电力把两者拉在一起而形成了高度有序的结构, 一些相互间有特殊亲和力的氨基酸或许会自己组装起来形成蛋白质。正如这两位科学家所阐述的: “生长的无机晶体中反应性单体的差异决定了最后三维晶格的构造, 以相同的方式, 在多肽链的序列的延长过程中, 不同氨基酸间反应性的差异可能会引导特定序列的产生。”³

肯尼昂和司提恩曼最初产生这个想法, 是在加州大学伯克利分校的麦尔文·凯尔文实验室开展“二聚物”连接的实验时。他们想看看是否特异的氨基酸和某些氨基酸间比别的氨基酸更容易形成键连接。他们的实验结果显示确实如此。例如, 他们发现甘氨酸和丙氨酸形成连接的机率是甘氨酸和缬氨酸的两倍。而且,

细胞中的印记

他们发现这些化学亲和力的差异和化学结构的差异相关。长侧链的氨基酸比短侧链氨基酸更不容易和指定的氨基酸成键。⁴ 肯尼昂和司提恩曼把他们的发现总结了一个表格，展示了他们发现的不同氨基酸成键亲和力的差异。

受这些发现的启发，肯尼昂和司提恩曼提出了亲和力的差异对氨基酸的序列施加了一种限制，以致某些序列更容易形成。如他们所记，“这显示出不同氨基酸侧链所致的特异属性在序列的形成中导入了不随机的限制。”⁵ 他们进一步提出了这种亲和力的差异可能和功能蛋白质中典型的特异序列的基调（motif）有关。如果确实如此，不同氨基酸的特性自己可以促进形成氨基酸链而产生功能蛋白质，并由此生成链中所含的信息。生化必然性能够如此解释现今存在于活体组织中看似不可能的功能序列。在缺乏键亲和力的差异下那些看起来极不可能的序列，当把这些亲和力的因素考虑进去之后或许就变得极为可能了。

肯尼昂和司提恩曼并没有试图把这种方法延伸到解释核酸信息，因为他们崇尚蛋白质为先的模式⁶。他们知道蛋白质表现细胞内多数重要的酶活性和维护结构的功能。他们认为如果功能性蛋白质能够不依赖于核酸的辅助而产生，那么他们就不需要解释 DNA 和 RNA，以及它们内含信息的来源。反之，他们想象了蛋白质直接从前生物汤中的氨基酸产生。接着，他们设想其中一些蛋白质（或类蛋白质）围绕其他的蛋白质形成了膜。照此，他们二人确信，只有在这之后，等原始代谢活动出现以后，DNA 和 RNA 才需要登场。肯尼昂和司提恩曼并没有推测思考这种情形如何地发生，通过显示生物信息首先出现于蛋白质上，他们认为这应该已经解决了更根本的生物信息起源问题，对此他们很满意。

自我组合的疑团

肯尼昂和司提恩曼解决了 DNA 之谜了么？早期地球上最初

第一个生命必不可少的信息是由“生化预定”所产生的么？奇怪的是，甚至当他们大胆的自我组合的模式在生命起源研究者中的声望还在扩展时，肯尼昂就开始怀疑自己的理论了⁷。

肯尼昂的怀疑初次产生于在旧金山州立大学和他的一个学生的讨论中。在 1975 年春天，高年级进化论课程学期快结束时，一个学生开始对化学进化的可信性提出了质疑⁸。该学生——有趣的是他的名字叫所罗门·达尔文（Solomon Darwin）（译注：他是印度移民，现为加大伯克莱分校经济系教授）——恳切提议肯尼昂去观察他的自我组合模型是否能够用来解释 DNA 中信息的起源。通过宣称他的蛋白质为先的自我组合模式能够避开解释 DNA 中蕴含信息的必要，肯尼昂或许可以转移掉对他的批评。但这一次他发现自己不愿再如此辩解。

有时肯尼昂自己也觉得 DNA 需要在他对生命起源的解释中起更主要的作用。他体会到不管功能性蛋白质是否出现于 DNA 之前，富含信息的 DNA 的起源仍需被阐明，即使不谈其他原因，仅就富含信息的 DNA 存在于现今所有的细胞中都也应如此。从某时间点上，DNA 必定是作为构造蛋白质信息的载体而出现，之后和功能蛋白质有了联系。不管怎样，遗传信息的起源仍需被阐明。

现在他面临着进退两难的境地。既已选择了自我组合的方法，要解释 DNA 中的信息只有两项选择。要么（a）蛋白质中氨基酸的特异序列能以某种方式为新合成的 DNA 分子提供模板，或者（b）DNA 本身也能以他和司提恩曼提出的蛋白相类似的方式进行自我组合。当他审慎地考虑所罗门·达尔文提出的质疑时，他意识到两种方式都不确实。首先，肯尼昂明白要提出蛋白质中的信息以某种方式指导 DNA 分子的合成和当时所知的一切分子生物学知识都是相背的。在现有活细胞中，DNA 为蛋白质的构建提供模板而非相反。信息从 DNA 流向蛋白质。而且，这种不对称性有很多有理的原因。每个 DNA 碱基的三联体（和对应

细胞中的印记

的 RNA 密码子) 在转录和翻译中特定于一种氨基酸。然而多数氨基酸可以对应于一种以上的核苷三联体或 RNA 密码子。这种遗传密码的特性可以保证信息流动中不被“兼并 (或退化)”，或丢失特异性，只朝一个方向，即从 DNA 到蛋白质而非相反。

此外，肯尼昂意识到出于结构和化学的原因，蛋白质并不适合做复制子——作为信息模板分子需要很容易地得到复制。与 DNA 不同，蛋白质不具有两条携带相同信息的反向平行双链结构，因此，无法像 DNA 那样解链和复制。而且，一旦松解，蛋白质的反应活性会很高（由于氨基、羧基和侧链的暴露）。基于这个原因，多数“变性”（松解）蛋白质倾向于交连和凝聚，其余的则在细胞内被快速降解。不管如何，变性的蛋白质会丧失稳定的结构和功能。而且，一旦如此，它们无法重新恢复原有的三维结构和活性。相比而言，DNA 是一种稳定的、化学惰性的分子，在别的分子复制它信息的时候依然能够很容易地保持原有的化学结构和组成。综上所述，很难设想蛋白质能够作为它自身所贮存信息的复制子。事实上，后来肯尼昂告诉我，“把蛋白质中的信息转入 DNA 中，”在概念上设置了一个无法逾越的障碍。

还有另一个困难。在上世纪 80 年代后期，新的实验发现对氨基酸键的亲合力产生了蛋白质中生物信息想法提出了挑战。尽管肯尼昂和司提恩曼表明了一些氨基酸更容易和某些氨基酸发生连接⁹，新的研究结果显示，这些差异亲和性和一大组已知蛋白质的序列模式并不相关¹⁰。换言之，键亲和力的差异是存在的，但它不能解释（或决定）实际蛋白质中氨基酸的特定序列。反之，对于这些新发现另一个解释更为合理，该解释符合克里克的中心法则。已知蛋白质的序列由 DNA 中编码的信息产生，具体说，这 DNA 中所携带的遗传信息就是位于这些蛋白质的生物体中。归根结底，现有细胞中的蛋白质是由基因表达系统来产生的。当然，会有人主张第一个蛋白质是直接来自氨基酸而来，但现在很清楚的是，至少在现存蛋白质中的氨基酸序列找不出丝毫的

证据。

所有这些后来加强了肯尼昂确信以蛋白质为先的模型无法绕过需要解释 DNA 中信息的起源。他不得不面对 DNA 的谜团。

肯尼昂认识到如果 DNA 中的信息不是首先起源于蛋白质，就必定独立于蛋白质而出现的。这意味着 DNA 的碱基序列（和整个分子本身）必定是其构成单体间在化学规律和吸引力的作用下自我组合而成。然而，基于他自己对于 DNA 分子的化学结构的认识，肯尼昂怀疑 DNA 具备蛋白质与氨基酸一样的自我组合的特性。在读了一位知名的匈牙利裔物理化学家和科学哲学家——迈克尔·帕兰易（Micheal Polanyi）的关于 DNA 的文献后，更加强了他的看法。同样，该文章也修改了我自己对于自我组合理论可行性的认识。

生命超越了物理和化学

我和迪恩·肯尼昂初次见面是在 1985 年，即《生化预定论》发表十六年之后。那是在达拉斯，肯尼昂在报告中宣称他已经开始怀疑目前所有近代关于生命起源的化学进化理论——也包括他自己的，当时我也在听众席中。因此，在我去到剑桥时，已经知道“自我组合”理论的这位先驱者之一已经抛弃了他自己过去的努力。然而我并不确切知道他为什么作出这决定。我从查里·塞克斯顿（Thaxton, Charles）那里得知肯尼昂也开始怀疑他的“蛋白质为先”的模型可以省去对 DNA 中的信息起源的解释。但我还不明白为什么借助自我组合的化学规律和驱动力来解释 DNA 之谜事实上是行不通的。

当我接触到迈克尔·帕兰易的工作时才有了改变。1968 年，帕兰易在《科学》杂志上发表了一篇关于 DNA 的开创性的评论，“生命不可简约的结构”和另一篇之前一年发表于《化学和工程通报》上的“生命超越了物理和化学”。在我研究生第一年时，

我针对这两篇评论写了一篇论文并和我的导师哈穆克·康明斯 (Harmke Kammings) 详细地讨论, 对我而言, 帕兰易的洞见对于生命起源的自我组合模式有着深远影响。

帕兰易的评论并没有直接谈到生命起源问题, 而是着眼于一个经典的哲学争论, “活力论”和“简化论”(在第二章有过讨论)。别忘了, 活力论者和简化论者对生命和非生命物质是否存在定性区别的争论已经好几个世纪了。活力论者坚持认为活的机体包含某种非物质的“活力”或者灵魂, 这种生命力 (elan vital) 可以与非生命的化学物质定性地区分开。而简化论者一方则认为生命不过是量化差异上的更复杂形式的化学物质。因此, 在他们看来, 活的机体和复杂的机器一样, 它的功能活动是由一些过程的结果, 而这些过程可以完全简化或解释为物理和化学规律的作用。

上个世纪 50 和 60 年代分子生物学的革命似乎证实了简化主义者的设想。¹¹ 对于很多生物学家来说, 新发现的细胞储存和传递信息的分子机制, 验证了弗兰西斯·克里克在 1966 年所提出的, 生命的独特性“可以由普通的物理和化学概念或它们的简单延伸所解释”¹²。如理查德·道金斯 (Richard Dawkins) 后来写道, DNA 在遗传中的作用这一发现, “给了那些相信生命物质和非生命物质是截然不同者最后和致命的一击。”¹³

但这是真的吗? 即使生物化学家不再去寻找一些神秘的生命力量, 真的可以很清楚地完全借助于物理和化学规律来解释生命物质么?

帕兰易的答复使由来已久的简化论——活力论的争论完全改观。他着眼于简化论和活力论共同持有的一个前设, 即“只要可以将生命看作一种机制, 它就(能够)以非生命的自然规律来解释。”¹⁴ 鉴于活力论者反对简化论者的所认为的生命能够以机械化的方式被认识, 但帕兰易证明, 即使人们姑且承认有机体依赖于很多机器和机制, 简化论还是输了。帕兰易认为即使活的机体像

机器一样运转，它们也无法完全借助于物理和化学的规律来解释¹⁵。

设想一个例子。上世纪 60 年代的古董计算机有许多的部件，包括晶体管、电阻和电容器。电流流经这些不同部件符合电磁规律，比如欧姆定律（ $E = IR$ ，或电压等于电流乘以电阻）。然而，计算机的特殊构造，各部件的配置，并非欧姆定律和任何其他规律作用的结果。欧姆定律（包括普遍的物理定律）可以允许相同部件以不同的配置方式进行组装。假定给了基本的物理定律和相同部件，一个工程师可以建造很多其他的机器和结构：不同型号的计算机，收音机，或以电子元件组成的离奇实验艺术品等。主导电器中电流的物理化学规律并不决定机器的各部分如何组合或组装。电的流动遵循物理规律，但在任何特定的机器中，电向何处流动则取决于各部件的安放，而后者又是由电子工程师根据工程学原理所设计的。这些工程学原理，帕兰易坚持，是和它们所运用的物理和化学规律完全不同的。

帕兰易证实同样的情形也适用于生命体。为此，他首先举证通讯系统和机器一样无法简化为物理和化学规律，进而证明，活的有机体包含一个被称作基因表达系统的通讯系统，DNA 藉此储存用于构建蛋白质的信息。

就通讯系统而言，帕兰易认为物理和化学规律无法决定传达信息所用字符的组织。声学规律和空气特性不能决定人类语言经由扩音器能传出何种声音。墨水的化学特性也不能左右打印纸上字母的排列。反之，物理和化学规律容许任何编码或语言的声音，字或符号以巨大的可能序列进行排列。具体应用哪个字符序列来传达信息并不决定于物理规律，而是由通讯系统的使用者遵照词汇和语法的常规进行选择——正如工程师依据工程学原理来决定机器各部件的放置。

这样，帕兰易总结道：和机器大体一样，通讯系统也不能简化为物理和化学规律。他又延伸一步，使他的工作和 DNA 之谜

细胞中的印记

直接挂钩：由于生命体也包含一个通讯系统，特别是 DNA 分子和整个基因表达系统，他坚持认为生命体无法简化为物理和化学规律。帕兰易表明，和其他的通讯系统一样，低层次的物理和化学规律不能解释 DNA 的高层次特性。DNA 的碱基序列不能用低层次的化学规律和特性来解释，好比报纸头条的消息也无法求助于墨水的化学特性来解读。¹⁶在翻译中决定核苷三联体和氨基酸指派的遗传密码惯例也无法用同样的方式来解释。反之，和物理化学规律截然不同，遗传密码以一种高层次的制约来起作用，就像人类语言中的语法规则一样。

帕兰易进一步表明，DNA 传达信息的能力需要脱离化学特性的决定和限制，尤其是在核苷碱基的排列上。他解释说如果每个核苷的化学键特性决定了它们的排列，DNA 传递信息的能力就会遭到破坏。¹⁷在这种情况下，每个核苷的化学键特性会决定它的下一个核苷，以此类推，整个分子的顺序就可想而知。这样，由于化学键特性的作用和不断重复，一个死板有序的模式就会出现，最终形成一个类似晶体的结构。如果 DNA 表现如此冗余，它就不可能储存和传递更多信息。正如帕兰易断定，“不管 DNA 构型可能的起因是什么，只有当它的序列不是由势能的驱动而产生时才适合作为密码。它必定和打印在页面上词的顺序一样，是物理上不确定的¹⁸。”

DNA 与自我组合

帕兰易的观点依我看来很在理。DNA 和其他通讯系统一样，因其构型非常精确才适于传递信息。是否有一种物理或化学规律能决定这些精密的组合呢？是什么化学力量主导了只有生物功能的碱基序列而非其他成分才能存在于双螺旋的链间呢？读了帕兰易的文章后，我对（上述问题的正面回答）产生了怀疑。

我意识到他的论点对生命起源的自我组合理论也有着重大的

提示作用。如果说 DNA 中的信息不能简化为或不会出自于物理和化学驱动力，即意味着 DNA 中的信息不会起源于这些力量。如果确实如此，肯尼昂的自我组合模式就无可补救了。

但帕兰易是对的么？我们如何知道 DNA 的组成部分中不具有某些与肯尼昂和司提恩曼在氨基酸中所发现的特异的键亲和力呢？帕兰易的论断很大程度上基于在理论上核苷碱基不可能既有这种决定性的亲和力，而同时仍允许 DNA 储存和传递信息。我们怎么知道这种亲和力并不存在呢？

1987 年，当我初次接触到帕兰易的论述时，我对 DNA 的化学结构还不够了解，无法回答这个问题。帕兰易在他的文章中也并没有对此加以解释。在我完成博士研究后好多年，这个问题还一直悬在我的心头。直到 20 世纪 90 年代中期，我开始对自我组合理论进行更系统的评估时，才找到答案。

我还清楚地记得我茅塞顿开的那天的情景。当时，我在参加我的同事、惠特沃思（Whitworth）大学一名生物学家的授课，她正在大学课堂上讲授双螺旋的发现；此时，我突然注意到投影在屏幕上的幻灯片中关于 DNA 化学结构的某些特征。引起我注意的这些特征，并非以前没有见过，但对它的重要意义却视而不见。这不仅使我信服了帕兰易有关 DNA 中蕴含的信息超越物理和化学，并让我确信援引键亲和性或吸引力的自我组合理论永远无法解释 DNA 中信息的起源。

（图 11.2）显示了突然引起我注意的那张幻灯片上的内容。它绘出了 DNA 的化学结构，包括将分子连在一起的化学键。其中一些键，例如糖基和磷酸分子间的键，形成了 DNA 双螺旋的骨架。也有一些键将单个核苷碱基固定在每条链的糖磷酸骨架上。在核苷碱基间还有水平伸展的氢键，用于维系互补碱基对。这些单个很弱的氢键，一起将 DNA 信息文本的两个互补复制联在一起，使遗传指令的复制成为可能。但同时需要留心的是，在双螺旋中心处沿长轴走行的碱基间并没有化学键。但遗传信息确

细胞中的印记

实是沿着此轴精确地被储存着。

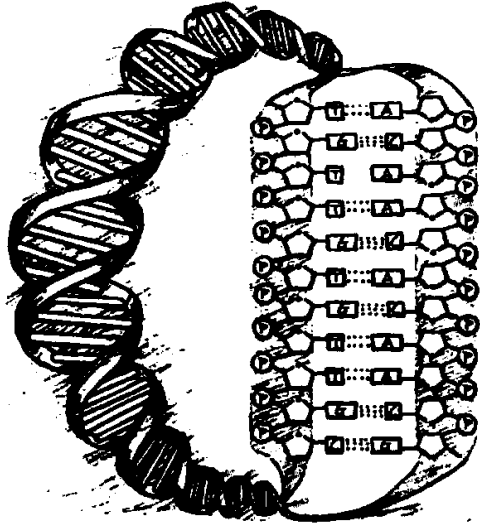


图 11.2 DNA 分子的化学结构模型绘出了它的构成分子间的主要化学键。请留意该分子携带信息的长轴上核苷碱基（以方格内的字母表示）间并没有化学键相连。也请留意不同的核苷碱基以相同的化学键连于分子的糖磷酸骨架上（以五边形和圆圈所标示）。分子的这两个特点确保任何核苷碱基以相同的容易度连接于骨架的任何位点，这样显示出 DNA 的化学组分的特性并不决定其碱基序列。本图蒙弗雷德·何瑞恩 (Fred Herren) 应允从原作改编。

在教室里，这个 DNA 化学的基本事实引起了我的注意。我意识到，诉诸于键亲和力的差异来解释 DNA 富含信息的序列，意味着沿着 DNA 分子携带信息的轴上不同碱基间必定存在着化学键强度的差异。然而，事实表明，该处没有键亲和力的差异。实际上，并不仅仅是缺乏键亲和力的差异；DNA 上关键的携带信息的碱基之间根本就没有键的存在。¹⁹在演讲厅里，此点让我突然醒悟，简单的让人尴尬：既没有键更不存在键亲和力——强度或其他方面的差异——能解释 DNA 分子中组成信息的碱基序列的起源。力必定存在于它所引发的结果之前。在此例中的相关驱动力（核苷碱基间化学吸引的差异）在 DNA 之中并不存在。

当然也会有人辩解，认为尽管碱基间没有键的存在，不能解释它的排列，也可能在 DNA 分子不同位点的周围有其他别的东西使某一碱基而非其他碱基倾向于结合另一而非其他碱基。我和一位同事有机化学家、托尼·麦嘉 (Tony Mega) 探讨了此种可能性。我问他是否 DNA 上碱基或者结合位点间有其他的物理或化学差异能够决定碱基的序列。我们一起思考了这个问题有一阵子，但很快意识到在任四种碱基和沿糖—磷酸骨架的结合位点间没有明显的亲和力差异。反之，不管什么碱基附于其上，在碱基和骨架间都是同样类型的化学键（一种 N 糖苷键）。所有四种碱基都是可接受的，没有一种是有化学倾向性的。

这就意味着无论 DNA 分子的骨架还是四个碱基中的任一连于其上的方式都不会使任何序列比其他序列更易出现。后来，我发现著名的生命起源生化学家柏恩达—奥夫·库柏斯 (Bernd—Olaf Koppers) 也得到大体相同的结论。他解释道：“从化学的观点来看，核酸的性质意味着一个 DNA 所有可能的核苷组合方式，都是均等的。”²⁰总而言之，两个 DNA 的特征确保了“自我组合”的键亲和力不能解释分子中核苷碱基的特定性排列：其一，沿着分子携带信息轴上的碱基间没有键的存在；其二，在骨架和决定序列变化的特异碱基间没有亲和力的差异。

在教学的时候，我构想了一个形象的比喻去帮助学生理解为什么 DNA 化学结构的这两个特征对于自我组合模式有如此毁灭性的含意，至少对那些想借助键亲和力来解释 DNA 之谜的人来说是如此。当我的孩子还小的时候，他们喜欢用里面嵌有小磁铁的塑料字母在冰箱的金属表面拼写信息。一天，我领悟到冰箱和磁性字块所组成的通讯系统和 DNA 间有异曲同工之处，这些东西可以帮助我解释为什么 DNA 中的信息无法简化为物理或化学的吸引力。

为了演示给我的学生，我会带一个磁性小“写字板”到课堂，用和我的孩子们在家里玩的一样的塑料字母，在上面拼出信

细胞中的印记

息，譬如“Biology Rocks! (生物学震撼!)”我会指出用字母和黑板金属表面的磁力，可以解释为什么字母会粘在写字板上，正如化学吸引力可以解释为什么核苷可以粘在 DNA 的糖—磷酸骨架上。但也会指出在决定它们排列序列的每个字母之间是没有吸引力的，正如 DNA 分子的信息携带轴上的碱基间没有吸引力一样。反而，字母和写字板的磁力能容许无数可能的字母组合，其中一些会传达出功能性和有意义的信息，而大多数则不能。

为了演示磁力并不支配任何特定性的字母序列，我不断在板上组合和再组合字母来显示它们有完全的物理自由性去拼出其他信息或仅仅是乱码。我还会进一步提示无法用吸引力的**差异**来解释为什么某个字母粘在写字板的某一位置而非其他地方。接着我指出 DNA 也是如此：DNA 上的碱基和糖—磷酸骨架的位点间没有吸引力的差异。就磁板而言，磁力本身对使“B”位于“Biology Rocks”的起始处而不是在末尾和中间没有任何的影响。反之，每个字母可以粘在写字板的任何位置，正像任一核苷碱基可以粘在沿着 DNA 的糖—磷酸骨架的任何糖分子上。吸引力（N—糖苷键）确实解释了为什么 DNA 中的碱基结合于分子的骨架上，但无法解释为什么任一指定的碱基结合于分子的某一位点而不是别的位点。由于碱基间缺乏化学键，来自分子内部的任何键的亲力和化学力也无法解释 DNA 碱基序列的起源。

我后来得知肯尼昂采用了这些相同的无法否认的分子生物学事实去思考这个问题，也得到了相同的结论，即求之于 DNA 内部的键亲和力去说明 DNA 碱基的排列是徒劳无功的。单靠 DNA 构筑单元的特性，连一个特定基因也无法形成，更别提我们所知的生命了。不过，自我组合理论家时常会得出一些相反的论断，尽管它没什么具体性。例如，德杜维（De Duve）就声称，“生命产生的过程”是“高度决定的”，这使得在“生命前期地球上的条件里”，生命如我们所知“总会发生的。”²¹但想象一下最理想的生命前期的条件。设想一个池中包含所有四种碱基和所有必须的

糖和磷酸。任何特定的遗传序列会必定产生么？如果提供所有必须单体，先别提特异的遗传编码，复制系统或信号转导线路，届时任何特定的功能蛋白质和基因会必然形成么？显然不是。

找寻自我组合的特性以求解读遗传信息的起源，则最显而易见的之处在于信息携带分子的组成成分（单体）；但生物化学已经非常清楚地显示出 DNA 中碱基间的吸引力无法解释这些巨大的携带信息分子中的特异序列。鉴于 RNA 也是如此，推测生命起始于一个自我组织的 RNA 世界的研究者也必然会面对又一个序列难题，²²尤其是，如何解释一个功能性的 RNA 分子中的信息，在缺乏差异性的化学引力的 RNA 碱基间，会怎样首次诞生。²³

编码的奥秘

回顾第五章，除了核酸和蛋白质中的特定性的信息之外，生命起源研究者也要解释基因表达和翻译系统集成的复杂性的起源。再回顾一下基因表达系统不仅运用沿 DNA 分子轴刻入的数字信息（遗传文本）；它也依赖于植入于 tRNA 分子（以及与其相连的合成酶蛋白质）中的遗传密码或翻译系统（遗传密码是对应与 DNA 一条链上的遗传信息，犹如莫尔斯电码（morse code）对应于电报操作员所收到的一条特异信息）。

实际证明用自我组合的键亲和力来解释遗传密码的起源和解释遗传“文本”（DNA 碱基的特异序列）的起源一样难。下面几段会对此作详细解释。对相关技术事实不熟悉者请参考附图（图 11.3）或有帮助，或者跳到下面一段，即挑选题为“自由的必需性”为重新起始的论述的主线。

有许多原因使得自我组合理论无法解释遗传密码的起源。首先，欲解释遗传密码的起源，科学家需要解释 DNA 中特异的核苷三联体（或信使 RNA 中的密码）和特异氨基酸（由转运 RNA 所携带）的精确匹配。不过分子生物学家没能在 mRNA 上的密码

细胞中的印记

子（或 tRNA 上的反密码子）和密码子对应的 tRNA 接受臂上的氨基酸间找到任何显著的化学相互作用。这意味着氨基酸和这些碱基组之间的化学吸引力不能解释构成遗传密码的对应关系。

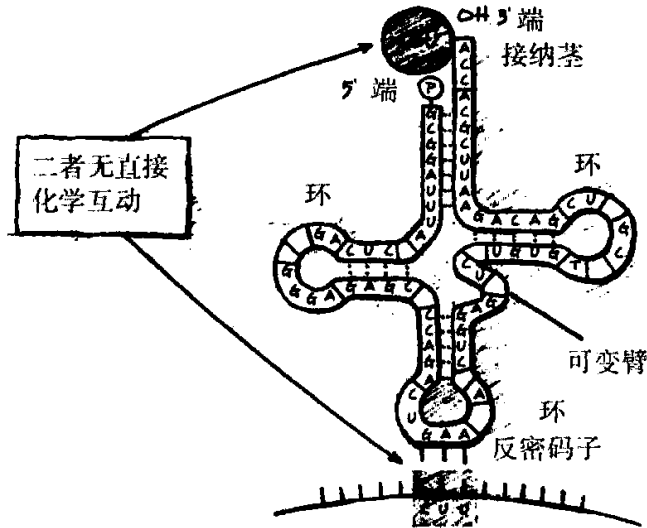


图 11.3 转运 - RNA 分子显示出反密码子在分子的一端，连接的氨基酸在另一端。请留意在氨基酸和它特定的核苷密码之间没有直接的化学作用。

相反，mRNA 密码并不和氨基酸直接结合，而是结合于 tRNA 分子上的反密码三联体。而且，反密码三联体和氨基酸位于 tRNA 上相反的两端。它们间没有任何直接形式的化学接触。尽管氨基酸的确和 tRNA 分子 3' 受体端的核苷三联体有直接的化学相互作用，但在所有二十种 tRNA 分子中这个三联体都是**相同的**，意味着该处的键并不显示出任何亲和力的差异用以解释组成密码的不同氨基酸的分配。在氨基酸结合的 3' 臂处，所有二十种 tRNA 分子都使用相同的末端碱基三联体（ACC）。既然在所有二十种 tRNA 分子中的二十种氨基酸都结合于相同的核苷酸序列，很明显该核苷酸序列的特性并不决定哪个氨基酸结合，哪个不结合。该核苷酸序列对于哪个氨基酸结合于它并无差别（正如 DNA 的糖—磷酸骨架对哪个核苷碱基与之结合并无区别一样）。所有

二十种三联体都是可接受的，没有那一种是优先的。

照此，核苷密码子和氨基酸之间的化学亲和力并不决定遗传密码中所限定的核苷密码子和氨基酸的对应关系。从构成密码的各成分的特性来看，密码在化学和物理性上是任意的。所有可能的密码是等同的；没有哪个是化学偏好的。

再者，十七种遗传密码变体的发现已经平息了任何对此的疑惑。²⁴在不同的微生物中存在多种独立的密码（多套密码—氨基酸的指派）表明相关单体的化学特性允许不止一种密码—氨基酸的指派。结论是显而易见的：氨基酸和核苷的化学特性并不决定单一的通用的遗传密码；既然不是仅一种密码，“它”就不可能是必然发生的。

相反，科学家现在知道遗传密码所限定的密码—氨基酸的关系是由二十种不同的蛋白质，被称为氨酰-tRNA合成酶（每个对应于一个tRNA的反密码子和氨基酸对）的催化功能所确定和介导的。这里每一种蛋白质识别一种特异的氨基酸和特异的tRNA及其对应的反密码子，协助将正确的氨基酸连接于tRNA分子之上。这样，不是密码可以简化为一套简单的少数单体间的化学亲和性，生物化学家所发现的却是一个高度特异的生物多聚体的信息功能性交互依存的系统，包括mRNA、二十种特异的tRNA和二十种特异的合成酶蛋白质，每一种其自身的构造藉由编码于特定DNA的信息而定，而后者的解码却需要前者的协助。但如何解释这样整合的复杂性正是首先需要解决的。试图通过借助于简单的化学亲和性去解释基因表达系统的整合复杂性的单方面，遗传密码，没有导向化学吸引的简单规则，反而导向一个包含大量不同分子的整合系统。DNA之谜一波未平，一波又起。

诚然，在复杂的翻译系统中，功能性多聚体之间的化学相互作用力决定性地使该反应继续进行。不过，要解释一架风车，一个操作系统或一套遗传密码如何运作是一回事；而要解释它们是怎么起源的则完全是另一码事。宣称决定性的化学相互作用就使

细胞中的印记

这个系统起源，不可避免地缺乏实验的基础。即使给了所有 tRNA 和 mRNA 的必需碱基，所有必需的糖和磷酸，所有蛋白质所需的二十种氨基酸，先别说任何特定的遗传编码，就是组成目前翻译系统的分子会注定出现么？事实上，从所有必需的氨基酸的混合物中，就算是一个合成酶一定会出现么？同样地，显然不会。

正如生命起源的生化学家教给我们的，单体是“建筑砖块。”像修建大厦所用的砖块，分子建筑砖块可以用无数的方式去组合和再组合。在建筑时，石块的特性并不能决定它们的组合方式。类似地，生物学构筑单元的特性不能决定单体在功能性 RNA，DNA 或蛋白质中的组合，也无法决定组成遗传密码的 DNA 碱基和氨基酸之间的对应关系。相反，这些分子构筑单元的化学特性所容许的可能的构型和连接所形成的整体十分庞大，而其中的绝大多数是没有生物学功能的。这样，基于其构成的“构筑单元”的特性，功能性的基因和蛋白质不再是不可避免地会产生，这好比说只要给了建筑用的砖块和石头，而凡塞尔宫就不可避免地会自动形成一样的天方夜谭。

自由的必需性

当我越多地思索 DNA 和 tRNA 的化学结构，帕兰易关于信息表达需要化学的非决定性或自由性的深刻观点，就显得愈为清晰。帕兰易的观点认为，假使“势能的驱动力”决定碱基组织的话，该分子“编码似的特性”会“被泛滥的冗余（redundancy）所抵消”。²⁵ 现在我才理解为什么。

试想一下会发生什么，假如 DNA 分子中单个核苷碱基（A、C、G、T）因化学必然性而确实相互作用（沿着 DNA 的信息携带轴）。假定每一次腺嘌呤（A）出现在延长的遗传序列上，它会将胞嘧啶（C）引向它²⁶，后者又吸引鸟嘌呤（G），鸟嘌呤吸

引胸腺嘧啶 (T)，后者再吸引腺嘌呤 (A)，如此反复。如果果真如此，DNA 的长轴会布满着出现 ACTG 的重复序列。DNA 作为遗传分子，无法包含无限的新颖性和以不可预测和非周期的序列为特征，而所包含的序列会充斥着重复和冗余——很像晶体结构中原子的组织。

要知道为什么，请设想以下情景：一组被俘虏的士兵被告知可以给家里人写信。唯一的条件是他们必须以小写的 a 开头，接下来写字母表的下一个字符 b，之后一个接着一个，沿着整个字母表，最后又返到 a，重复整个过程直到填满整页打印纸。他们又被指示以相同的方式来填写信封的封面。最后如果他们无法完成任务或者不小心敲错了一个键，监狱看守会接过他们的任务，并“正确完成”。

这当然不过是一个残酷的笑话，士兵们不能用他们的信来传递一丁点的信息或者仅是邮递到正确的地址——这是因为信的内容无一例外地受到严格控制，就是监狱看守强加于他们律法一样的规则。同理，化学必需性像律法一样，会产生冗余（重复），这会使传递信息和表达新意大打折扣。相反，信息产生于以不确定为特征的环境中，依赖于自由地以许多不同的方式来组织部件。正如 MIT 哲学家罗伯特·斯托奈克 (Robert Stalnaker) 所说，信息的内容“需要不可预见性 (contingency)”²⁷。

信息理论揭示了一个更深层次的原因。回顾经典的信息理论中将不确定性（译注：原文 uncertainty 似乎应为确定性）的减少等同于信息的传播，无论是特异的还是非特异的。它也将**不可能性**和信息对等——一个事件越不可能，它的发生就会传达更多的信息。当规律性的物理和化学过程决定一个事件会必然地可推测地伴随着另一事件，这样的—一个高度可能性事件的发生中没有不确定性会被还原。这样，无信息可以传达。科学哲学家弗雷德·德雷特斯基 (Fred Dretske)，是一本有影响的信息理论书的作者，他如此解释道：“当 $p(s_i)$ (事情处于一种条件或状态的可能性)

细胞中的印记

趋于 1 时（如确定性），相关的发生信息（ si ）的量则为 0。在极端情况下，当某种条件或状态的事件发生的可能性为单一时 [$p(si) = 1$]，就没有任何信息与 si 的发生相关联，或由之产生。这不过是换了一种说法，对于那些没有其他可能选择的事情而言，它的发生不会产生任何信息。”²⁸

德雷特斯基和帕兰易的观察是明确的：当序列中成员之间的吸引力达到能决定该序列的组的程度时，其系统携带信息的容量会因冗余而减少或被抹掉。²⁹ 键亲和力在其作用范围内，会抑制信息的产生，因为它们将遵循特定条件下的高度可能性所决定的特定的结果。³⁰ 当情况相反时，携带信息的容量是最大化的，也就是当化学条件允许众多不可能的后果发生时。

帕兰易赞赏这种说法，同时也赞同它的逆命题。他知道恰恰因为 DNA 中的碱基序列不是生物化学决定的（或预定的），该分子才能储存和传递信息。因为任何核苷会跟随另一个，可大量选择的序列以组合就成为可能，使得 DNA 可以编码大量的蛋白质功能。正如他解释道，“正是序列的物理非决定性产生了任何特异序列发生的不大可能性，这样使它有了一个含意——一个数学上的决定性信息的内容等于组合的不大可能性的数值（numerical improbability）。”³¹

正如在第四章所提到的，DNA 中的碱基序列不仅具有以经典的香农（shannon）信息理论来衡量的携带信息的能力，它们也储存功能性特异化的信息；它们既是特异化的又是复杂的。不过很显然，如果一个序列自己没有最低程度的复杂性，它不可能兼备特异化与复杂化。这样，（来源于）化学必需性的自我组合力，会产生冗余和排除复杂化，也会排除特定性复杂化的产生（或特异化的信息）。规律性的化学驱动力不会生成复杂序列。因此，它们无法用在解释信息的起源上，无论是特异化的或是其他。

结论

1993年，在一个小型的私人会议中，我有机会碰到并第一次和肯尼昂私下交谈。我获知关于“生化预定论”，他也得出和我同样的结论。我们两个都很清楚地在主要原则上表示反对，对于化学吸引力能产生信息，而非简单冗余结构的想法。事实上，假如肯尼昂早先发现DNA中的核苷碱基间键亲和力决定它们的序列，他也会发现化学家们误读了DNA的信息携带能力。然而，无人质疑DNA的信息储存能力。

但，是否还有其他理论可以回答肯尼昂所无法解释的？自我组合模型所强调的内在键亲和力已经失败了，但或许其他强调外在于DNA的规律力可能会成功。尽管简单的运算法则如“重复的ATCG”显然缺乏传达信息的能力，也许一些更复杂的运算法则或者某些在大量分子间舞动力量能引发生命（或其需要的信息）的自我组合。在上世纪90年代早期，一些研究者提出的正是这种类型的模式。

第十二章 跳出框框来思考

本章提要

- * 普里高津的设想只能增加有序不能产生信息。
- * 考夫曼的代谢为先的模型没有成功证实信息来源之产生。

有一个为人熟知的故事，虽未经证实却很有启发性。讲的是克里斯托弗·哥伦布（Christopher Columbus）有一次和别人共进晚餐，在场的许多人对他发现新大陆的壮举不以为然。当然，哥伦布反感他们的轻蔑之举。拿现在的眼光看，通往新世界的路途显而易见，但如果真是这么轻而易举的话，为什么此前没有人能够做到呢？为了证实他的成就，他要了一个鸡蛋，问同桌的人谁能把鸡蛋竖起来。每个人都试着去做，毫无例外地都失败了。哥伦布则取了鸡蛋，另辟蹊径：他把鸡蛋向下一磕，打破了一头，这样鸡蛋就能保持竖立。

如今，我们用一个专门的词汇来表达创新性的思维，即指超越了那些完全不必要，却业已形成束缚的思维方式。对那些创意性解决问题的人，我们称其“打破了条条框框”。遵照肯尼昂和帕兰易的模式，我意识到不论是碱基间或是氨基酸之间内在键亲和力的差异，没有也无法解决 DNA 之谜。从常识和字面上看，如果把内在的亲合力当作是框框的话，也许仰赖于这种力的模型

的失败只是提示研究者需要跳出框框来看问题。而这也正是自我组合后继者尝试做的。

外在的自我组合驱动力：仅仅是增加能量么？

如果内在键的亲合力无法解释 DNA 和蛋白质中的信息，是否有某种普遍存在的外在力量引起了 DNA 中的碱基（或蛋白质中的氨基酸）自我排列成富含信息的序列？磁力使铁屑沿着磁场排列成有序的“磁力线”，重力在排水的浴缸中生成涡旋。或许某些惯常存在于 DNA 与蛋白质之外的自我组合力量，可以解释富含信息的生物分子或其他形式的生物组织的起源。

1977 年，俄裔比利时物理学家伊利亚·普里高津（Ilya Prigogine）和他的同事格雷戈尔·尼考里斯（Gregoire Nicolis），合著了一本书来探索这种可能性。普里高津的专业是热力学，一门研究热和能量的科学。他的兴趣点在于能量的流入如何引起一个系统有序性的自发增加。他对这种现象的记录为他赢得了 1977 年的诺贝尔化学奖，同年他和尼考里斯出版了该书。

在他们名为《非稳态系统的自我组合》的书中，普里高津和尼考里斯提出，能量流入原始的生命系统在生物组织的起源中或许扮演了一个角色。他们将生命体视为开放系统，通过利用来自环境的大量物质和能量（同时也向环境中“耗散”大量的物质和能量）来维系其组织的特定形式。¹ 一个开放系统是指能和环境相互作用，其运行和结构又因该作用的影响而改变。普里高津证实，在开放系统偏离稳态远时（即远偏离了常态就是它们在没有外界环境的输入时具有的状态）在接受到能量的输入时常会表现出自发有序的趋势。例如，热能流经散热器时会产生特定的对流或“螺旋波流”。

在他们的书中，普里高津和尼考里斯提出，所观察到的生命系统中有组织的结构借助于能量或许有相似的“自发起源”。他

细胞中的印记

们承认在通常的稳态条件下，单纯的构筑单元不可能自我组织成高度有序的结构。事实上，普里高津之前就认为生命系统单纯产生于偶然的可能性“微乎其微”。² 不过现在，他和尼考里斯提出在非稳态条件下，当有外在能量供给的情况下，生物化学系统或许可以自我组合成为高度有序的模式和原始的生物结构。

有序还是信息

当我初知普里高津和尼考里斯的理论以及他们为解释该理论而做的类比，初看起来确实有道理的，但在深究他们理论的价值时，我发现了一个明显的缺陷，而这点正是 1986 年著名的信息理论家休伯特·约基（Hubert Yockey）在接受一次采访时向我描述的。约基指出普里高津和尼考里斯在援引外在的自我组合驱动力来解释生命系统中的“有序”性的起源，不过，约基强调生物系统中需要解释的并不是有序（就像对称或重复模式的意义），而是信息，就是在软件、书面语言和 DNA 中那种**特定的**数字信息。

能量流经一个系统时会产生高度有序的模式。强风会形成旋转的龙卷风，普里高津的温泉浴会形成有趣的对流，化学元素会聚结形成结晶。但约基坚称，这种类型的对称性有序和 DNA、RNA 及蛋白质中特定的复杂性或信息根本不搭界，换言之混淆了两种截然不同类型的模式和序列。

按照惯例，我直观地向大学生们展示了这一点，事实上，我从邻居教授友人的孩子们那里借到了这种直观的教具。孩子们这个自制的这个玩具就是用来玩耍的，不过我发现它完美地展示了约基对于有序和特定的复杂性的区分，以及他对普里高津自我组合模式的评价。

这个玩具用两个一升的汽水瓶制成，在瓶子开口处用一个红色的连接器将两个瓶子密封并固定，这样就成了一个大型沙漏计

时器的形状。这个装置里装了绿松石色的液体（也许就是水里添了些食物色素）和一些银色的散屑，这些银屑在液体漩涡时会闪光，一个瓶里的液体能流到另一个瓶里。孩子们喜欢将瓶子竖起来直到顶部瓶子的液体全部流入底部的瓶子里，然后他们会将整个装置迅速翻转，并拿着狭窄的颈部突然摇晃，接着他们会看到顶部瓶子里的蓝色液体会组织成漩涡开始流到底部的瓶子里。

在游说了孩子们肯借出他们的玩具后，我在课堂上用它来展示能量的流入如何在一个系统内自发地引起有序，我的学生需要认识到这一点，因为他们当中有一些听说过特创论者（creationist），认为在热力学第二定律主导下，自然的有序总是随时间延长而耗散最终走向无序。普里高津已经证实，尽管在一个封闭的系统内，比如我们的整个宇宙，随时间延长无序会最终增加，但对于一个小的开放系统（比宇宙小）而言，当能量流入时，有序也可能会由无序自发产生。我用这个大的蓝色漩涡发生器来证明，事实上，有序可因开放系统中能量的输入（在此例中即快速摇动并将装置翻转）而产生。

然而，我还想让我的学生明白有序和特定的复杂性之间的差异，以及为什么这种差异会对普里高津观点的终极意义产生疑问，为此，我叫他们注意在蓝色漩涡液体中闪光的单个的散屑，就会发现这些散屑能形成任何有意义的排列来执行通讯功能么？这些散屑能拼出任何讯息或编码任何数字信息么？很显然，答案是没有。学生们能够看到闪光散屑的高度随机排列。当旋转的蓝色液体形成类似漩涡的漏斗时，他们也能看到液体整体运动的有序模式。然而，他们终究无法发现任何特定的或功能性的信息，也没有形成任何有意义的字母或数字的顺序模式。

虽然我的演示有些粗糙，学生们却毫无疑问能领会其中的含意，能量流入一个开放系统很容易产生**有序**，但却无法产生**特定的复杂性**或信息。

天体物理学家弗雷德·霍伊尔（Fred Hoyle）由一种类似的

细胞中的印记

方法得出相同的结论。他有一个著名的类比，生命由其组成部件自发产生的问题就像龙卷风扫过废料库院就能组装成一架 747 飞机一样。一种没有差异性的外力简单来说过于笨拙，无法胜任这样的任务。能量会将零件随机分散，能量或许能将部件卷成一个有序结构如漩涡或漏斗云。但能量自身无法将一组部件组装成一个高度特异化或有特定功能的系统，比如一架飞机或细胞（或构建该结构所必需的信息序列）。

肯尼昂的自我组合模式已经遭遇了这个难题。他后来认识到，尽管内在的化学亲和力或许能够产生高度重复或有序的序列，但它肯定无法产生 DNA 中富含信息的序列。现在再出现了科学家在思考规律性的外在力量能否产生 DNA 中的序列时，也面对同样的问题。普里高津的工作显示出一个开放性系统中的能量**能够**产生秩序对称的模式，但却没有证据显示能量自身能编码功能性特异化富含信息的序列——不论是生物化学的或是其他。自我组合很好地解释了一些过程，但这对生命根本而言是无关紧要的。

事实上，很难想象这些自我组合驱动力如何能产生或解释以富含信息为特征的生命系统的排列特定性。在我的漩涡发生器中，一种外来的力量将能量导入，驱动系统中所有成分基本上沿着同样路径运行。在普里高津的对流浴中，一种能量源在系统内建立了一种运动模式以类似的方式影响了所有的分子，而不是将它们单独和特定地排列起来来完成一种功能或传递一种信息。然而字符到字符的变化和排列的特定性是功能性信息序列的标志。这样，如约基所解释：“试图将有序性和生物的组织及特定性联系起来是在玩弄文字游戏，经不起仔细推敲。信息化的大分子之所以能编码遗传信息并携带信息是因为其碱基或残基的序列受到微乎其微的物理化学因素（自我组合）的影响，如果这种影响存在的话。”³

运算法则的局限性

正是由于这些困难，很少有（如果还有的话）科学家今天还坚持认为普里高津和尼考里斯解决了生物信息的起源问题。然而，一些科学家还依旧盼望深入的研究能够找到一种能够产生生物信息特定的自我组合过程。例如，生物物理学家曼弗雷德·艾根（Manfred Eigen）在1992年提出：“我们的任务就是找到一种运算法则（algorithm），一种能够导向生命起源的自然律。”⁴

这话听起来不错，不过我开始怀疑任何规律性的过程能够产生信息。规律，依其定义，描述了事件在相同情形下重复和可预见地发生。重力规律的某一版本申明：“所有悬浮的物体都会落下。”如果我将一个球举过地面然后放手，它就会落地。每一次重复都对。另一规律宣称：“水在海平面加热到212华氏度就会沸腾产生蒸汽。”给一个锅里的水加热，边看边等；气泡和蒸汽就会出现。这是可以预知的。规律描述了高度可预测及不同事件间固定的关联——重复的模式，冗余的有序。但它们并没有描述传递信息所必需的那种复杂度。

可以换一个角度来思考这个问题，科学规律经常描述先决条件和随之而来的事件间可预测的关系。许多科学规律采用这种方式，“给定条件C，如果发生A，接着B会发生。”在条件C存在的情况下，A类型事件发生，那么B类型事件会随后发生，可以预测并且“必定发生”。因此，科学规律描述的模式是，当给定前提事件时，后续事件发生的可能性趋近于一，意味着前提（antecedent 逻辑学：前件）出现时，后续事件（consequent 后件）必然发生。然而，正如前面所谈，可预测和“必定”发生的事情并不传递任何信息。反之，信息来自于不可预见性之中。信息量随**不可能性**而增加。因此，科学规律产生的复杂的信息模式从字面上来说就有严重的自相矛盾。假使一个过程的有序可以用规律

来描述，**依定义**，它并不能生成足够复杂的事件来传递信息。

当然，规律性的过程可能用以**传输**已经以其他形式存在的信息，但这种过程并不产生任何特定化的信息。若要深究其因，设想在加州帕萨迪娜举行的玫瑰碗（球赛）现场，一组小型无线控制的直升机密集排列在美式足球场上空。从下面看，这些直升机正拼成一条消息：“GO USC（加油，南加州大学）。”当半场休息场地清空后，每个直升机会释放含有或红色或金色的染料球，南加州大学的两种色标。重力规律接着会使球落向地面，当撞击到草坪时，染料会溅到草地上。现在场地上，一条有些混乱但依然清楚可读的信息显示：“GO USC。”

是重力规律，或是其所设定的力，产生了该信息么？显然不是。场地上所显示的信息已经预先存在于体育场上空直升机的排列中——物理学家称之为“初始条件”。不论重力或描述它的规律都不是引起场地上信息自我组合的原因。反之，重力只不过将预存于直升机排列的信息——初始条件——传递到地面而已。

以往，当我应用这些例证时，曾被问到：“难道我们真的无法找到一种能生成生物信息的编排独特的**初始条件**么？假使我们不能寄希望于发现一种产生信息的规律，那么找到一组特殊的初始条件，它能够以一种像定律一样可预测的方式来产生信息，难道这也没有可能么？”但这种提议只是换了一种说法来重申了自我组合的基本观点。而且，它也再次避开了信息的终极起源，因为“一组特殊的初始条件”听起来极像一种富含信息的——一种高度复杂和特异化的——状态。正如我后来发现，这并不是唯一的避开信息终极起源的提法。相反，通过求助于一种前提条件来解释信息的起源毫无例外会引向——或替代——另一个问题。对这个问题的初步迹象，是我在思考或许是所有自我组合理论中最具创新性，最能“跳出框框看问题”的提法时，才得出的。

考夫曼 (Kauffman) 模型

如果 DNA 构成单元间**内在**键的亲合力或作用于 DNA 构成单元上普遍的外在的力，都不是 DNA 碱基序列特定性的原因，那么还有其他因素么？依我看来，余下的可能性就不大了，因为作用于分子“内在的力”和“外在的力”看来已经穷尽了所有可能性。然而，据我所知，另一位选手，斯图尔特·考夫曼 (Stuart Kauffman) 已经准备登场了。

考夫曼是一位耀眼的科学家，他在加州大学旧金山分校接受了医师训练，后在宾夕法尼亚大学任生化和生物物理学教授，之后又协助主持致力于研究复杂系统的圣达菲研究所 (Santa Fe Institute)。在上世纪 90 年代早期，当我开始研究自我组合理论时，我得知考夫曼正计划发表一部鼓吹新的自我组合理论的专著。他的新书宣称：在圣达菲所取得的进展会对生命起源问题产生影响，实际上对于解决自我组合框架内的问题也确实取得了显著进步。这本期待已久的书名为：《秩序的起源：自我组合和进化中的选择》。

我记得考夫曼的新书终于到达我所任教大学的那天。在办公室里，我急速打开包裹，看到是一本七百页的大部头。我浏览了一下内容目录，并读了开篇章节后，明显地发现考夫曼书中的大部分着墨都在泛泛地讨论复杂系统的数学特性，而真正解释生命起源的部分却只占了书中不到八十页纸，大部分集中于一章之中。我的好奇心占了上风，决定首先读这一章再看其他内容。

考夫曼，一如他获得“跳出框框”思考者的声誉，对于解释生命起源做了大胆而新颖的构想。他并没有借助于外在的规律性的力或者内在的键亲合力来解释生命信息如何自我组合，他的假说越过了所有这些问题。他提出了一个可以绕过产生遗传信息所需的自我组合过程的设想。

细胞中的印记

考夫曼试图跳过“特定性”（或信息）的问题，他提出了一种途径，在前生物汤中，一个自我再生的代谢系统会从一套“低特定性”的催化肽和 RNA 分子中，或他称为的“化学蔬菜面条汤”中产生。⁵ 代谢系统是指活细胞内相互作用的，用以维护活体功能的一套分子系统，某些代谢系统降解分子释放能量；另一些则构建分子以储存能量（如在 ATP 合成中所发生的）或信息（如在 DNA 复制和蛋白质合成中所发生的）。在现存的生命形式中，这些反应通常由一些特定性的酶催化物和蛋白质参与和调控。照此，考夫曼的假说代表了一种蛋白为先的理论，这和肯尼昂的早期模型在某些方面有类似之处。

然而，和肯尼昂不一样的是，考夫曼提出了第一个代谢系统可能直接出自于一组**低特定性**的多肽。他提出，一旦一组包含足够多样性的催化分子组装起来（这其中不同的肽表现出足够多样化的催化功能，尽管其效率很低），个体分子的组装会自发地引起一种相位转换（类似结晶化）而催生了自我复制代谢系统。考夫曼设想，如生物史学家伊利斯·弗雷（Iris Fry）所叙述的，“一组催化多聚分子，其中没有单一分子能够实现自我复制，但整个系统却可以。”⁶ 这样，考夫曼主张代谢系统（及其所需的蛋白质）能够在没有 DNA 编码的遗传信息的情况下直接产生。⁷

考夫曼的模式显然很有新意，较之以往自我组合模式可以认为更成熟。但和之前的模式不同的是，考夫曼宣称一组相对短和“低特定性”的催化肽和 RNA 分子的整体一起就足以建立起一套代谢系统。对于该假说在生物学上的可行性，他以一些蛋白能以低特定性和复杂性即可完成酶学功能来辩护。他引用了一类称为蛋白酶的蛋白质（其中，尤其是一种称为胰蛋白酶的）来支持其主张，这些酶可以在单个氨基酸位点切割肽键。⁸ 但他是对的么？

在我更深入地思考了考夫曼的论点，并研究了蛋白酶的特性，我确信他的论点并没有解决或成功地绕过了生物信息起源的

问题。考夫曼自己也认识到，至今，没有证据显示这种自动催化反应可以发生。而且除此之外，我还意识到考夫曼要么预先假定了事实上无从解释的序列特定性的先行存在，或者对特定性信息所需玩了障眼法。事实上，考夫曼的模型至少存在三处明显的与信息相关的问题。

首先，它不符合也不是生物化学的实际情形，正因为**某些酶**或许以低特定性发挥作用，那么**所有的**催化肽（或酶）就需要建立一套自我复制，代谢循环才能以相似低水平的特定性和复杂度起作用。相反，现代生物化学显示绝大多数的，通常是全部的分子当以考夫曼所设想的紧密依存的代谢系统的方式起作用时，需要的是高度复杂性和特定性的蛋白质。（也就是）酶的催化活性（这在他的推测中是确实必需的）需要足够长的分子以形成第三级结构。这里的第三级结构指的是蛋白质的三维构型，它能提供关键氨基酸位点的空间位置而传达特殊的或特定性的功能。⁹至于需要多长的蛋白链才能形成其中一种构型要取决于它的复杂度。对于非常简单的构型，需要大约四十到五十个氨基酸。更复杂的构型需要数百个氨基酸。而且，这些长的多聚体需要非常特异的三维几何构型（这反过来又来自于单体序列特异的排列）来催化特异的反应。这些分子又是如何获得它们序列的特定性呢？考夫曼没有追究这些问题，因为他的模型错误地提示他不需要这样做。

第二，我发现即使考夫曼引用低复杂度的分子（蛋白酶）来证明他假说的可行性，实际上十分复杂而且序列也是高度特异的。我还发现考夫曼混淆了起作用的蛋白质（酶）各部分的特定性和复杂度以及蛋白酶所作用的多肽的各部分的特定性和复杂度。例如，尽管胰蛋白酶作用于（切割）相对简单的靶点的肽键（两个单独的氨基酸，精氨酸和赖氨酸的羧基端），但胰蛋白酶本身是一种高度复杂和序列特异的分子，实际上，胰蛋白酶是一个无重复的二百四十七个氨基酸的蛋白，这种显著的序列特定性也

是其起作用的条件之一。¹⁰

此外，胰蛋白酶必需通过其显著的三维结构（几何构型）的特定性才能识别特定的精氨酸和赖氨酸，即它所切割的肽键位点。在讨论特定性上的含糊其辞，考夫曼掩饰了蛋白酶所需的相当的特定性和复杂度，而他却用此来验证他的论点，即低特异性催化肽足以建立一个代谢循环。这样，按照考夫曼自己的演示，如果理解正确的话（即没有隐瞒相关的特定性的核心问题），表明他的设想若要有生物学的可行性，它必须**预先设定**存在许多高度复杂和特定性的多肽和多聚核苷酸。这些分子中的信息又来自何处呢？考夫曼对此未置可否。

第三，考夫曼认识到自动催化若要发生，“化学蔬菜肉汁汤”中的分子相互间必须处在一种特定的空间-时间位置关系中。¹¹换言之，整个的代谢复合过程要产生直接的自动催化，一个催化肽分子的系统必须首先达到一种非常特异的分子构型（或化学家所称的“低构型熵值状态”）。¹²这个要求等于是说，该系统必须具备大量的特异化的信息或特定性的复杂度。依照香农的信息理论，每一次当一种可能性实现而其他的被排除，信息就得以传递。若承认一套代谢系统的自动催化**就需要一种特定的**多肽的排列（只有一种或少数几种可能的分子排列组合，而不是多种可能性中的任一种）。考夫曼黯然地承认，这样的排列有一种高度信息化的内容。这样，要在系统的层次上解释特异的信息复杂度的起源，考夫曼必需预先假定这些分子在分子水平的高度特异化的排列，而且有许多高度特异的、复杂的蛋白和 RNA 分子同时存在（见上）。一言以蔽之，考夫曼不过是将信息学的问题从分子层面倒腾到汤里了。

除了上述这些问题，考夫曼的模型还遭遇了和肯尼昂的蛋白为先及其他代谢为先模型同样的问题。它并没有解释（a）不同代谢途径的蛋白质怎样实现和 DNA 及 RNA 或其他分子复制体的相连或（b）蛋白质代谢系统内的信息怎样从蛋白质传递到

DNA 和 RNA。他也没有 (c) 对功能性多肽的序列特异性如何出现 (假设氨基酸间的键亲和性和在已知蛋白中实际的氨基酸顺序并不相关) 给出任何解释。

罗伯特·夏皮罗 (Robert Shapiro), 纽约大学一位领先的化学家, 最近提议生命起源研究者着手考察考夫曼所提出的那种代谢为先模型。夏皮罗认为, 这种模型具有许多其他生命起源的假说所没有的优势 (特别是 RNA 为先的模型, 见第十四章)。¹³ 尽管夏皮罗对这些代谢为先的途径情有独钟, 但他也认识到研究者尚未发现他所称的“驾驶员反应”, 即将小分子转至那些能在整体上增加或“稳定”系统组织的产物中。他也提到代谢为先模型的研究者“还没有证实一套完整的 (代谢) 循环系统具有运行或维持自身和进一步进化的能力。”¹⁴ 简言之, 这些方式还停留在猜测阶段, 并没有提出解决生物相关系统 (或信息) 的起源这一根本问题的出路。

不管怎样, 我的结论是考夫曼的自我组织模型——在和实际分子作用方式的关联度方面——预先设定或转移了, 而不是解释了自我复制代谢循环所必需的特异信息的终极来源。我并不是发现考夫曼模型不足之处的唯一一个。其他的科学家和生命起源学者也有同样的评价。¹⁵ 尽管许多生命起源学者对于考夫曼创新性的思维方式表达了自己的尊崇, 但是很少有人, 如果还有的话, 会认为他的模型事实上解决了信息或生命起源的问题。或许是为了这个原因, 1993 年之后, 对于生命组织的起源, 考夫曼又提出了新的自我组合模型。他后来的提议去除了他原先大胆的, 注定时运不济的生物特定性的假设。然而, 考夫曼后来的模型确实显示, 如果没有预先假定其他先存的信息来源, 要解释信息的起源是多么困难。

按钮和线

1995年，考夫曼又出版了另外一本书，名为《宇宙为家》，在书中他应用了多种机械或电力系统，其中一些可以在计算机情境中加以模拟，试图演示自我组合可能的运行过程。¹⁶

其中一个，他设想了一个通过线来连接的按钮系统。按钮代表新的基因或基因产物，线代表产生这些基因产物的过程，即蛋白质之间的类似规律性的相互作用的力。考夫曼认为当系统的复杂度（通过按钮和线的数目来表示）到达一个关键的临界值，新的组合模式可以在系统中“无偿”产生——也就是没有智能的引导——像在经历化学的相位转化方式之后，如水变成冰或某些金属在低于一定温度时出现超导的现象。

考夫曼的另一个模型运用了一套相连的电灯系统。每一盏灯都具有多种状态的闪动——开、关、闪烁等等。因为对于每一盏灯和多盏灯都有超过一种的可能状态，就会有多种可能性的状态供系统采取。而且，在他的系统中，决定已发生状态的规则也对未来的状态产生影响。考夫曼宣称，这些规则的结果是，这个系统将会，如果正确调节的话，最终会生成一种秩序，这其中少数主要的灯的状态会以超过随机的机率不断发生。因为这些模式只是代表了系统中所有可能性状态数目中很少的一部分，考夫曼提出的自我组合规律或许类似地在一个很大范围内的可能性中产生了一套高度不可能的生物学结果。

但这些模拟精确地模仿了生物信息的起源么？很难说如此。考夫曼的模型系统并没有受功能上考虑的限制，因此也并不能等同于生物系统。由预设的规则来控制一套互相连接的灯或许对于在一个很大范围内的可能性中限定小数目的模式有意义，因为这些模式不需要符合任何功能上的需要，从根本上来说无法模拟生物有机体。如果一套闪烁着“警告：前方泥石流”的灯，就符合

模拟一套与生物有关的自我组合过程，如果这样的信息能出现，而至少在没有其他作用者预先用同等量的功能信息编程时。考夫曼闪灯的排列并不是这种类型，因为它们并无功能，当然更没有可以和生物世界中所发现的富含信息的分子相提并论的功能。

考夫曼的模型系统与生物信息在另一个方面还有显著的差异。我们在 DNA 的蛋白编码区、复杂的软件程序、或本页中的句子中所发现的携带信息的符号的序列是非周期性的。这些字符的顺序并没有呆板、单调的重复。考夫曼的模型，相比而言，其特点是大量对称性的序列或内在的冗余序列穿插着无功能的非周期性（仅仅有复杂性）序列。¹⁷应用一个规律控制的系统来产生可重复的闪灯模式，即使存在一定程度的变动，虽然很有趣，但却不是与生物相关的。既然考夫曼的模型不能产生任何功能性的结构，而 DNA 的序列以特殊的非周期性符号序列为标志，所以它们不能作为一个解释生物信息的有利模型。

考夫曼的模型中还存在另外一个根本的问题，他自己也黯然接受。在某种程度上，考夫曼的模型在产生有趣的非随机模式中确实成功了，能做到这点只是因为一种还不清楚的信息干预。例如，考夫曼注意到如果正确“微调”他的闪灯系统，¹⁸它会从一种嘈杂的模式转换到另一种有序的模式，考夫曼认为由此产生的输出或模式和生命系统中的过程和结构类似。通过“微调”，考夫曼指的是小心设定一组“偏差参数”使他的系统从一组嘈杂模式变到一种有序模式。换言之，微调该参数使得一组输出实现而别的被排除。这样的操作一点也不逊于信息输入。当某人调节收音机旋钮或乐器时，他或她选择特定频率而排除其他。依据香农对于信息干涉的定义即精确地选择某一选项而排除其他。

在他闪灯的系统中，考夫曼简要提及了他的两个合作者——物理学家伯纳德·德里达（Bernard Derrida）和盖拉德·威斯波克（Gerard Weisbuch）对“微调”负责，由之能产生他认为和生命体内的秩序类似的模式。不过，他并不认为这样的任何媒介在

细胞中的印记

生命起源中起作用。因此，即使为了讨论起见让步假设他的闪光灯系统暗示着和生命系统中的特点有异曲同工之处，他的模型依然失败于但布斯基（Dembski）所称的“替代问题”——解释一个（假定的）富含信息的系统只是引入另一个无法解释起源的信息。

结论：替代的问题

当考察考夫曼的模型时，对我而言，我开始看到一种模式。生命有机体起源的自我组合模式越来越抽象并和生物实际脱节。像普里高津和考夫曼的模式系统，甚至没有去澄清导向生命有利方向所需的实际的化学过程。相反，这些模式宣称描述了产生和生命系统内的组织一些有限相似性的现象的过程。然而，仔细研究这些号称可类比的现象后，发现它们实际上缺乏有价值的相似性，尤其是特定的复杂度或信息的存在。

除此之外，我还认识到自我组合模式要么无法解决特定性信息的起源问题，或者他们只是以引入其他无法解释起源的信息为代价而“解决”了该问题。考夫曼的模型只不过提供了后一“替代问题”的最佳范本。此外，更早的像肯尼昂和普里高津的模型，只是依赖于一些产生秩序而非复杂性的过程，也都止步于实验上和概念上的困难。它们不仅无法解释信息的起源；弄巧成拙，它们是以一种高度启发性的方式做到这点的——它帮助我们澄清了对信息本质的理解，和为什么它与冗余顺序以及和产生该顺序的规律性的过程，在概念上是如此不同。

因此，尽管自我组合理论声名在外，被誉为进化生物学的“新一波”思潮，对此我却以完全不报希望来回绝它们，不管将来的实验研究结论如何，这些理论根本站不住脚。依我看来，这些模型要么回避了问题的实质，要么引出了逻辑上的矛盾。那些只是将信息问题转移到他处的设想必然失败，因为他们前设中包含有特定的信息实体的存在，而特定的信息正是他们试图要解

释的。新的规律永远无法解释信息的起源，因为规律所描述的过程必然是缺乏信息性的序列所需要的复杂度。不这么说就暴露（他/她），要么混淆了科学规律的本质，要么混淆了信息的本质，或者两者兼有。

当我反思这些模型的失败时，我对于设计假说的兴趣也与日俱增。但原因并不仅仅是自我组合假说的失败。反之，正是因为自我组合理论的失败之处，揭示了需要智能的动因来解释相关的现象。还记得我磁性小“写字板”的演示么？我用它展示化学的吸引力并不能解释 DNA 中碱基的特定性组织，就像磁性吸引力不能解释字母的组合。但是什么才能解释板上磁性字母的排列呢？很显然，一种智能作用者。那么，DNA 中碱基的排列也需要这种动因么？

回想考夫曼的模型系统。在每一个案例中，他们都借助于另一无法解释起源的信息来解释信息的起源。这些情形同样缺乏了而恰是设计假说所能提供的：在原初时即能产生信息的动因。一个例子中，考夫曼预先假定一旦被“微调”，他的系统就能运行。但怎样才能做到呢？对于单独自我组合理论过程力所不能及处，智能是必然需要的么？

之前在我思考机率淘汰的问题时，我也有过类似的想法。很多事件我们不会把它归于碰巧——尤其是，高度不可能又符合独立模式的事件——实际上智能设计能作出最好的解释。两篇大学论文相同到不可能的地步，会让我和我的同事排除碰巧的假设而得出抄袭的论断，这也是一种设计。

即使德杜维（Christian de Duve），在解释为什么生命起源不可能出自于随机时，也承认（就算是无心的）那些让我们排除随机的事件也同时暗指着设计。回想德杜维指出“一连串不可能的事件”就像一个人连续两次中了乐透奖（一种模式匹配），这“是不会自然发生的”。¹⁹当然，德杜维继续声明说随机假说的失败提示着，对他而言，生命必定是“一种事件的强制性表现”——

细胞中的印记

当合适条件出现时必然引起的自我组合。²⁰

在细致考察了那些领先的自我组合理论后，我对此有了怀疑。我后来从德杜维自己那里也得知，他感到勉为其难去推出一个自我组合的模型，因为他不情愿将设计看作是随机的另一选择。他认为援引设计会违背科学的原则。正如他所解释：“细胞这么明显的被程序化地、依照一定的谱系去发育——设计的理念无可避免地会进入脑海，——（但）生命越来越可能依据严格的物理和化学的规律得以解释。它的起源也**必定**能归结于相似的术语。”²¹正如我之后（见第十八和十九章）所解释的，我看不到这种对于设计假说封杀的原因，对我而言，这看起来更像是一种对理性思考没必要的限制。为此，随机和自我组合模型的失败——以及这些模型失败的方式——只是让我更开放地将智能设计看作一种可能的假说。

事实上，设计假设看起来比我初次接触它时更为合理，在我研究了两种最主要的解释类别——随机和必然——之后，更肯定了它的合乎情理。但我知道还有另外一类，结合了随机和必然，我需要更多的研究。解释生物信息起源的一些最有创造性的推断依赖于必然的规律性的过程和“机率”变动的随机效应的交互作用。所以我也需要研究这种理论。接下来的两章会叙述我对此的发现。

第十三章 机会和定律，或“帽子 里的猫儿又回来了”

本章提要

- * 奥巴林“前生物”自然选择对信息产生的过程并无贡献。
- * 冯·诺伊曼证明计算确立了最少生物功能的极其高的阈值。
- * 奎斯勒 DNA 为先转移问题的例子。
- * 曼弗雷德·艾根超循环 (Hypercycles)。
- * 计算机运算法则，Avida。
- * 信息的会计学的三种信息：外源性信息、内源性信息和主动信息。
- * 信息的守恒定律。

绥斯博士 (Dr. Suess) 的童话书《帽子上的猫儿又回来了》描述一只身材高大、用两脚行走的猫回来访问两个孩子，沙丽和她的弟弟。第一次来访的时候，它已经把他们的家搞得天翻地覆，所以他们并不喜欢它第二次的访问。像前一次一样，这猫好像回到了自己家里一样，坐在澡盆中吃了一块粉红色的蛋糕，留下一个粉红圈。为了帮忙，这猫立即着手清除自己的污渍。不幸的是，它清洁澡盆的每一个动作，使一部分的粉红圈染到了屋中

各种家具上。为了找帮手，这个猫就从它的巨大帽子里拽出许多小猫来。但是没有一个是能够解决问题。事情越弄越糟，到处都是粉红色的了。最后，那最后一只也是最小的猫拿出了一件神秘的工具叫做“弗翁”（Voom），这“弗翁”突然戏剧性地清除了每一丝的粉红色。

这故事和生物信息起源有什么关联呢？我探讨了许多有关生命起源的理论，发现了一种规律，使我想起绥斯博士的猫和它难以处置的蛋糕粉红色奶油。五十年来生命起源的研究者一直在寻找他们的“弗翁”，他们希望有一个过程，能一劳永逸地清理如何解释生物信息起源的问题。他们或是失败了，或是把问题转移到他处去。例如预先假定有某些未解释的信息源，或设法忽视产生信息所不能或缺的智能。当我检验自我组织理论时，首次发现这种思维模式。后来，再思考结合机遇与规律的理论时，也肯定地看到这种模式。

经典的奥巴林模式：机遇与规律

以结合机遇和定律的策略来解释生命起源的第一人是亚历山大·奥巴林，他采取了达尔文的模式。像达尔文解释新生物的起源时利用随机变异和有如定律的自然选择之间的互相作用，奥巴林解释第一生命起源时也用机遇和不同种类的定律的结合。这包括决定性的化学反应和某种前生物的自然选择。

在他的原始模型中，奥巴林认为一系列的小分子之间的化学反应产生了最初的各种氨基酸和各种构筑单元（见第二章）¹。这些化学反应几乎毫无例外地是按照化学律进行的²。下一步，奥巴林就想象一系列构筑单元之间单凭机会互相作用，例如氨基酸和糖，最后成为第一个蛋白质和其他复杂的多聚体（polymers），如碳水化合物，这些都是代谢过程所需要的³。有了这些分子，有些就被包含在团聚体（coacervates，见第二章）中，随之而来的就

是竞争吸取营养品。然后“定律”再一次起作用。团聚体原生细胞中含有最复杂的代谢过程和吸收营养品方法的就快速生长，而且繁殖最快。当营养品消失后，占有多数和高度有组织的原生细胞，就在“为生存竞争”下把较简单的结构消灭掉⁴。奥巴林想象随机的自然选择改变了团聚体的代谢过程。含代谢较复杂和效率较高的团聚体一般会胜过较简单的团聚体。就这样，机遇变异和被迫的竞争（定律）逐步产生了有较复杂代谢过程的团聚体。最后，就产生了具有今日所见特征的生活细胞。

奥巴林的修改：非特定多聚体的自然选择

在奥巴林的原始场景下，真正问题被转移掉并不那末显著。但是奥巴林的生命起源理论并没有提到 DNA 信息的起源问题。当然，在上世纪 20 和 30 年代，他对 DNA 的密码毫无所知，因之，他不企图解释它的起源，这是情有可原的。

到了 50 年代后半期，分子生物学的发展就开始对奥巴林的原始场景产生疑问。不但他想象的场景没有解释到不断更新发展的 DNA 之谜，他的场景大部分建立在依靠机遇来解释蛋白质的形成，有蛋白质才可能有细胞代谢。我已在第九章和第十章讨论过蛋白质分子的极度复杂性和特定性，说明他的解释缺乏可信性的理由。蛋白质的工能有赖于几百个有特殊序列的氨基酸。仅仅一个有功能的蛋白质要靠机遇来产生，即使动用全宇宙的机率资源（probabilistic resource），也是十分渺茫的。

当 DNA 和蛋白质的复杂性逐渐明显，奥巴林在 1968 年发表了他理论的改进版，他设想早期无生源（abiogenesis）期的过程中有自然选择在起作用。他理论的新版本声称，当它们在团聚体原生细胞中形成和改变中自然选择就已经作用于非特定的多聚体了⁵。自然选择不仅作用于原生细胞中充分有功能的蛋白质以使原始代谢得到最大发挥，奥巴林提出自然选择可能起作用于未有充

分功能的多肽分子上，这就会使它们逐步增加特定性和功能。最后使新陈代谢成为可能。他还设想自然选择作用于“原始蛋白质”而不是作用在原始的代谢过程。在这过程中当然有充分功能的蛋白质已经产生。他声称第一个多聚体不一定需要高度特定性的序列以得到自然选择的保存。奥巴林有些回避信息难题。

我说“有些”是因为奥巴林的修改版还意图解释 DNA 中遗传信息的起源。他提出非特定（unspecified）多肽和非特定多聚核苷酸（polynucleotides）是凭机遇产生的，以后才加入到团聚体中。然后自然选择才开始作用于这两种分子，当它们逐步发展了有功能的特定的蛋白质和基因，就有优势胜过未发展功能的分子。⁶ 当团聚体中 DNA 和蛋白质的特定性增加了，它们就互相联合，逐步产生代谢过程以及信息储存和传递的功能。以此奥巴林尝试顾及到遗传材料对生活系统的重要性的明显的首要性。这样做，他还企图反驳另一自然发生说竞争者的理论，那就是称之为“基因理论”倡议者所提出的批评。⁷

“基因理论”倡议者，例如缪勒（Hermann J. Muller）相信生命首先从一个单一（“活的”）基因分子进化起来的。这基因分子是化学组合的幸运儿。对这些理论家来说，DNA 对信息储存的头等重要性和蛋白质合成的起步的重要性，提示了奥巴林原始理论的不足。缪勒批评奥巴林的观点，说生命首先起源于有代谢能力的多分子系统（就是在团聚体中），“因为已知基因改变导致代谢改变，但反过来说已经知道是不行的。奥巴林 1936 年的著作对特定基因分子的无言，对批评是难防守的因它解释 DNA 之谜是不足的。但在上世纪 60 年代，奥巴林改变了他的理论来适应有关 DNA 的功能、结构和自我复制的机制和蛋白质的合成。⁹ 这个改进使它应付了早期的挑战而维持了一二十年的生命。¹⁰

然而奥巴林修改后的理论，几乎立即遭到了批评。第一，许多科学家发现了奥巴林的**前生物**（prebiotic）的自然选择是有问题的。自然选择只能在能够生殖或自我复制的机体中生效。然而

第十三章 机会和定律，或“帽子里的猫儿又回来了”

所有现存的细胞中，自我复制有赖于功能，因之必须有序列特定的 DNA 和蛋白质分子。理论生物学家霍华德·派蒂 (Howard Pattee) 解释道：“没有任何证据显示遗传性进化（自然选择）能在细胞之外发生。这些细胞已经有……DNA，有复制和翻译的酶，以及自我复制必要的所有控制系统和结构。”¹¹但是这个分子生物学的事实就使奥巴林的前生物 (prebiotic) 的自然选择成为明显的困难。为了解释 DNA 中特定信息的来源，奥巴林企求于一个先存的特定序列（就是富有信息的）DNA 分子的过程。然而，这个分子恰恰是他的理论所应当解释的。克里斯琴·德杜维 (Christian de Duve) 解释说，前生物的自然选择理论必定失败，因为“它需要信息，他们暗指此信息是先存的，但这却是首先必须解释的。”¹²

我在讲课中用一个比喻来讲前生物用自然选择是逃避问题的论证 (beg the question)。这比喻是说一个人跌落到三十英尺深的井里。他知道要爬出这个井，它需要一个梯子。不因这困难的严重性所动，此人就回家从车库拿了一个梯子来，回到井底，架起梯子，爬出了井。这从车库来的梯子正是他所需的。但是这比喻就恰恰指出了这个逃避问题论证的明显缺失。这人怎么从井底出来去取车库的梯子呢？同样，前生物自然选择概念的逃避问题论证是自然如何产生必需的特定序列，富有信息的 DNA 和蛋白质，来自我复制呢。就是这个原因，杜布赞斯基 (Theodosius Dobzhansky)，廿世纪领先进化论生物学家之一，在 1968 年坚持说“前生物自然选择是自我矛盾的代名词。”¹³

然而公平地讲，奥巴林确实意图绕过这个问题。他的提议认为前生物自然选择的开头会作用于一串非特定的核苷酸和氨基酸。但是这就产生了这场景的另一个问题。研究者指出，任何分子系统若要抄录信息，就会受制于一个叫做“错误导致灾变” (*error catastrophe*) 的现象，除非这些分子有足够的特定性来保证无错误信息的传递。“错误导致灾变”产生的原因是小错误

细胞中的印记

(从功能必要的序列上偏离) 在不断复制中被放大¹⁴。因为分子生物学的证据说明，非特定的多肽不能正确地复制遗传信息。奥巴林所提议的过程，它的开始是非特定的多聚体，这就非常易于导致这种“错误导致灾变”。

因此，对奥巴林来讲要解释特定信息的起源就是他棘手的两难问题。如果一方面，奥巴林期望早期的化学进化的自然选择（就是在氨基酸，或核苷酸串的功能特定性产生之前。）正确的复制是不可能的。但是没有这种复制，差异繁殖（differential reproduction）就不能进行，那么自然选择就是非相干的。

另一方面，如果奥巴林在他场景的晚期再期望自然选择，那他就只能单单依靠机遇来产生自我正确复制所必需的特定序列的分子了。但于上世纪 60 年代的后期，许多科学家因为见到这种分子的复杂性和特定性的缘故，都已经认为这是不可取的。

自然选择的逻辑本身使奥巴林的困境更为明显。¹⁵ 正如达尔文所提的，自然选择的过程必须“选择”在功能上有利的变异。因之，它“选择的”只能是随机变异的产物。然而要从分子的随机碰撞来产生一个中等长度、有功能的蛋白质或 DNA 分子中所含有的信息是极其不可能的（见第九和第十章）。随机产生生物信息的不可能性就使“前生物”的自然选择没有说服力。因为它要求极高的（就是不可能的）可选择功能的起始阈值。就算给它全宇宙所有机率资源，要靠机遇产生一个有功能的蛋白质或 DNA 分子是极为不可能的（更不用说足以建立自然选择的一套分子了）。然而“前生物”自然选择的假设，预先假设了这一系列的不可能事件要先发生，否则它的自然选择就无从发生。

约翰·冯诺伊曼（John von Neumann）是 20 世纪杰出的数学家。他的著作使得上述的困境更为突出。1966 年约翰·冯诺伊曼证明，任何能够自我复制的系统必须有它的、像现存细胞的亚系统一样功能相当的信息储存、复制，并处理。¹⁶ 他的计算确立了最少生物功能的极其高的阈值。他这个结论被以后的实验所证实。¹⁷

以最小复杂度和有关的条件下有几位科学家在上世纪 60 年代后期 [冯诺伊曼，物理学家，尤金·维格纳 (Eugene Wigner)，和生物物理学家莫洛惠兹 (Harold Morowitz)] 作了计算，证明分子的随机起降 (变异) 是极其不可能产生所需要最原始复制系统的最低复杂度的要求。¹⁸ 我们已经在第九和第十章中看到产生一个复制系统的不可能性要远远超过产生这系统中的蛋白质或 DNA 成员的不可能性。

因之，在上世纪 60 年代后期，许多科学家开始认为，“前生物”自然选择的假设和纯靠机遇假设并没有任何分别。因为要能自然选择就要求完成起始的生物信息，这些到末了还得靠随机分子的碰撞。因之，“前生物”自然选择对信息产生的过程并无贡献。自然选择一定要在大以后，大量的功能上特定的信息靠机遇产生之后。奥巴林的“前生物”自然选择成功之处只是把问题推到了极小可能的混浊领域中去。

先有 DNA (模型)

我探索结合机遇和定律的不同模型时，见到一些相当有创意的建议。其中最富有创意性的是亨利·奎斯勒 (Henry Quastler) 在 1964 年所提出的。奎斯勒是最早应用信息理论于分子生物学的先驱。他提出 DNA 首先出现的生命起源模型。这个模型以机遇过程创造了非特定多聚核苷酸，但它能以碱基互补配对来自我复制 (化学定律)，和奥巴林一样，奎斯勒认为这些起始的多聚核苷酸不需要特定序列就产生了特定的蛋白质。¹⁹ 奎斯勒认为这是他模型的优点。他也承认要产生一个够长的、特定的核苷酸序列能像基因一样工作是极为不可能的事。然而，他知道如果 DNA 的序列没有任何限制——如果任何序列都行的话——那末单单机遇就可以成功。

然而，生物的特异性，和有功能的信息从何而来呢？奎斯勒

认为特定性在以后才发生。等到他的多聚核苷酸系统——以机遇——和一组蛋白质和核糖体相助下，所产生的核苷酸的序列刚好能制造蛋白质。在某一个时间，以前的非特定的多聚核苷酸序列获得了特定性和功能上的有意义性。这是由于它和其他分子系统相联合用以产生蛋白质。这样奎斯勒就以多聚核苷酸的“记忆住的偶然选择”作为信息的起源为特征。²⁰

奎斯勒用一个数码锁来说明他的想法。他请读者想象一个主人无目的地选择了一个密码（任何一个密码）。奎斯勒说一旦这个密码肯定了下来，他人就可以转动数码盘来配合它。结果这个密码就可以开锁了。奎斯勒用这个例子来证明原始完全是机遇的非特定序列，如何能够在以后获得功能的特定性。

奎斯勒想象的场景有一个最明显的困难他没有说明赋予起始分子系统功能显著性和特定性的来源。以奎斯勒的数码锁的例子，一个自觉的人选择了一个密码以使起始密码功能上有意义（译注：打开锁），再者，工程师在设计锁的时候使得他可以选择个人特定的密码。然而奎斯勒刻意排除了有意识的设计作为解释生命起源的可能性。²¹他看来提示最初一组功能性特定蛋白质（和翻译系统）的起源，完全是出于机遇来创造多聚核苷酸和蛋白质的“共生关联（symbiotic association）”。²²他给了一些粗略的计算来证明一个多分子系统可以在前生物汤中以机遇产生。但是这些在1964年所作的计算已经不可信了。他大幅度地低估了以机遇产生单个蛋白质的不可能性，姑且不提整个基因-表达系统。²³

再者，奎斯勒解决生物信息起源问题的方式，给我们再一次明显看到转移问题的例子。奎斯勒“解决了”核苷酸复杂特定性的起源。却把它转移到了同等复杂和特定的蛋白质、RNA、核糖体系统上去。以他的场景，最早期任何多聚核苷酸已经足够了，但是蛋白质和核糖体材料等用以翻译的系统到以后才产生。不过它们比原始多聚核苷酸序列还要有极高度的特定性。每一个分子也要有它的特殊形状和序列，为了要有像奎斯勒所期望的那样的

功能，来转换非特定的核苷酸基成为蛋白质。这些蛋白质应该有正确的氨基酸序列可以退绕（unwind）和复制基因信息。此外，核糖体蛋白和 RNA 等也要有精确的序列折叠成亚单位以互相吻合形成有功能的核糖体。转运 RNA 应当中介特定的联合，以使随机序列的核苷酸基可以变成有特殊序列的氨基酸。而这些所生成的氨基酸序列就安排恰到好处，能折叠成一个三维的稳定结构。和我所遇到的其他场景一样，他意图避开序列 - 特定性难题仅仅是把它转移到了别处。

超循环 (Hypercycles)

在上世纪 70 年代后期，科学家提出了另一个流行的结合机遇和化学定律的模型来解释生命起源²⁴。曼弗雷德·艾根 (Manfred Eigen) 是一位德国生物化学家，曾于 1967 年获诺贝尔化学奖。艾根提出一个叫做超循环的系统来解释新的生物信息和结构可能是如何随着时间积累终而产生生命。²⁵ 超循环就是假设一个有许多酶和 RNA 分子组成的自我繁殖的系统。在超循环中，酶和 RNA 分子互相进行化学作用以使整体系统有结构上的改善。当一群酶增加了序列特定的 RNA 分子复制率，会促使增加其他 RNA 分子的复制率，依次会增加其他酶的复制率，再依次增加不同 RNA 的复制率，以此类推。最终，一群酶增加了反应次序的第一组 RNA 的复制率，此循环不断重复 (见图 13.1)。理论上超循环的 RNA 和蛋白质分子可以组织成互相依赖的方式，所以从整体来说，超循环得到某种结构上的稳定性。由于艾根提议是作为分子信息和结构如何在一个原生细胞中增加的机制。有些人认为，他至少在理论上解决了与生命起源有关的信息问题。

这个模型的评论者，其中包括进化论生物学家约翰·梅纳德·史密斯 (John Maynard Smith)、物理学家弗里曼·戴森 (Freeman Dyson) 和化学家罗伯特·夏皮罗 (Robert Shapiro)，他

细胞中的印记

们都驳斥这个猜想。他们证明艾根假设的循环，最有可能随时间而使基因信息失去或降格。²⁶他们指出，艾根所设想的超循环，缺乏一个自我复制的纠错机制。其结果，随时间而会在不同的“错误导致灾变”中被压垮。其结果是消失而不是增加系统所包含的特定信息。

然而不管怎样，超循环有一个明显的限制。在形成这概念时，艾根预设了一个大的初始补充信息，这是以序列特定的 RNA 分子和大约四十个有功能的蛋白质为形式的。这样，他的模型并没有解决，即使理论上也没有解决生物信息的最终起源问题。最多，这模型不过可能说明，信息从已有的来源增加而已。即使这点也遭到上述作者的批评而被怀疑。艾根自己也承认超循环预设了，但没有解释生物信息的最终来源。他注意到这个超循环模型是为了说明信息和结构可能如何发展而不是讲起源²⁷。

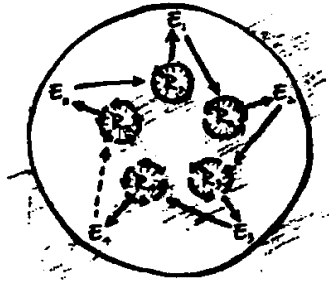


图 13.1 曼弗雷德·艾根超循环的图解，图中 E 代表能够复制 RNA 的酶，在圈里的 R 代表 RNA 分子，请注意，超循环既要补充序列特定的酶也要补充富有信息的 RNA 分子为起始要求。

计算机内的“生命”：基因运算法则 (Genetic Algorithms)

如今看来，从真实活细胞中的分子成分用机遇和定律来设想生命的起源越来越难了，进化论生物学家转而求助于利用计算机程序来模拟生物信息。最早的尝试出现于上世纪 80 年代后期。

那时道金斯和库柏斯（Bernd - Olaf Küppers）分别企图模拟自然选择作用于随机突变能够解释生物学信息的来源。他们分别发展软件来模拟基因信息的产生。²⁸他们都接受单纯依靠机会是没有可能的，而企求库柏斯称之为“达尔文优化原理（Darwinian optimization principle）”。他们都用计算机来展示自然选择的有效性。因此，他们都用了典型的达尔文方式来联合机遇和定律。

为了显示机遇和选择如何能够产生信息，道金斯和库柏斯首先给计算机程序一个目标序列以代表所期望的有功能的多聚体。在他们的程序中这个目标序列是一个英文短句，例如从莎士比亚的《哈姆雷特》剧中的一句话“*Methinks it is like a weasel.*”下一步计算机程序就产生了另外和目标有同样长度的字母序列。然后计算机再随机产生许多序列。然后，计算机就从这些序列中选择最接近于目标序列的几条。计算机就保留这些序列，然后就扩大生产它们，消灭其他（用来模拟差异繁殖）然后再重复这过程。按照库柏斯的说法，“每一个变异序列如果稍微比较有意义或与参照序列稍微像一点……就容许它繁殖得快一些。”²⁹仅仅三十五代以后，他的计算机就成功地拼出他的目标序列，“*Natural selection* 自然选择”。道金斯的模拟稍长一些，仅仅四十三代，他的程序就产生了：“*Methinks it is like a weasel.*”从远处来看，这些模拟是很不错的。但是他们都隐藏了一个明显的漏洞：（生物）分子本身并没有一个“在思想中”的目标序列。在生物学上，生存差异有赖于维持功能，直到功能性序列存在在先，选择是不能运作的。直至它们和功能上有优势的安排结合之前序列也不能给细胞以任何选择性优势而因此有差异繁殖。自然界（生物学上或化学上）没有任何对应于计算机的功能要去选择没有优势的目标序列，虽然它却比其他序列“好一点点（one bit better）”。这个模拟即使以它自己的条件来说也是没有意义的。例如“*normal election*”串，要比“*mistress defection,*”更接近“*natural selection*”，但是两者在语言沟通上都没有产生表达“*natural selection*”上有

细胞中的印记

任何优势。如果这是个目标的话，它们都同等的无效。

更重要的一点，一个完全无功能的多肽，对没有实现的目标蛋白质来说不会赋予假设性的原生细胞以任何选择性的优势，即使它比其他无功能的多肽“更相似一点点”。这种分子不能被保存，而是要被消灭的，那就是进化中的过程被停止了。但是从库柏斯和道金斯所公布的模拟结果来看，早期几代的变化短句充满了无功能的胡言乱语。³⁰道金斯的模拟，没有一个有功能的英文字出现，直等到第十迭代（iteration）（不像上例那样的慷慨，它以虽然错但是真实的字作开始）。很清楚，当一些序列还没有任何功能之前，是不可能用比较其功能性的优势来选择序列。要作出这种决择，必须容许考虑到序列是否接近未来可能性的功能，但这是要求预知的，而这预知恰恰是自然选择所缺失的。

哲学家兼数学家柏林斯基（David Berlinski）表示，基因运算法则需要某种相当于“前瞻记忆”才能得到成功。但是这种前瞻性的选择，在自然界并无任何类似情况的存在。³¹生物学上，存活差异是基于维持功能。新功能序列未出现前，选择不能发生。自然选择缺乏前瞻性。计算机以人所编程序因之能基于将来的目标或终点的相对靠近程度作选择。但暗示（生物）分子也能够这样做，这是非法地把自然人性化了。因之，要说计算机模拟有什么成就的话，它微妙地显示出需要智能来决定选择这一些，排斥那一些——也就是，创造信息。

Ev

自从库柏斯和道金斯的文章发表以来，其他生物学家就发展更为精良的进化运算法则来模拟突变和选择——以机遇和定律——能够产生新的信息。其中最著名的运算法则叫做 Ev。Ev 是托马斯·施耐德（Thomas Schneider）所创，他是美国国立卫生研究院（National Institute of Health, NIH）的生物学研究员。³²施耐德

提出 *Ev* 成功地模拟信息的“从头开始”而产生，这样就支持他的声称，就是无指引的唯物过程“复制、突变和选择以发生信息增益是必须和充分的。”³³

具体来说，施耐德声称 *Ev* 能够模拟核苷酸结合点。核苷酸结合点是在基因组某一特殊基因上游很短的一段核苷酸序列。这些结合点使得 RNA 多聚酶能在基因组上结合到正确的部位，以使它在这点阅读并抄录这基因。一般结合点有六到二十个特定序列的核苷酸。是一个小量（而特定的）信息，它和整个基因相关。施耐德声称“他的程序模拟了进化出一个新结合点从头开始的过程。”³⁴他还声称 *Ev* 程序已经产生了一百三十一比特（bit）的信息。³⁵

虽然 *Ev* 程序比起早期库柏斯和道金斯的程序用了稍微复杂的亚程序组，他还是用了同样的策略以保证此程序能产生富有信息的序列。和库柏斯和道金斯一样施耐德给了 *Ev* 一个目标序列，在这里就是一个能在结合点工作的特别碱基序列。然后用程序随机产生一堆等长的序列。照表达结合点轮廓的有利序列，*Ev* 就对余下的序列施用了适合性函数。这适合性函数就对每一个突变序列给出误差计分，来计算它们和目标序列的偏差度。然后 *Ev* 程序就保留那些误差（就是和目标差异度）最小的序列，并容许它们复制并突变。³⁶他就不断重复以上过程，最后 *Ev* 就汇集到目标序列上去。

这个目标序列就是预知，他的适合性函数也同样。选择碱基是否接近未来的功能。因之它再一次模拟以目标为方向的预知，而这是自然选择所不具有的。他用了有关的功能状态（核苷酸结合点），自然选择就做不到这一点。

Ev 用了一个库柏斯和道金斯所没有的另加步骤。在 *Ev* 用适合性函数之前，他对收成的一大堆突变的序列用了一个筛选器，这筛选器就给接近结合点目标轮廓的序列以优惠。和适合性函数同样，这个粗略的筛选器就已经采用了结合点的功能性要求的信

细胞中的印记

息来给优惠以一些胜过另一些。这就是说它赋予了基于托马斯·施耐德自己的知识为基础的信息，而不是自然选择或是环境所赋予的。Ev 展示了它设计者的天才。

信息的会计学

近来，罗伯特·马克（Robert Marks）分析了包括 Ev 在内的进化论运算法则。马克过去在西雅图州立华盛顿大学，现在到了德州的贝勒大学。马克证明和它们过分热心的创造者所声称的相反，像 Ev 那样的运算法则（algorithm）并不“从头开始”产生大量的功能性特定的信息。相反，马克证明，这种运算法则所产生期望的信息能成功，是把所期望的结果（目标）给了它，或是信息进一步地在计算机寻找目标时提供。为了证明这个，马克区分和界定三种信息：外源性信息、内源性信息和主动信息（active information）。

“内源性信息”是指目标（或终点）所含有的信息。它还评价搜寻目标的难度——这就是其他同样可供选择的扩大区域中（以指数倍升的）寻找特定序列或目标的不可能性。回想到系统序列中的信息量和序列或系统，以机遇产生的可能性成反比（即信息量越大机会越小）。如果找到目标的可能性是小的话，那么用以找到目标的信息就相对要大。计算可供选择的可能性区域（目标在此区域内）的大小，计算机科学家就可以定出以随机搜寻得到目标的几率和此目标的信息含量。马克分析进化论的运算法则证明，要产生或找到（内源性）目标所存的信息，一个程序员必须设计一个搜寻运算法则，以减少搜寻的信息需要量到一个可控制的程度。这个由程序编制员用以减少找寻难度而加入的信息，他称之为“主动信息”。“外源性信息”就是内源性信息减去主动信息后的差数。以它来度量剩余信息搜寻问题的难度。³⁷

马克批评，Ev 和其他进化论的运算法则证明，所有所谓的成

功地模拟了无指引的突变和选择，实际上有赖于几个主动信息的来源。例如 Ev 用了一个筛选程序这个主动信息，来给符合结合点核苷酸序列轮廓的序列以优惠。此外，他在每一迭代的评价运算法则或适合函数采用了主动信息。Ev 的适合函数应用了有关目标序列的信息，来评估由程序所突变的序列和预先定下的目标的差异。那些具有最低误差值的——最大接近于预先定下的目标——就被选上，繁殖和变异。马克证明每当程序用了目标序列的知识来排除某一些，选择另一些，它的选择就递给了一个可度量的信息。马克就度量主动信息而证明他们就远把困难度减少到一百三十一比特以下，这就是施耐德称之为的“从头开始。”³⁸他还证明，内源性信息即使在稍微难一点的搜寻问题中如不加上“主动”信息来帮忙，也不能产生（或解决搜索问题）。

Avida

自从 2000 年 Ev 发表之后，另一个进化论运算法则引起了广泛的兴趣。这就是 *Avida*——A 代表人工的（artificial），而 *Vida* 代表生命——它最初是由三个计算机科学家在 1993 年设计的：加州理工学院的克里斯托弗·阿达米（Christopher Adami）和蒂图斯·布朗（Titus Brown）以及密歇根州立大学的查尔斯·奥弗里亚（Charles Ofria）³⁹。2003 年，阿达米和奥弗里亚，集合了生物学家理查德·兰斯基（Richard Lanski）和哲学家罗伯特·彭诺克（Robert Pennock），他们二位也都是密歇根州立大学的，共同发表了一篇文章在《自然》杂志上，叙述他们用 *Avida* 模拟进化的结果。⁴⁰文章中作者们声称“数字机体（digital organism）”能够复制并以“随机变异和自然选择”产生复杂特征和功能。⁴¹*Avida* 现在广泛被认为它证明了生物复杂性（和假定的必要的信息来产生它）能够单单由机遇和定律两个因素来达到⁴²。与其他早期道金斯、库柏斯、施耐德等的模拟不同，*Avida* 并不给计算机特定的

细胞中的印记

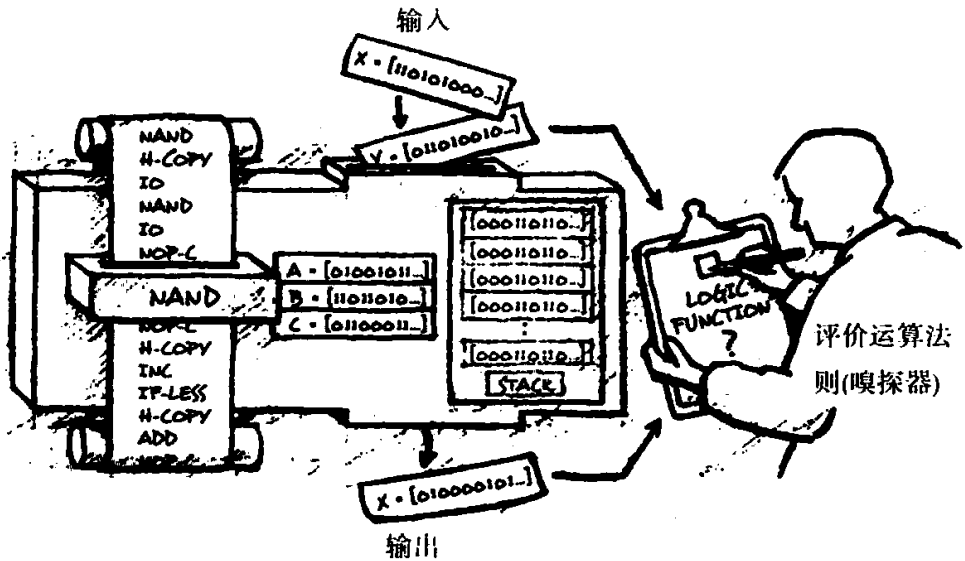
目标序列，它也不以是否接近将来可能功能目标来作序列选择。那么它是否因之就演示了机遇和定律的功效，而早期的模拟所没有达到的呢？

Avida 有两个主要部分，*Avida* 世界 (world) 和 *Avida* 数字机体 (digital organism)，这些机体散布在这世界中。数字机体有两个基本部分：软件和硬件。每一个 *Avida* 机体有一个小的软件程序，含有一个指令环，其中一组有二十六个预先制定的命令。此外，每一个数字机体还有虚拟硬件，可以执行上述一组二十六个可能性中的每一个指令。

这些指令引导 *Avida* 机体于两个固定输入二进数字串上去完成不同的操作，因之产生了不同的输出串。这个指令环上有一个程序，用以复制这个环。（最初，这指令就只作复制这一件事）在复制以后，这个指令环就产生突变，这是 *Avida* 世界对这环作随机的改变，例如插入、删掉，或指令互换等，这就使 *Avida* 机体有可能从两个固定输入串产生新的输出串（见图 13.2）。

这些 *Avida* 机体（众数）存在于一个更大的 *Avida* “世界”中。*Avida* 世界代表一些规律，这些数字机体要按照它来运作和竞争生存。*Avida* 世界有一个评价运算法则 (algorithm) ——我有一同事称他为“嗅探器” (sniffer) ——来探测在所给数字机体输入序列和它所产生的输出序列之间是否能找到九个逻辑关系中之一。另外一个方法来看这个设计就是，这个“嗅探器”是评价“逻辑功能”是否已作用在输入串上以产生输出串。例如，嗅探器探到的逻辑功能之一是“或” (OR)。如果这个“或”功能作用在一对二进数字上，如果这数字或另一数字至少有一个“1”，那么这个“或”就会产生一个“1”。不然的话，它就产生一个“0”。⁴³如果输出串所有的二进数字显出曾有任何九种逻辑功能之中施行于每对二进数字连同两个输入串，那嗅探器就可以识别有一个逻辑功能是施行了（见图 13.2）。

（图中的人形不过代表其效果）比较输入和输出序列，看是



评价运算法则

图 13.2 *Avida* 机体在 *Avida* 世界的视觉表达。左边的指令环在输入序列上运作（上），存在中央的记录器以产生输出序列（下）。

否九个特定的逻辑关系存在于两个序列之间。如果有，*Avida* 就会奖励 *Avida* 机体以资源来帮助机体自我复制的能力。

这样，*Avida* 就奖励曾行过逻辑功能的机体使它复制的能力进步。复制不是完美的，意思是说 *Avida* 机体的后代能对程序环的指令有随机的改变。这改变包括替代原有指令以另外的指令（从那 26 个指令组），插入一个指令（使环变长），或取消指令（使环变短）。

这篇登载在《自然》杂志（*Nature*）上的文章的作者声称，用了 *Avida* 模拟自然选择和突变可以用重组基因组指令产生更为复杂的功能。他们的模拟证明多代以后，*Avida* 所产生的数字机体能够做简单和复合的逻辑功能。（复合逻辑功能是按序完成一连串分别的逻辑功能）⁴⁴。如作者所说，从一个数字机体开始它只能自我复制，*Avida* 进化到“数字机体能够完成多种逻辑功能要求协同执行多种基因组指令。”⁴⁵ 由于在真实机体中，生物功能无

细胞中的印记

例外地是从特定碱基串所实行的——那就是，从特定信息——而且因为 *Avida* 作者声称它模拟了产生复杂的功能，他们还有效地声称模拟了新的生物信息 *the*。因此，这个最先进的运算法则是否真的解决了或至少模拟了 DNA 之谜的答案呢？嗯，不那末确切。

Avida 预设了信息

首先，即使从一个已存的活生物开始，要藉它展示生物进化可以产生新的生命信息，*Avida* 离开所期望的还甚远。我曾在一个伴随文件中作了较详细的讨论，⁴⁶ *Avida* 作为模拟生物进化缺乏现实性。因为所选择的逻辑功能来代表功能性显著性，用它来代表真实蛋白质或基因的信息量来说，它的复杂性是太低了。容许它选择逻辑功能比起真实的有功能的基因或蛋白质是太简单了。这个程序减小了自然界要面对的机率课题来“尝试”进化出第一个自我复制的细胞。因此，这个程序并没有模拟在适当大小组合空间的随机搜索如何能够产生新信息——首先必须有信息和结构以随机变异来产生，然后才能有自然选择以保存它。然而，任何整全的生物进化理论，必须明确地解释新的基因及蛋白质所含有特定信息的来由。

任何上述情况，*Avida* 并没有模拟到第一个机体所必需的信息是如何起源的。和艾根的超循环一样，*Avida* 起头就有了一套可观的**先存** (preexisting) 的信息，包括虚拟的“机体”，这机体事先就编好程序可以自我复制。*Avida* 机体中大量的信息已经存放它慎重设计的指令环内，其中有二十六个指令可供支取。这些指令表达的慎重设计的指令诸如“计算两个存储器的差值”。这些指令就指挥 *Avida* 机体去完成特定的工作，作用于如上述的输入二进数字串上。这些指令，不论是用 C++ 程序语言，或是机器语言，或是翻译成英语，都代表了一个大量的功能上特定的信息。

此外，起始环上已经有了指令使它已经特定地安排好程序可以自我复制。这些小心地安排在环上的指令序列就是另一个指令序列之外重要的先存信息。更有甚者，一个错综复杂设计的计算机设备来阐述指令组。这个计算机硬件就是一个高度不可能的精确配置的各部件。这些部件用了大量的结构上的信息，要求一个大量的（原则上是可计算的）数字信息的输入来制造。因此，如果 *Avida* 机体能够告诉我们生命起源些什么，它们告诉了我们要有有一个能够自我复制的并被选择的机体，要提供多少必须信息方能产生。

为了公平起见，*Avida* 提倡者并没有特地声称他们的程序模拟生命起源的细胞所必需的信息。他们声称 *Avida* 证明新复杂功能和特征（以及必要的产生它们的指令）如何从先存的机体中可能如何产生。即便是这样，大量围绕 *Avida* 的炒作（hype 扩大宣传）并没有把两者分清。最近在牛津大学会议的讲演中，*Avida* 在《自然》刊登之文章的四位作者之一的罗伯特·彭诺克声称——断然地——*Avida* 模拟自然选择和随机突变制造了“没有设计者的设计”。⁴⁷

即使不谈 *Avida* 程序本身的智能设计，也让它一步从先存自我复制的机体开头模拟了没有设计者的貌似设计，它也还不能说 *Avida* 模拟了最显著的设计表现那就是原始的“基因机器语言”的起源。代之以 *Avida* 预设了，但是没有解释，第一个自我复制机体所必要的信息来源。*Avida* “解决了”生物信息起源的问题，但是一开头就预设了它的解答。他仅仅多用了一些“粉红色”溶剂来冲淡这些“粉红色”的东西。

信息的守恒

Ev 和 *Avida* 企图模拟自然产生 DNA 之谜的失败，表明了进化论的运算法则的更为普遍的难题，这恰恰是有关信息本身更普遍

细胞中的印记

的原理。无一例外，进化运算法则成功地产生特定信息（或它相当的功能）是先存信息的结果，或是计算机科学家的编序技术，或二者皆有。除了小量和能度量的信息可通过随机过程而产生之外，靠这些运算法则所产生的信息不能超出设计者程序员（和设计硬件的工程师）所供给的信息。有些程序，例如道金斯的简单模拟，程序员为得到结果所提供的信息是很明显的。其他程序，例如 Avida，程序员则起了一个微妙的作用，然而没有一个能够逃脱关键信息源输入的详细审查。不论怎样，以计算机为背景，信息并不像变魔术似的像没有计算机科学家的协助而产生的一般。

我的办公室是在华盛顿州的里士满（Richmond），那里我有一些计算机程序员朋友在附近的软件公司工作。有一位四十刚出头就退了休的程序员，他过去是微软精英软件建构级程序员。他还对生命起源和进化论运算法则有兴趣。对这些程序他说过一些有趣的话：“这些运算法则的结果一点也不出乎意外。这些计算机程序从一开始就以解答为汇集方向编的。程序员就设计（程序）码来执行它。如果要出乎意外的话那就是程序没有以解答为汇集方向而行。这就反映了程序员的技术不佳。输出端每一件有兴趣的事都是程序员技术的结果——信息的输入。没有神秘玄妙的输出。”

计算机科学有两项原理以定律形式理清这个洞见。诚然，这些原理能在某些情况下是可以从小心分析进化论运算法则本身所得到的。第一个原理是“没有免费的午餐”（NFL, No Free Lunch）定理。这个定理首先是大卫·沃尔珀特（David Wolpert）和威廉·麦克雷迪（William Macready）两位美国宇航局艾姆斯研究中心（NASA Ames Research Center）计算机科学家研发的⁴⁸。它描述了一种约束，这约束是进化运算法则所一定要面对的。当他们意图寻找富有信息的目标时——例如一组有意义的字母或是核苷酸碱基的有功能的排列——在一个大组合空间（combinatorial

space) 里。NFL 定理说，进化运算法则一般来说，不会比盲目搜寻广大可能性空间的目标来的高明。除非给予运算法则以外界信息指向目标。换句话说，寻找一个富有信息的目标通常需要大量的“主动信息”来减少随机搜寻的难度到一个可以控制的程度。（那就是和进化运算法则可能达到的机率资源相称的这个程度。）

“二十个问题”的游戏就说明了这个原理。玩这个游戏的一方掌握了某人、某地或某事物的信息，另一方就要设法猜到它。如果猜谜者比较聪明，他就可以用一系列的问题寻求是或否的答案来得到信息，从而逐步缩小可能性的范围。当每一次问询者得到是或否的回答时他就得到了信息。NFL 定理就说明这些信息通常是——除非是一个非常幸运的搜索——对成功的搜索是不可缺少的。道金斯的模拟是这原理很明显的一个例子。他的模拟运算法则的成功，是因为他从外界给了信息的来源——具体来说，一个目标序列和一个适合性函数——计算机就在每一步搜索中用它来导引和选择序列。

NFL 定理肯定了那从仔细分析每一个进化模拟所显示的：进化模拟所产生的信息不是“免费”的，那就是不用程序员的输入就可以得到的。大量信息的输出要求（大约）相当的信息输入。

第二个原理与评价进化运算法则有关，是和第一个原理密切相关的。它的名字是“信息守恒定律”（Law of the conservation of information）（COI）。利昂·布里渊（Leon Brillouin）是个美籍法国人，是物理学家和计算机科学和信息理论的创新者。他以最基本的形式陈述这个定律：“计算的机器并不产生新的信息。”⁴⁹ 罗伯特·马克（Robert Marks）有一个多彩的说法来表达同样的意念。“计算机，”他说，“并不比用 iPod 创造音乐的能力更大来创造信息。”（iPod 不作曲）计算机科学家们也曾制订了不同的数学上精确的信息守恒律来表达这个基本原理。大多数的陈述是以初始状态（包括硬件和软件）的某种可量度的范围，等于或大于最终状态的信息量。仔细分析进化运算法则确认了这个原理。基因信息

细胞中的印记

能够“解决”信息问题，只要程序员事先提供有关目标序列的逼近度、选择标准等信息，或精确序列的指令环。

但是我注意到了另一些事情。信息守恒定律看来可应用到计算机范围以外。确实的，大多数人从我们的经验可知一般信息会因时间而降级，除非一个智能者产生（或重新修复）它。时间的沙尘磨没了古埃及的碑文。顶楼漏水使旧报纸的墨迹模糊，以至于不能全部看清。在“传话”的游戏中，最后一个孩子所听到的比最初耳语给第一个的大不相同。常识也肯定了这个经验——前生物模拟试验和生命起源的研究也同样。模拟实验产生了生物学上有关的分子，但这只有在实验者操纵初始条件和引导后果下——那就是，只有他们首先给予特定的信息才行。这些生命起源的理论的“成功”产生了信息的起源，除非预假设大量的信息在预先存在的形式中。

在这启发下，我自己也制订了一个守恒定律为运作假设（working hypothesis）来萃取我在生命起源研究中所得到的经验。由于我并不主要着眼于生物进化是否能产生特定的信息，我决定来制定一个“保守”的守恒定律。这是一个只在非生物背景下适用的（因之不会有富信息的初始状态）。我陈述的定律并不牵涉无指引的自然过程能够从先存生命形式产生和增加特定信息。但它确实包括了不断试验所显示的单单以信息在化学和物理中的流动。

我的信息守恒定律版本如此说：“在一个非生物背景，一系统中的起始特定信息的量， S_i ，一般等于或超过终末特定信息的量 S_f 。”这个定律只容许两个例外。第一，如果智能者选择启动某一个有潜能的状态而排除了另外其他的，因之就增加了系统的特定信息量。第二，这个随机过程有可能偶然增加了系统的信息含量。后者情况要限制于系统所能有的“机率资源”。我在第十章中讲到，整个宇宙的“机率资源”等于 10^{139} 次试行，这就折算到信息量度小于五百比特。这就是从大爆炸奇点以来至今所有凭

机遇产生的最大信息增长值（不算智能者的参与），这是可以理喻的限度。一个系统仅仅经历短促的时间就只能有相对为小限度的最大信息增长。但事实上，如果没有智能者给予输入的话，它会经历信息流失或退化。把这些注意事项都算在内，以下是这个律的综合陈述：“在一个非生物的背景下，且没有智能的输入，系统终末特定信息的量， S_f ，将不能比初始系统特定信息含量， S_i ，多过机率资源在此系统所能产生的信息比特数，在整个可观察宇宙中机率资源只有五百比特为极限 [译注：见第十章 197 页译注]。”⁵¹

结论

信息守恒定律，在不同方式下描述了转移问题的现象。我见到这个现象已是多次展示在解决 DNA 之谜的企图中。基因运算法则在一个明显人工领域的计算机以模拟特定信息产生的失败，再一次显示了这个普遍存在的问题。这种以模拟纯粹无指引的过程会产生信息的企图，只是把信息的问题后推到一个肯定的指挥的实体——人的头脑。因之，这是一个奇特的非意料中的道路，部分地从分析进化运算法则而导出的守恒原则指向了一个特定信息的外来的源头。为这个原因，信息守恒定律对生命起源的辩论有着深远的意义。

但这个守恒律是否是真？它当然与我日常非科学经验所知道的是一致的。之后，在我研究生命起源的过程中，也没有发现任何迹象是与此定律相违的。实际上与此相反。一个接一个的模拟试验，毫无例外地，都不能解释生物信息的起源这个 DNA 之谜。这些理论看起来解决了信息的起源——那个“粉红色的东西”——其实，只不过是把它转移到了别处。

然而我还知道另外一个主要的有关生命起源的假设在吸引人们的注意力。它还是用机遇和定律的结合，但是它比无生源说

细胞中的印记

(abiogenesis) 从一个更早的时间来作自然选择。这个假设还持有可能解释古典“鸡和蛋”(DNA 和蛋白质互相依存)问题的解答。它把无生源说的起源移到一个另外的地方——或不如说,另外的一个分子。

被称之为“RNA 世界”假设,是一件大事。这个主意现在获得了科学界的广泛注意。而且有一批实际工作的分子生物学家正在这上面努力着。这个模型是否解决了生物信息来源的问题而不把它转移到别处去?它是否驳倒了信息守恒定律,或至少记录在案有这么一个例外?在我归结生物信息指向智能的源头之先,我知道我需要详细考察这个理论。这个主意太重要、太流行到了不可忽视的地步。

第十四章 RNA 世界

本章提要

- * RNA 世界不成立的理由。
- * RNA 的构建单元难于合成而易于破坏。
- * 核酶是低劣的蛋白质类酶替代品。
- * RNA 为基础的翻译和编码系统是不可行的。
- * RNA 世界不能解释遗传信息的起源。
- * 核酶改造并没有模拟无定向的化学进化（智能定向）。

到上世纪 80 年代中期，许多学者得出了结论：不论是 DNA 为先还是蛋白质为先的生命起源模型，都被重重困难所包围。为此，他们要寻求第三种途径来解释生命起源之谜。这些科学家们提出最早期阶段的自然发生是在一个以 RNA 世界为主的化学环境中展开的，至于第一个信息分子是 DNA 还是蛋白质则不去探究。第一个提出这种构想的科学家是伊利诺伊思大学的一个微生物学家，卡尔·沃尔斯（Carl Woese）。后来瓦尔特·吉尔伯特（Walter Gilbert），一位哈佛的生物物理学家，发展了这种提法，并杜撰了“RNA 世界”这个目前众所周知的术语。¹

RNA 世界恐怕是当今最为流行的生命起源理论了。世界上一些最负盛名的实验室里的科学家们进行了 RNA 分子的实验研究，

细胞中的印记

试图证明其可行性。在许多科学家的观念中，RNA 世界的假说为解释生命到底如何起源建立了一个有前景的框架。

2000 年春季，我就遇到了这样的一位科学家。当时，我刚刚为纽约一份著名的《纽约观点》期刊的四月期写了一篇有关 DNA 和生命起源的文章。² 当我收到读者的来信，看到其中一封来自于一位尖苛的批评家时，我开始脸色苍白，此君是布朗大学的生物学教授肯尼斯·米勒，也是一位老练的辩论家。难道在我的论证中所报告的生物学细节上有何错误么？不过，当看到他的责问时，我却轻松了很多。米勒宣称在我对于试图解释生命信息起源的批评中，遗漏了“RNA 为先”的假说。他断言我无视“近二十年在这方面的研究”，没有告诉我的“读者有关及其简单的 RNA 能作为生物催化剂甚至自我复制的实验。”³

米勒只对了一半。我并没有将这些实验告诉我的读者。但我确知二十年来这个主题的研究并没有解决生物信息起源的问题。因为篇幅和杂志版面所限，我才决定在我那篇原文中不涉及这个题目。但如今米勒的来信却让我有机会这样做了。

那时我正在阅读对 RNA 世界假说高度不满的生命起源专家的一些研究性文章，在给米勒的回复中，我引用并总结了他们的许多论据。米勒那里对此是了无声息了，但之后的几年中我参加了许多会议，我发现他绝非孤家寡人。尽管领先的生命起源学者对于 RNA 世界说的普遍质疑，许多从业的分子生物学家，包括一些知名实验室的非常杰出的科学家，仍在持守着米勒的狂热。不仅如此，我还发现其中许多分子生物学家，对于 RNA 途径的可行性很是自信，受此激发，最近又启动了新的实验工作。但他们解决了信息学的问题了么？

次事居首

RNA 世界是一个鸡和蛋不再互相纠结不清的世界，至少曾经

这样希望过。构建蛋白质需要 DNA 中的遗传信息，但离开了许多特定的蛋白质和蛋白质复合物，DNA 中的信息又无从得到处理。这个难题已经纠缠了生命起源学家们几十年。发现了某些 RNA 拥有在蛋白质中所看到的某些催化特性，为这个问题的解决提示了一条出路。RNA 为先的倡导者提出在生命发展的某个早期阶段中，RNA 发挥着现代蛋白质的酶学功能和现代 DNA 的信息存储的双重功能，这样就跳开了对最初的生命系统中 DNA 和蛋白质的相互依存系统的需要。

经典的 RNA 为先模型结合了随机事件和一个规律性的必然过程，尤其是自然选择过程。正如吉尔伯特等所设想的，一个能够自我复制（或复制它自身的复制体）的 RNA 分子通过在前生物汤中随机结合了核苷碱基、糖和磷酸而首先出现（见图 14.1）。因为这个 RNA 酶能够自我复制，自然选择随之而起作用，使得原始的自我复制 RNA 系统复杂性的逐渐增加成为可能，最终产生了具有我们今天所观察到的一个细胞的特征。这条路走下去就是，一个简单的、能够自我繁衍的膜，包裹了最初的 RNA 酶和前生物汤中的一些氨基酸⁴。

依照这个模型，这些 RNA 酶最终将被一些更高效的，在现代细胞中发挥酶学功能的蛋白质所替代。这一切要发生的前提是，RNA 复制系统首先必须开始产生一套能够合成蛋白质的 RNA 酶。正如吉尔伯特所阐述的，在这一步中 RNA 分子开始“合成蛋白质，首先通过发展能结合活化的氨基酸的 RNA 接头分子，之后用其他的 RNA 分子，比如核糖体的 RNA 核心，将它们依照一个 RNA 模板依次排列。”⁵ 最后，通过一种叫逆转录的过程，DNA 首次出现了。在上述过程中，DNA 接受了原先储存于 RNA 分子中的信息，最终这些更稳定的 DNA 分子接管了原来 RNA 世界中由 RNA 执行的信息储存作用。从这点看，如吉尔伯特所归纳的，RNA 被“DNA 和更有效的蛋白质所替代，自己则降职到它现今的中介作用——而不再是舞台的中心。”⁶

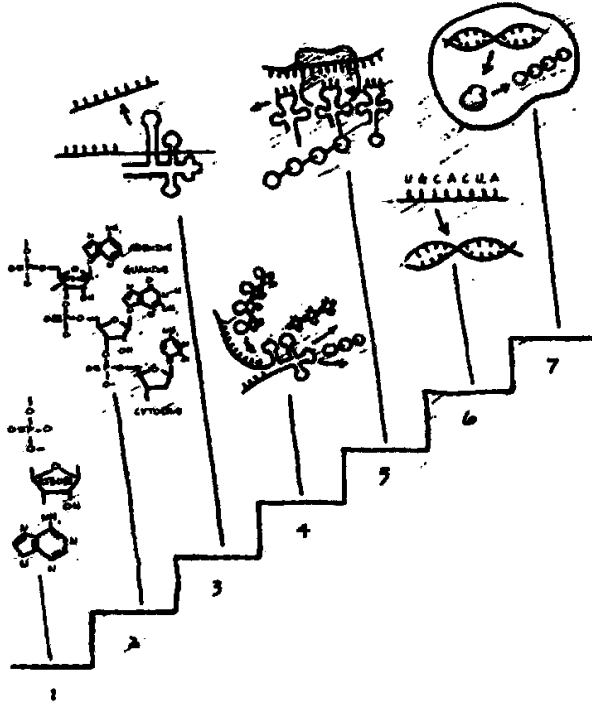


图 14.1 RNA 世界的构想可以分为七步。第一步：RNA 构建单元出现在早期地球上。第二步：RNA 的构建单元相互连接形成寡（聚）核苷链。第三步：一个 RNA 复制酶随机出现和随后而来的自然选择有利于分子组织的更复杂的形式。第四步：RNA 酶开始从 RNA 模板合成蛋白质。第五步：以蛋白质为基础的蛋白质合成取代了以 RNA 为基础的蛋白质合成。第六步：逆转录酶将遗传信息分子从 RNA 分子转移至 DNA 分子。第七步：现代表达系统在原生膜内出现。

我知道那些听起来合理生命起源理论，描述时只用了几个句子，却常常隐瞒了一大堆现实问题。在 RNA 世界中也有着同样的问题。在我研究这个假说时，无论是在和米勒教授交流看法之前还是之后，我发现背后潜藏了很多至关重要的问题，包括我之前所看到的：这个理论并没有解决生物信息学的任何问题——只不过是移走了它。

鉴于如此众多的科学家以为 RNA 世界已经解决了生命起源的问题，本章会提供这个假说的细节，某些地方还会在技术上加

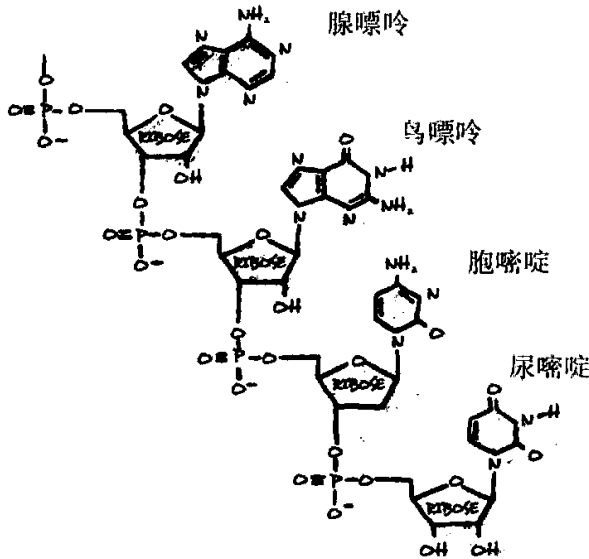
以评论。我的评论会详述 RNA 世界中的五个关键问题，以信息问题的讨论来结束。为帮助非专业的读者，我会将一些这样的评论放在为经过科学训练的读者而备的注释中。我会要求技术思维的读者通读这些注释，因为在某些情形下它们能对我的论点提供重要的额外支持，或者证明我的论点所言不虚。

每个评论都大体各自独立。所以如果你发现在一个副标题之下的技术性内容包含着（须预知的）不熟悉的科学概念或者术语，就要注意一下该标题，那里总括了这部分的中心大意。这样就可以向后跳到下一部分，甚或直至最后两部分，这两部分谈及该理论的最大弱点：它不能解释生物信息学的起源。

问题一：RNA 的构建单元难于合成而易于破坏

在第一个 RNA 分子形成之前，原始地球上需要出现小的构建分子。这包括一种称作核糖的糖、磷酸分子和四种 RNA 核苷碱基（腺嘌呤、胞嘧啶、鸟嘌呤和尿嘧啶）。然而，实际的情形是，合成和维持这些 RNA 的构建单元，尤其是核糖（组成核苷的糖）和核苷碱基，已被证实在真实的生命前条件下，要么极度困难，要么根本就不可能合成和维持（见图 14.2）。⁷

首先考虑一下合成核苷碱基的问题。自从 RNA 世界被提出的那年起，化学家罗伯特·夏皮罗（Robert Shapiro）就对四种核苷碱基的特性做了细致研究，以揭示它们是否可以真的出现在真实的早期地球环境中。他首先提出“在火花放电实验的产物和陨石的研究中从没报道过任何一种核苷的产生。”斯坦利·米勒（Stanley Miller），也就是完成最初的生命前模拟试验的那位，在 1998 年也发表了相似的研究结果。⁸ 而且，即便核苷碱基未知原因地在早期地球上形成了，它们的化学脆弱性也不会让生命有足够长的时间以吉尔伯特和其他 RNA 为先的理论学家所设想的那样来进化。夏皮罗和米勒还注意到，这些 RNA 的碱基在目前流行



腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶、尿嘧啶

图 14.2 RNA 的化学结构和分子构成。

的高温生命起源所要求的温度的场景下是不稳定的（译注：沃尔斯是热泉中找细菌的，提倡生命起源于热泉说）。这些碱基受制于一种叫“脱氨基”的过程，此过程中它们丢失了关键的氨基基团（ NH_2 ）。在摄氏 100 度条件下，腺嘌呤和鸟嘌呤的化学半衰期只有一年时间；尿嘧啶十二年；胞嘧啶的半衰期只有十九天时间。因为它们的半衰期如此之短，而吉尔伯特所设想的进化过程又如此之长——特别是自然选择通过不断的尝试和失败来发现有功能的核酶（有催化活性的 RNA 分子）——斯坦利·米勒在 1998 年总结道：“由这些化合物（RNA 碱基）参与的、在高温条件下的生命起源，因而是不大可能的。”⁹ 米勒进一步指出，在四种必需的碱基中，胞嘧啶即使在低温下的半衰期也很短，为此就出现了这种可能性即“GC 配对”（因而 RNA）“或许并不用在第一套遗传材料中”。对此夏皮罗也赞同，他指出在高温下合成腺嘌呤和胞嘧啶原本十分困难，而胞嘧啶即使在低温下也很很难合成。因而，他得出结论是，那种认为“腺嘌呤、鸟嘌呤、尿嘧

啉和胞嘧啶四种碱基在早期地球上很容易获得”的假设“并没有当今的对这些物质的基本化学知识的支持。”¹⁰

已证实在实际的条件下产生核糖更成问题。生命前化学家提出，早期地球上核糖是作为一种称为甲醛聚糖化的化学反应的副产品而出现。甲醛聚糖化的化学反应（formose reaction）是一个多步骤的化学反应，它起始于甲醛分子在水中交互反应。照此下去，甲醛聚糖化反应产生了一大堆不同的糖，包括核糖，都是这一系列反应的中间副产品。但正如夏皮罗指出的，在含氮物质存在的情况下，甲醛聚糖化反应是不能产生糖的。含氮物质包括肽、氨基酸、氨基等一大类分子，也包括核苷碱基在内。

这显然会设置一些困难。首先，它使得设想蛋白质和核酸产生于富含氨基酸的前生物汤中的推测进退两难。要么生命前期环境中含有氨基酸，这会阻止糖（因而 DNA 和 RNA）的形成，要么原生汤中不含氨基酸，这样蛋白质合成就不可能发生。当然，RNA 为先的倡导者试图提出蛋白质出现于 RNA 之后来绕过这个困难。然而既然 RNA 世界假说设想 RNA 早在第一个原始细胞膜内就开始和氨基酸接触（见上），那么怎样精良配合 RNA 和氨基酸的起源以确保这两个事件分开发生就成了一个很可观的问题。

RNA 世界假说面对一个更尖锐但相关的障碍——某种进退维谷的情形。富氮类化学物的存在对于生成核苷碱基是必需的，却会阻止核糖的产生。但核糖和碱基都是构建 RNA 所必需的。（注释内有详细叙述）。¹²正如迪恩·肯尼昂所解释的，“为合成嘌呤和嘧啶（碱基）所假定的生命前化学环境和合成核糖所需的环境明显不相容。”¹³或者像夏皮罗总结的：“目前已有的证据并不支持核糖会在生命前地球上出现，除非在不适于核苷合成的条件下，作为复杂混合物的一部分，可能以低浓度在很短的时间内存在。”¹⁴

除了上述情形，RNA 的组成构建单元和整个 RNA 分子很容易和生命前海洋和环境中的其他化学物反应。这些“干扰交叉反应”会阻止 RNA 的单体成分组装成 RNA，并抑制从 RNA 分子向

细胞中的印记

更复杂的生化方向作任何转变，因为这些反应的产物会产生生物学惰性（或不相关的）的物质。

再者，在很多情形下，那些可以产生有利的副产品如核糖的反应（比如甲醛聚糖化反应）也会产生不利的化学副产品。除非化学家积极地干预，同一反应中不利的和有利的化学副产品会相互反应而改变了有利化学物的组成，这样会抑制生命的起源。总而言之，在真实的生命前条件下合成 RNA 分子的构建成分已被证实是一个无法克服的难关。

问题二：核酶是低劣的蛋白质替代品

RNA 世界假说的另一个主要困难是自然产生的 RNA 分子基本没有蛋白质类酶所具有的特性酶学特点。迄今，科学家们只证明核酶只能完成现代蛋白质所能完成的成千上万种反应的少数几个。科学家们证明一些 RNA 分子可以通过水解的过程切割其他的 RNA 分子（在磷酸双酯键处）。生物化学家也发现 RNA 可以链接不同片段的 RNA（通过催化磷酸双酯键的形成）。其他研究也显示核糖体中的 RNA（rRNA）可在核糖体内促进肽键的形成，¹⁵它也能在核糖体外促进键形成，尽管它只有在和一个额外的化学催化剂共同作用下才行。¹⁶除此之外，RNA 仅能表现少数次要的作用，而这通常还是科学家们有意地对其 RNA 的催化剂（或核酶）进行“工程学上”或“指导”的结果¹⁷。

因此，宣称有催化活性的 RNA 可以替代最早期阶段化学进化中蛋白质的作用是有很大的问题的。不同意这种说法就像是说一个木匠只用一把锤子，而无其他任何工具就可以造一栋房子，因为锤子有两三种木工用途。没错，锤子确实能完成一些木工活，但建房子需要许多能发挥不同特定木工用途的特殊工具。同样，RNA 分子能表现蛋白质在一个“简单”的单细胞内（比如在大肠杆菌内）数千种不同功能中的少数几种，但这并不意味着 RNA

分子能完成所有必需的细胞功能。

问题三：以 RNA 为基础的翻译和编码系统是不可行的

RNA 分子无法完成许多蛋白质酶的功能引起了对于 RNA 世界可行性的第三个相关的顾虑。RNA 世界的倡导者对于原始的自我复制的 RNA 分子，怎样进化到现代细胞并没有做出任何合理解释，而后者是依赖于多种蛋白质来处理遗传信息和调控代谢的。¹⁸

若要超越 RNA 世界的进化，一个以 RNA 为基础的复制系统最终必须开始产生蛋白质，而且还不是任何蛋白质，这些蛋白质必须能够以模板指导蛋白质的生产。这一切都要发生，RNA 复制体首先需要产生构建蛋白质的机器。现代细胞中需要许多蛋白质去构建蛋白质。因此，建造蛋白质的第一步是原始的复制体需要生产能完成参与翻译过程的具有现代蛋白质功能的 RNA 分子。（回忆在第五章中，翻译是指依照 mRNA 转录中编码的指导而构建蛋白质的过程。）假定来说，这些 RNA 分子需要完成二十种特定的 tRNA 合成酶和五十种核糖蛋白质，为其他许多参与翻译过程中的一部分。同时，RNA 复制体需要产生 tRNA 和许多携带信息的 mRNA 以构建第一个蛋白质。这些 mRNA 需要能够指导蛋白质的合成，起初用过渡性核酶为基础的蛋白质合成机器，之后以永久的和蛋白质为主导的合成机器。简言之，进化的 RNA 世界需要发展一套完全依赖于 RNA 的编码和翻译系统，同时也要产生构建那些最终将取代 RNA 的蛋白质所必需的信息。

这要求高得有些离谱了。细胞以储存于原初 DNA 分子的 mRNA 转录本（即复制本）中的信息构建蛋白质。要成就此事，一个细菌细胞依赖于一套由一百零六种不同的但功能整合的蛋白质及许多不同类型的 RNA 分子（tRNA、mRNA 和 rRNA）所组成的

细胞中的印记

翻译和编码系统。¹⁹这套系统包括核糖体（由五十种不同的蛋白质部件构成）、二十种不同的 tRNA 合成酶、二十种不同的 tRNA 分子和它们特定的反密码子（所有这一切合起来体现为遗传密码），还有多种其他的蛋白质、自由漂浮的氨基酸、ATP 分子（提供能量），最后特别重要的是富含信息的 mRNA 转录本，以指导蛋白质合成。而且，翻译系统中的许多蛋白质来完成多种功能，催化协调多步骤的化学转化过程（见图 14.3）。

一个也许仅由 RNA 催化剂（核酶）组成的，能够产生与蛋白质相类似遗传性编码的翻译和编码的系统首先出现。有这种可能么？RNA 世界假说的倡导者们用已证实的某些 RNA 分子所具有的催化特性，为这种可能性做了辩护。国家生物科技信息中心（National Center for Biotechnology Information）两位杰出的科学家，尤金·库宁（Eugene Koonin）和尤里·沃尔夫（Yuri Wolf），最近整理了对 RNA 催化能力的研究结果，并发表了一篇重要的综述，在其中评估了一套以 RNA 为基础的翻译系统的可能性。²⁰他们指出最近的二十年里，分子生物学家已经记录了，或工程化所产生出的核酶能够催化翻译所需的“三种基本反应”包括氨酰化反应（在一个氨基酸和 RNA 间形成键）、肽基转移酶反应（在氨基酸之间形成肽键）和氨基酸活化（单磷酸腺苷接于一个氨基酸）。

乍一看，这些结果似乎支持以 RNA 为基础的翻译系统的可行性。不过，如库宁和尤里所指出的，还存在很显然的理由去质疑 RNA 世界假说的这个方面。第一，尽管核酶已经证实有能力催化翻译中三种主要的有代表性的化学反应的实例，但并没有证实它们应有属于这些基本反应的所有必需的催化反应还相差甚远的的能力。而且，给定某类型中的“某些”和“所有”必需的反应间还是有很大鸿沟的。例如，核酶工程师已经成功设计了一个 RNA 分子，能够催化在它自己和亮氨酸或苯丙氨酸间形成氨酰键。²²但尚无人证实 RNA 能催化和其余十八种组成蛋白质的氨基酸间形成氨酰键，更不用说其所得产物为用于翻译的、分子所需

的、特定性的不足了。而建立起一套遗传密码却需要能够为二十种组成蛋白质的氨基酸中的每一种高度特定的氨酰化反应进行催化。说 RNA 能催化“氨酰化反应”是没错的，但他模糊了部分和整体间的显著差异，对于在此所探讨的功能而言，必需要作用于所有的分子。这又是一个单用锤子造房子的问题。

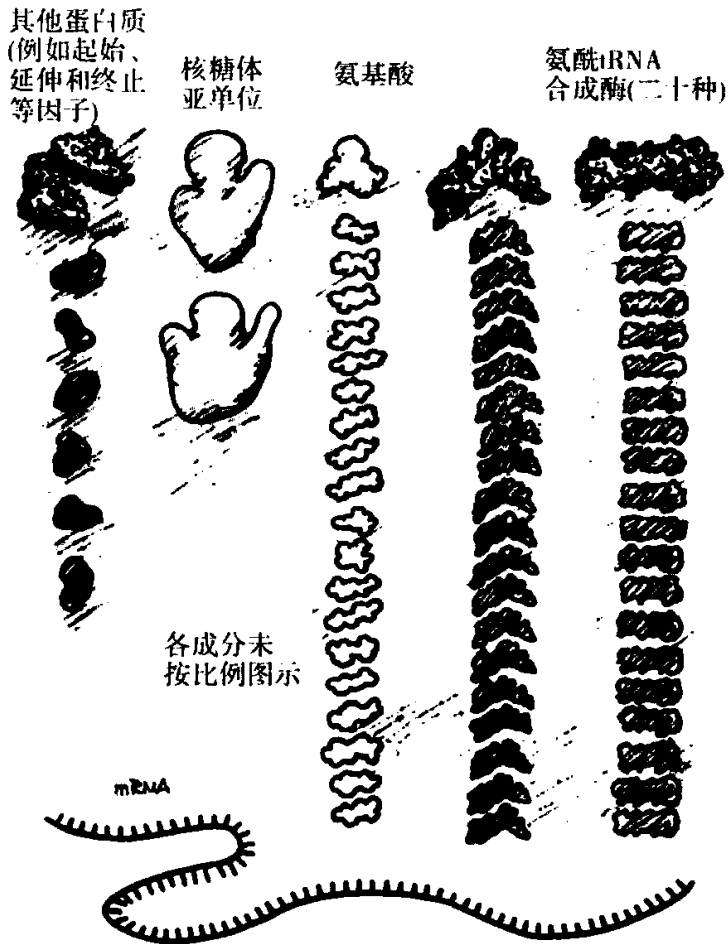


图 14.3 翻译系统主要的分子组成：二十种特定的转移 RNA 分子，二十种特定的氨酰 tRNA 合成酶，核糖体和它由五十种蛋白质和核糖体 RNA 组成的两个主要的亚单位，信使 RNA 转录和氨基酸的供给。

第二，它和 RNA 催化剂（核酶）不同，参与翻译的蛋白质酶，经常以紧密整合或精良配合的编排来执行多种功能。然而，

细胞中的印记

核酶却是分子世界中的单面手。通常来看，它们能完成一个对应的酶所能完成的多种协同功能中的一个亚功能。但它并不能完成全程所需的功能，它们也不能提供执行翻译过程中所发生的许多前后协调的反应所需的特定性。

思考核酶该如何在催化氨酰化反应时与它的对手竞争，该反应发生在实际细胞翻译中的 tRNA 分子和它们“偶联”的氨基酸分子间，核酶必须具有和合成酶对等的能力。研究者已经证明某些 RNA 分子能将苯丙氨酸，一个组成蛋白质的氨基酸，结合于其自身，从而完成氨酰化反应。他们甚至已经分离出仅结合于苯丙氨酸的 RNA 催化剂，获得了某种特定性。但在生物中起氨酰化反应作用的合成酶必需催化一个复杂的两阶段反应，其中涉及三种分子：氨基酸、ATP（三磷酸腺苷）和 tRNA。

在这个反应的第一阶段，合成酶偶联 ATP 到一个特定的氨基酸上，将所需能量储存起来（以单磷酸腺苷，AMP 的形式），该能量备用于和 tRNA 分子形成键。接着，合成酶偶联特定的 tRNA 分子到特定的活化的（AMP 负荷的）氨基酸上。这些 tRNA 特定的形状和反密码子位点使它们可以结合到核糖体上的 mRNA。这样，合成酶帮助形成具有特定性的匹配和特定结合位点的分子复合物，使得翻译可以在一个整体系统相关联的分子环境中发生。

被认为是合成酶前体的 RNA 催化剂无法做到这些。作为前体，它不能将 ATP 偶联到氨基酸上来催化氨酰化反应。相反，核酶工程师所提供的只是“前腺苷化”氨基酸（已经连有 AMP 分子的氨基酸）。RNA 催化剂也不能将一个氨基酸偶联到一个带有特定反密码子的特定 tRNA 上。它所达到的具有更多限制的特定性只能使 RNA 催化剂将一个特定氨基酸结合于其自身，而它自身并无特定的三叶草形状或 tRNA 的结构。而且，该 RNA 并无携带反密码子结合位点以和与它分离的转录本 mRNA 密码子相对应。因此，它在行使翻译功能的分子系统内并无功能性的价值。事实上，对于氨酰化核酶催化的氨基酸——RNA 复合物，目前也

没有人提出别的分子系统可用来赋予其功能显著性或特定性。

因此，即便在核酶工程师所产生出的 RNA 氨酰化催化剂的例子中，此核酶也不会产生一个具有功能特定性的分子，或者有完成协调反应的能力，能对等于现代细胞中的合成酶。然而，若无此特定性和协调反应的能力，翻译——从特定的 RNA 转录本建造一个特定的氨基酸序列排列——就不可能发生²³。

类似的限制也会影响那些已显示有肽基转移酶活性（即在氨基酸之间催化形成肽键）的 RNA 催化剂。和完整细胞中蛋白质为主体的核糖体行使该反应的能力相比，这些核酶（由独立的核糖体 RNA 构成）是很差的。例如，研究者发现独立的核糖体 RNA 只有在同时存在另一种催化剂的情形下才能催化肽键形成反应。更重要的是，离开了核糖体的蛋白质，独立的核糖体 RNA 根本不能驱动氨基酸连在一起形成线性链，而这对蛋白质功能是极其重要的（细节参见注释）²⁴。

为何 RNA 催化剂做不到真实的酶所能做到的？

对于 RNA 催化剂有限的功能，有一个根本的化学原因在——这个原因也使得人们进一步对 RNA 世界假说，特别是对依赖于它而产生的翻译系统起源的说法产生了怀疑。因为 RNA 自身的化学限制性，²⁵单个 RNA 分子不能完成酶（如合成酶）所能催化的协同多步反应。即使能够找到单独的 RNA 催化剂能催化翻译过程中所参与的每一步特定反应（事实上绝非肯定），这也离一个翻译系统相去甚远。RNA 世界的每一个个体（小马）只能各司其职。即使所有的个体成员同时出现，它们也只能单独地完成自己特定的功能，相互不搭界。这就是问题，因为产生翻译所需的分子复合物需要偶合多个反应——许多关键的反应——以紧密的方式整合（事实上是同步的）。真正的酶能够做到这些，而 RNA 和小分子催化物则做不到。

细胞中的印记

这个问题是有其化学背景的。酶能将能量有利和能量不利的反应偶联起来，而成为一系列总体上能量有利的反应。这样，它们可以驱动两种反应的前进，而在通常情形下只有一个反应会以有利频率发生。水因重力提供的有利能量而向下流。水不能向上走，不过，除非有过多的水才会不断积聚而沿河岸缓慢上升。化学反应是否发生很大程度上在于是否有足够的能量来促使它们发生。储有足够的能量以建立起新化学键的分子就很容易相互发生反应。没有足够储能的分子不会相互反应，除非有大量的反应物存在（等同于上升的水漫过堤岸）（译注：堤岸上升之水仍来自重力，故此比喻似乎并不十分贴切。）

酶用一个反应释放的能量来驱动另一个需能的反应向前，将能量有利和不利的反应偶联到一起。酶之所以能做到这点，就是因为它复杂的三维立体构型使它们能将参与反应中的每一步的所有分子都抓到一起，并协调它们之间的相互作用，但两个独立的催化剂不能完成一个复合催化剂（即酶）的工作。到目前为止，RNA 核酶显示的只是独立的催化剂的功能，而不是真正酶的催化功能。RNA 催化剂或许能催化某些能量有利的反应，但没有精良的酶的活性位点，它们不能将能量有利的反应偶联到能量不利的反应上²⁶（见图 14.4）。

因此，证明 RNA 能催化翻译中“所有的基本反应”，但既不是完整的翻译系统必需的酶催化剂所行使的整套功能，也不是协同的功能，对建立基于核酶的蛋白质合成体系的可行性没什么帮助，更别说转化为以酶为基础的蛋白质合成系统了，而这都是 RNA 假说需要解决的。为此，不能解决翻译系统和遗传密码的起源，依然是 RNA 世界假说迈向成功所不可逾越的障碍。

问题四：RNA 世界不能解释遗传信息的起源

当我仔细查阅 RNA 世界假说的原始科学文献时，很快我就

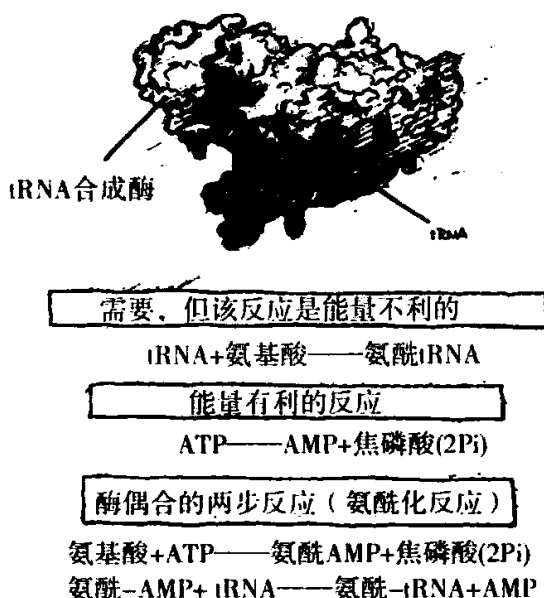


图 14.4 酶能将能量有利和能量不利的反应偶联起来, 而成为一系列总体上能量有利的反应。酶之所以能做到这点, 是因它们三维立体构型的特定性使它们能将参与一系列这种反应的所有分子都限制到正确位置。而 RNA 催化剂则无法做到这些。上图显示了一个酶介导的氨酰化反应。示意图显示 tRNA 合成酶和 tRNA 分子在两阶段化学反应中特定的相配。合成酶用从 ATP 而来的能量将 tRNA 连接到一个特定的氨基酸上, 从而偶联了能量有利和能量不利的反应。氨基酸和 ATP 分子没有显示在图中。在化学方程式所代表的反应中它们会被合成酶包起来。

认识到该假说面临诸多显著问题, 然而, 我最感兴趣的中心序列问题却不在其内。甚至我还认识到, 它并没有解决生物信息起源的谜团——在此之前我所称的 DNA 之谜。事实上, 我现在意识到, 我应当简单地把这个谜团称为“RNA 之谜”, 因为在假设的 RNA 世界中, 信息问题正显得格外突出, 正如在 DNA 世界中一样。这其实一点也不奇怪。RNA 世界的提出并不是用以解释生物信息的起源, 而是为了解释在细胞的生物信息处理系统中核酸和蛋白质的相互依存的起源。当我更仔细地研究该假说时, 我认识到它预先假设或忽略了, 而不是解释了, 在各种的 RNA 分子

细胞中的印记

中——信息——序列特定性的起源。

想想 RNA 世界假说中，我刚刚讨论的那一步——从原始的复制体到构建第一个蛋白质的系统。即使构建蛋白质的核酶系统已经从一个 RNA 复制体中产生，这个分子系统依然需要富含信息的模板来构建特定的蛋白质。RNA 世界的倡导者对信息来源的考虑依然含糊不清，并没有超越对随机的诉求。正如我在第八到第十章中的论述，随机，即使对于构建一个中等长度的蛋白质所需的信息也不是一个合理的解释，更别说构建一套合成蛋白质所需的 RNA 模板了，这些是蛋白质为基础的翻译系统和遗传密码所必需的。

需要对这些信息的模板做出解释成了 RNA 世界无法克服的挑战。然而，这还面临着另一个更根本的信息学问题：第一个自我复制的 RNA 分子自身一定必须是序列特定的，这才能完成复制的功能，不管对于自然选择还是以后朝向细胞复杂性的进化来说都是一个先决条件。

尽管 RNA 世界最初被提出是用于解释“鸡和蛋”之间的功能性相互依存问题而非信息学问题，一些 RNA 的倡导者仍然在想这或许能蛙跳式越过序列特定性的必要。他们设想在生命前地球上会随机出现短链（寡聚体）RNA。之后，当包含这些 RNA 的分子池足够大时，其中一些也许获得了自我复制的能力。在这样的猜想中，自我复制能力将倾向于使那些具备该功能的 RNA 分子存留，因此也有利于第一个自我复制分子所碰巧含有的特定序列保留下来。这样，自我复制再一次出现也出自于某种“记忆下的偶然选择”²⁷。

但正像上一章讨论的奎斯勒的 DNA 为先的模型，这个猜想只不过是在特定性问题上玩了个障眼法。首先，对于执行催化功能的 RNA 链（包括自我复制），它们和蛋白质一样，必须表现出其组成构件的特定排列（在 RNA 碱基中是核苷）。换言之，并不是 RNA 碱基的任何序列都有自我复制的能力。事实上，实验研

究显示具有自我复制能力的 RNA 分子，如果真有的话，在可能的 RNA 碱基序列中也是极端罕见的。尽管尚无人能制造全备的可以自我复制的 RNA 分子，²⁸ 一些研究者改造出了一个能够部分复制自身的分子——尽管只能复制大约自身的百分之十，并且只有在研究者提供了互补的引物链的条件下才可以生成。值得注意的是，这些科学家是从一千万亿 (10^{15}) 的 RNA 分子库中筛选出的这个部分自我复制体，几乎所有的其他分子却没有这种有限的自我复制能力。²⁹ 这意味着具有这种能力的序列极端之少，在一个随机的样本（没有经过人工工程的）中尤其如此。

再者，一个 RNA 分子要自我复制，RNA 链必需足够长以形成一个复杂的结构。杰拉德·乔伊斯 (Gerald Joyce) 和后来的莱斯利·奥格尔 (Leslie Orgel) 是两位杰出的生命起源学者，他们仔细地评估了 RNA 世界的猜想。为了讨论的便利起见，他们设想一个有五十个碱基的 RNA 链能形成一个复制酶，尽管他们明显怀疑，这么长的 RNA 序列是否真的能完成这个任务。³⁰ 实验结果也证实了他们的质疑。杰克·绍斯塔克 (Jack Szostak)，一个知名的核酶工程师，他和同事已发现，一般来说至少需要一百个碱基形成的结构才能催化简单的连接反应。他估计要使一个连接酶也能行使聚合酶必需完成的其他功能——“正确的模板结合，保真性和链的分离”——或许需要二百到三百个核苷。³¹ 之上提到的核酶——能够部分复制自己的——需要一百八十九个核苷碱基。³² 目前仍不清楚需要多少碱基才能产生足够的结构复杂度而容许真正的聚合酶功能，因为还没有成功制造出能够可以无需协助地完成自我复制的分子。它或许低至一百八十九个碱基，但也可能更多，或者就根本不可能³³。而且，这个问题或许比长度更为根本。RNA，因其有限的四种碱基（和蛋白质比较）的编码系统，或许没有能力形成复杂的三维结构和电荷分配，而这是行使聚合酶或复制酶功能所必需的。

不管怎样，即使我们假定 RNA 为基础的 RNA 聚合酶（复制

酶)是可能的,实验证据表明它们必须是富含信息的——兼具复杂性和特异性——正如现代的 DNA 和蛋白质一样。然而给定这些分子所需的长度和特异性,已证实解释 RNA 的组成构件如何能自我组织成富含信息的序列和解释 DNA 的部件如何能做到是一样的艰难。如克里斯琴·德杜维(Christian de Duve)在批评 RNA 世界假说时所提到的,“将所有的成分生拉硬扯到一起并要以正确的方式,所产生的额外的问题如此巨大,没有人试图在生命前环境中这样做过。”³⁴

毫无疑问,求诸于随机并没有解决 RNA 信息的问题。一个一百碱基的 RNA 分子所对应的可能性空间等于 4^{100} (或 10^{60})。一个二百碱基的 RNA 对应于 4^{200} (或 10^{120}) 的可能性。基于这点和上面提到的实验所显示 RNA 序列空间中功能性核酶的稀有(更不用说聚合酶了),随机出现一个功能性的、自我复制的 RNA 序列的机会极度地小。而且,抵抗这种事件发生的机会,通过任何真实的生命前环境中有益的和无益的分子间可能发生的破坏性的交联反应,这种情况只会变得更糟。

更糟的是,如乔伊斯和奥格尔所提的,对于一个单链的 RNA 催化剂,要产生一个和它相同的 RNA (即自我复制),它必须就近找到一个合适的 RNA 分子作为模板,因为一个单链 RNA 不可能既当复制酶又当模板。而且,他们观察到,这个 RNA 模板必须和复制酶精确互补。一旦有这样的机会碰巧发生,应用碱基配对的物理特性,通过产生其互补链的互补链(即转录其模板),复制酶就可以得到自身的一个复制。³⁵

但这个要求,使得信息问题,这个 RNA 世界最关键的问题变得更为棘手。即使一个 RNA 序列通过随机可以获得复制酶的功能,也只有在其近旁出现另一个分子——与原初序列相对等的高度特定顺序——才能获得此功能(见图 14.5)。这样,除了第一个 RNA 分子自我复制能力所需的特异性之外,第二个含有高度特定序列的分子——也有和原初分子基本相同的特异性——也

必须出现。但 RNA 世界理论家没有解释原初分子和其互补体所需特定性的起源。奥格尔和乔伊斯计算过，若要一个合理的机会产生这样两个互补的 RNA 分子并有足够的长度以发挥催化能力，是需要包含大约 10^{48} 个 RNA 分子的库。³⁶ 而这个库的容积已经大大超出了地球的容积，也就意味着原始复制系统的随机产生是完全行不通的。无疑，他们也大大低估了库所需要的容积和出现一个自我复制的 RNA 偶联体实际上的不可能性，原因在于他们只是假定五十个碱基的 RNA 或许能够自我复制（若求详解请见注释）³⁷。

在这样的发生概率下，即使是一个原始的自我复制系统——包含一对序列特定的（即蕴含信息的）复制酶——的随机产生看起来也是极度不可能的。并且，引入自然选择并没有增加这种可能性或者有助于解释必需的复制体的起源，因为自然选择是在自我复制之后才起作用的。如奥格尔和乔伊斯解释的：“离开了进化（即生命前期的自然选择）看起来一个自我复制的核酶不可能产生，但没有某种形式的自我复制，对于第一个原始的自我复制核酶就无法进行一种进化上的追寻。”³⁸

罗伯特·夏皮罗（Robert Shapiro）也采用了我曾用过的一个备用方案——字母拼字——来演示为什么随机和随机加自然选择——都不能解决 RNA 世界中的序列问题。在 2007 年一个以生命起源为主题的私人会议演讲时，他要求听众中的一位科学精英设想一个巨大的拼字游戏字母堆，然后说，“如果你用铲子铲到那堆字母中，将它们扔到草地上，字母会自动会排成以下一行文字：“生存还是毁灭，这是个问题。”（to be or not to be, that is the question.）这大体上就是如果全然没有反馈（自然选择）时，在地球上一个 RNA 分子出现的可能性。而实际上这是不会有反馈的，因为 RNA 分子是无功能的，除非它在达到一定长度能够实现自我复制时。”³⁹

如果无论是随机，抑或随机加自然选择，都不能解决 RNA

细胞中的印记

的序列问题，那么自我组合能行么？同样也不行。RNA 碱基和 DNA 碱基一样，没有明显的键亲和力可以解释它们的特定排列。因此，也无人甚至试图提出一个“自我组合的 RNA 世界假说”来解决 RNA 的序列问题。相反，不管一个人提出遗传信息首先产生于 RNA 还是 DNA 分子，都会同样出现证据上和理论上的问题。每一种开始假定“信息产生”的 RNA 复制体而跳过序列问题的尝试只不过是给问题转移给能使这些复制体有功能的特定性序列罢了。

这个粉红色怪圈又一次到处都是了。

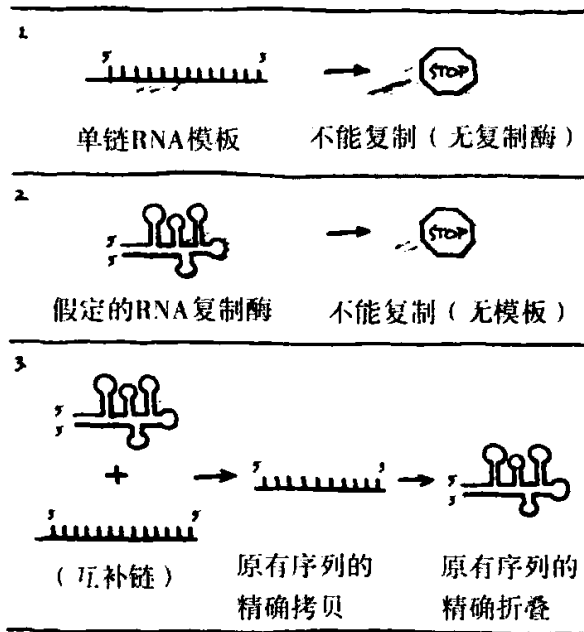


图 14.5 乔伊斯和奥格尔所设想的模板指导的 RNA 自我复制的最低要求。他们坚持认为任何 RNA 复制酶需要和一个精确的互补链十分邻近，这样就增加了对自我复制（和自然选择）起始相关的序列特定性的要求。

问题五：核酶工程并没有模拟无指引的化学进化

因为 RNA 世界假说的困难和自然发生的核酶所能完成的有限数目的酶学功能，分子生物学领域兴起了一个新的家庭式手工业。对 RNA 世界抱有激情的科学家设计了新的 RNA 分子，具有之前从未见过的功能。与此同时，这些科学家不仅希望学到更多的 RNA 化学，而且能证明 RNA 世界假说的可行性，或许会合成一个人造生命。⁴⁰

这些核酶改造实验通常采用两种手段中的一种：“理性设计”方案或“定向进化”方案。两种方案中，生物学家试图产生比现有核酶更高效的版本，或者全新的、能够完成蛋白质其他功能中某些功能的核酶。在理性设计的方案中，化学家直接修改自然发生的 RNA 催化剂的序列。而在定向进化（或“非理性设计”）方案中，在加工强化核酶功能的过程中，科学家寻求一种模式以模拟生命前期的自然选择。为此通过化学阱来筛选 RNA 分子池，从而分离出完成特定功能的分子。当他们从池中筛选到这些分子后，通过随机改变（突变）原初分子序列的某些区段来产生这些分子的多种版本。接着，他们在新的收获产物中选择最具功能性的分子，重复该过程多次，直到产出的分子在所需要的功能上有一个可见的提升。

多数核酶改造的程序已被应用于连接酶上，后者是通过在两个 RNA 链（寡聚体）间形成单个（磷酸酯）键而使之连接的核酶。核酶工程师想要证明这些连接酶能够被转化成真的聚合酶或“复制酶”。聚合酶不仅能将核苷碱基连在一起（通过磷酸酯键），而且会稳定暴露的模板链，用暴露的碱基作为模板去生产特定序列的复制。

聚合酶是核酶改造工程的圣杯。依照 RNA 世界假说，一旦一个能依模板指导进行自我复制的聚合酶产生，自然选择就会在

接下来的生命化学进化上起作用。因为连接酶可以完成真正聚合酶多种功能中的一种，尽管仅有一种，RNA 世界的理论学者就此假定连接酶是其祖先分子，第一个自我复制的聚合酶就是由此而来的。他们试图证实这种猜测的可行性以通过改造更简单的连接酶核酶而产生聚合酶（或复制酶）。

到目前为止，还没有人从一个连接酶或者别的什么上，成功改造出一个完全以功能性 RNA 为基础的 RNA 聚合酶。⁴¹ 不过，核酶工程师已经用定向进化的方法增强了某些通常类型的连接酶的功能。之前提到，他们也产生了一个可以自我复制一小部分的分子。领先的核酶工程师，如绍斯塔克和大卫·巴特尔（David Bartel）已经展示了这些研究结果，作为对始于 RNA 世界的化学进化中一种**非定向**过程的支持。⁴² 大众科学出版物和教科书经常已经将这些实验欢呼预报为最终理解生命起源的模型，并被认为是**在试管中可能建立进化出人造生命形式的前沿研究**。

然而，这些断言有一个明显的缺陷。核酶工程师在强化 RNA 催化剂的功能性上有一种倾向是忽略了他们自己的智能在其中所起的作用。而工程师运用自己的智能来协助定向进化的过程在生命前期环境中是不存在的，至少在只有非定向过程中推动化学进化向前的情况下如此。核酶实验想要模拟的条件恰就是如此（人为推前）。

RNA 世界的倡导者想象了连接酶通过无定向过程进入到 RNA 聚合酶，能以独立的碱基复制自身，因此建立起自然选择起始的条件。换言之，这些实验试图模拟一种转化，依照 RNA 世界假说，**在自然选择开始之前就已经发生了**。然而，为提高这些连接酶分子的功能，这些实验实际上模拟了自然选择的作为。从一个随机池开始，研究者制造了一个化学阱来分离那些显示连接酶功能的序列。之后他们选择这些序列来做进一步的进化。接着他们使用一种突变诱导的技术来产生一套这些原始酶的不同变体。然后他们分离和选择最优的序列——那些显出功能增强的连接酶

或有未来的聚合酶功能迹象的——重复这个过程直到看到了所需要的功能的提升。

但在第一个复制体分子进化之前是什么完成了这项任务呢？绍斯塔克和他的同事没有说。显然他们不能说这是自然选择在起作用，因为自然选择作为过程的起源依赖于自我复制分子的先期出现，而这正是绍斯塔克和他的同事的辛苦工作而设计的。相反，在他们的实验中，绍斯塔克和他的同事做的正是自然所不能及的，除非一个自我复制系统，或者至少一个自我复制的分子已经出现。绍斯塔克和他的同事担当的正是复制体的角色。他们生成各样的序列。他们做出选择，决定其中哪些序列可以保留而进入下一轮定向进化。而且，他们还因他们对于预见的益处做出选择，而这点（即使）自然选择和任何其他非定向和非智能过程——依据定义——都不具备的。⁴³事实上，绍斯塔克和他的同事所分离和选择出的 RNA 分子的特性，在细胞前环境中对它们自身来说，这些特性并不能转换为任何功能上的优势。

当然，蛋白质连接酶在现代细胞形式或环境中所执行的功能或许对包含它们的细胞来说有选择上的优势。但在第一个自我复制的原生细胞出现之前，核酶连接酶和其他任何的 RNA 相比都不会有任何功能上的优势。在此化学进化的阶段中，尚无自我复制的系统存在，因此也不会赋予任何基于其上的优势。

对于聚合酶和复制酶功能来说，连接（ligate）核苷链的能力，充其量只是一个必需但却不是充分的条件。在缺乏一个可以自我复制的分子，或者更有可能是一个可以进行自我复制所需要的全部功能的分子系统时，自然对任何 RNA 不会比对别的更优待。自然选择作为过程所选择的只能是功能上有利的特点而且只有在自我复制系统中。它视而不见那些只拥有必需的条件或是有未来功能可能迹象的分子。再者，在复制和选择机制尚未出现之前，“它”是无从做功的。在核酶改造实验中，工程师起了模拟自然选择的作用，无指引的自然过程不能在自然选择参与之前起

细胞中的印记

作用。因此，即便核酶实验在显著提高 RNA 催化剂效能上获得成功，这也不意味着他们能够证实一个**无定向**化学进化过程的可行性。至于采用理性设计方法（相对于定向进化方法）进行的核酶改造实验则包含了一种更明显的智能作用，它例证了相同的问题（例见注释 28）。

结论：

当我考察结合机遇和定律的不同模型时，我留意到一种无奈和沮丧的氛围在生命起源领域的科学家中蔓延。我查阅文献时，很清楚这种沮丧的情绪已经滋长多年。在 1980 年，弗兰西斯·克里克哀叹：“一个诚实的人，即使装备了我们所有已知的知识，也只能宣称，在某种程度上，生命出现的时刻几乎是个奇迹，要满足如此众多且必需的条件才能使它发生。”⁴⁴1988 年，德国生物化学家和生命起源学者克劳斯·多斯（Klaus Dose）也如出一辙地用同等批评的言语评论这个领域内的现状。多斯解释到目前研究的努力“只是把我们引向了更清楚地意识到地球上生命起源的问题之巨大，而不是答案。目前，关于这个领域各种主要理论和实验问题的讨论要么陷入僵局，要么只能承认无知。”⁴⁵在参加了 1989 年生命起源的科学会议后，一位我在剑桥的指导者在返校的汇总中说：“这个领域中思想怪异的人正在增加。每个人都知道别人的理论行不通，但却没人愿意承认自己的也是如此。”

当我回顾和评估了以后几年的科学文献，我发现找不到修正这些评论的理由。拒绝随机假说比接受它更有可论证的合理性。而以定律为基础的理论在等待一种自相矛盾体的发现，即“一种可以产生信息的定律”——一种规律性可以产生特定性的**无规律性**。同时，结合了规律和机遇的理论又在不停地企望他们想方设法要解释的信息起源的问题（循环论证）。理论家只是将粉红色怪圈从一处挪到另一处，徒然地希望它会消失。

而且，不同可能性的构想并没有改变这种情形。蛋白质为先的理论失败了，让位于 DNA 为先理论，DNA 为先理论也失败了，又让路给 RNA 为先理论。而现在 RNA 为先理论，和他们的先驱一样，在解释生命细胞中必需的信息起源的中心问题上也失败了。如奥格尔和乔伊斯 1993 年总结道：“在原始地球上从头出现一个寡聚核苷（特定序列的 RNA 碱基）”应该被算成“近乎一个奇迹”。⁴⁶

但生命起源学者并没有放弃。相反，他们在不停地自作主张。当设想生命如何产生于真实细胞的分子组成越来越困难时，一些进化论生物学家尝试在计算机上模拟化学进化过程。如果解释信息怎样首先产生于 DNA、RNA 和蛋白质被证明犹如禁区般的困难，那么，或许科学家至少能够用计算机程序来显示，单独的机遇和定律怎样在其他假说环境中或许会做到这点。同时，RNA 化学家，为新的神迹分子表现的类似蛋白质的功能少的可怜而沮丧，也觉得这是时候，该做一点他们自己的改进了，具体就是“核酶工程”。这有些嘲讽的意味，他们在寻求证实机遇和定律的威力，方法却是施予干预——通过仔细的分离、选择和扩增那些 RNA 特定的特性，这些特性能够令人信服地增强它的能力。

当我观察这些新的方法时，⁴⁷我发现并不比他们正在寻求弥补的更有说服力。撇开他们有限的成功，真正的事实在于，看起来很显著的是这些实验需要如此多的干预。通过“规划”和“改造”介入以模拟生命之起源，这些新的方法就像在房间里引进了一头大象，所有人却避而不谈，尤其是在科学论文的方法学段落的部分。我开始反省这些模拟对于解释 DNA 之谜的失败，并将它与有智能的科学家的引导分开。我发现他们无意中用了截然不同的思路来解决生物信息学的问题并提供了证据。这把我拉回到我的起始之处——智能设计的想法和支持它的科学证据的考虑——现在我有了一个能提得出来的实例。

第十五章 最佳解释

本章提要

* 作者详细论述智能设计论是可以严格的科学方法论证的。

* 溯因推断在法医和科学上的运用。

* 香农信息和特定复杂信息的比较。

* 莱尔“现今起作用”的“因”同样能够用在智能设计的论理上。

* 建立 ID 三大理由：其一，无其他解释；其二，实验证实 ID 因果充分性；其三，唯一性。

* 随机进化的模拟实验证实了智能者（人）才是实验“成功”的真正原因。

* 作者采用了古今一致推理，此推理恰为“创造论科学”所极力反对。

我们家喜欢看一部侦探连续剧《修道士》，讲述一个极度强迫型的侦探，他具有超自然的观察力。每集快结束时，这位修道士侦探宣告：“我刚解决了一个案例，这是其中所发生的事情。”就在那一刹那，他似乎被一道智慧光所照耀，最终将所有“案情”串在一起，所有的线索都得到一个答复，所有不同竞争的推

断都不再成立，都不足以完成案例，只有这一个真实的解释跃然纸上。

当我在剑桥大学求学的时候，我多次发现在记实或虚构世界中，科学研究所沿用的历史方法和侦探使用的方法很惊奇地相似。在学习历史性科学家如何使用“溯因推断”的同时，我找来一名意大利学者吉安·卡普雷蒂（Gian Capretti）所写的一本书，他竟然借用虚构的歇洛克·福尔摩斯（Sherlock Holmes）侦探故事来说明这种推理是如何工作的¹。

历史性科学家和侦探家都必须收集线索，研究它们，然后形成一个试验性的假设。侦探的工作，就是嫌疑犯被确认；对历史性科学家而言，他们收集一些可能的原因。无论是历史性科学家还是侦探，下一步是掂量互相竞争的可能性，从各种线索中和自己已知世界如何运作的知识来判断他们的可信性。

—谋杀凶犯有能力勒死被害人吗？

—所提出的原因是否已知是有足够解释能力的？

—嫌疑犯有机会吗？

—所列举的原因是实际在场吗？

—哪一种谋杀场景能最好地解释所有相关事实呢？

—哪一个假设能最好地解释所收集的证据？

历史性科学家正如犯罪调查人员一样完全明白，他们并不在“犯罪现场”。他们没能亲眼看见事件的发生或它的原因。正因如此，他们必须依靠一些旁证，一些挥之不去的表征：如线索、蛛丝马迹、遗留的迹象等等。

当我开始研究 DNA 之谜时，我被一个“跳出常规范围”的假设所吸引，这个假设或许已被科学家搁置一旁很久了，或许现今被认为是（*verboden*，德语）“被禁止的事物”。尽管“设计”这个概念在现代科学的奠基上起着开创性的作用，没有人在 20 世纪末期仍然认为智能设计是可用来解释生命起源的一个还活着的选择。至少我是这么认为的。但从我和查尔斯·萨克斯顿

(Charles Thaxton)、迪恩·肯尼昂 (Dean Kenyon) 等人的接触中，发现他们给了我一个整体的证据，看起来至少指向了这个“极端”的可能性。

从日常生活中和我很快要学的科学家沿用的推理法中，我明白旁证有时并不能带来肯定的结论。同样，一个效应有时可以由不止一个原因触发，因此也可以用许多不同的方法来解释。哲学家查尔斯·桑德尔·皮尔士 (Charles Sanders Peirce) 解释道：“追溯原因论理”往往将我们的判断倾向于所想得出的结论，对于所下的结论我们不能说我们相信 (结论) 是真的，我们只是推测它有可能是对的”²。

为了说明这一不确定性以避免过早下结论，历史性科学家发展了一种方法名为“多项竞争假设法”。这种方法以证据来寻求最佳因果解释的推断。如第七章所述，这种方法需要对各种可能的原因进行详尽的调查、评价，——在最理想情况下——剩下只有一个来解释相关的事实。历史性科学家们此时用的方法按卡普雷蒂 (Capretti) 的话来说是虚构的人物歇洛克·福尔摩斯 (Sherlock Holmes) 沿用过的“渐进式取消假设 (progressively eliminating hypothesis)”法³。

当我研究 DNA 之谜时，我有意识地沿用这种论理方法，具体说，我用了一套上述方法的一个版本，科学哲学家迈克尔·斯克理文 (Michael Scriven) 称之为“回顾性因果分析”法来测试我的想法。斯克理文的方法将达尔文和莱尔最精华的见解提取出来，这个见解告诉人们如何鉴别已过去的缘由以及什么时候一个特定的历史性科学家的解释可称为是最好的。

尽管对过去的推断起初会带来众多不确定性，然而在历史上许多历史性科学家或法医们都承认有一种假设确实能比任何其他假设更好地解释某一个事件。我自己的经历也告诉我如此。但不像修道士先生，那个电视中的博学侦探，我们没有一个时刻能说“哈哈”“我已完全明白这一切是怎么回事”。其实，每当我更

多一点地解开 DNA 之迷时，我便有了一系列的见解：对它所含的信息性质的认知，为什么 DNA 含有的这种信息超越了用物理或化学来作的解释？为什么它的产生也不能用随机理论来解释？从各种模拟实验中得出的结论是什么？作为一种最好的历史解释应符合什么样的标准？当我用历史性科学方法以这些标准来检验证据和互相竞争的解释时，我终于认识到“智能设计”理论能满足所有这些标准。于是，一样接一样，每条线索都完美地联接起来，悬念解开，每个片断连成为一体。

描述果效的特性

在我的研究中我发现历史性科学家在对一个效果、事件或一堆证据颇具竞争性的各种进行评估解释之前，他们通常需要先搞清楚什么是需要解释的⁴。的确，历史性科学推理中的一部分是用来描述科学哲学家所谓“解释体 explanandum”或需要解释的一个存在实体⁵。对于研究生命起源的科学家也是同样，他们需要清楚地将他们试图想解释的“起源”下一个定义⁶。

基于这个原因，细胞和其内含物或许已经能提供许多有关生命产生的最重要的线索。现代生物学已经发现细胞是一个信息库，这些信息对即使是最微小的生物功能起着至关重要的作用。因此，研究生命起源的科学家认识到若要解释最初生命的来源问题，他们需先来解释 DNA 中的信息或其他分子前体是如何产生的。

DNA 拥有的是什么样的信息？这曾经是一个很重要的问题，因为“信息”这个词至少包含两种意义：香农信息（shannon information）和功能上特定的信息（functionally specified information）⁷。正如我在第四章讨论过的，香农公式使我们能计算一个序列能携带的信息能力，它并不能告诉我们这个序列是否有意义或有功能。

细胞中的印记

DNA 和其他生物分子确实具有巨大的可测量的信息携带能力，但它们不仅仅只含有香农信息，它们也含有功能信息。凭借它们特定的安排，DNA 和 RNA 在密码区碱基的排列以及蛋白质中氨基酸的排列使这些分子能行使生物功能，正如计算机中的码和书写语言，生物信息不仅复杂，也是功能上特定的⁸。

为避免混淆和含糊其词，我认为有必要区分：

“信息量”与仅仅的“信息携带能力”；

“特定的信息”与仅仅的“香农信息”；

“特定的复杂性”与仅仅的“复杂性”。

每对词组的头一个描述 DNA 拥有的功能性信息，我需要用来解释“起源”的就是那种信息。

评估各种互相竞争的可能原因

既然特定的生物信息是我们所定义的果效，现在我可以来思想哪一个互相竞争的解释，如果存在的话，最能解释生命的特征。彼得·利普顿（Peter Lipton）的开创性文章“最佳解释推理（IBE）”让我看到无论是过去还是现在最好的解释永远是那些能显示因果差异（causal difference）的解释⁹。我还发现为什么历史性科学家会偏向一种原因，这是通常已知能产生此事件的效果的原因，胜过其他有争议的解释原因，它们或者提不出原因，或原因没有这个能力。地震和炸弹同样能对摧毁一幢大楼作解释，但只有后者能解释为什么在现场的废墟中发现焦灼和弹片。于是一个法律科学家会下结论：在没有任何别的证据的情况下，炸弹是高楼被摧毁最好的解释。一个实体，任何一个条件，或一个过程，若有能力（或因果能力）产生疑问中的证据，它便是这个证据最好的解释，比其他不具备这些能力的为好。¹⁰

要在一些具有竞争性的解释中找出那一个最好的，需要有知识对竞争解释实体的因果能力¹¹。由于这个原因，许多历史性科

学家，好像好的侦探一样，他们的思维方式都是属于比较型，自然地喜欢把事物加以比较。在决定哪一个是最好的解释的过程中，历史性科学必须先提出一系列可能的假设，然后在有关数据的基础上比较已知（或理论上可能）假设的因果能力，将一些可能的但不足够的解释去除，在多数情况下最终留下唯一一个最好的解释。为要得出最好的解释，必须对所有具竞争性的解释加以检查。除此之外，正如地质学家查尔斯·莱尔（Charles Lyell）解释道，历史性科学家是依据他们一致的和重复的在用现代的经验来比较“因果充分性”以作出判断¹²。

智能设计能否有因果的足够性？

我注意到在第七章的结尾，我已能很肯定地说，智能设计至少是对细胞内存在的特定功能信息作出的一个可能的科学解释。这里提出的智能设计，我指的是“有智能的行动者或人有意识作出的一个选择，这个选择引发或达到了一个特定的结果、结局、或目标”。很清楚，“智能的行动者”凭着它们的选择意愿的能力，能给一个事件从因的不同带来后果的不同。并且，智能设计也符合作为现在正在起作用的起因范畴——这个现在一直在工作着的起因——它可解释特定信息的来源——这也正是我们所研究着的效果。

我知道若将我的头脑作一个自省，如我的用意、意图、知觉、认知能力、它可以证明我是一个有意识的人。我知道靠我的经历，我自己的谨慎思考能力和我的选择可以产生出特定的信息。完全合理的假设是别人也有有意识的头脑，他们所作出的每一个选择都会对物质世界带来影响力，从中我不断看见头脑能产生特定信息这一事实。程序员写程序码、学生问问题、我太太给我留条告诉我下班回家的路上该去接谁，智能者一直在产生并传送信息。经验在告诉我们这个明白不过的真理。的确，千篇一律

细胞中的印记

和反复的经历也证明智能者——有理智的、合理的存在和我们一样——能够产生富信息系统，包括数字编码的、特定功能的信息。智能设计“有因果充分性”来产生上述效应。

既然智能者已经向我们展现产生特定信息（即我们当下所研究的这种效果）的能力，我想总结说，至少可以认为智能设计是生物信息起源的一种可能的解释，但它是不是最好的一种解释呢？

我明白要建立一种原因成为最好的解释，历史性科学家必须在所提议的因能够造成所关注的果之外还应作更多的事情。他必须提供证据说明这个假定的因是现场存在的，并借透澈的研究说明支持其他可能因都缺乏（在场）证据。换句话说，除了要满足原因本身是充足的这一个条件外，一个最好的解释也必须满足另外一个条件，那就是“原因存在性”或“原因唯一性”。

回忆一下第七章的内容，在实际应用中满足第三个条件（原因唯一性）能有效地确保第二个条件（因在场）也会被满足。因此，有一个简单的方法来思想重构历史的问题：要成为最好的历史解释，这个解释必须提出唯一的充分的因——它显示具有单独产生所关注的证据的能力。在这种情况下，对于一个效应或一批证据只存在一个已知的原因，这个效应或证据本身已表明原因在以往所起的作用（和存在）。那些在法国拉斯科（Lascaux）发现洞穴绘画的人类学家知道只有一种原因使这些表达性绘画得以诞生，于是，他们从过去的活动中推断出有一位智能者。他们这么推断是满有信心的，即使没有智能者存在的其他证据，因为绘画存在本身就说明只有这一个可能已知因——智能——的在场才能产生这样的事情。对于生命起源是否也有如此强有力的证据得出结论：确实有一位智能者在生物信息起源中起着“为因”作用呢？

要回答这个问题，我依照前几章曾提到过前人已建立的历史性科学推理法对其他可能的原因作了详尽的研究和评估，当我评

估其他可能的“疑犯”的因果充分性时，使我越来越坚信智能设计的假设是极具说服力的。最终一切是那么的清楚不过，智能设计成为能站立得住的唯一一个能解释生命起源所必须的丰富复杂特定信息系统的已知原因，智能设计论也具备最好的并且有因果充分性的第一个生命所必需信息的起源的解释。我得出这个结论有以下三个原因。

理由之一：没有任何其他因果充分的证据

尽管第八章到十四章描述过的“深入研究”，我发现没有任何其他原因足以证明 DNA 之谜。在我的研究中，我检查了所有关于生命起源（或生物信息）的主要理论，它们是属于三个彻底（研究）的互相解释的例证：机遇，必要性，或两者相加。¹³当然，有许多具体的理论可以用这三种基本理论中的一种来例证它们的处理法，但我对这些具体理论的研究发现这些思考方式的起因或过程并不能产生和生物有关的任何特定信息量。不但如此，这些特别模型的失败不仅不能解释生物信息的起源，而且还反映了更深的概念和逻辑上的限制。举个例子，我发现自组律（Self-organization laws）或必然性过程（processes of necessity）只能传递而不能产生新的信息，按定义自然律指的是一个高度有规则有次序的模式，而不是像我们描述的数码信息那样无规则且复杂的。这让我意识到自组法面临的问题不在于某个特殊模型细节上，而在其基本思维方式的更深层的概念的不连贯性。所有基于机遇的理论面临的问题不同的，但其障碍可能是同样的永远不可逾越。这些理论之所以失败是因为宇宙本身的机率资源（probabilistic resource）带着固有的局限性的缘故。

将机遇和必须性相联合的理论也不可避免地面临同样的困境。因为类似自然律的必须性的过程不能产生新的信息，这种联合模型不可避免地有赖于随机论来解释大多数——如不是全部的

细胞中的印记

话——产生新信息的工作。这一类的问题在许多试图期望自然选择再加随机事件的前生物模型的解释中反复出现，像奥巴林（Oparin）理论或 RNA 世界。既然自然选择只选择那些功能上的强者，而只有成功地随机找到与功能有关信息之后才知道哪些是功能上的强者，这个相联合理论永远是依赖随机而不是选择以产生新的信息，但这些理论面临着难以对付的、机率的障碍，正如以仅仅随机作为基础的理论一样。

这些理论的不足也和最初包含在信息储存或传递阶段中特殊的化学物质无关，无论是蛋白质在先，或是 DNA 在先，或是 RNA 在先都不能回答特定信息来源这个问题。即使是用前 RNA 世界的模型，从这里人们想象生物信息可能由一些微小分子的特异排列产生，结果制造出它不能解决的其他概念上进退两难的困境。或者一些假定的信息携带小分子储存库太小并不能形成生物学上显著的功能。因为，他们没有能力来形成复杂的折叠结构，或者参与的小分子需要有高度特异的排列的场景。前者并没有产生生命相关的信息或过程，而后者则仅仅把信息的问题转换成“化学汤”问题而已。

当我浏览所有失败解释的全貌地形后，一个模式很清晰地出现了。这些试图解释生命起源的理论要么失败在将问题转移到他处，要么看似成功，但其实只建立在前设的未解释信息源上。计算机程序模拟最能明显转移问题，所有成功的计算机程序模拟是明显地基于聪明的程序员所输入的。而计算机科学家已经制定阐明各种“没有免费午餐”理论和信息守恒定律，宣称计算机模拟所输出的不超过（不超出一定的机率限制）永远比程序员所设计的输入为少。

希望这些失败的解释不会把我引导到继续（追踪）寻找其他高超幻想的理论上去。我开始思想自然或许会告诉我们些什么。或许特定信息不是无偿产生的。或许自然不能产生，却能降解信息。就如同写在沙滩上的文字最终被海浪冲刷；旧报纸如果不经

过档案保管员处理会变黄发脆；线路中的杂音无可避免地会打扰对话的畅通。富含信息的序列或系统随着时间的推移可以被忠实地维持原样，但在总体水平上多数还是随着时间的流逝而发生损失。一般来说信息输出小于（最多等于）信息输入，除非有智能者的介入。通常经验会证明这一直觉。

很明显，生命起源理论和计算机程序的模拟也遵循上述原则。每一个生命起源解释方案——无论是基于机遇、必要性，或两者相加，都不能解释特定信息从何而来。研究生命起源的科学家也证实无指引的过程不能从纯物理化学的前体产生大量的特定信息，这的确具有讽刺性。正因为这个原因，我们可以完全合理地思考应用信息流在计算机领域范围内的守恒定律同样适用于大范围的自然界本身。如果这是对的，看来有道理来这样思想生命的信息库——比如 DNA 分子——它所指向的信息源是远远超越物理和化学的领域的。

无论如何，经过漫长的调查研究，我没有在物质主义的过程中找到一种可论证的能力——经过验证的因果效力（proven causal efficacy）——能产生大量特定的信息，它是产生具有自我复制能力机体所必需的。下此结论的历史性科学家除我之外还有弗兰西斯·克里克（Francis Crick）、弗雷德·霍伊尔（Fred Hoyle），保罗·戴维斯（Paul Davies）、弗里曼·戴森（Freeman Dyson），尤金·维格纳（Eugene Wigner）、克劳斯·多斯（Klaus Dose），罗伯特·夏皮罗（Robert Shapiro）、迪恩·肯尼昂（Dean Kenyon）、莱斯利·奥格尔（Leslie Orgel）、杰拉德·乔伊斯（Gerald Joyce）、休伯特·约基（Hubert Yockey）、斯坦利·米勒（Stanley Miller）等，都对当时生命起源的生物前期领先理论的价值或对实验是否有关提出质疑。就连理查德·道金斯（Richard Dawkins）这位对进化论正统的支持毫不拘谨者，也在 2008 年坦然承认“没有人知道生命最初从何而来”¹⁴。

理由之二：实验证据证明智能设计的因果充分性

如果试图解决信息问题最终只不过是使问题挪一个位置，如果机遇或物理化学过程的必然性或两者结合都不能最终解释生物体含有的特定信息，那什么能呢？我们是否知道存在一个具有因果力的实体能创造大量的特定信息？

当我在思想这个问题的时候，我意识到有一个很正面的原因使智能设计成为对生命起源最好的解释。一开始，基于普通人的经历，有智能的人——他们有理性和意识——已经展示了创造特定的信息的能力。但随着我对 DNA 之谜研究越来越深入，我意外地发现实验证实智能设计所具有的因果效应。

得到这一证据不是因为人们妄图检测超出科学可知性范围或超自然的东西。相反，这些实验证据向我们这些普通人表明，我们头脑中有一种能力，一种因果能力。这些实验在不经意之中不仅展示思维能力大于物质能力，也表明我们将有关生命的物质排列成为与生命有关的结构中，而头脑的必要性，这里我指的是那些五十多年来科学家所做的各种模拟实验，其目的无非是想为人们提供一些有关生命起源的看好的方案依据。就算这些实验都是寓言故事，至少它们含有一些寓意的教训：意念可以产生和生命有关的结构和某种形式的信息，假如没有意识智能，不会产生任何的信息。这个结论可从三类实验中得到证实。

生物前期的模拟实验

斯丹利·米勒（Stanley Miller）在很久以前试图用实验来模拟早期地球制造氨基酸，这一设想开创了一个科学探讨新形式。自那时到现在五十多年的时间里，前生物化学家们试图从简单的化学物质模拟进化产生生物学有关构筑单元——氨基酸、糖、磷

酸盐、核苷酸碱基。然而，以后地球化学提供证据表明早期的地球并不是一个米勒所假定的还原性大气。这使他及其他后来的科学家的实验关联性受到质疑。如果早期地球不是一个还原性大气，那么前些试验将一堆还原气体混合在一起作为开始的化学过程就不是在模拟早期地球的活动。

尽管这些模拟实验不能说明真实生物前期的地球发生化学进化的可信性，它们却意外地发现了其他的东西。先让我们暂且假定米勒所用还原气体混合物是正确地模拟了早期地球的条件，他的实验结果是否证明无导向化学进化是可能的？这也未必。生物前期的模拟实验既能产生与生命无关的物质也能制造出与生命进化相关的构筑单元像核苷酸碱基、糖、氨基酸。但在自然（或无科学家干预）情况下，这些无关的物质和有关构筑单元反应就产生一些惰性化合物，例如一种焦油又称类黑精（melanoidin），称之为前生物科学家的诅咒¹⁵。此类模拟实验一次又一次地揭示这种破坏性的化学过程占有绝对主导地位地发生在真实的无生命时期的化学环境中。为了避免这类“干扰的交叉反应”，化学家们必须用不同的（陷）阱或其他技术来分离并除去化学物（能破坏所需要的构筑单元）来干预¹⁶。正如我在上一章中曾提到过，甲醛聚糖反应不仅产生核糖，也产生许多其他不需要的副产品，如果没有化学家的干预，这些副产品最终与核糖发生破坏性的反应¹⁷。

研究人员也会在实验中人为设置初始条件。这样做他们利用了信息——也就是有关反应物的知识。比方说，在生物前期化学家们通常会用短波长的紫外线照射化学混合物，因为他们知道长波的光会使他们所想要得到的氨基酸降解¹⁸。

用类似这样或那样各种方法，研究者必须常规地在进行“模拟”实验之前和之后对化学反应条件加以人为的控制，以使产物不受自然过程的破坏。这些操纵是一种“深深的信息干预”¹⁹。每个研究者的选择使一种条件加以采纳，而另一种条件加以排斥以

细胞中的印记

便去掉某一种副产品，而保留另一种——就使某种信息得以传递进入实验系统中。因此，不管这些实验多么“成功地”制造出许多与生命有关的化合物，其背后离不开一群有意识的、智能的、慎重的实验人员活动的结果。

于是，这些实验不仅不能模拟无导向的化学进化过程，它们实际是提供一个正面的证据说明这一切是有一双操纵的手（干预）的，这些模拟实验如果不是需要的话，也让我们看到是一位智能者的能力来克服自然的化学过程——因为这些自然的化学过程将生物化学无情地引向死胡同去。在这些生物前期的模拟实验中，智能者将信息传递到化学系统中用来生产生物有关分子，这些实验实际也给我们提供强有力的证据，证明智能设计具备因果充分性这一条件。

进化运算法则表明智能设计具备因果充分性

智能设计是具备因果关系充分性从另外一类模拟实验意外地得到证明：以计算机为基础的进化运算法则（algorithm）。如第十三章所讨论的，进化运算法则是模拟突变和选择所声称的创造力，以及从一无所有的起初开始如何产生具有功能信息的能力²⁰。然而有些程序之所以成功是因为通过“不正当的捷径”给计算机提供了趋向富含信息的“靶序列”，然后使之更为靠近未来功能（但不是现在存在的功能）的序列（即靶序列）作为选择的标准。新近使用的 *Avida*（阿维达）运算法则虽没有使用如此明显的目标——导向性选择来产生结果，但从某种程度上说，它已成功地制造出实际意义上的生物过程（其本身还是有问题的——见13章，注解46），它也依靠几个先前存在的信息来源，包括一套来自计算机程序员富含信息的指令。所有这些都来自于智能的计算机程序员。

在第十三章中，我曾指出没有一个进化的运算法则能证明非

导向的机遇和定律能产生特定的信息，但这些系统的失败（不论程序员们有多么努力）也恰好成为智能设计因果力的依据。

从选择近的以达到未来的功能，道金斯、库帕斯和施耐德（Dawkins、Kuppers、Schneider）运算法则都采用目标导向的研究。但这种有前瞻性的选择并没有自然界的类似情况。生物系统中，生存差异（differential survival）有赖于功能的维持，在没有新的功能结构或（基因）序列诞生之前要施行选择是不可能发生的。自然选择不可能选择现在无功能的序列或结构只因为“预知”未来因其他因素改变会成为有用的。

当然，自然选择和突变所缺少的正是一种有目的、目标导向设计的智能选择所能提供的。智能者有先见之明，他们能锁定远程目标，既安排物质也安排符号来达到他们意念所要达到的这些目标。他们能从许多可能中制造或选择物质手段来达到目的，按预定的设计计划和一组功能要求，使这些目标得以真正实现。他们也能实现过渡结构和系统以实施这种计划。不仅如此，他们也无需顾及到这些过渡时期的结构和系统是否发挥和保持功用。因此，只要进化论的运算法则是设定远程目标（靶序列），应用它们所含的信息，而不需要考虑过渡结构和系统的功能并且以一步一步的方式实现它们，那么它们所模拟的就不是无指引的选择和突变，而是智能的能力。

此外，智能者当然能制造出信息。因为，所有进化运算法则需要设计意念提供先存的信息源，它们引申出智能设计能力（可能必要）的第二个原因。理性行动者考虑到富含信息的后果能约束组合空间，在思考的过程中，以有功能的目标居首位，通过约束地筛选所用的词汇、声音和符号将原本没有意义的一大堆声音和符号产生成有功能（或意义）的序列²¹。这样的话就是我们的头脑产生出信息来。

无论计算机本身或是计算机运算法则系统模拟的选择突变过程都不能产生大量的新的信息，最少的话也要系统事先得到许多

细胞中的印记

原始的补充信息。就连阿维达也支持这一点。为要产生一个自我复制的数码机体能行使自然选择和突变，阿维达程序员们首先向它提供大量的数码基因组，内含特定安排的单个基因以确保自我复制的能力。这个富含信息的原始条件与生物体必须具备的过程相对应，以可能实现自然选择。自然选择有赖于机体能复制由不同分子组成的系统，而这种能力反过来源于先存的特定信息。

所以，进化运算法则不但不能模拟无导向突变和选择能产生所有制造第一个生命必需的信息，它其实是一个很好的反证模拟。诚然，用计算机模拟来研究生物信息的起源暴露了自然选择和突变因果力的局限性，此局限性恰好说明相当的智能设计所具有的独特的能力。自然选择所缺乏的因果力——预见和创造性——是一种有目的的智能所具有的意识 and 合理性的属性。计算机模拟系统其实也肯定依赖于这些能力来产生具有功能的信息和结果，只不过这些能力来源于程序员的知识和智能，而非计算机本身。因此正如那些模拟前生物的实验一样，进化运算法则恰好证明智能设计论的因果力。

核糖酶工程学也证明智能设计的因果充分性

有意识智能在核糖工程学中也扮演着极其重要的角色。回忆核糖工程学家在当初是为了夸张 RNA 所具有的催化力，以宣传 RNA 世界一说。具体是核糖工程学家要证明称之为 RNA 连接酶的各联结酶能够获得如一个真多聚酶的功能，这为模板导向的自我复制理论提供了可能性。

但我在前面一章曾提到，核糖工程学家运用的“非理性的处理方法”曾遇到的一个棘手的盲点，必须靠他们的智能加以突破。非理性的处理方法使用前生物时期一种模型，用自然选择来增强连接酶的功能。这些酶的功能步进式地加以改善，或稍稍增补它的功能，得以保留、复制和放大，筛选希望进一步的突变和

选择，最终产生多聚酶能够完成模板导向的自我复制。在真正多聚酶出现以前自然并没有这种能力，即使蹩脚地完成一系列的步骤（即保留、复制和放大）也不能。没有真正能行使自我复制的一种酶，自然选择还不是一个因素。

那么什么能添补核糖工程实验中这一空白呢？一个分子仅仅具有那个将来有可被选择功能的可能征象，怎么会被选择保留呢？这是核糖工程学家他们自己。核糖工程学家预知需要有连结酶的能力，再联合真多聚酶的其他能力，以使自我复制得以进行。所以他们便选择一些具有稍强连结酶活性的分子。然后他们在基本保留酶的基础上加以优化这些分子。有一篇文章曾这样形象地描述：“通过不断重复地筛选和放大以富集所要的分子”²²。不但如此，他们以这种方式“干预”甚至在真正多聚酶的各项功能充分实施之前。如此，研究人员预见了逐步出现的连接酶本身尚不具备的未来功能。于是他们以他们的知识选择能使模板导向的自我复制成为现实的 RNA 序列。由于自然界缺乏这种远见，核糖工程学家提供了自然所缺乏的。核糖工程学既扮演复制者角色，也扮演筛选者的角色——尽管在当时的 RNA 世界并不存在一种所谓的“复制者”。

在最成功的核糖工程实验中，研究人员用其他许多办法在每一步上帮助连结酶。自然界的多聚酶有能力在复制前解开 DNA 双链。而连接酶并不能作这些。于是核糖工程学家仅向核糖提供单链 RNA 分子，使连接酶能随后催化这些单链联结起来。研究人员必须用经纯化的试剂，除去能引发不需要的交叉反应的化学杂质，对核糖体工作的对象（或分子）加以稳定和定位。

所有这一切让我们再一次看到研究人员的操作过程属于“信息干扰”²³，因为在每一个关键步骤中核糖工程学家有目的地挑选或采用某种可能的状态而排除其他一些。借着他们对多聚酶功能特殊要求的知识，引导他们寻索和选择的过程，同时核糖工程学家也透露了如罗伯特·马克（Robert Marks）称的“主动信息”

细胞中的印记

通过每一次复制传递下去。这样核糖工程学家再一次显明智能能够产生信息（再一次说，可能必要），在这里是指着如何增强 RNA 酶的功能所需要的信息。

用核糖实验或许能更明显地说明智能是如何进行“理性设计”处理的。举一个 2002 年的实验例子²⁴。研究者声称他们已找到一种能自我复制的 RNA 分子，尽管仔细考察这并不是一个真正的 RNA 多聚酶。相反，按照我们熟悉的碱基配对（互补）机制，他们找到一种核糖连接酶，能关闭那些与核糖提供的长链 RNA 互补的 RNA 短片段之间的缝隙。但是要想让核糖能自我复制，即使在那不足道的情形下，在起初的试验阶段科学家必须向核糖提供有两条具有特定序列的互补 RNA 链。换句话说，是科学家们自己靠弄清楚与长链 RNA 的两条 RNA 链上的序列来配合长链上互补部位的²⁵。

当然我们所熟悉的氢键理论能保证短链与互补的 RNA 模板之间产生准确的结合，只要它们不会自己折叠起来或先与其他分子发生反应。但其中含有的特定序列，即信息，容许结合的可能是智能者所提供的。换句话说，连这一个小小的自我复制过程（其互补过程只牵涉到一个分子，而不是由许多不同分子组成的一个系统），智能者还必须提供极其重要的“特定序列”信息，何况是核糖酶工程—无论是属于“理智”或“非理智”设计过程—无疑也在证明智能设计的因果充分性。

默默的原因

当然，我花了很大的篇幅说明智能者是那背后的起因。但是我如此做是希望强调一个我们时常忽略的重点：其实智能设计不仅存在于实验室，也存在于实验室之外。我们都知道智能者能产生特定信息，而特定信息无例外地来自头脑。我们使用计算机寻找信息的时候，知道信息的来源无例外地是那些软件工程师或程

序员的头脑。每本书或报刊上的文章的信息或古代碑文，最终都是出自作家或古时抄写员，换句话说来自头脑而不是完全出自物质。在我们的日常生活中，智能设计的因果充分性应该是随处可见。对于那些学自然科学的人，以智能领域为诉求就成为一种充满危险的含糊，无法度量，而且非科学。我们虽从内省中知道也从经验中知道头脑所能产生的，但却反射性地认为不足信，却把成绩仅仅归功于从实验研究中所得到的知识。

对日常生活中得到的证据加以否定能造成错误。孩子意识到火是危险的会灼伤人，这并不需要任何严格的实验来证实。考古学家和法医可以不必通过实验孤立每个变数以证明与火致烧焦的关系，便可查验以往的火灾证据。每个普通经历往往是算数的。如果最好的原因给疑问中的效果带来解释，如果有意识的智能者在经历中造成具体的效果，这样一位智能者应该有足够资格被称为有因果充分性的原因。逻辑上说来，找到世界上因果关系的结构，通过实验或来自日常生活的观察到是没有分别的。然而由于现代科学的敏感性，从实验中得出的结果总是看得比较重一些。因此在我看来，不但明显，而且是讽刺性的，仔细分析多种前生物模拟实验不可避免地显示了，智能者（人）在不论什么样的实验成功上，扮演了不可或缺的角色。

正如罗伯特·马克所提到，科学家们现在甚至能量度智能在这些实验中产生的作用。回忆马克本人便对由程序员向计算机输入的每一迭代“活的信息”进行定量。很明显，核糖酶工程和前生物模拟也同样应用信息输入（马克所谓的“活的信息”），这些实验科学家们也凭借他们已有的知识和想要取得的结果作保留或删除。

总的说来，智能者的因果充分性的辩护已不仅仅依赖日常所见的计算机程序员编制的软件码，或使用自然语言中一切试图用实验手段来合成生命相关物质，以及其本身带有丰富的信息量的分子建立了智能设计的能力（可论证地也是必须的）实验者尽其

所能企图证明反面的论点，反而显示其更有价值，因为每一个实验上的偏袒，就是朝其相反方向行进一步。

理由之三：智能设计是唯一已知的能产生特定信息的原因

无论是遗传运算法则、核糖酶工程，还是生命前期的模拟实验，若没有智能者的参与都不能产生信息，这再一次证明我以前通过研究提出的一系列有关生命起源的理论²⁶。无导向的唯物原因没有证明它能产生显著量的特定的信息。相反，有意识的智能一次又一次表明它能产生这些信息。因之，头脑——即有意识的、有理性的智能者——哲学家称之为“行动者因果关系”，如今已成为能从无生命状态中产生出大量²⁷特定信息的唯一源头。

但是我们如何知道智能者在生命出现时就已经存在呢？再具体一些，我们能否靠任何历史性科学的推理方法来帮助我们得出这个结论？在第七章中我们看到，历史性科学家在寻找因时他们必须建立，不但这个因能产生所讨论中的的效应，还要这个因也必须确实在场的²⁸。现代侦探有目击者或监视录相机来帮助他们建立可能的疑犯是否在场（即一个假定的起因）。同样历史性科学家也需要依靠其他手段来建立因的在场。在第七章中，我描述了两种历史性科学家曾使用过以达到因的在场的要求标准的方法。

在这两种方法中，最直接的是把所有可能的原因都好好评价一番，最后缩小到互相竞争原因中只剩一种可能具有产生讨论中的主要或显著效应的能力。这里，历史性科学家就能够对此原因推断它过去在场²⁹。沉积床记录中火山灰的存在表明以前曾发生过火山爆发，因为这类灰只有从火山中才产生。从这个例子中我们看到，当我们对所有起因作出全面考证以后，从其充分性来看，往往是只有其中某一个起因脱颖而出，当然这个起因也同时

附合因果在场的标准。

再来看另外两个这种形式推理的例子。一个来自法医界，一个来自地质学领域。几年前，来自负责调查肯尼迪刺杀案的华伦委员会（Warren Commission）的一位法医，他作证以平息车队前方长满草的小山丘上有第二个枪手向总统射击的传言。从总统脑后的子弹孔判断，有一个明显的凹陷形式，清楚地指征子弹应该是从后面射入颅骨的，法医称此凹陷形式具“明显诊断力”，因为所得到的证据足以表明子弹只能来自一个进入方向。由于子弹从后位射入能完全与总统脑后的子弹孔形状吻合，在此子弹孔形状便成为帮助法医判断子弹轨迹的因素³⁰。

现在来看另一个推理的例子，最终发现导致结果的原因只有一个。火星表层呈现侵蚀现象——如沟、小溪——在地球表面这类现象通常由流动的水形成。尽管至今还没有发现明显的液体水在它的表面，但行星学家推测火星上曾经有过大量的水，为什么？地球学家和地质学家还没能找到任何别的原因能导致今天在它表面发现的颇具特征的沟和谷。

类似的例子你可以找到一书架，因为历史性科学的推断过程是合理的，在直观上也言之有理：当经过认真彻底的研究后只能找到一种仅有的原因，这种原因具有已知效应的能力，那么研究者能推断对所论效果认为这是唯一的原因。逻辑上来说，能从现有的效应推测过去因的存在，条件是当这个起因和所论效应之间存在着必要关系。如果没有其他已知的原因，只有一个已知原因，那么从效应便可毫无疑问地指向过去的、唯一充足的因。

基于这个原因，我们从细胞内所含的特定信息确立了以往智能者的存在和过去的工作引致生命的起源。实验结果也证实大量的特定的复杂性或信息，如遗传密码和语言的复杂性无例外地来自一个智能源——如头脑或一个人³¹。既然智能是导致特定信息（至少从非生命源开始）的唯一起因，就连最简单的生命系统中存在的特定的富含信息的序列，都毫无疑问地指向过去曾经存在

细胞中的印记

并有设计智能的活动³²。

这个推断是基于逻辑上有根据的应用于历史和法学科学领域的推断法。既然日常经验和实验证据都不约而同肯定智能设计是创造信息的必要条件或原因，我们可以从一项富含信息的现象反证过去曾有的智能活动——尽管这项活动我们眼不能见。³³正如在主题公园，游客从由花朵拼成的“欢迎来迪斯尼”字样里能看到智能的活动，即使他们并没有亲眼看见这些花是如何种植和安排的。同样，核苷酸特定而复杂排列序列所组成的 DNA 中的信息意味着过去智能的存在和作为，尽管我们没有可能亲眼目睹。

许多别的领域的科学家也认识到智能和信息之间的关系并借此得出相应的推测。考古学家假设是古埃及的抄写员留下的罗塞塔石碑（Rosetta Stone）。进化人类学家们从破碎的火石中找到古人类的踪迹，因为这些打火石不可能通过自然的作用产生这样特异的形式和功能。NASA 有关外星人的探索（SETI）³⁴如果检测到来自空间的电磁信号中藏有任何特定的信息，便可指定智能的源头。³⁵至今，无线电天文学家还未检测到任何带有信息的电磁信号。然而在我们的身边，分子生物学家已发现细胞中含有的富含信息的序列和系统，按同样的逻辑，这些效果是过去存在的智能所致。

重新研讨细胞的信息处理系统

在前面第三、第四、第五章中，我讲到所有生命起源的理论必须解释细胞中主要的特征。在第四章和整本书中，我特别强调解释 DNA、RNA 和蛋白质中具有功能特定信息起源的重要性。但在第五章，我也指出生命起源研究者面临的另一个问题：如何解释细胞中功能整合的信息处理系统的起源？

回顾一下，举例来说，DNA 含有制造蛋白质的密码中的特定信息，但要从 DNA 转录和翻译成为某种蛋白质仍需要一些特殊

蛋白质的参与。这些蛋白质不仅参与 DNA 转录和翻译，也帮助它们自身的复制。换句话说，蛋白质的产生本身需要蛋白质。ATP 的合成本身需要 ATP。ATP 的合成需要 DNA。DNA 的合成本身也需要 ATP。图 5.9 概括了许多功能上相互依赖的细胞信息处理系统。

在第十四章中，我提到 RNA 世界假说，部分原因是企图解答其中一个“鸡和蛋”的问题，就是这个困扰生命起源的研究者所面对的相互依赖的系统。既然 DNA 是产生蛋白质的必需，而 DNA 中信息的处理又离不开蛋白质，或许 RNA 先出现，它的作用既是酶催化剂，又是一个核苷酸。现今明朗了，由于它的许多困难，RNA 并不能解释这些现象和解决任何细胞信息处理系统中功能上相互依赖的关系。除了 RNA 不能解释自身复制所需的特定序列的来源，RNA 世界也不能解释翻译系统和遗传密码，也就是构成细胞内整体的信息的关键系统。同样，自我组织模式不仅不能解释遗传密码从何而来，也不能解释最核心的信息处理系统，即作为遗传密码的关键—核苷酸三连体和组成蛋白质氨基酸之间的关系。再一次说，这是生命系统中信息处理的不可或缺的。再有，你们或许也注意到，在第九、第十两章中，光靠随机建立一个分子自我复制系统比和已经够低的机率产生一条中等长度蛋白质单链的可能性还要低得多。很清楚，用机遇来解释信息处理系统的来源也是不足的。

假如机遇和定律（物质引力所带来的自我组织能力）或两者相结合（如那些应用在 RNA 世界的理论）都不能解释细胞内的信息处理系统，那么什么才能呢？是否还存在其他的实体或是一种起因，已知能产生我们在细胞所见到的完整功能系统或完整功能信息处理系统？

当然，它的确存在

1990年早期，我第一次看见细胞信息处理系统的示意图，随后我将它简化成图 5.9 的形式。当我看这张示意图时，一个分币掉在了地上，它提醒我几年前当我在一家石油公司工作时，一位系统工程师放在我桌上的一张图。这张流程图指出与地震发生有关的地球表层下信息资料是如何收集、处理、分析，然后得出结论的。在这个信息处理过程的每一重要步骤中，存在着“检查站”、连结点、反馈途径，这些都帮助决定信息是如何往返于不同的部门（或计算机），并如何行使其功能的。当时我给它一个称号“意大利通心面”，因为好多线穿梭在不同的方块之间，每条线代表功能相互依赖或是系统中不同功能，“功能行使者”和机算机作为一个整体表现出相互依赖的关系。

当然，电路布线图或计算机软硬件的形成是功能整合系统极佳的范例。一个典型的电子系统有无数独特的元件，另外还包括许多“多向门”、过滤器、转换器、电子信号处理器、电源、开关和功能“阻断器”。在任何一个标准电子系统中这些部件相互依赖以恰到好处地行使其功用。这些相互依赖的关系被工程师们称为“多对一”、“一对多”或“闭路环”（close loop）。这种功能互相依赖性，许多其他部分需要系统的一部分，反过来也是这样。很有意思的是这种整合协调的功能关系也同样存在于细胞当中，这在细胞信息处理网络中尤为突出。

为什么要探讨这些呢？我再说一遍，这些问题的答案对我们很重要，因为在当今我们的理性文化里，唯物敏感性占主导地位，我们经常会漫不经心地疏忽世界上因果结构背后的知识源头。我们从一次又一次类似的经历中得出有一类原因能足以产生功能完整的“多部件”系统。工程师凭借着他们有意识的思考和推理产生出“多部件”功能完整系统的典范。我们也知道智能者

能产生复杂的功能完整的系统，专为完成信息处理过程，无论这类信息是储存或以声或数字的形式靠计算机或其他的电子电路中。我们也知道没有任何其他类型的原因能具备这些能力。智能是唯一已知的起因来解释复杂的完整的功能信息处理系统。因此，这再一次表明智能设计是能最合理也是最完美地解释细胞的信息处理系统，正如它是 DNA 所含的信息来源一样。

结论

既然智能设计理论既符合作为原因的充分性又达到在场标准等作为最佳解释的原因，加上没有任何其他互相竞争的解释具备（或完全不具备）这些条件。这样，智能设计已成为最好的用来解释产生地球上第一个生命所必需的信息来源。确实，我们一致的经历也证明这一点——无论是象形文字所刻画的，写进书里的，通过无线电波传送出来的，或通过模拟实验产生的——所有特定信息毫无例外源于一种智能的源头，靠一种思维而绝非纯物质的过程产生。DNA 分子中特定“数字”信息的发现为智能在 DNA 起源中发挥的作用奠定了坚实基础。诚然，每当我们发现了特定的信息，我们就知道这信息是如何起源的过程原因，我们无例外地找到它是从一个智能源头来的。因之，特定的、数字编码的 DNA 信息的，最佳、最具因果充分性的解释是它也有一个智能的源头，智能设计是对 DNA 之谜的最佳解释。

到了上世纪 90 年代末期，我已被（或至少暂时被说服）智能设计是制造特定信息的唯一已知起因。于是，我也开始策划用智能设计来作 DNA 之谜最佳解释。在接下去的几年时间里（1998 - 2003），我发表了一系列论文说明智能设计是比任何其他互相竞争的化学进化模型能更好地解释生物信息的来源³⁶。自那时以来，我不断在探讨检验其他的假设和模拟试验，比如 RNA 世界和基因的运算法则，这些研究只能使智能设计的可靠性日益

细胞中的印记

加强。这些新的方式不仅不能对生物信息的起源提供一个充分的解释，它们也如上文所述进一步证实了智能设计的正面理由。尽管智能设计的提倡者们被他们的一些反对者贴标签为“创造论者”（被贬之为：穿着廉价晚礼服的创造论者），智能设计的理由有赖于，极具讽刺地，一种科学推理——即创造论者通常强烈反对的古今一致推理（uniformitarian reasoning）。（译注：创造论科学 Creation Science 及其在神学院的代表们都反对“古今一致推理”。）的确，智能设计假设符合达尔文本人在《物种起源》一书中描述过的古今一致的科学推理法。基于这些，加上前几章我曾列举的证据，我终于找到了 1985 年以来魂系梦绕的问题的答案。我得出如下结论：智能设计是可以严格的科学方法去论证。本章详细地叙述了我是如何得出这个结论的和为什么我认为智能设计是我寻找的最佳答案。

第十六章 另一条路去罗马

本章摘要：

- * 介绍比尔·但布斯基 (Bill Dembski) 的机遇消除法。
- * 但布斯基的解释筛选器。
- * 特定性有赖于参考模式的独立存在性。
- * 特定模式与功能特定模式二者相当。
- * DNA 为功能特定模式的理由 (思路历程)。
- * “低概率特定性”和“复杂特定信息”二者为同一概念，殊途同归。

我在教学生时习惯使用一把数码锁来说明我们是如何发现智能设计的存在，尽管学生们并不知道我最终想说的是什么。我只想在演示前告诉他们这将显示单凭机遇是不可能产生出特殊的信息的，因此，机遇不是 DNA 中信息起源的良好解释。

在教学中我会用一个组合锁来示范有关察觉智能的起因，虽然开头我并没有告诉他们我的意图。问学生们如何试着猜这个组合以便开锁。我甚至告诉他们应该先右转，然后左转，然后再往右转，但这次应越过第二个数字。当我将锁在学生当中传递时，他们一个一个都失败了，每个学生有三次随机试验机会，我表现沾沾自喜似的，因为示范已明显呈明我的意图，然后在我好像按捺不住时，恰

细胞中的印记

好在这个时候，有一个学生（就叫他约翰吧）满不在乎地向右，向左，再向右转动了三次，锁就“啪”地一下被开启了。

如预料的那样，课堂上顿时充满了欢声和讪笑，这会持续一段时间。我佯装吃惊，对我的示范结果感到很难堪似的，这证明我是不正确的。这样的从一个可能组合的空间中，随机猜想真能如此快地得出一个有意义的数字组合（即特定信息），这是真的？无例外地，学生们有机会思想他们刚才所见的，有人会提出一个问题：那学生果真凭机会猜测到这个组合吗？然后指责就开始了：“那是真的吗？”“他是你的秘密卧底吗？”“你想要我们上当吗？”

“我？是我吗？”我回答，“我为什么要做这样的事？”当越来越多的学生提出疑问时，我就问他们为什么怀疑我。“尽管约翰完全猜对组合数字的可能性不大，但还是有可能的。总是“有一个机会的”，对此地无银三百两我提出辩护。

“我知道靠随机是有可能得出这个组合”，一个学生说，“但我认为他事先知道这个组合还是比较可能。”大多数学生也有了同样的怀疑，形成了共识。最后我走到那位开锁的学生跟前让他讲实话。“我是不是在上课以前就告诉你这一个组合？”这个学生笑眯眯地站起来，从口袋里掏出一张小纸片，当他将纸片的数字显示给同学们看时，教室里再次传出一阵笑声。

当课堂慢慢平静下来以后，我向他们说明这个示范真正想要说明的问题，我说：“当你们思想今天所看到的，许多人对此觉得可疑，你们拒绝接受‘机遇’假设，而怀疑智能设计其实在发挥着作用。你们认为约翰之所以能开锁，只有他已经知道了数字组合才有可能，你们深信他是在使用已知的信息来产生信息。除此之外，你们也怀疑我和约翰串通企图用某种方式欺骗你们，尽管还不知道我们的动机究竟是什么。换句话说，你们从约翰开锁和我串通他这两方面推断出智能设计的存在。尽管我，作为一个你们所信赖的教授，曾向你们保证每一个学生都在随机试验，你们还是相信有智能设计的存在，为什么？”

当然，在这个时候学生已经知道我对这个问题的答案是什么，他们知道我会说智能设计是解释特定信息起源的最好解释，因为智能活动是这个起源的唯一原因。我也想让他们知道得出这一结论还有另外一个途径，准确地说，我要向学生们介绍比尔·但布斯基（Bill Dembski）的观点，他在最近提出探测设计的一套正规理论，就如我那组合锁游戏夸张地卖弄和学生们随后产生的一系列思考过程（他们并不理会的）所揭示的，但要真正理解是什么，需要从但布斯基理论本身下手。

但布斯基设计探测之法

在第八章中，我讲述过但布斯基机遇消除法作为一个分析框架是如何帮助我评估生物信息起源的机遇假设。在我和但布斯基相遇后的几年中，他继续完善了一种科学的方法来探测经过设计的事件，这些事件不但不能用机遇来解释，但却可用智能活动来解释较为合适。他发展的这种正规科学方法是以智能自身效应的回声来探测智能。至于我已经发展了的智能设计是解释生物信息起源的最好理由这件事上，并没有采用但布斯基的设计探测法。然而，他的方法的确可以用来分析生物信息，如果应用得严格，他的理论加强了我的论点，这就是通往罗马的另一条路——但布斯基路。

在他所著具有划时代意义的有关设计探测的《设计推理》（The Design Inference）这本书中，但布斯基指出理性者（rational agents）凭借先人留下的效应特征来推断或检测他们的思想活动。¹（这部分工作是建基于，但不同于，他对概率的工作，这是我在八至十章中有提到并且也有所应用的）。例如考古学家是根据罗塞塔石碑（Rosetta）上的碑文推断前人理性者的活动，调查保险诈骗的工作人员检测到某种“欺诈的模式”，从而推断有人为的做手脚改变情况，而不是源于自然灾害；密码破译员能区别

细胞中的印记

随机信号和那些带有意义的电码信息。但布斯基提出识别智能者的活动包括一种常用但完全理性模式的推断法。² 他曾对我说，“人们就是常常这样做的”。本章中我要解释但布斯基理论是如何帮助我们推断设计，这个理论如何应用在 DNA 上，为什么这个理论实际上进一步证明我在前几章中所强调的智能设计。

智能设计的特征

“设计推理”和他以后的工作判别智能活动有二个特征，理性者们靠着这些特征识别其他理性者的果效以区别那些完全来自无目的的物质效应。但布斯基认为我们往往将一个事件，一个系统，或一个序列所共同具有的“复杂性”（或低概率）和“特定性”作为智能设计的基础，因为这些复杂事件不可能单纯地用机遇或物理化学必然性来实现。³ 这些复杂的事件或复杂事件序列发生的机率极低。它呈现一种不规则的安排，完全不遵守某一种简单的原则、定律或任何其他运算法则。特定性（specification）是和观察到的事件和与我们所独立知道的事件的一系列功能需要之间相吻合或相对应。如果事件或对象呈现的模式和我们以前所知的相吻合，我们称这事件或对象被特定化了。我以后还会再来讨论这个问题。

尽管但布斯基用了一种特殊的术语和精确的数学的规范化来发展他的理论，他的理论其实是很直观的，可以用许多熟悉的设计探测例子来说明——这也包括我在本章开头所举的那个例子。如我向学生所解释的，他们对设计的怀疑是基于感受到符合的但布斯基二重需求的一个事件——可能性小但却是特定的。

在我所卧底的学生开锁之后，其他学生认为这是一个不可能发生的事件。假定锁转盘面有四十种设置，每试一次他产生出正确的组合（右二十六，左二十六，右十四）的可能性是六万四千分之一。尽管这比靠产生出蛋白质的机率要高，仅用我给学生的

不多试验机会便能得出这样的组合是不可能的。

除此之外，我的学生也认识到这一事件有其他同样不可能的组合所不具有的功能意义上的显著性。当约翰（我的卧底者）转动三次把锁开启之时，学生发现这一结果符合一组独立的功能的需求——即预设的开锁所需的条件，他们也意识到约翰产生的一系列数字与所需的组合吻合。这一种不可能发生的事件与一种独立模式相吻合，同时能满足一组独立的功能需求。于是，因着这两个原因，这一事件呈现出一种特定性。既然事件本身不可能发生，我的学生怀疑有智能设计的存在，这一怀疑是正确的。正如但布斯基理论暗指他们应当如此。

还有其他一些深入浅出的例子说明但布斯基设计探测的标准和方法，访问南达科达州拉什莫尔（South Dakota Rushmore）山的游客们从看见石头上这些非同寻常的图像推断出过去年月里智能设计的伟大。为什么？因为这些在石头上图像是那么的不同凡响和不规则型，在这个意义上是不可能（improbable）的 [译注：英语 probable 较 possible 可能性为大，它们的负含义虽都为不可能，但 improbable 较 impossible 可能性为大一些的（或不可能性为小一些），但是不一定在此场合有特殊含义]。这些观察者更深一步发现：这些图像与其他独立的生活领域相关。他们看到总统的照片和画像。这些石头上的头像模式完全吻合观察者从别处所看到的，于是，按照但布斯基理论，拉什莫尔山上的头像是具有“特定性”的。而且这些形状是如此复杂，按照他的理论，这些头像是智能设计的结果。

再来看另外一个例子，几年前我从海上进入加拿大维多利亚港注意到有一座山开满红色和黄色的鲜花。当轮船再靠近些，我自然而准确地感受到智能设计的存在。为什么？因为我看到一个图形，是用鲜花拼成的“欢迎来到维多利亚”字样，于是我断定这是一些精心设计的园艺师们的智能活动。按照但布斯基理论，有两点触发我对这件事，即智能设计的认可和推断。第一，山上

细胞中的印记

花极其不可能靠随机的排列而成。这些花的排列并不是通常自然界看到的简单的重复模式，像自然过程所预期所产生的和可能产生的。再者，同一种花能在山上可以排成许多不同的样式，这个特殊的安排已表明这是一个高度不可能的配置和构型。

除了排列的不可能以外，我已注意到一个模式，这就是个英文字母的形状，以及它们的功能。据我先前的语言功底，我知道这些字母的排列已独立地满足语法上的要求以行使交流的功能。如果花杂乱无章地散布而没有特定的形状，我可能有理由说这种排列纯属偶然——比方说是随机的一阵风将种子播散的结果。如果这些花的颜色模式没有如此地复杂，比如说红花黄花靠地势升高而互相分离，这种排列也许可解释为自然因素的规律，比方说特定的土壤或环境特别适合某种特定植物的生长。但是因为这种排列绝不可能自己形成，而且这种排列形状具有独立的模式（它表达了“特定性”），我推断它为智能设计。

这一判断也符合但布斯基理论。如果一个事件或目标具有复杂性和特定性，我们应该将它归属于智能设计。与此相比，但布斯基指出我们通常会称低或中度机率并没有显而易见的模式事件为机遇。而称一些重复的或有规律可循的为高度可能发生的事件为定律。

但布斯基指出，当我们对一些不同事件进行推理时，我们通常沿用他称为“解释筛选器”的比较鉴别方法图解形式⁴。这种筛选器概括了科学家（和其他人）如何基于这些事件所具有的概率特征或“印记”来辨别三种不同类型的原因或解释的方法——机遇、必然性和智能设计（见图 16.1）。他的这种“解释筛选器”事实上是一种鉴别智能作用的科学方法。他认为“解释筛选器”之所以有效，原因是因为它反映出我们对世界上事物运作方式的理解和认同。经验告诉我们任何复杂和特定的事件和系统无一不是来自智能的原因，凡是一个事件同时具有复杂性和特定性，我们可以推断为智能设计。

从消除机率到智能设计

但布斯基有关智能的探测源于他从事的机遇消除的工作。在第八章中，我曾提到但布斯基开始意识到低概率事件自身并不一定能引申出有一种机率以外的原因在背后操纵。许多不可思议的事件在我们周围一直在发生，这并不代表除机率外还有其他的解释——正如但布斯基向我解释道：如果我扔一枚硬币一百次，我极有可能遇到一种极端情形，于是，硬币展现出的任何一种特定序列具有 $1/2^{100}$ 的机率。然而这种罕见情形并不表明除了机遇以外一定有一种其他的因素在起作用。为了消除机率的原因，观察这一事件的实验者需要识别一种模式，比如说每次这枚硬币一定会面向上。

我在第八章中也对赌盘操作者（斯里克）作过一个相似的说明。如果操作者将赌盘转动一百次，那么他有可能产生一系列不可能的结果。

只有当这些轮盘赌结果呈现出某种特定的模式，比如说球每次都掉进相同的口袋中或斯里克（见第八章）一次又一次地得胜——这时，旁观者一定会正确地怀疑除机率以外一定有其他因素的参与。

当但布斯基认识到模式识别在机遇消除中起关键性作用以后，他开始猜疑它也对鉴察智能活动起着决定性的作用。尽管并不是任何模式都有助于机遇消除，从而引申出智能设计，但许多确实如此。从我的轮盘赌例子中可以看出如果斯里克每次必赢，本身表明这位斯里克有作弊的可能。但是仅仅凭借一个球每次都掉入同一个口袋中，这个事件本身或许不能完全表明智能设计的参与。

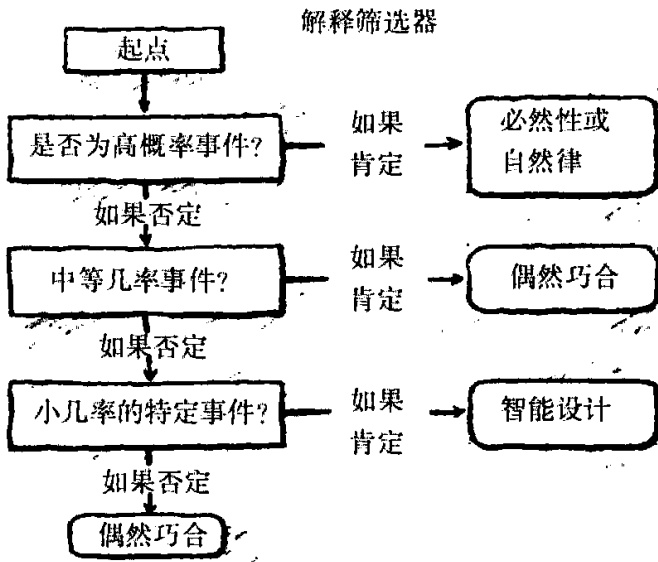


图 16.1 但布斯基的原型解释筛选器。但布斯基的筛选器提供了一个合理的普遍推断过程的重新构筑。它提示我们通常将高度可能的事件归诸于自然律（必然性）；我们还把无特定性的中等或低概率事件归为机遇；最后我们正确地把特定而低概率事件归结为设计作为最佳解释。但布斯基从此注意到研究者有时还应当考虑机遇和定律二者联合的解释，请参阅十三章和十四章

独立的重要性

但布斯基开始探究到底是一类特定模式能帮助引发我们认识智能活动。为什么有一些模式仅仅是物质或物理性的，而另一些却包含智能设计？我们是靠什么来辨别一类特殊模式属于自然规律所驱使的产物而另一些又表明智能设计的参与？当他研究随机性和模式鉴别的一些科学资料后，答案就不难找到了。

但布斯基的答案可以总结成三个字：独立性。一切模式，只要它们来源于一个独立的经验范畴就可帮助我们认清其背后设计的参与。相反，一种模式若不能和一个完全独立的经验范畴模式相合，它本身并不表明设计的参与。当观察者发现一种特定的模

式它仅在这一个事件当中见到，或者观察者注意到的一个事件中发生的模式并不与任何所知它处的模式相吻合——那么这些模式并不能告诉我们此事件是其他智能活动的反映。但布斯基将那些与已知独立的模式相吻合的事件称为“特定性”。⁵ 他称那些仅仅发生在某个事件当中所看到（或认为）的模式为“虚构”（fabrications）。

要区别特定型和虚构型让我们再回到维多利亚港口。我所观察到的山坡上鲜花的排列确实呈现出一种来自独立经验范畴中的模式，尤其从我所熟悉的英语词汇和语法范畴来考虑。但想象一下，如果我有意虚构一种从未有过的模式，比方说，我看见在花园的下面散在一些大型的绿色灌木丛。假如说我决定将这些由灌木丛所代表的点组成的模式作为我名字的拼法，我接着开始谈论这个花园的园丁是如何用此模式专门表达对我个人的迎候之情。

我的旅游同伴一定会认为我疯了，尽管还没到颠狂的程度。尽管我准确地推断了花园园工是如何有意设计了“欢迎你来到维多利亚”这条信息，我却将它不正确地推断为是专门冲着我来的。为什么？因为我不仅仅观察到绿色灌木所呈现的独立排列模式——这个模式来自一个独立的经验范畴（即对灌木丛的观察）——我还在脑海里创造出一种模式。用但布斯基的术语讲，我其实是虚构了一种模式，我并没有真正察验到它是独立存在的⁶。

但布斯基发明了一种试验方法来区别这两种模式。如果观察者能辨认、重塑、鉴定或描述一种模式而不需要把它放在某一事件当中，那么这种模式是独立于事件之外的。假如观察者离了某一事件就无法辨认（或不知道）这种模式的存在，这样的模式就不是独立的。但布斯基的理论称：如果某一事件的发生既是罕见的又是特定的，通常这些事件是特定的，具有一种特殊的模式，而这种模式也可以独立地被辨认，无论事件本身发生与否，我们可以很有把握地鉴察智能设计的参与。我的轮盘赌例子也表明这

细胞中的印记

些独立模式是如何帮助我们察觉设计的参与。当一个球多次落在同一个口袋里，一个模式出现了，但这种模式还不够复杂到一个程度能让人看到智能设计的参与。然而在赌场总管观察到有一种高度规则，重复出现的模式，它出现的频率高，反复一次又一次地出现。这使他怀疑是否物体外在过程或原因是导致这种模式的唯一解释。⁷当然他也许发现赌盘本身有一些问题——口袋附近的边异常的高——使球每次都掉进红色的十六号口袋中。

然而观察不同的模式可以促使我们思考其背后的另一个原因。当斯里克作者重复赢游戏，尽管球并不掉入同一个口袋里，赌场总管还是觉察到一种模式。这时他觉得斯里克有作弊的可能。为什么？这第二种模式有什么不同？有两大方面的不同。

首先，这不是发生在赌桌的物质或物理的层面（像一个球重复掉入相同的口袋中），赌场总管发现这是由一系列复杂的事件组成，这些事件不能用任何物理或数学的运算法则来解释。在赌桌上几乎没有一个结局是相同的。赌盘产生出复杂的序列模式，彼此从来不会重复出现。他观察到的这个特定的程序是极其不可能发生的，一点不像他发现赌盘的问题带来的红色十六号怪现象那样。

其次，第二种模式是与赌桌上任何物理现象完全独立的，在旁注意观察你将会发现这些复杂的先后序列的结果与斯里克所下的赌注序列相吻合，并注意到两者是独立的。你也会发现这些复杂的事件的模式对功能显著性的影响，你会看见这一系列的结果提出一个目标——即在游戏中赢钱。因为这些人谙熟赌盘的规则，也知道那斯里克是如何下赌，他们看到一个模式，确实这是一个功能性显著的结果，于是他们断定其中有设计的参与。不同以往的是，这种模式不是靠观察事件本身得以明了，此处所提到的模式只有那些既懂得赌盘的物理构造之外也懂得赌桌操作规则的人才能觉察到。

当但布斯基研究模式鉴别是如何引向智能设计的，他开始注

意到同样的因素无例外地出现。一个十分罕见的事件发生了，它的极度罕见或复杂性不可能用简单的自然的定律式过程来解释。然而，尽管缺乏一种常规模式，这一事件对观察者来说无疑具有显著的意义，因为他们注意到有一些东西是他们所知道的从其他经验范畴所得到且完全独立于该事件之外的。

通常观察者们通过其他事件已经知道了眼前的这一事件中的相同模式，在这种情况下，事件本身的出现促使观察者们思想一个异乎寻常的巧合——比方说拉什莫尔山上的石雕正好与出现在油画或照片中的几位前总统的脸相像，或斯里克每次总能猜对赌盘的球下一步要掉进哪一个孔中。另有一些时候，观察者们已经具备独立功能所需条件或惯例的知识（比方说游戏规则或语法惯例），使他们能意识到一个复杂事件的显著性，通常是功能上的显著性。比方说，赌场总管谙熟赌盘的规则，有助于触发他想到物理结果所带来的功能上的显著性，从而导致他怀疑设计。当我刚刚抵达维多利亚港口时，我对英语的惯例知识帮助我理会到山坡上花的排列模式的功能显著性。无论怎样，但布斯基意识到设计鉴别有赖于观察者通过从其他独立领域中得到的知识，来帮助他们识别在复杂事件中显著的模式 [包括功能上或符合度上 (conformity) 的]。

两类特定性

既然特定性有两种紧密相关的模式，我们也有两条紧密相关的途径监察到智能设计。首先，从事件所包含的一种复杂的模式与我们所经历过的事情中出现的模式正好吻合这一点上我们能察觉设计的参与。拉什莫尔山上的游客们认出刻在岩石中的图形准确地与纸币或画像上的各位总统脸型相吻合。因为这些雕刻的图形是高度复杂的，他们准确地推断这是一个智能设计，而不是随机无定向过程的产物。

其次，借着我们所拥有的运作知识，我们看出事件所包含的复杂的模式具有功能上的显著性。例如，一个系统的功能要求或常规所需。如果我发觉某人第一次试着开一把复合数码锁便成功，我会认为这是智能引起的而不是一个随机事件。为什么？我知道相对于机率资源而言，要准确地一次猜出这些数字及排列的可能性是极其低的；再者，基于我对（数码）锁如何运作的知识，相信此人做出了一个功能上显著的效果。所以我的结论为设计。

以功能特定性表达模式

当但布斯基逐渐完善他的理论，他把下述两种情形包括在普适的数学公式来描述特定性（specification）。这两种情形包括观察者发现某一事件中呈现的一种模式或发现某一事件中具有功能上显著意义的结果。但布斯基的数学形式适用于上述两种情形，因为功能显著意义的事件与一种特殊的模式两者是相符合的。尽管一种情形较为直观，而另一种较为抽象。

当我在前几页提出特定性这一概念时，我指的是一个事件和一种独立模式之间的吻合，或是一个事件与独立的实现一系列功能要求的相吻合。但布斯基较多使用第一种描述。但在他的两个图示和数学模型中他将独立的功能需要称作“独立的模式”。在但布斯基的想法中，一个独立的功能需要代表着一个靶子。而这个靶子就是一种模式。

这很有道理。假如一把普通的锁有四十个转动的数字（译注：该锁是圆形上面转盘有四十个号码），从而产生六万四千种可能的三位数字，向右 - 向左 - 向右组合，那么打开这个锁的组合密码，就像极其微小的靶子在一个各种（组合）可能性的抽象空间中。当这个靶子被击中的事件发生时，它就产生出功能性显著的结果或模式。这个功能性显著的结果实现了功能的需求，换

句话说，“击中靶子”代表这样的需求。当事件本身实现了独立的功能需求或“击中功能靶子”的时候，我们称它具有特定性。

数学上，但布斯基的理论认为击中那些在组合空间（combinatorial space）里抽象靶子的事件和那些与其他独立模式相吻合（相符合）的事件是平等的，对他的理论来说，一种模式或靶子是否是抽象的或是否用感官直接觉察到的并不重要。重要的是这事件所吻合或符合的靶子或模式是否已知独立于此事件之外。如果一个抽象的目标代表一系列真实的功能需求的后果，这些需求可从实现独立的事件中获知，那么这事件的发生也被特定化了。

这里有一个例子帮助解释为什么功能靶子作为独立模式在但布斯基定义上是相同的，以及但布斯基的理论是如何应用在分析特定信息以及从这些特定信息引申出智能设计有可靠的特征。下面来看这两条字母排列链。

“iuinsdysk idfawgnzkl, mfdifhs”

“Time and the tide wait for no man.”

考虑到在英语中所有的字母排列方式、空格和标点符号，要精确地产生这样长的两条字母链序列显然都是非常难的。无疑这两种序列具有相当复杂性，符合了但布斯基对设计系统所下的第一条定义。

然而只有第二条序列展现出但布斯基所谓的特定性。要明白为什么，让我们来看在这所有可能的组合序列中，很少有序列可以真正表达出意思。这一小部分带意义的序列，对一个广泛的可能序列中限定了一个范围（或靶子或模式）（见图 16.2）。那么这个范围或靶子是否满足但布斯基理论所要求的“独立给予”的前提？

回忆一下，所谓独立是指一个领域（domain）或靶子，必须找到于之对应的已知或以前曾经存在过的模式或一系列功能需求，不能是当事件发生之后才人为设计的⁸。注意到第一个字母序列——“iuinsdysk idfawgnzkl, mfdifhs”——不与任何我所知道的

细胞中的印记

独立存在的模式相关联。当然，当看了这个序列，也许某一个人会声明它的意思是“该吃午饭了”。但如果是那样的话，这个序列的功能显著性不可能独立地存在于这个事件之外。相反，观察者是通过杜撰，而不是察觉，这些字母的排列模式有什么功能上显著性。基于这个原因，观察者自以为是所赋予的“意义”并没有表达出他人脑子所发源的序列。

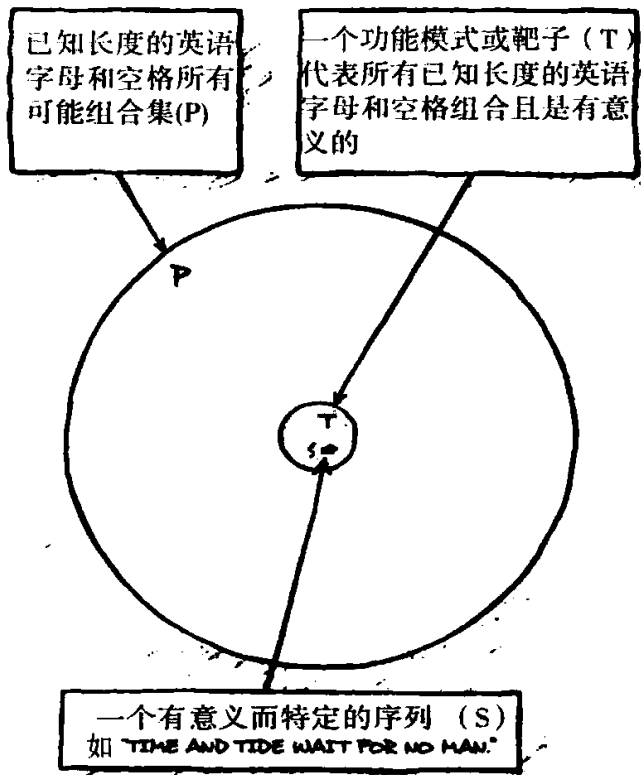


图 16.2 一个有意义英文短句或句子能设想为击中一个极大范围内所有可能组合空间中功能上的靶子。这就如但布斯基设计探测理论上定义为特定的。

那么上面第二个序列怎么样呢？它是否符合作为独立的功能需求或惯例呢？是的。它表达出一种意义。在英语中要表达意思，每个人都必须遵照以前存在过的或独立的词汇惯例（符号序列与某些物体，概念或思想有相关性），加上句法和语法（例如

“每个句子需要一个主语和一个谓语”)。的确，当符号的排列使用，例举符合独立的词汇和语法规则（功能需求），一种有意义的英语交流才成为可能。

很清楚所有英语句子在图 16.2 中小领域或靶子实现或应用现有的词汇和语法要求的惯例。既然这些小领域将功能序列（英语句子）从非功能序列中区分出来，而此字母序列所具有的功能依赖现有的独立存在词汇和语法惯例，这些小领域可被称为“独立给予的”靶子或模式。

第二条字母链（“Time and tide wait for no man 光阴不等人）属于这种独立给予的领域，或匹配其中一个可能有意义的句子（因此，击中一个功能靶子），第二个字母序列表现出一种特定性。不仅如此，这个序列所代表的功能需求，也不是发生在看到这个序列之后才策划以赋予它本来没有的一种意义或重要性。第二个序列实际上运用了一系列已知的现存的需求或惯例以赋予它来传达信息。于是第二个序列，按但布斯基独立条件判断可称为是特定的。再加上此序列具有的复杂性，按照但布斯基理论，它指向一个智能源头，就如同我们的本能和经历告诉我们的那样。

总之，但布斯基理论从最广义的数学表达角度来看，一个特殊的事件的发生不仅其本身符合或代表一个独立存在的模式；而且属于一个独立可识别的领域或触及到一个功能靶子，一般地说，它使一系列独立功能需求具体化⁹。

但布斯基标准在 DNA 上的应用

但布斯基的设计鉴别理论在智能设计争论中起到重要的作用。然而，好长一段时间人们对是否和如何应用但布斯基理论来解释生物现象仍然模糊不清。

几年前，我的一个有编写计算机程序背景的朋友想要弄明白 DNA 是否是智能设计的产物。然而他不能把但布斯基智能设计理

细胞中的印记

论与 DNA 中的遗传密码联系起来。DNA 是否表达但布斯基所强调的设计系统所具有的两大标准？他能看到 DNA 中碱基序列是极大地不可能，因此是高度复杂的。他也明白 DNA 中的碱基序列担负着指导蛋白质在生物活细胞中合成的重大使命。但他弄不明白 DNA 是如何地具备特殊的序列信息，正如但布斯基在《设计的推断》一书中细心阐述的那样。DNA 中的碱基序列是否与其他经验范畴中出现过的模式相吻合？如果是那样，这些模式又存在何处呢？

当我在大学校园为智能设计收集资料时，我一次又一次遇到这个问题。我也遇到一些因为找不到回答这个问题的答案转而拒绝智能设计的理论。对一些人来说，但布斯基为完善其理论取得过许多重大突破。但如果它不适用于生物和 DNA，那么也许生物界不存在所谓的智能设计理论或案例。那么我的任务也到此为止。

这个问题很中肯。如果但布斯基理论提供了一种放之四海皆准的检测智能设计的方法，正如这个理论本身所宣扬的，另一方面我们也声称 DNA 是智能设计的证据，那么可以合理地认为 DNA 应该符合但布斯基的理论标准。下面让我们带着这个问题对但布斯基的理论作一个更详细的了解。

但布斯基认为特定性外加低概率事件无疑引申出智能的参与。他所指的特定性是指一个事件和一种特殊模式，以及我们从其他独立的事件中所看到的相符合。那么 DNA 是否显明了这一种模式？DNA 碱基序列是否与其他独立的经验领域中所见的模式相吻合？如果是，那么这种模式存在何处呢？如果你浏览但布斯基的大作，答案也许是“不知道”。DNA 的碱基序列中不存在这样一种模式与科学家从其他经验范畴中观察到的相匹配，比如说，好像拉什莫尔山的游客们认出山上的石雕与他们以往在绘画或照片上见过的几位已故总统的头像一致一般。

的确，我们在 DNA 分子中见不到在其他事件中相类似的模

式，但我们——或至少分子生物学家——在对其他现象进行的研究之后发现 DNA 中的碱基序列基于我们所知道的某些事，确实识别了一种显著的功能显著性。在第四章我们讨论过，自从富兰西斯·克里克（Francis Crick）于 1957 年提出 DNA 的序列假说以来，分子生物学家认识到 DNA 中的碱基序列产生出一种功能显著的结果——合成蛋白质。如以上所述，当事件发生如此的结果是特定的，条件是它们要实现或表达出一系列独立的功能需求（或“击中”了组合空间一些独立的功能靶子）。因为 DNA 编码区的碱基序列确实符合这样一些独立的功能需求（并且在组合空间内“击中”一些独立的功能靶子，产生结果），按但布斯基理论它们是“特定的”。

要想进一步明白为什么，请看以下的分析。DNA 编码区的核碱基序列相对于蛋白质功能、合成以及细胞生命所必需的独立条件是高度特定的。要让细胞保持活力，细胞必须调节自身的代谢，借着细胞膜传递和排泄生物物质，完成去除“废物”等等许多其他特殊使命。每一个这些功能依次需求细胞特殊的分子结构，“机器”或系统（通常由蛋白质组成）以发挥其功能。正如第四和第五章讨论的，构造这些具有特殊三维结构的蛋白质有赖于 DNA 分子中核苷酸特定的排列。

基于此，任何一个能指导蛋白质合成的核苷酸序列击中了含有一切可能性的抽象空间中一个功能靶。像第四、第九和第十一章所表述的那样，DNA 的化学性质使核苷碱基的可能排列模式成为无比地大。然而在所有的这些组合的可能性中，基于分子表达系统分子机器的要求，（只有相对少量的序列）最终能导致蛋白质的合成¹⁰（见图 16.3）。因此这少量的功能序列在大量的可能性中限定了一个范围（或靶子、模式）。其次，这个小范围由一个独立的模式或靶子组成，因为它使有功能序列与非功能序列区分开来，所有这些核苷碱基序列的功能性取决于独立的蛋白质功能的独特需求。

细胞中的印记

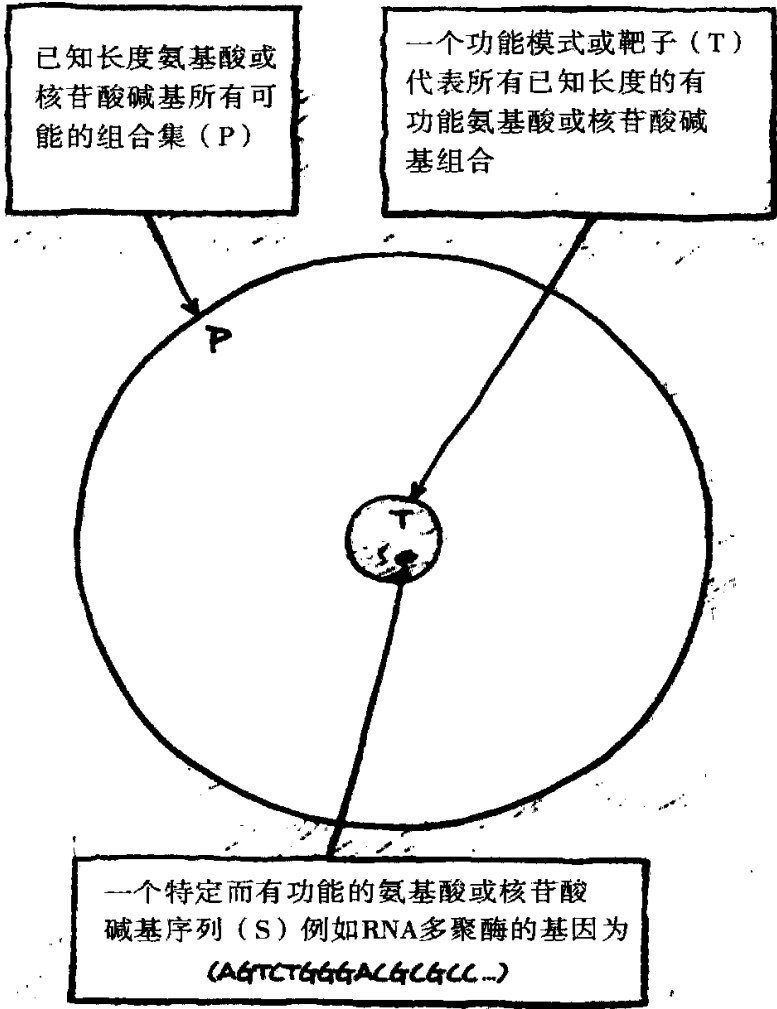


图 16.3 功能性特定的核苷酸碱基或氨基酸序列可以想象作击中一个功能性上的靶子 (在可能排列的大大的空间中), 因之在但布斯基设计探测所定义的技术上的特定性。艾克斯证明一百五十氨基酸领域中其 P 圆圈比靶子 T 的比例大约相当于银河系的尺寸比一个棉花球。

因此, 任何一个真实的核苷碱基序列, 只要它从属于这个小范围或与可能的功能序列之一相对应, 我们称它“击中了一个功能靶, 呈现一种特定性。顺理成章地, DNA 编码区的核苷序列不仅复杂, 而且也是特定的, 按照但布斯基理论, DNA 中特殊的碱

基排列预示着早先智能的活动，正如我在前一章中的不同，但紧密相关的理由所论证的那样。

信息储存和处理的功能逻辑性

但布斯基理论适用于细胞的信息处理系统以及 DNA 本身。正如我在第一章和第四章指出的那样，DNA 的编码信息以数码的形式储存。它也使用机器——准确地说分子机械系统——来复制、传递和处理产生功能效应的信息。

一切细胞使用所存的数码信息来调节和指挥其他数码信息的表达（更具体来说，那些储存在 DNA 分子的蛋白质编码区的信息）。诚然，我在第十八章和结语中更为详尽地讨论过，一部分以前许多生物学家认为是“废物 DNA”的，如今已发现承担着许多极为重要的工作，包括建造蛋白质所需的调节和信息表达。从这一点来看，这些非蛋白编码区在基因组的作用好比是软件程序中一个操作系统，调节和指导系统中的其他信息是如何处理的。

不论怎样，细胞的信息处理系统包含三个关键因素：其一，数码储存和编码信息；其二，具有处理信息从而产生功能效应的机器；其三，能编码高层的（分层次安排之下的）调节信息。这三大生物信息表达的关键因素也可在以计算机为依托的信息处理系统中找到，它们也能够将信息编译数字化；用机器处理信息；使用这些分层次化组织起来的信息来调节其他信息的表达。

这三大要素提供了一个很好的例子，说明软件设计者和其他工程师认为的什么是设计模式。¹¹设计模式是解决设计问题的一个普适的方法，设计模式将功能逻辑加以提炼，这种逻辑可以在不同的环境（context）中加以应用和改进，以解决不同的但相关联的工程问题。

DNA 和细胞信息处理系统在许多设计模式的典范。在最高层次上，DNA 和它的信息处理机器编码和处理数码信息的方式适用

细胞中的印记

于任何一个普遍设计问题，即如何储存信息和靠一个交通渠道传递信息以产生具有功能的结果。它也给出了其他许多特殊低层面问题的答案，比如说，如何将一维数码信息变成有用的三维结构信息，如何将信息从一种媒体忠实地复制到另一个媒体中？如何在信息处理过程中自动纠正错误？如何将功能相关和无关的信息组织起来？如何找出并利用零散的信息？

细胞信息处理系统的设计模式也呈现一定的特定性，为什么？因为我们看到细胞信息处理系统中的设计模式与我们从另外独立的经历范畴中（具体来说，从我们自己的信息技术）所学到的相吻合。我们发现了一个吻合或不如说几个吻合。

我们从人类的信息技术能够很好看见细胞使用核苷碱基作为数码符号，组成一个功能框架。让我们回忆一下理查德·道金斯（Richard Dawkins）观察到的“基因所含的机械码和机算机神奇般地相似”，或是比尔·盖茨观察到的“DNA 就像一个机算机程序”。我们也发现细胞在储存、转移和处理信息所采用的一种设计模式。再来看一下休伯特·约基（Hubert Yockey）的观察，他说“遗传密码是用来面对和解决交流和记录中遇到的问题，它的原则与近代通讯和计算机码所沿用的是同样的。”¹²我们发现细胞通过使用这些数码符号来建立三维机械零件，以建立一定的功能模式。回想一下第五章中曾经讨论过的飞机生产公司使用 CAD - CAM（计算机协助的设计和生 产）。任何熟悉软件设计逻辑的科学家还能找出细胞内信息处理系统所含其他更多的专门设计模式和策略的亚系统。

这一点对我说，是在几年前的一个下午，我被这个结论深深震撼了。我登门拜访了一个软件工程师，他和一位在生物研究所（Biologic Institute）实验室工作的生物学家有紧密的联系，这个实验室是我们这些在发现学社（Discovery Institute）工作的研究人员帮助筹建的。这位软件工程师想要研究明白细胞是如何处理信息的，以便让计算机模拟细胞内的基因表达过程。他拿出一本题为

《设计模式》的书给我看，这是一本软件工程师普遍使用的教科书。书中讲述了许多不同的设计理念——从处理、储存、复制、组织、使用和纠正数字编码串的信息错误，等等。

我的同事告诉我，他发现很多这些特殊的设计模式和策略也同样出现在细胞当中。他对这种“设计逻辑的复杂性精密性”和生物体与软件工业所发生的惊人的相似怀着敬畏之情。他说细胞时常采用反映了我们人类的功能逻辑，但在执行时的巧妙却又大大超过人类所及的地步。“就像我们刚刚开始找到并使用 8.0 或 9.0 版的设计策略。当我们认识到细胞是如何处理信息的，我神奇地感觉有人在很久以前早就把它搞清楚了。”

按照但布斯基理论，我这位同事对细胞信息处理的设计不只是抓到一些直觉，他抓住了两个很好的证据——特定性和低概率性——两者成为智能参与的理由。我的同事认识到在细胞信息处理系统中，许多设计模式与他从其他独立的经验范畴中得知的相似。他也明白他所研究的对象——分子和分子机器，具有极高复杂性。因此，按照但布斯基理论，细胞内以数码模式出现的信息和信息处理系统是智能设计的结果，正如我的朋友靠直觉和他的专业知识所怀疑的那样。

殊途同归：复杂性和特定性一起组成了生物信息

1992 年，当我第一次见到但布斯基时，我们认为二人是从不同角度来探讨是否存在智能设计。他对机遇消除的逻辑感兴趣。随着他理论的日趋成熟，他首先意识到模式识别在机遇消除中所起的关键作用。其次每个特殊模式，或称独立模式，也能帮助我们觉察出智能设计的存在。他的分析法的切入点是统计假设的测试。因此，他会用概率学上的语言谈论他是如何发现“低概率的特定性”，以检验智能设计的一条途径。

另一方面，在和查尔斯·塞克斯顿（Charles Thaxton）的讨论

中我发现信息理论可神奇般地应用在分子生物学中。尽管不久我便意识到香农信息理论不能和功能意义等同起来，我相信香农提出的一些概念只需稍加补充便可对生物学有用。正如以英语作为母语的人能凭借惯用的词汇和语法知识分辨有意义和无意义的英语字母组合，生物学家也能靠他们已获取的遗传密码和基因表达系统的知识来决定 DNA 碱基序列所代表的功用。在第四章中分子生物学家认定核苷碱基和氨基酸排列具有的“特定性”¹³，而正是这些特定性决定什么是产生特殊效应或行使一种功能所必需的序列。

因着生物体内存在的这些额外的信息理论“功能”或“特定性”的性质，加上可以定量的香农信息，我认为很可能指向有设计。于是，在我与但布斯基的讨论中，我一直在讲信息内容或功能信息的存在作为“设计”在生物体中存在可能性的特征。但是，但布斯基对以信息作为“设计”的特征颇有迟疑。他知道很多人把香农信息与意义或功能混为一谈。他提出单单香农理论所定量的不可能性本身不一定指示设计。按照但布斯基一直在引用“低概率特定性”，而不是“信息”，来作为智能设计的肯定证据。

第二年的冬天，当我观看一场暴风雪的时候，我突然明白我和他之间冲突的解决办法。“低概率特定性”至少属于功能信息的范畴，而这类功能信息是我用来表明智能设计的存在。如果一个极不可能的序列产生出一个功能效应，它便符合但布斯基理论所谓的“特定性”要求。但布斯基和我其实在描述同一个事实——用同一个标准——只是用不同的语言。“低概率特定性”可用另一个术语描述为“香农信息再附加”——要么是香农信息加上功能，或是香农信息加上意义，或者香农信息加上特定性，后者在但布斯基理论中包括着意义和功能。

这一切都显得合情合理。总而言之，香农的信息理论向人们在传输通道中提供了测量复杂性或不可能性的一种方法，但是香农方程式并不能测量或检测意义或功能，决定功能必须靠其他的

方法。我知道这个，但我起初不理解但布斯基的特定性学说如何与功能挂起钩来。当我越来越意识到功能是一种特殊的“特定性”组成——或“特定性”包括功能为其实例——我知道我们一直在谈论同样一件事情而不自知。

但布斯基以前全部拒绝使用信息语汇，如今他已明确表示二者的等同性。他开始称“低概率特定性”和“复杂的特定信息”是同一个概念。他使用“复杂”以及“特定”来修饰信息，来描述当特定信息量超过机率资源而不能用随机来解释的情形。当我在前几章提出“大量”的特定信息这个概念时，我准确的意思是但布斯基所谓的“复杂的特定信息”，即当特定信息的量在系统中超过了机率资源而可以用随机解释的范围。

无论如何，但布斯基智能设计的检验标准和我所使用的二者汇合到一致可在所有（上述）描述他的方法的例子之中可为证据。维多利亚港口鲜花的排列不仅展现了复杂性和特定性，也含有功能或特殊的信息。“光阴不等人”这句话不仅代表了一系列高度不可能的特殊的符号序列，也清楚地表达出一种信息，起到交流的功能。

这一等同性表明但布斯基设计理论最终是如何应用在生物学上。既然功能特定的信息表达为复杂的、特定的，那么，任何事件或对象，只要具备功能特定的信息就一定具有但布斯基的设计两重特征。于是但布斯基理论可以适用在任何一个含有大量这类信息的系统中。由于DNA、RNA和蛋白质含有大量的功能上特定的信息，就连最简单的自我复制生物体也是如此，但布斯基理论也提示智能设计是解释构造第一个生命体所需的特定信息的来源的最好的理由。条条道路通罗马！

第十七章 但它能解释吗？

本章提要

- * 对智能设计论的有意或无意的误解或曲解。
- * 以无知为论证？
- * 科学可以说“不”。
- * 人为因素之外的智能活动为不合法？
- * 反驳休谟：其一，生命无穷回归说不成立；其二，ID并不是类比论证
- * 详细驳斥道金斯“是谁设计了设计者”。
- * 结论：在每一个双重标准之后，必有一个不能告人的偏袒。

让我们想象有一队探险者打算到南极洲附近探索一群荒岛。经过多日的海上旅程他们到达一个冰冻刮风的海岸。肩负背包，这队人步行进入内陆，最后在一个洞穴里找到了躲避寒冷的场所。生了一个小火来煮他们冻干的食品，凭着火光他们看到了奇怪的楔状的刻痕，有点像苏美尔人的楔形文字。看来岩石上的刻痕有点像书写的文字，但是年代测定技术显示这些是五十万年前的刻痕，比任何已知人类书写都要早很多，而且实际上比解剖学意义上的现代人的历史还要早很多。

研究者就探索其他的可能性。这可能是动物的刮痕。或者是什么吸附过程，或者冰川作用留下的痕迹，或是协同风的作用以高速把沙吹过冰缝所致。各路专家深入检查研究，认为以上原因或其他纯无意识无指导（undirected）的解释不能解释所得的证据。另外一个发现加强了这个结论。在这洞穴深部有一个广阔的空间，探险者在壁上发现了一系列的图画，有鱼、鸟和哺乳动物，以及地理特征，例如山水和深谷，还有看起来是一些比较先进的工具。每张图画下面有一组刻痕，和洞穴入口处壁上的那些刻痕一样。看起来这些刻痕是文字。探索者无法解开每一个字或一系列刻痕的功能，而且看起来这些字还有拼错的地方。但是最终变得很清楚这些刻痕是以不同的复杂方式的排列来描述打鱼和打猎的技术，和如何用不同的动物作为食物和燃料的方法。

在他们进行艰苦研究的过程中，这些探险家做了一种推测。他们注意到，虽然这些刻痕不能揭示书写者的身份，但是它们却指向某种的智能活动。这些刻痕揭示了一种用来传递信息的复杂精良的系统，而这种事物唯一一个已知的原因就是智能——有意识的理性的活动。他们得出结论说这些偏远的荒岛曾经一度有一群工具制造者和狩猎者定居过，他们比现代人还要早五十万年就发明使用了书面的字母语言。这个团体预期他们会因洞穴刻痕的年份而受到质疑，最初的怀疑也确实集中在这一点上。但是有两个独立的团队，其中一个使用了新的年代测定技术，都证实了这些刻痕的年代久远，介于四十万到六十五万年之间。科学界很快接受了这些发现。

原来的研究者认为他们已经得出了坚实的科学结论。但是一些反对者却对他们的工作发起了一系列的哲学上和方法学上的责难。有些批评他们的结论，因为他们声称这仅仅基于我们对能够产生刻痕的自然能力的无知。反对者指出，科学家经常发现新东西。肯定的，早晚其中一位会发现能够解释刻痕的自然原因。他们声称研究团队犯了“缺口中的书写者”（scribe of the gaps）论

细胞中的印记

点的谬误 [译注：“与缺口中的上帝 (God of the gaps)”相呼应]。

另一个怀疑者，一个科学哲学家，坚持说可以推论在有人类存在的时间和地方有智能因素在运作，但是并不清楚在制造这些刻痕的时候是否有人类在场。由于我们并不知道任何非人类的有智能活动的例子，所以我们不能对洞中刻痕的来源下任何结论。还有一个怀疑者，一个著名的生物学家，提出了一个他所谓的终极难题。他坚持这个队根本没有真正揭示了刻痕的起源。他问道：“如果刻痕指向一个古代的书写者，那么是谁设计了这个刻痕的设计者？”因为假定刻痕设计者的思想充满了信息，然后援引智能作为洞穴信息的解释不过是在时间上把信息的最终起源问题向前推，这就制造了可能的无穷回归，那是不能接受的。

为了这些和其他理由，怀疑者质疑研究队的“设计”推论中所用的逻辑。有些人坚持说推论为智能的原因是没有根据的；其他人说，这什么也没有解释。

当我在学术和科学会议中提出智能设计的论点作为 DNA 之谜最佳解释时，我很少遇到有科学家声称他们有一个更好或更充分的解释。以设计作为 DNA 的解释，我常遇到的反应往往是我的辩论对手们让步承认并不知道如何去解释第一个生命所必要的信息起源，事实上生命起源的领先研究者也是如此认为。相反，我提出了以设计作为最好的生物信息起源的解释，我发觉科学家和哲学家们之所以拒绝它是从哲学的基础上提出的，和上述虚构寓言里的怀疑论者提出的质疑并没什么不同。批评者坚持说智能设计在逻辑上是错误的，是没有根据的，也没有解释任何东西。

这一章，我为智能设计而辩护，来反驳那些声称这是没有根据的或说逻辑上有错误的人。在这过程中，我还要证明，以智能设计为最佳解释还使它避免几个常见的哲学批评。

以无知为论证？

多年以来，我在科学会议中，在大学校园和在电视或电台节目中参加过许多关于智能设计的辩论。几乎每一个辩论中，我的辩论对手都声称，智能设计的主张犯了一个以无知为论证的错误（argument from ignorance）。以无知为论证的错误是当反对某提议的证据是作为唯一的（和结论性的）理由来接受某种替代提议时发生的。

智能设计的批评者往往指责智能设计的论据犯了上述的逻辑错误。¹他们声称设计论的提倡者，用我们目前对特定信息的自然或唯物来源的无知，作为以智能来推断生物学信息来源的唯一理由。他们指责智能设计论者提倡智能设计，仅仅是因为各种自然原因解释的不足。我们还不知道生物信息是怎么产生的，我们就期望智能设计这个神秘的概念。这样看来，智能设计并不能作为一个解释，它不过是无知的遮羞布而已。

但这里所提出的设计的推断并没有犯上述谬论的错误。诚然，本书前面几章确实曾论证道，当前，所有物质的原因和机制都解释不了从前生物状态如何产生生命信息的问题。很清楚，缺乏任何充分的物质原因的确实是推断设计是细胞内信息来源的部分理由，虽然或许把“证据不足（没有知识）”描述成不存在的知识更为确切些，因为它是从彻底搜寻各种唯物原因和彻底评价几十年来无数实验的结果得来的。

不管怎么说，所推荐的唯物原因之不足只是倡议智能设计的一部分论证根据。我们还从广泛且重复的经验中**知道**，智能者能够也确实产生了富有信息的系统：我们有正面的基于经验的知识，就是一个足够产生新的特定的信息的起因，也就是智能。我们对信息是如何产生的并非无知。我们从经验得知，有意识的智能者能够创造有信息的序列和系统。我们再次引用奎斯勒（见第十三

章)的话:“新信息的产生惯常地是和意识行动息息相关的。”²经验告诉我们,无论何处,如果在某个器物或来源已知的实体中出现大量特定的复杂性或信息,一定是有创造性的智能——智能设计——在这实体的起源中起了作用。因此,当我们在生命所需的大生物分子中见到这种信息时,我们可以推断——基于我们已建立的因果关系的知识——过去曾有一个智能的原因作用过,产生了生命起源必需的特定信息。

基于这个理由,我们在这里所辩护的设计论推断并不是以无知为论证。相反,它是基于我们现有的最佳知识上的“最佳解释的推断”。³正如第七章里所指出的,要建立一个最佳解释,一个历史性科学家必需引证所提出的原因有充分因果关系的正面证据。诚然,不像以无知为论证(argument from ignorance),推断最佳解释(inference to the best explanation)并不仅仅基于另一个因果解释的不足性来断言一个起因解释的充分性。相反,它断言所提出的原因之所以有最佳的解释能力,是基于它已经证实的——已知的——因果充分性,和基于与之竞争的其他提议的原因在所展示的有效性上的不足。

在第十五章中,我已经提出以智能设计来解释大量的特定的信息其因果充分性的证据。我们从日常经验,以及科学实验的结果和计算机模拟知道智能者的确能产生大量的特定信息。由于我在前面经过彻底的搜寻已经指明已知的唯物过程没有一个能够产生这个效果,因此我认为我们可以推断设计是细胞内信息起源的最佳解释。因此,这个设计的推断,是基于现有已展示的唯物实体和过程的(不足的)和智能的(充足的)因果能力的知识。与根基扎实的地质学、考古学、古生物学里的其他推断相比,这个设计的推断并不显得更以无知为论证。在那些学科里现有的因果关系的知识都在指导着科学家推断过去事件发生的原因。

作为阐明一个最佳解释的推断,生物信息的设计论断是应用于历史性科学中的标准方法,均变论原理(the principle of uni-

formitarianism) 的一个典型例子。均变论的原理说：“现今是过去之钥。”具体来说，我们现今所知的因果关系应该指导我们如何评价对遥远过去事件的起因所作的推断的可信性。在一系列互相竞争的解释中，决定哪一个是最好的有赖于对互相竞争的解释理论的因果能力的认识，这认识是从我们反复观察和体验世界上因果模式得到的。⁴ 这样的知识，而不是无知，它支持了从 DNA 中的特定信息作出智能设计的推断。

以无知来作论证犯了一个明显的逻辑错误。它忽略了一个必需的前提，这个前提应对结论有正面的支持，而不仅仅是反驳另一个结论的负面证据。以智能设计为最佳解释的推断，并没有忽略了那个必要的前提。因之它没有犯了上述谬论的错误。

我们可以仔细地考察一下。在一个解释性的行文里，以无知为论证有如下的形式：

前提一：起因 X 不能产生或解释证据 E。

结论：所以，起因 Y 产生或解释了证据 E。

智能设计的批评者声称智能设计用了上述的形式。常和我做辩论的对手，迈克尔·谢默喜欢争论道：“智能设计……认为，生命过于特定而复杂（复杂结构例如 DNA）……不可能由自然力量进化得来。所以，生命一定是被一个智能设计者……所创造的。”⁵ 简而言之，他们认为 ID 倡议者是以下列方式来论证：

前提一：物质的原因不能产生或解释特定的信息。

结论：所以是一个智能的原因产生特定的生物信息。

如果智能设计的倡议者真的以上述方式来论证，他们就犯了以无知为论证的错误。但本书的论证并不采用这个形式。相反，它用下列的形式：

前提一：尽管经过透彻的搜索，找不到任何唯物的原因能够展示出有产生大量特定信息的能力。

前提二：智能的原因已经展示了产生大量特定信息的能力。

结论：智能设计是细胞中信息最佳的、因果性最充分的

细胞中的印记

解释。

或以较为正式的形式，这里所谈的智能设计可以表达如下：

前提一：从 A 到 X 的原因都不能产生证据 E。

前提二：原因 Y 能够并产生 E。

结论：Y 比 A 到 X 都更好地解释 E。

除了唯物原因如何缺乏可展示的因果充分性这个前提之外，智能设计作为最佳解释这个论证还确认了智能的可展示的因果充分性作为另一个替代起因。这个论证并没有忽略掉为一个更佳替代起因或提议来提供正面证据或理由的另一个前提。相反，它特意地加入了这一前提。所以，它没有触犯以无知为论证的谬论。就是这么简单。

科学和“说绝不”

有人或许仍然否认智能设计推断的合理性（即使作为最佳的解释也罢），因为我们不知道将来对其他自然实体或唯物因素的起因能力的研究会有哪些发现。有些人会认为这里所说的设计推断是无效的，因为它是基于负面的普遍化——也就是，纯物理和化学的原因不能产生大量特定性信息——而这个普遍化可能被将来的发现所证伪。我们应当“绝对不说绝不”，他们说；如果这样做就是阻碍了科学。⁶

但是科学经常讲“绝不”，即使它不能以绝对的肯定来说。负面的或排斥性的普遍化（*proscriptive generalization*）在科学上往往起到重要的作用。正如许多科学家和哲学家已经指出的，科学定律经常不仅仅告诉我们什么事情会发生，也告诉我们什么事情是不会发生的。⁷ 例如，热力学上的守恒定律，排除了某些结果。第一律告诉我们能量决不会产生或消失的。第二律告诉我们，一个封闭系统的熵（*entropy*）不会随着时间减少。那些说因为“排斥性定律”（*proscriptive laws*）是基于过去而不是将来的

经验，所以不构成知识的人不会走得太远，如果他们真以这种怀疑的态度来合理化他们申请的研究基金项目的话。例如，试试申请永动机项目看看。

进一步讲，如果没有排斥性的普遍化，没有对各种可能的起因不能或不会产生什么的认识，历史性科学家就不能决定过去的事情。正像我们前面看到的，重新构造过去，要求溯因推断（*abductive inference*），从现在的效果回推过去的起因。⁸ 做出这样的推断，要求不断地排除其他竞争性的起因假说。决定哪一个原因可从考虑中排除，需要知道那种原因能和不能产生哪些效果。如果历史性科学家从来都不能说某个特定因素缺乏特定的因果能力，他们永远也不能把这个因素排除在考虑之外，哪怕只是临时的。因此，他们就永远也不能推断某一个因素在过去起了作用。然而，历史和法医科学家经常做这种推断。

考古学、密码学、罪犯法医学表明，我们经常对过去的事件作出智能原因的推断，而无需担心犯了以无知为论证的错误。这样做是有正当理由的。大量的人类经验表明，智能者具有纯物质过程所缺乏的独特的因果能力。当我们观察某些从经验知道只有某行动者所产生的特点或效果时，我们可以适当地推断先前有过智能的活动。决定最佳解释，科学家不需要以绝对的肯定性说“绝不”。他们只需说，从现有已知的其他竞争性的实体所展示的因果能力看，所提出的原因是最佳的。原因 C 能够产生效果 E，使它成为一个比某些从来没有产生过 E 的原因 D 更好的对 E 的解释（特别是如果 D 在理论上也看来无法做到这一点），即使 D 在未来有可能展示我们现在所不知的能力。⁹

因此，反对者认为设计推断是构成了所谓以无知为论证，原则上是简化为重复古典归纳法的难题（*problem of induction*）（译注：休谟是提倡者之一，其名言“不知道明天太阳是否会升起”），也就是不知道我们基于过去经验的对自然的普遍化（*generalization*）是否能被将来的经验所肯定。然而人们可以同样以此

细胞中的印记

对任何科学定律或解释或任何历史性的推断表示反对，这些都是以现有的自然定律和因果能力的知识，而不可能以将来知识为依据的。物理学家约翰·巴洛（John Barrow）和弗兰克·提普勒（Frank Tipler）注意到，仅仅由于他们假定了自然律的普适性（uniformity）和规范特性，如要像休谟那样来批评设计论点，就同反对“任何形式的科学诉求的合理基础”一样（无理）¹⁰。我们关于什么能够，什么不能够产生大量新信息的信息，可能将来要修订，但这同样也适用于热力学的定律。这些可能性并没有阻止科学家们将各种实体的因果能力普遍化，或用这些普遍化来辨认特定事件的可能的或最可信的原因。以过去或现在的经验来作推断是知识（即使是临时性的），而不是无知。所以那些反对这种推断的人们，不但反对了设计论的推断，也反对了科学推理本身。

人为因素

有些智能设计的反对者采用了一个比上述论点更为隐秘的说法。他们承认我们或许可以从一个富含信息的器物或事件来推断一个过去的人类智能（在人类历史里）的作用，但这只是因为我们已经知道人类的思想在那个时候是存在的。但是，他们争论道，因为我们不知道（我们对它一无所知），在人类之前是否有智能者存在，因此推断一个在人类之前的行设计的智能是不合法的，即使我们所见到的效果通常只能从智能者所产生的。¹¹这些反对者事实上是坚称，因为我们没有智能者在人类出现前就存在的独立知识，因此智能设计的说法不符合一个最佳解释的因果存在的要求。

虽然，这种反对意见反映了某些对历史性科学方法的了解，但也反映了他们只是部分地了解这个方法。它也忽视了在第十五章中所明确表述的设计推断的强有力的逻辑基础。诚然，历史性

科学家们一定要符合充分性和过去存在这两个条件才能建立一个因果的宣示。但是，正如在第七章中提到的，满足这个因果——存在要求的一个办法就是证明对某一个效果只有唯一一个已知的原因。在这个情况下，观察到这个效果，就自动建立了过去这个因的存在，也满足了因果——存在的要求。正如从第八章到第十五章所论，因为智能是大量特定信息的唯一已知原因，因此细胞中存在这样的信息就决定性地指向了过去设计智能的作为。

本章开始的寓言故事中虚构的人类学家就是这样推论的。他们推断说在人类出现以前就有智能存在，因为他们发现，根据他们重复的经验，这个效应只有一个已知的原因。故此他们推断了智能者的存在和活动，即使这些活动的证据早于解剖学意义上的现代人的起源。那末这些证据是否可以作为肯定现代人更早起源的依据呢？或许可以。它们是否可做非人类智能存在的依据呢？还不能肯定。然而，依据他们的重复经验、自我意识和自己所拥有的让自己产生信息的能力——他们可以确认一个或多个有意识的有智能的头脑曾经运作产生了特定的信息——就是上文寓言所说的刻印。

我所描述假设的探险者，不是唯一用这个方法推理的科学家。真的人类学家常常修改对人类历史或某个文明的起源的估计，因为他们发现了富含信息的人造器物，其测年法结果早于过去所估计的人类或文化起源的时间。这种设计的推断建立了人在以前所不知的某时某处的存在和活动。在建立这种推断时，人类学家一开始并没有关于人类在那时那处存在的独立的知识。相反，他们只有显示唯有智能方能产生的特征的人造器物。但是，仅仅这一项，就能使他们建立一个先前智能原因的存在。人类学家并不需要过去人类在那时那地存在的独立知识。

与此相似，科学家探测外星球智能时，并没有已经知道外星球智能真的存在。然而他们预设如果从外星球（extraterrestrial）来源收到特定信息或复杂性，就能证明空间中存有智能。科幻小

细胞中的印记

说《超时空接触》(Contact)里,科学家从无线电信号测到了外星智能,这信号携带了前一百个质数。在实际的地外智能搜索(Search of ExtraTerrestrial Intelligence, SETI)研究中,科学家寻找更为细微的智能指标,也就是非自然调制的(modulated)和集中的无线电信号。¹²

不论怎样,SETI确实预先假定,如果发现复杂而特定的模式就是智能可能存在的根据。此外,SETI恰恰是寻求建立在一个遥远的地方和一个遥远的时间,一个目前来说还一无所知的智能原因的活动。如果科学方法能够——至少在原则上——测知遥远银河系里的外星(和非人类)的智能,为什么我们不能用同样的探测设计的方法来建立远古的非人类的智能活动作为细胞中特定的复杂性的原因呢?

休谟的异议：一个失败的类比？

学习哲学者知道还有另一个对智能设计的反对意见,因为通常在大学第一年的教科书上会见到。根据许多哲学教科书,有关设计的论证已经被怀疑论哲学家休谟(Hume, 1711 - 76)一劳永逸地解决了。¹³休谟辩驳古典生物设计论说,古典生物设计论是基于生物体和人造器物的有缺陷的类比上。在他的《有关自然宗教的对话》(*Dialogues Concerning Natural Religion*)里,休谟同意器物来自有智能的器物制造者、生物体和人类复杂器物有某些共同点。眼睛和怀表都有赖于许多精密的部件的功能整合。然而,他争辩道,生物器官和人类器物是不同的——例如,他们自我繁殖——而设计论倡导者没有将这些不同点考虑进去。由于普遍的经验是有机体永远来自其他有机体,休谟论证道,那么其他的类比论点实在应该说明有机体最终来自于更早的有机体的无穷回归(regress),或是从某些永存的原始的机体(或许是一个巨型蜘蛛或蔬菜)而来,不是从一个超常的(transcendent)头脑而来。

尽管有些人同意休谟的说法¹⁴，休谟对古典设计论的反对意见不能反驳本书的论点。有如下几个原因：首先，我们现在知道机体是从机体而来，是因为机体拥有富含信息的大分子和一个复杂的富含信息处理和复制信息的系统储存在这些分子中。因此他认为普遍的经验认为，机体一定是从原始机体的无穷回归（或一个永存的自我存在物）而来，这个说法已失败了。有关富含信息的系统的来源的重复经验提出了两个可能性，而不是一个。富含信息系统或者是从一个先前存在的信息系统通过复制的机制而来，或者是从头脑中产生的。我们对以上两者都有重复的经验。即便如此，我们的经验还证实了——基于我们知道成因的系统的例子——能够复制和处理其他信息的系统最终还是来自智能设计。不管怎样，能复制和处理软件的信息的计算机硬件来源于工程师的脑子。

更进一步，我们对行星和宇宙进化的理解和进步已经排除了生命是自古就存在的可能性，不论是在地球上或宇宙里。在遥远的过去，无论是地球或宇宙的条件根本不可能存在生命。单单大爆炸理论，就意味着宇宙本身是有限的。所以，有科学常识的人一般并不认为生物生命是永远存在的或在地球上永远存在的。问题是生命是来自一个纯粹无指引的唯物过程，还是智能在其中也扮演了一个角色。比较这两个选择，普遍的经验肯定了只有后者才是一个充分的原因来产生能处理复制信息的富含信息的系统。由于我们知道能够繁殖的有机体是个富含信息的系统，休谟式的对普遍经验的要求实际上是暗示智能设计，而不是无指引的过程，作为第一个生命起源的解释（译注：休谟在达尔文之前尚未知道达氏理论）。

其次，现今赞成智能设计的事例（如本书所提的）并不是一个类比论点，即使许多有意思的相似点确实存在于生命机体和人类信息技术之间。如比尔·盖茨（Bill Gates）所说，“DNA 像一个计算机程序”，从类比角度看，认为可推断 DNA 有一个智能的

细胞中的印记

源头就讲得通。然而，虽然 DNA 里的数字编码信息和计算机程序的信息相似，我们在这里所作的设计例证并不单单依靠相似性。下面解释这一点。

古典的生物设计论点，一般都把整体生物和机器作类比，以两系统的相似特征作基础，然后从相似效果来反推到相似原因。这种方法有点像六年级的数学题，等式一头是已知值的比值，另一头则是未知值和已知值的比例，然后“求 x”这个未知数。在设计类比论点中以两个相似效果来作比较。一头效果的原因是已知的。另一头，其原因是未知的，但是假定这是可知的，因为声称的两个效果的相似性。这类比的推理“求解了 x”，在此处就是那个未知原因。

如上的设计论证不可避免地要牵涉到相比较的两个系统之间的相似程度。如果两个结果是非常相似的，比较起不太相似的两个结果来，就更有理由推断两者起因的相似性。但是，由于即使是古典设计论的倡议者也承认，生命机体和人工器物之间既有相似性也有非相似性，这样的类比性的设计论点总是有不确定之处。拥护者说机体和机器的相似之处大于不相似处。但批评者说的正相反。

但是从 DNA 到设计的论点并没有以类比的形式。相反，它以最佳解释作为推理。这种论点并没有比较不同的结果的相似程度，相反它比较同一个结果的互相竞争的原因的解释能力。

我们注意到，生物学信息，就如在 DNA 和蛋白质中所见到的，具有两个特征：复杂性和功能上的特定性。计算机的码和语言文字也同样具有这一对特征（复杂性和特定性），我在整本书中都称之为复杂特定信息。虽然计算机程序和 DNA 有相似和不相似之处，但在两者都具有特定的复杂性或特定信息上它确切地呈现了和 DNA 等同之处。

据此，这里所推演的设计论点并不依靠相似结果的比较，却是建基于单一的结果，那就是——特定信息——和评估产生这样

结果的竞争性原因的解释能力。这个论点并不依赖 DNA 和计算机程序，或人类语言的相似性，但依赖于 DNA 和智能所设计的计算机码、语言和人造器物等所具有的等同特征。因为我们知道智能者能够（而且事实上）制造复杂而功能上特定的符号顺序和物体组合的序列，智能者有资格作为这个结果来源的充分的因果解释。再加上，因为唯物理论已经全面证明不足以解释这些信息的起源，智能设计就成为唯一的具有产生生命系统中这个特征的起因能力的解释。因此，生命系统中这种特征的存在就指向智能设计作为最佳的解释，不管这些系统在其他方面是否和人造器物相似。

信息是比喻：没有什么需要解释的？

有一个相关的反对意见可以用同样的方法来回答。虽然大多数分子生物学家认为把 DNA 和蛋白质看作“携带信息”的分子并没有什么争议，但有些生物历史学家和生物哲学家最近向这个说法提出挑战。已故科学历史学家李丽凯（Lily Kay）把应用信息理论于生物学看作是个失败，具体来说，是因为古典信息理论不能包含“意义”的理念。¹⁵ 她认为生物学中用“信息”这个词汇不过是个比喻。因为，按照李丽凯的观点，这个词汇并不代表任何真实的事物，因此“生物信息”的起源并不需要解释。¹⁶ 相反，只有生物学里最初用上“信息”这个词汇的来源需要解释。作为社会建构学家（social constructivist），她解释这种用法是不同社会力量在“冷战科技文化”（Cold War Technoculture）中所作用的结果¹⁷。从另一个不同但相似的思路，萨卡尔（Sahotra Sarkar）认为信息的概念在生物学上没有太大的理论意义，因为它缺乏预测性和解释能力。¹⁸ 他和李丽凯一样，都好像认为信息的概念是一个多余的比喻。

当然，在“信息”这个词包含字面上的意义这个范围里，在

细胞中的印记

生物学里它确实起了比喻的功能。但这并不是说，这个用语仅仅起个比喻的功能，或者对于生命起源生物学家们没有什么可以解释的。虽然信息理论在描述生物系统中的应用是有限度的，但它的确成功地对生物大分子的复杂度进行了定量的评价。而且，实验工作已经建立了 DNA 中碱基顺序和蛋白质中氨基酸的功能特定性。因此，生物学上的“信息”这个词是指两个真实而相关的特性：复杂性和功能特定性。

由于有些科学家开始认真地思考，要解释遗传性应当要求什么，由此他们认识到生物体需要某些恰恰同时具备这两个性质的特征或物质。因此，欧文·薛定谔（Erwin Schrodinger）设想一个“非周期结晶”¹⁹；欧文·夏盖设想 DNA 对“复杂序列”的能力和容量²⁰；沃森和克里克把复杂序列等同于“信息”，克里克进一步把它等同于特定性²¹；杰克·莫诺把蛋白质不规则性等同于有一个“码”的需要²²；莱斯利·奥格尔（Leslie Orgel）认为生命的特征就是“特定的复杂性”²³。物理学家保罗·戴维斯最近提出 DNA 碱基的“特定的随机性”是围绕着生命起源的中心奥秘²⁴。不论如何用词，科学家们已经认识到细胞中复杂特定性，对传递遗传和维持生物功能至关重要的信息是必要的，而且也知道这些东西在细胞中的某几个位置。这种不屈不挠的概念描述说明了特定复杂性是生物大分子的不折不扣的一个特性——确实，若使这个特性变一变，受损害的就是细胞的生命。确实，若是回想奥格尔的观察，“生物机体是以特定的复杂性著称的。晶体……不够格成为生物体是因为它没有复杂性；随机多聚体混合物不够格是因为它没有特定性。”²⁵因此生物学上通常称之为“信息”的特定复杂性的来源的确是需解释，即使信息的概念在香农的信息理论里只涉及复杂性，即使它包含通常说法里的意思，即使在它本身并没有解释性或预见性的价值；相反，作为一个描述性的（而不是解释性的或预见性的）概念，“信息”这个词（可以理解为特定的复杂性）帮助确立生命起源的研究者必须解释生命重要特

征的“起源”。因此，只有当信息意味着主观的意义，它才不过是生物学上的比喻。但一旦当它意味着复杂的功能上的特定性时，它就定义了生命系统的一个特征，这个特征要求解释它的每一点，就好像解释洞穴中神秘的刻纹一样。

但是谁设计了设计者？

有一次，当我在电台节目中解释智能设计理论时，一位听众打电话挑战我，他提出了另一个（但现在很常见的）反对意见，很清楚他认为这是一个决胜性的反驳：“如果一个智能设计了DNA的信息，”他要求说，“那么是谁设计了设计者？”我要求他说明清楚，“你是否认为除非我们可以给你一个关于那个智能的性质和起源的完整解释，推断智能在一个事件中的角色就是不合理的呢？”他答，是，这恰恰是他所说的意思。我于是就尽我可能在有限的时间内作最好的回答，但是回想起来当时我觉得这反对意见是多么轻率。这使我想到在我小时候，邻居的一个三岁小孩，老跟在大孩子后面问“为什么”。“为什么你去游泳？”“因为天热。”“为什么天热？”“因为有太阳。”“为什么有太阳？”“因为今天没有云。”“为什么……”不论你怎么解释，他还是要问“为什么”，好像这么问下去，他可以把你刚才的答复废掉一般。但是提出对一个事件原因的原因这个问题，难道就可以使一个原因的解释失效吗？这个一直看起来就是很明显的错误想法，我从来不愿意在出版物上来作反驳。不料，我惊奇地发现，理查德·道金斯教授，牛津大学科学普及学的查尔斯·西摩尼教授席持有者，竟然恰恰用这种争议方法作为他的畅销书《上帝的妄想》中反对智能设计的中心论点。²⁶

书中，道金斯说设计的假设解释不了任何东西，因为它引起了对问题的无限回归（infititereregress）。如果复杂性指向了设计智能的工作，那么是谁设计了设计者？按照道金斯的说法，这个设

计者也要像被设计的東西一样复杂（也要假定它也是富有信息的）。那么，他争论道，根据 ID 提倡者的逻辑，设计者也必须是设计的。但这没有解决任何问题，因为这样的话我们还要推断再前一个设计智能来解释这个设计智能的起源，以至于无穷无尽，这样总是留了一些无法解释的东西，和我们刚开始时一样的神秘。因此，这个“设计假设”是失败的，道金斯说，因为它“立刻产生了更大的问题，就是谁设计了设计者”。这整个问题从一开始就是解释统计学上的不可能性（improbability）的问题。显然，假设更不可能的东西是解决不了什么问题的。”²⁷

当我读到道金斯的这个论点时，我看得出来它为什么会得到一些人的赞同。随着我更深入地想这个问题，我对它所引出的有趣的哲学问题着迷起来。我意识到道金斯对智能设计提出了一个严肃的哲学上的反对意见，虽然他的反对由于几个明显而且基本的原因而失败了。

道金斯的反对失败了，首先是因为，指出一个事件的起因或许它本身也需要另一个起因解释并不能否认事件原来的那个起因解释。在历史性科学中，解释某个事件，往往要引用或指向过去的事件作为原因（见第七章）。但是解释其他事件的解释，它本身也应该有一个原因，每一个原因都需要一个起因解释。²⁸最初的那个解释是否因此就失效了呢？当然不。指出作为一个起因解释的过去事件也有更早的原因——通常是另外一个事件——并没有使得这个解释失效，也没有否定它所提供的有关过去条件和环境的信息。它只不过提出了一个另一个不同的问题。很清楚那个打破沙锅问到底的邻居小孩可以在我答复他去游泳是为了天热之后，问为什么天会热。但是他的问题并没有否定我告诉他我去游泳的理由（或者我那个时候的心思）这个信息。某一事件的近因解释，并不因它没有为它之前起因链中的所有事件提供完整或终极解释而被否定。

然而道金斯反对设计的假说，恰恰以上述原则的反面为前

提，那就是，某特定事件的起因解释能够作为解释的话，必须有另一个额外的全面的因果叙述来解释上述解释里的原因如何由更简单的事件产生，而且这个叙述不能造成过去原因的无穷回归。但是道金斯并不能把这个原则认真地应用到其他的例子上而不产生荒谬结论。如果以同样划一不二的方式应用道金斯的原则，举例来说，那在（其他）合理性的设计推断的事例上，就会没有人，甚至连道金斯也不能否认地作出设计的推断。²⁹人们不需要解释是谁建造了巨石阵（Stonehenge），或者它们是怎么来的来推断这复杂而特定的结构，很清楚是智能者的杰作。同样，本章开始的寓言中洞穴刻印为了推断这些是设计的智能者所为，人们也没有必要先了解刻印的制作者是怎么来的。

想象你旅游到复活节岛见到那有名的莫埃雕像（Moai statues）。旁边一个孩子自言自语地问：“是谁雕出这些塑像？”旁边一个人从他眼镜上方看他而问道：“为什么你认为它是雕塑出来的呢？”孩子一时语塞，你就赶过去解围：“这个雕塑表达了一个类似人的面孔的模式。这模式太相似了，这塑像太细致了以至于不可能是巧合。”那个人讥诮地说：“别告诉我你是读了智能设计论的宣传品，那些关于特定复杂性的垃圾？让我问你这个：是谁雕塑了这个雕塑者？是谁设计了设计者？你看到了问题吗？你的理解导致了无穷回归。是谁设计了设计者的设计者的设计者的设计者……”这个孩子对这种卖弄学问没有兴趣，耸耸肩咕哝道：“是啊，但我知道这些是有人雕塑的。”确实，这是有人做的。

划一不二地应用道金斯隐含的推理原则造成了荒谬的结果，也在不同的群体引起了幽默的模仿。在一个流行的 YouTube 的嘲弄访谈里，虚构的 Terry Tommyrot（特里胡说）博士说，理查德·道金斯本人就是一个妄想，尽管他所著的许多书是他存在的充分书面证据。正如特里胡说博士问他的访问者说：“如果道金斯设计了这些书，那么是谁设计了道金斯？你就告诉我这个好了。”⁵⁰

当然，道金斯坚持回归的问题并不影响正确的科学（应读作唯物主义）解释，即使这解释包括作为设计者的人。为什么？因为作为一个科学的唯物主义者，道金斯假设了物理和化学的过程提供了人类思想动作的全套唯物解释，而达尔文进化论能提供灵长类智人（*Homo sapiens*）从更早更简单生命而来的全面完整的唯物解释。因此，唯物主义者对“是谁设计了道金斯？”这个问题的答案是“没有人”。道金斯是经过一系列的唯物过程、从一系列的人类的双亲而来，那第一对双亲是由自然选择和随机突变从低等动物来的，而它的先祖也是这样来的。再者，道金斯书中显示的与头脑活动相似的智能证据，最终还是指向了他脑中更简单的化学和物理的过程。这些过程使得他有意识的思维——像所有人类的思维一样——或者成为幻想或成为暂时的“附带现象（epiphenomenon）”，但没有能力来影响物质世界。唯物过程能够容易地完全地解释每一件事，根本用不到借助于神秘的非物质的思维，也没有任何像智能设计论所暗指的那样的回归。

但真是那样的吗？现实世界真的可以这样天衣无缝地全部用唯物主义来解释吗？奇怪的是，道金斯本人也承认不是这样的。在前面一章中，道金斯承认不管是他，还是任何别的人都没有第一个生命的来源充分的解释。

然而道金斯认为每一个生命体最终是自第一个能自我复制的生命形式进化来的。因此，以道金斯自己的逻辑，人们可以叫整个的达尔文解释的大厦倾倒失效，只需要他们解释他们所提的原因的原因——就是自然选择过程本身的原因，第一个自我复制机体的起源。如果人的生命是从更简单的生命进化而来，如果生物进化只有当一个自我复制的机体产生后才开始，怀疑者可否问这一个问题：“进化者如何进化而来？第一个自我复制的机体从何而来？”

当然，生命起源没有唯物主义的解释，并不否定达尔文的高等生命形式来源的解释。逻辑上来说，完全有可能是某个未知

的，非达尔文式的原因产生了第一个生命，而后自然选择和随机变异产生了之后各种其他形式的生命。³¹但是，从道金斯对满意解释的条件要求看起来就不是这样。

还有别的问题。假定科学家们确实制定了一整套生命起源的唯物解释。道金斯的唯物论的怀疑者能否要求他解释物质的起源呢？如果每一个物质状态都是由于自然定律作用于另一个先存的物质状态而来，那么唯物论的因果叙述就有了它自己的无穷回归难题。第一个物质状态从何而来？现在没有一个物理宇宙学能以因果关系来解释物质和能量如何从不存在成为存在。但假使有个理论能够解释，它又如何能做到这一点而不回归到先存物质（或能量）状态呢？但又是什么使得道金斯坚持说，除非所有这些回归都被消除，对某种事件的起因解释都是无效的呢？

道金斯的论点还有另一个困难。他的反对部分动力是在于它暗含的对智能设计前后矛盾的指责上。如果特定的复杂性永远指向于智能设计，按照道金斯对设计推理的理解，一个过去行设计的头脑的存在就应该指向一个更早的设计头脑，如此以至于无穷。道金斯这样声称时，他就是假设设计的头脑一定要是一个复杂的（而且大概也是特定的）实体（这本身就是一个有问题的假设）。³²他然后就说智能设计的宣扬者要避免无穷回归，就必须违反特定复杂性永远指向先存的智能原因这条规律。他似乎是在争论说，推断一个没有因的设计者，对设计推断以原因和后果为依据的原则就是一个不合法的例外。

但是主张有一个没有因（uncaused）的设计者并不构成这个原则的不合法例外，如果这真的可以算例外的话。³³每一个世界观，或形而上的思想系统，一定有一个终极或原始的现实，每一个派生物都从它而来。所有的因果解释或者进入无穷回归到前一个因，或者必须最后在一个终极解释实体上截止，而这实体本身并不需要更原始的或更基本的解释。如果是后者，那么某些东西就必须成为每一个因果链开头的最终或最基本的起因原则。如果

是前者——即如果所有解释不可避免地产生回归——那所有解释都不能达到道金斯所隐含的解释充分性要求标准，连他自己的也达不到。然而，因为现在多数的宇宙学理论都认为时间本身有一个开始，进而又认为生命本身在有限过去的某个时候才开始，这样看来，每一个因果链回溯起因时，很可能都必须中止在某一个起点上。不论怎样，唯物论解释也好，有智能的解释也好，都要受到这个限制。既然如此，为什么非物质的智能不能像物质和能量那样作为因果解释的终极起点呢？

在道金斯的世界观里，物质和能量必须作为最原始的现实，而其他一切都由之而来。因此，道金斯就简单地假设唯物过程一定是生物复杂性和信息的最基本的解释原则或最初起因。他的“是谁设计了设计者”的反对意见说明了这一点。为什么？道金斯假设援引智能设计的解释或者一定会产生设计智能的不断回归或者最后一定会归结为无指引的唯物过程。不管哪一种，道金斯只是简单地假定智能不可能成为生物复杂性和信息的最终解释。对道金斯和其他哲学上唯物主义者来说，物质本身就可以担任这个角色。但这样就回到了生命起源辩论的最基本问题来了。

用一个哲学上的较中立的方法来设定这个问题可以这么来问：什么才是更好的基本候选解释原则，能解释特定复杂性或信息的最终来源呢？什么才是这些现象第一因的更好选择：是智能还是物质呢？

根据从我们自身经验而知的，而不是从唯物主义哲学教义所推论出来的，对上述问题的答案应该是智能。我们自己的思想有第一人称的意识。我们从直接的内省（introspection）知道我们智能具有怎么样的属性和它们能做些什么。我们一致的经验告诉我们，我们的智能有产生特定信息的能力。相反，经验告诉我们物质过程并没有这个能力。这说明至少在特定信息的起源这一点上，智能是更好的基本解释实体，信息首先由之而来。

不论怎样，援引智能设计的解释不一定要引起无穷回归或需

要靠进一步简化主义（reductionism）的说法来解释智能作为原因。一位自我存在的非物质智能完全能够成为生物学信息的终极原因，就好像在（科学界——译者添加）接受大爆炸理论之前，物质被认为是自存的实体，万物都由它而出一样。智能设计——定义为选择一个理性动因（rational agent）来实现（actualize）一个可能性——就成为一个最基本的因（cause），并不需要解释它本身的来源。动因有自由选择的能力来开始新的因果顺序。绝大多数的人类动因，都反射般地假设（而且直觉地知道）他们有这个能力。或许有一位独立自存的（uncaused）具有类似能力的动因产生了最初的生物信息。道金斯无法封死这个可能性，除非他预设了那个问题的答案，那问题就是，到底是智能还是物质才是生物信息的最终来源？如此他的“是谁设计了设计者？”的异议，除了其他错误之外，也犯了逻辑学上称之为循环论证（begging the question）的错误。他对基于 DNA 的设计推断的反对因此就失败了。

结论

多年以来我遇到了本章所讨论的每一个异议。开始，我还以热诚来解释，希望能说服对方。我当然还是尽力而为之，然而我不再因达不到目的而惊讶或气馁。最终，我发现所有这些异议都有个奇怪的地方。那些指控从 DNA 推断智能设计所犯的逻辑错误，若放在其他经验领域就没有一项能阻止一个理性的人来推论或测到智能的活动。即使是在怪异的、如我在本章开始所描述的情形，或者是外星智能探索（Search for Extra - Terrestrial Intelligence, SETI）计划里，多数明智的人不会否定发现智能的可能性。对于 SETI，许多科学家怀疑这个计划是否真会找到外星智能，因为他们怀疑我们的银河系真的有其他科技和文化，然而，不会有人来质问这个搜寻的前提，那就是，我们应当把富有信息

细胞中的印记

的无线电波视为智能的印记。仅仅发现特定的信息本身就说明，先前存在的智能是那信息来源的最佳解释，而不需要设计智能在相关的地点或时间存在的独立证据，就算可能很遥远。就在我们日常情形下，如果我们测到智能，我们也并不担心以无知来作论证，或陷入无穷回归，或受到休谟式的类比推理的反对。我们也不会否认，那些像被特定数字编码的信息一样有趣的东西需要任何解释。

相反，在假想的或实际的例子里，推断智能设计为特定信息来源的最佳解释是显而易见毫无争议的，除非当某些人论到生命的起源时。这就提示了我，可能这些人士对设计推断的反对实际上是一种特殊的申辩（pleading），可能代表了他们所偏爱的一个想法。曾有人说：“在每一个双重标准之后，必有一个不能告人的偏袒。”（behind every double standard lies a single hidden agenda）这个偏袒是什么？事实证明，我没有等太久，没费多大工夫就把它找出来了。

第十八章 然而这是科学吗？

本章提要

- * 六大理由表明智能设计论是科学。
- * 历史性科学和非历史性科学可以四个标准区别开来：
 - 其一，一个独特的历史的目标；
 - 其二，独特的推断形式；
 - 其三，独特的解释方式；
 - 其四，应用多个互相竞争解释的方法。

2005 年底，约翰·琼斯法官裁决道，不允许宾州多弗县校区告诉生物学学生有关在校中图书馆中有一本解释智能设计论的书。此法官的裁决是基于专家证人的证词——两位哲学家，罗伯特·彭诺克和巴巴拉·弗雷斯特（Barbara Forrest）——他们争辩道，**根据定义**智能设计论不是科学¹。由于它不是科学的，法官就认为，那就一定是宗教的。他在判决书中写道：“因为智设论不是科学，所以结论不可避免地是智设论政策的唯一真正效果就是，推动宗教信仰。”² 所以，他判决道，告诉学生有关智能设计论就违反了美国宪法的建立条款（establishment）。

许多人，仅仅从 2005 年多弗审讯的新闻报导中才听说到智能设计论。³ 很自然地，审讯的报道和法官的判决就强烈地影响了

细胞中的印记

公众对这理论的看法。对许多人来说，所有他们对智设论的看法——或认为他们所知道的——就是“打着科学旗号的宗教”。

几乎每一次在我讲智能设计论的证据时，不论在大学校园或是在传媒讨论中，我都遇到了这种看法。上面曾说过，当我举出智能设计论的证据时，一般批评者并不争执我的具体客观证据。他们并不争执 DNA 含有特定的信息，或是这种信息一定来自智能（mind），或相对应的唯物理论没能解答 DNA 之谜。他们甚至不争执我的历史性科学的方法论或我根据它来阐明智能设计论是最好的解释。相反，如前章所述除哲学上的反对智设论之外，反对者坚持称智能设计论“就不是科学”，有时还引用琼斯法官作为权威。

由于琼斯是一个低层次的地区法官。他参与审讯，但他既没有明显的科学，或历史学，或科学哲学的背景知识，而且他还犯了几个明显事实上的错误，⁴ 在他的判决中可以很容易地否定他的意见。琼斯禁不住地把他对此反应告诉一位记者，看来还像郑重其事地说，在审讯中他打算看一部好莱坞的影片《继承清风》（*Inherit the Wind*）以了解历史的背景⁵。《继承清风》是一出以 1925 年“猴子审判”为背景的，而略略遮掩的所谓小说改编的电影（译注：就是可以任意虚构历史）。爱德华·拉森（Edward Larson）在他荣获普利策奖的著作《众神之夏》中说道，这个剧本任意地误导（欺骗）观众，且误解历史。因此，琼斯如果有的话，也不过是一点点的经验，他就以这么一点来作出有关智能设计论的价值和科学地位的判决。

然而，他的意见却反映了广大科学和学术上对智能设计论的共同意见。诚然，以后还发现琼斯在他《智设论是否科学》的长篇大论中，他还抄袭了百分之九十以上的美国民权自由联盟（ACLU）在他做判决之前递交的信件中，基本上就是一字不差。而这美国民权自由联盟重述他自己和专家证人在庭中主要的挑战智能设计论常见的理由。⁶ 由此，琼斯的意见和影响他的证人，表

达了不但在媒体，而且在深踞于广大的科学界的一个普遍的观点。

我首先遇到这种根深蒂固的观点是在 1993 年，那时我参加了一些对智能设计论有兴趣的科学家们的小型私人会议。参加者有迪恩·肯尼昂，这位进化论生物学家，他首创自我组成的生命起源的途径（见第十一章）。他于上世纪 70 年代末自我否定了他自己的理论，最终赞同了智能设计论。他以后在 1985 年，在达拉斯的会议上公开宣布了他的改变；就是在这会议上引发了我对生命起源研究的兴趣。

八年之后肯尼昂遭到了难处，由于他对学生解释为什么他放弃化学进化论作为生命起源的理论——包括他自己的——，而且为什么他主张设计的解释之后，旧金山州立大学就不让他再教生物学导论。肯尼昂解释 DNA 的数字式的信息，看来具备了不容置疑的证据作为真正的、而不是貌似似的、第一个生命的设计。但是他的同事们坚持，讨论智能设计论是不当的。为什么？在他们看来，智能设计论并不够格为科学理论。

和多弗案中琼斯法官同样的理论，肯尼昂的同事们指责他放弃了科学而把宗教带入了科学教室。他们就把他——一个高资历、发表许多文章的、斯坦福大学生物物理学博士，誉满世界的生命起源的研究者——调离生物学导论的教室，改任指导实验室的工作。

得知他的困境之后，我写了一篇舆论短文期望公布于众，说他学术自由受到攻击。我于 1993 年秋向《华尔街日报》投了这稿。虽然他们接受了它，但是他们压下不发，一直到了九周之后。在十二月初的某一个星期五下午（那时我早就已失去它会发表的希望了），我接到了这日报编辑的电话。说这篇文章会出现在下星期一早晨的社论版上。我立即打电话给肯尼昂。他十分惊讶。他刚听到旧金山州立大学学院学务监督委员会（faculty senate）决定，在下周二听取他的申诉。星期一文章发表了。星期二，肯尼昂

赢得了学务监督委员会对他的申诉。投票结果是 25:8。然而，生物系代表一致投了反对票。

尽管肯尼昂案得到了有利的结果，其他 ID 友好的科学家遭遇到相同的（不利）对待⁷。和多弗案的法官相同，许多科学家看设计的假设从定义上就为“非科学”。在他们看来，任何科学家推崇智能设计论者，打破了科学探求的一条基本的规律，因此，这些人们备受责难，拒绝终生职位，甚至中止工作。

但是，为什么智能设计的理论不科学？此理论的批评者凭什么作出他们的声称？这是否正当有理？

前数章中，我论证道智能设计论是生物信息起源的最佳解释，我已反驳这些人们声称智能设计论没有提供对此现象的逻辑上正确而充分的解释。现在我要提出另一个反对意见，也可能是所有反对意见中最广泛的一个：智能设计论没有提供一个具体的科学的解释——那个理论根本不是科学。

是定义的问题吗？

作为科学哲学家，我经常想，以不科学来反对智能设计论是奇怪的或是不诚实的。争议从有意义的问题聚焦变到琐碎的定义问题上。要说一个理念是否够格为科学其本身意味着要有一个公认的定义以它来做判断。但是要说一个有关于现实事物的声称，若按照某种定义它“不是科学”，这句话并没有说明这个声称是真还是假的——除非能够先假定，只有科学理论才是真实的。一个科学定义本身并不告诉我们有关互相竞争的陈述是否是真实的。它只不过将它分分类而已（不论它是科学的或是其他，例如，哲学的，历史的，或宗教的申述）。

因此，在一个层面上，我看智能设计论是否是科学不过是一个语义（semantic）上的争议，这样就把注意力引开，而没注意到重要的问题：究竟过去发生了什么造成了生命的起源？生命是

否显出真正的设计的证据或是貌似设计？生命是否以无指引的过程产生或者设计智能发挥了作用？当然，这些问题不能把互相竞争的假设对手用定义来使它“不科学”以拒绝考虑它来解决。

在另一个层面上，这实际上心照不宣地表明这是有关理论基础本身的争议。因为“科学”这个词，意味着严格的实验或实际方法来研究自然。否认一个理念是否是“科学的”意味着严格的实际方法在他的形成上没有起过任何作用。为了强调这个印象，许多智能设计论的批评者坚持，这个理论无法测试，因之，就是既不严格，又不科学。⁸ 由于许多人以为只有科学方法才能产生公正的结论，说这个理论不科学看来就是有理由摒弃它作为一个只不过是主观的意见或信仰。所以“ID不是科学”实际上就是说“它不真”，“它不名誉”和“它没有证据”的代名词。

这就是为什么声称智能设计论不是科学——不断地被重复且装作大有权威的样子——使得许多人在还没有思考它的证据和论点之前就排斥了它。我了解要澄清我的理由——使人有开放的心态接受它——我就必须为辩护智能设计论而反对这种说法。要做到这点，要辩护任何理论反对这种指责，而且做到学术上的公正，这就要求在哲学的水域里引导艰难的航道。要声称智能设计论是科学，这就包含了科学的定义——多少知道一点什么叫做科学。但是取哪个定义呢？

由于我的背景，我知道科学历史学家和哲学家——研究这些问题的学者们——并没有对如何定义科学达到共识⁹。许多人甚至怀疑单一的定义是否能够表达所有不同的科学。在哲学科学上这叫做“界限划定标准问题”，就是在定义科学是要把他和“伪科学（pseudoscience）”、形而上学（metaphysics）、历史学、宗教，或其他形式的思想或探求分开（或界限划定）。

典型的科学哲学家，在试图定义科学以区分其他类型的探求（或各种信仰系统）时往往思考科学家用什么方法来研究自然。但困难就在这儿开始。当他们研究科学家所用的方法时发现，不

细胞中的印记

同领域的科学家采用不同的方法。

附带说一句，这就是为什么科学的历史学家和哲学家比较有资格来衡量界限划定的问题，而不是科学上的专家，例如无机化学家。因为他们在垒球赛中是接球手（捕手），但科学哲学家和历史学家则以比赛的全局来看问题。这就是说，他们就不大会掉到仅用一个角落的科学方法来定义所有科学学科的错误中去。我在担任地质科学家的时候已经看到这方面的迹象。我意识到历史性地质学和结构性地质学各用自己独特的方法（即使它们可能有部分重叠）。但当我深入到界限划定标准的问题时，我发现不同的科学采用广为不同的方法。

有些科学在实验室作实验，有些不做。有些科学则命名、分类和整理自然界的目標，有些科学探寻自然律，有些企图重构过去的事件。有些科学探求公式来解释自然现象的因果关系。有些提出自然现象的数学描述。有些科学构建模型。有些用自然律或普遍理论来解释一般或可重复的现象。有些研究唯一或特殊事件并参照过去（因果）事件，以寻求解答。

有些科学作出预见来检测它的理论，有些以他们的解释能力来评估他们的理论。有些既用解释能力也用预见是否成功来评估他们的理论。有些科学研究的方法用直接验证，有些用非直接方法来测试。有些测试理论和互相竞争理论隔绝起来。有些用和互相竞争的假设比较他们的预见和解释是否成功。有些科学学科所提出的猜测，到现在为止，还完全不能被测试。有些科学只研究可被观察到的。有些科学作出某些实体的推理而不能被观察到的。有些以演绎法来理论，有些用归纳法，有些用追溯原因（*abductively*）的方法。有些用了上述所有三个方法来推理。有些用假设 - 演绎的方法来做测试。有些用多个互相竞争的方法。

这样多样性的方法使得企图寻找一个单一的定义（或一组标准）用参照他们的工作方式正确地表征所有各种科学是注定要失败的。因此科学哲学家现在公开地说，企图界限划定标准用一组

方法为参照是“消亡了”¹⁰。

要说一个理念、理论、概念、推断或解释是否是科学需要个别的科学定义。然而如果不同的科学家和科学哲学家不能在什么是科学方法获得一致之前，如果我不能够说什么是科学，那如何来决定什么是或什么不够格为科学呢？我如何能论证智能设计论为科学如果我们不能够说什么是“科学”呢？从另一方向来说，智能设计论的反对者怎么能肯定它不是科学，若说他们做出这个判断而不说他们用了什么标准呢？又如何在这场争论中没有互相同意的定义而能向前进呢？

但我发现，虽然以一个单个定义或一组方法论上的标准来定义科学是难的，但是另一方面看它并不难。这就是要么承认方法论上的多样性，要么拒绝具体规定一种方法，以使某学科够得上为科学。这样的话就容许科学以较为广阔的范围来定义，例如，说“以一种系统方法来研究自然，其中包括观察、实验或从物理现象来理解。”到此为止，没有问题。问题在于，当有些学者企图把某一种特定的系统方法来研究自然等同于科学，而排斥其他的方法。

然而，这个情况并不是没有希望的，我发现虽然用单一个定义来描述多种多样的科学方法不可能，但在科学领域某种特殊学科是有可能来描述他们共同的方法论或科学类型。这就好理解了。恰恰是以多样的科学方法来定义科学从整体上来说一开头就是困难的。但如果我们集中在单个学科已经建立的方法作为有关的标准来评估一个理论是否符合科学的实际问题，而用不到建立（整体的）科学定义了。此外以我自己的研究，我知道所实行的科学方法直接关联到我所探求的科学——研究在遥远的过去某个特定的事件。古尔德（Stephen Jay Gould）称这些科学为**历史性科学**¹¹，我知道以设计为推理是严格地按照这些学科的逻辑和方法论的标准。我在第十五章中说明，我小心地遵照这些标准来建立我对设计的论据。所以我的结论为：考虑智能设计论为科学

细胞中的印记

——特别是历史性科学理论是有好的理由的（如果按照它的定义的话）。事实上我有若干这方面的理由。

理由一：ID 所具有的理由是基于实践经验的证据

为智能设计论作辩护，这和其他科学理论一样，是基于经验的证据，不是宗教教条。和罗伯特·彭诺克所声称的¹²相反（他是多弗县审讯的专家证人），实际上，设计论科学家们发展了特殊的经验上的论证来支持他们的理论。本书是许多例子中之一，我研讨了智能设计论基于细胞中所发现的数字信息。另外，其他科学家看到设计的证据，从分子机器和细胞线路中的“不能简约的复杂性（irreducible complexity）”¹³，从化石中生物主要群所表现的模式¹⁴，从物理学定律和常数的精调¹⁵。从地球环境的精调¹⁶，从细胞信息的处理系统，甚至从所谓“同源器官（homology）”（译注：同源是以进化论观点的翻译）的现象（过去认为是新达尔文主义的证据）¹⁷等中。批评者可以不同意这些设计论证，但是他们没有理由来否认他们是基于公认的、对自然世界的观察而来。因为众所周知“科学”这个词意味研讨一种理论用来解释所观察到自然界的一种活动。智能设计论是以经验和观察为基础的理论，这就提供了良好的理由考虑这理论是科学的。

理由二：ID 提倡者用已建立的科学方法

为智能设计论作辩护应用了不止一条，它有两条分别的科学论理的系统方法。这是用已经建立的标准来决定观察到的证据是否支持假设的方法。在第十五章中，我讨论了基本的方法，就是多种互相竞争假设相比较的方法，用了这个方法我推断了智能设计论在解释生物信息起源上作为最佳推断为合理。我在那里已经提到，这个方法是一些良好建立的、学科的、科学论理的标准方

法。我在下面还要详细讨论，这个方法为何令致有可能用来测试智能设计论。另外，如在第十六章中所讨论的，智能设计提倡者还发展了另一个方法来补充这个多种互相竞争假设的方法。

在《设计的推断》（*The Design Inference*）和他以后的著作中，但布斯基利用所表达的不同的模式和机率印记，建立了一个标准来辨认智能设计系统。在这标准基础上，但布斯基发展了一个比较评价法（comparative evaluation procedure）——他的解释筛选器（explanatory filter）¹⁸——是引导我们对自然对象和器物分析和理解的指南，用以帮助调查人员决定三种不同的解释：机遇、必然和设计。¹⁹因此，它就成为一套严格的、有系统的、以证据为基础的方法来探测智能所产生的效果。这就再一次提示，有良好的理由来考虑智能设计为科学。它符合共同的科学定义。

理由三：这是一个可测试的理论

绝大多数科学家和科学哲学家认为，能够令理论通过经验上的测试，是任何科学研究方法的一个重要方面。如要一个理论是可测试的，一定要以某些证据为依据来显出其不是或不足。和它的反对者不断的声称相反，智能设计论是可以以几个互相关联的方法测试的。

首先，和其他科学理论为解释遥远过去的事件上，智能设计论是可用比较不同互相竞争理论的解释能力来做测试的。达尔文在他《物种起源》中就用了这个方法。我在第八章一直到第十六章准确地利用这个方法以智能设计论和其他类型的解释作比较。智能设计论能够比其他物质主义的竞争者解释生物信息的起源（和细胞的互相依赖的信息处理系统）为佳，证明它已通过了一个重要的科学测验。

这个比较不是在一个自我反照的镜厅的过程，没有外界评判标准的竞争。智能设计论和与它竞争的其他历史性科学理论一

样，是以有待解释的现象、知识或证据，利用我们对世界因果结构的知识来测验的。在第七章和第十五章中提到，评价“因果充分性”来引导历史性科学论理和帮助决定在互相竞争的假设中，何种假设有最佳解释能力。因果充分性就提供以经验为基础的标准用来做测试——接受、拒绝或较佳——竞争的历史性科学理论。如果这些理论提得出某种原因来产生这问题的果效，这就符合了因果充分性的测试，如果它提不出这样的原因，对这测试就失败了。用我在第七章中的地震假说的例子，它在这测试中的因果充分性上失败了，因为我们没有证据说地震能够产生火山灰的积聚，然而火山喷发的假设就通过了因果充分性的测试，因为经验证明喷发确实造成这种现象。²⁰

由于经验上的考虑提供了根据来拒绝历史性科学理论或采纳一个而拒绝另一个，很显然这些理论是可测试的。和其他历史性科学理论一样，智能设计论有对过去事件原因的声称，因此，它就可以我们的因果知识来加以测试。更进一步，因为经验证明不但一个智能者是已知的，而且是唯一已知的原因能产生特定的，数字编码的信息。本书中所呈的智能设计论已经通过了两个关键测试：因果充分性测试和因果关系的存在测试（见第十五章）。恰恰由于智能设计论唯一地通过了这些测试，我论证它是现有对DNA之谜的最佳解释。

最后，虽然历史性科学理论通常不在条件控制实验室中作能测试的预测，它们有时也作出一些高度准确的有关我们在自然界所应当找到的预测——这个预测使得科学家可以用来比较其他历史性科学的预测。智能设计论已经产生了一些这类的高度准确的经验上的预测。这些预测不单把智能设计和竞争的进化理论区别开来；它还确认了设计假设胜过他的竞争者。

思考这个所谓废物DNA——这种DNA并不为蛋白质编码，这些码可以在单细胞或多细胞植物和动物的基因组中找到。智能设计的理论和物质主义进化理论（化学上和生物上）对废物DNA

的解释是不同的。因为新达尔文主义认为新的生物信息是从基因突变的不断形成与失败的摸索过程中产生，故它预测在真核细胞（细胞中有细胞核）基因组中会积累无功能的 DNA。再由于绝大多数化学进化论也设想机遇有某种作用于生物信息起源的互相作用上，他们也认为在第一个简单的（原核细胞）生物中也会有非功能的 DNA 积聚。——是任何无指导过程在细胞中产生有功能的细胞之先的一种残余物。由于这个理由，绝大多数进化论生物学家在发现了非蛋白质编码的 DNA 时结论为这些 DNA 是“废物”。在他们的观点，发现非蛋白编码区证实了他们自然主义进化理论的预测或期盼，而证伪了智能设计论所隐含的预测。

迈克尔·谢默争议道：“不像是智能设计的，人类基因组越来越像变异的镶嵌图案，支离破碎的复制，别处借来的序列，和弃置的 DNA 串那是经过数百万年的进化所草率形成的（jerry-built）。”²¹或按肯尼斯·米勒所说：“进化论的批评者喜欢说基因组的复杂性清楚地说明它是设计的。……但这个分析有一个问题，而这是一个严重的问题。问题在于基因组本身：它是不完整的。事实上其中穿插了许多无用的信息、错误和破碎的基因。……分子生物学家实际上在有些区域上称它为‘基因沙漠’，来反映这个荒芜的境况。”²²或以科学哲学家菲利普·基彻的话说，“如果你要设计一个生物的基因组，你不会在它当中充满着废物。”²³

智能设计推动者提出了一个非蛋白编码的 DNA 的不同看法²⁴。智能设计论预测绝大多数的基因组中非蛋白编码的序列应该完成某种生物学上的功能，即便它们并不直接指导蛋白合成。ID 理论家并不否认变异的过程可能降低或破坏过去有功能的某些 DNA，但我们预测功能性的 DNA（即信号）会大大超过非功能的 DNA（即噪音），而不是相反。但布斯基解释了并在 1998 年预测了：“以进化论的观点，我们期望大量的无用 DNA。如果从另一方面说，机体是设计的，我们期望 DNA 以最大的可能显示功

能。”²⁵近年来非蛋白编码 DNA 行使广泛的重要生物学上的功能已经证实了他的预测。它也决定性地驳斥了著名智能设计论的批评者——包括谢默、米勒和基彻——他们（每个人都迟至 2008 年）还不断地在说基因组绝大多数是无用的 DNA。²⁶

和他们所声称的相反，近来的科学发现已经显示这些非蛋白编码区指导产生 RNA 分子，以此来调节蛋白编码区 DNA 的使用。细胞和基因组生物学家还发现了这些基因组中所谓“无用的”非蛋白编码区能够：其一，调节 DNA 复制²⁷，其二，调节转录²⁸，其三，在基因材料重整预定程序中作出标记²⁹，其四，影响染色体的正常折叠和维护³⁰，其五，调控染色体和细胞核膜（和基质）³¹，其六，控制 RNA 的处理，编辑和剪接³²，其七，调制（modulate）翻译³³，其八，调节胚胎发育³⁴，其九，修复 DNA³⁵，其十，协助免疫防卫或抵抗疾病³⁶等等。有些例子中，“废物 DNA”还被发现能够给有功能的基因编码³⁷。总的说来，非蛋白编码区和计算机程序中的操作系统（operating system）一样，能够同时指挥多样操作。³⁸确实地，这远不是物质主义者进化理论所设想的“废物”，这非蛋白编码区 DNA 指挥着基因组中其他信息的应用，就像计算机操作系统指挥使用计算机中所储存的应用程序一样。无论怎么看，和常听到的批评说这个理论没有作出什么预测的相反，智能设计论不但作出高度准确的对“废物 DNA”本质的预测；近来的发现证实了它对非蛋白编码区所作出的预测。³⁹附录 A 还记录了几个智能设计论所作高度准确的预测。

理由四：为智能设计论作辩护就是为历史性科学的论理作出表率

另外一个好的理由——如果依赖传统的话——来把智能设计论归为科学理论，在前段我们已经提示过它的可测试性，并且在第十五章已详细探讨过。科学家不但应用系统的方法来推断智能

设计论，他们所用具体的方法紧紧符合于历史性科学探求已建立的模式。诚然，智能设计论用来推断和辩护的论理模式，在每一个关键特征上就是历史性科学的表率。在我的博士研究中，我发现了几个人历史性科学学科中的显著特征——这些学科试图重建过去而以参照过去来解释现有的证据，而不是试图以分类或不变的自然定律或特性为解释（见第七章）。我发现历史性科学一般地可以以下列四个标准和非历史性科学区别开来。而智能设计论（和它用来测试的建立和推断模式）提供了历史性科学每一个关键特征的一个良好的例证。

一个独特的历史的目标

历史性科学集中于问题的形式，“发生了什么？”或者“是什么使这个事件或自然特征发生？”而不以这种方式来问，“自然是怎样正常运行或工作的？”或“这一个普遍的现象是怎么造成的？”⁴⁰人们假定过去一个有智能的设计者的活动明显是以此为历史性问题答案或部分答案。智能设计论企图回答一个有关是什么造成某个自然界确定的特征的出现——例如细胞中数字编码特定的信息。它企图回答的问题形式是“这些自然特征是如何产生的？”而不是这个问题形式“自然是如何正常运行和工作的？”

独特的推断形式

历史性科学所用的推断是一个特殊的逻辑性形式。不像其他非历史性学科，它们典型地作一般化推断或从某个事实所归纳的定律。历史性科学却是应用溯因（abductive）逻辑来从现在的事实或线索推断过去的事件。这种推断还叫做“反推（retroductive）”。正如古尔德所说，历史性科学家是以“从结果推断历史”⁴¹以智能设计为推断是这种溯因或反推逻辑结构的例证。它们

细胞中的印记

推断过去不能观察的原因（在本例，这是一个有创造性的智能的作为或动因），从现存自然界的事实或线索，例如 DNA 中的特定信息，某些生物系统中的不能简约的复杂性，以及物理定律和常数的精调。⁴²

独特的解释方式

历史性科学通常作出对某一个事件的因果关系的解释，并不是以定律似的描述或以理论形式描述某种普遍现象——例如凝聚或核分裂——是如何发生的。历史性所作出的主要解释的工作是过去的事件的起因，不是定律或普遍的物理特性。⁴³为了解释华盛顿州西部称之为渠道疤地（channeled Scablands）非同寻常的侵蚀特征，一位历史性地质学家提出了一个事件：冰坝的崩溃导致大洪水。此例和其他历史性科学解释一样强调了过去的事件作为因，导致其后的事件或现今世界的特征。智能设计论就这样提供了如此独特的历史性解释的形式。设计理论援引一个行动者/动因（agent）的行动或一组行动而概念化为因果事件，尽管这是一个智能的而不是纯物理的存在体。设计的提倡者假定过去的因果事件（或一系列的事件）来解释现今证据或线索的渊源，和化学进化论的倡议者所做的一样。

应用多个互相竞争解释的方法

历史性科学家主要并不用在受控的试验室条件下观察来评估他们预测的准确性。他们应用互相竞争假设的方法，历史性科学家测试他们的假设用比较不同竞争者的解释能力。智能设计论的倡议者用的就是这个方法（我在这书中所描述的一样）（详情请看第十五章）

总结来说，智能设计论典型地寻求历史问题的答案，它依赖

于溯因/反推的推断方法，它假定过去因果事件作为现有证据的解释，它间接地用比较互相竞争的理论的解释能力。因此，智能设计论就表达了每一个历史性科学的主要特点，这就提示了另一个理由来看作它是科学。

理由五：ID 表达了进化论生物学中的一个特定的问题

另外还有一个密切相关的理由来看智能设计论是科学。它表达了一个关键问题，这是长期以来历史性和进化论生物学的问题：貌似设计的生物系统是如何产生的？第一章中已经提到，达尔文以及当代进化论生物学家，例如弗兰西斯科·阿亚拉、道金斯和理查德·李文丁（Richard Lewontin）都承认生物机体看起来是设计的。⁴⁴然而，大多数的进化论理论家认为，看起来的设计被认为是虚幻的，这是他们被自然选择和随机变异的机制（或加上其他相似的非指导的机制）所说服，认为它们可以完全解释生物机体的貌似设计。⁴⁵

在《物种起源》中，达尔文寻求以自然选择为创造能力作为相当于有智能的育种者。这样做，他是寻求用一个物质主义的解释来驳斥设计以解释生物机体的表面上的设计。在奥巴林之后，化学进化论的理论家也寻求相似的物质主义的说明作为最简单的生活细胞的设计表象。

那么，生物学中的设计是真的还是虚幻的？很清楚，只有两个可能的答案。新达尔文主义和化学进化论提供了一个解答，而竞争的智能设计论提供了另一个答案。典型的所有各种达尔文式的回答是——“表面上的生物设计并不是真设计的结果”——长期以来被认为是科学的提议。但是反对面答案的状态或地位又如何呢？如果提议说“木星主要是甲烷气组成的”是一个科学提议的话，那么“木星主要不是甲烷气组成的”也同样应该说是一个

科学提议了。一个反面的提议并不使它变成另一类的提议。同样地，声称“生物学表面上的设计并不是真正设计的结果”和声称“生物学表面上的设计是真正设计的结果”并不是两类不同的提议；他们是对同一个问题的两种不同的答案。这个问题是进化论生物学和历史性科学的长期以来的问题。如果其中一个提议是科学的，那另一个也应当是科学的。⁴⁶

理由六：ID 是被同行审查的科学文献所支持的

智能设计论的批评者常常声称它的倡议者不能够在被同行审查的科学文献上发表。就为这个原因，他们就说智能设计论不够格成为科学理论。⁴⁷根据这些批评者，科学就是科学家所工作的。因为 ID 科学家没有作其他科学家所作的——就是在被同行审查的科学文献上发表文章——那他们就不是科学家，他们的理论也算不上是科学理论。

在多弗县审讯前后，批评者就散布这种言论，来支持 ACLU 反对多弗县学区董事会的政策。例如巴巴拉·弗雷斯特，她是东南路易斯安那州州立大学的哲学教授，并且是站在 ACLU 一边在庭上作专家证人，在审讯前她就对 USA Today 写文说设计理论家“没有发表什么，因为他们没有任何科学数据。”⁴⁸在她的专家证人报告中支持 ACLU，弗雷斯特还声称“在例如 MEDLine 数据库中，没有一篇经同行审查的 ID 论文在主流杂志中用作为生物学理论引用。”⁴⁹琼斯法官看来肤浅地接受了这个说法。在他的裁决中，他不止一次地，反复在五个不同场合说，没有同行审查的科学文献支持智能设计论。⁵⁰

但是弗雷斯特博士小心地论证的声明给出了一个完全错误的印象。在 2004 年，审讯前一年，我在主流科学杂志发表了一篇经同行审查的科学文章推动智能设计论。我曾在本书前言（prologue）中说发表这篇文章引起了史密苏尼博物馆的大反弹。这篇

文章发表在该学院所属的杂志，*The proceedings of the Biological Society of Washington*。更有进者，有关这位编辑的决定和他之后的待遇，也波及到科学和主流媒体的出版物中去。文章在 *Science*，*Nature* 和 *Wall Street Journal*，*the Washington Post* 等等⁵¹。弗雷斯特博士和琼斯法官应有许多机会来知道至少有一篇经同行审查的科学文章支持智能设计论。

不论如何，我所在的发现学社在（给琼斯法官）法庭之友（*amicus curiae*）函件中，我所发表的文章决不是唯一的、经同行审查或经同行编辑的、出版支持智能设计论。⁵²到 2005 年，提倡智能设计论科学家和哲学家，已经发展了他们的以经验上为证据的理论，经过商业出版社⁵³和大学出版社⁵⁴发表经同行审查的科学书籍。贝希的奠基作品《达尔文的黑盒子》是在纽约的 Free Press 所出版的。但布斯基的《设计的推断》是在剑桥大学出版社出版的。上述两本书都经过同行审查。此外，设计论推动者还发表了他们的科学文章推动智能设计论，这些文章刊登在经同行审查的科学书中和选集中并由大学出版社出版⁵⁵，还有科学会议的与会者文章由大学出版社或商业出版社出版⁵⁶。智能设计论的推动者还发表他们的论文在经同行审查的科学哲学杂志和其他有关的学科间的杂志⁵⁷。再有，自从 2004 年我发表了那篇文章以后，还有多篇科学文章支持智能设计论（或描述以观点指导科研）发表在主流经同行审查的科学杂志上。⁵⁸

当然，智能设计论的批评者仍然可以说，这些支持智能设计论出版物的数量仍然达不到主流的地步成为教育学生的根据。也许是。⁵⁹但是这不过是从区域教育政策角度来衡量它的科学地位所做出的判断，更不能说，这是衡量智能设计论本身的优点所致的结果。很清楚，并不存在一个临界数（魔术数 *magic number*），当达到那数时突然所有经同行审查的文章都冠以“科学的理论”的尊称；也不是由一个赋有权威的审判团来作出这个决定。其实即使把标准降低这个数字到一，仍不会有新理论能够得到“科

学”的地位。因为每一个新理论将面对一个进退维谷的局面 (catch - 22)：因为要让一个新理论被考虑为“科学”，他必须在同行审查的科学文献中出现，但是要在一个同行审查的科学杂志来提倡一个新理论，这就会因它“不科学”而被拒绝，因为没有其他同行审查的文章存在来支持这个新理论。

智能设计论的批评者们实际上还用了一个相似的循环论证来声称 ID 不是科学。2004 年以前，批评者说智能设计论是不科学的，因为没有在同行审查的科学杂志上的文章支持它（他们显然漠视了支持 ID 在不同的同行审查的书中）。然后，一旦经同行审查的杂志上发表了支持智能设计论的文章，他们又说这篇文章不应该被发表，因为智能设计论本质是不科学的⁶⁰。他们指责发表此文的编辑，是编辑的渎职，因为他们认为他从开始就不应当考虑把文章送给同行作审查。⁶¹为什么？按照这些批评者，照这篇文章的观点就应该立即取消资格。简言之，批评者争议道“智能设计论不是科学，因为支持这理论的同行审查文章还没有发表。”而“同行审查的文章支持 ID 不应当发表，因为这个理论是不科学的。”看起来他们并不理会这个明显的循环论理和这种自我服务的排外逻辑。

从逻辑学上说，同行审查问题是一种诱人入歧途的旁支手续问题。一个理论是否真实，不能以它是否出版或发表或保证它的地位上，或是否照章办理上做出决定的。⁶²在第六章中我曾说，许多伟大的科学理论并没有经过同行审查而发表他们第一篇文章的。虽然现代同行审查也作了一些好的工作，检出并纠正一些事实上的错误，但他们还有强制执行思想体系的不能越轨性，窒息创新，抵制创新洞见。科学家和专家们还会在判断上有错误，因为他们也是人，有时他们会拒绝好的新理念这是因为他们对旧理念有偏好并熟悉的缘故。科学历史有不胜枚举的事例表明有地位的科学家草率地摈斥新理论，而以后证明它却比当时已占有地位的理论能更好地解释证据。在这种情况下，新理论的倡议者，

就常发现传统出版机构向他们关闭了大门。因此，智能设计论目前遭受到许多科学期刊执拗地反对支持这理论的文章，既不应感到惊奇，这也不是毁灭性的。

然而，如果所谓科学就是科学家所工作的，如果出版同行审查的科学书籍和文章是科学家所作的一部分来使他们的理论科学化（像 ID 批评者说的）的话，那么，就有另一个好的、有赖传统的理由来考虑智能设计论为科学。发展智能设计理论的科学家们开始逐步克服了压制这个理念的偏见，而在经同行审查的科学期刊、书籍、科学会议集和选集中⁶³发表文章了。

结论

当我考察智能设计论是否够格为科学理论的问题时，我很清楚，这个问题的答案有赖于如何选择什么是“科学”的定义上。但当我审察一般科学定义和当我知悉历史性科学的特殊实践方式时，看起来同样地清楚还有很多好的理由——有赖于定义——来认为智能设计论是一个科学理论。

但是，我还应当考虑可能还有其他更好的科学定义。可能科学理论还有一些特殊的要点是智能设计论没有的，或科学事业的一些实践并没有被他的倡议者所遵循。我知道尽管批评者不同意，智能设计论达到了可测试性的标准，但是可能还有些标准智能设计论达不到。果真如此，可能这些标准定义最终就成为是智能设计论不够格为科学。当然许多批评者争议道，智能设计论作为真科学缺乏某些关键特点。——它达不到这些用来区分非科学，形而上学，或宗教的某些标准。下一章，我要检查为什么这个理论的批评者——包括多弗县案子的法官——尽管我在本章中所详细叙述的理由之后还要坚持，智能设计论并不够格成为科学。

第十九章 给母鹅的调味汁

本章提要

* 以界限划定标准的方法将智能设计论排除在外是失败的。

* 智能的干预并不一定需要干扰自然律，信息之不同安排并不干扰自然律。

* 以界限划定标准的方法，不能做进化论和智能设计论二者的科学性的区别。

* 方法论上的同等性是以上的总结。

* 认为科学理论只能援引可观察的实体，则进化论许多假定的环节也观察不到。

* 多弗案琼斯法官用否定智能设计来定义方法论的自然主义为科学，再回过头来，用此定义把智能设计论排除在科学之外，这是明显的循环论证。

1992年，在拿到博士毕业证之后一年，我被邀请参加有关迈可·鲁斯的一篇论文的学术研讨会，他是英国著名的科学哲学家。鲁斯也是一位多产作家，长期以来，以捍卫达尔文进化论和

* (Sauce for the Goose) [译注：整句谚语是：给母鹅的调味汁也该给公鹅 (sauce for the goose is sauce for the gander) 意思是要公平对待。]

与地球年轻创造论（认为上帝在六千到一万年内创造了现在世界）为文而闻名。1981年在 *McLean v. Arkansas Board of Education*（阿肯萨教育委员会）一案，反对创造论的美国民权自由联盟（ACLU）的律师控告阿肯萨州，说此州通过的法律要求教师在公立学校中教授进化论的同时也要教授创造论，是不符合宪法的。鲁斯为 ACLU 作证来反对阿肯萨州法律。¹

在他的证词中，鲁斯并没有指控创造论科学（Creation Science）（法令这么称呼它）² 是错误的，相反，他认为它不符合科学理论的定义。为了证明这点，他提供了定义科学理论的五条标准。按照鲁斯的说法，科学理论必须要符合：其一，受自然规律的引导，其二，以自然规律为依据作解释，其三，可以经验世界为验证，其四，结论的暂时性，其五，可被证伪性。³ 他认为这些界限的划定可以把科学从伪科学、形而上学和宗教区别开来，而创造论科学不符合这些标准。

九年之后，在一个评估新的生物学起源理论的会议上，鲁斯把注意力转移到了（那时）为新的智能设计论。由于刚刚开始我的学术生涯，我觉得在我的领域中，批评这样一位众所周知的人物是令人生畏的。但是，当我阅读了鲁斯从大学图书馆传真机发过来的会前文稿后，我的心就平复了。鲁斯在科学概念的基础上做了一个界定性的论点，这正是我博士论文中所批驳的。我知道他的论点行不通，而且我也知道我该怎么说。

当时，鲁斯完全不清楚我的工作重点是历史性的科学方法。所以他也不清楚为什么我认为智能设计为历史性科学理论提供了一个好的范例。而是，他心中有他自己的科学定义——就是那在阿肯萨州所发表的。那时在法庭中，鲁斯用了这个科学的定义，界限定义创造论（creationism）为不科学或伪科学的概念。现在，1992年，他企图用他定义中的一条（诸界限划定标准之一）来论证，智能设计也不够格为科学理论。哲学上，这种反面的争议通常称之为“否决者”（defeater），因为它用意在于“否定”或反驳

一个正面的论证或某一个声称。我和鲁斯教授的对阵使我明白，像这样的否决者还有很多。让我意识到如果要用智能设计的强有力的证据来打开人们的思维的话，我就要认真对待这些负面的争议。

前面的一章，我描述了智能设计是科学理论的几个正面理由（可能有赖于定义）。这一章，我会回答几个用来否定或破坏智能设计论科学地位的、最常见的界限划定标准，会证明为什么智能设计论的批评者所自以为的辩论是行不通的，为什么他们不能确定智能设计论比起它的竞争对手进化论有多一点或少一点的科学性，为什么他们不能提供好的理由把智能设计论降为本质上不科学。

所以，“智能设计论是否科学？”就成为本章的主题，现在我们要把讨论的背景转换一下，想象我们是在一个理性法庭的审讯中（我们将会看到，不要和琼斯审判官的法庭相混淆）。在第十八章中的开场论证中，我诉诸各种不同的科学定义，给出了智能设计论的科学地位。其中最重要的部分是从研究历史性科学的方法而来。现在这里我面对诸多否决者而为智能设计论辩护，尤其是那些声称智能设计论不够格成为科学理论的。

在本章结尾，我将回到宾夕法尼亚州中部，仔细考察它的王牌——所谓的最终否决者——审判官约翰·琼斯所扮演的角色，那众所周知的 2005 年用来反对智能设计的裁决。开始之前，我要从我所思考的反界定争论入手。现在让我们回到 1992 年，我和杰出的鲁斯教授在南方卫理公会大学校园的那次会面。

智能设计论和以自然律作解释

会议中，鲁斯用其中最常见界限划定标准之一来反对智能设计论。他辩称，科学必须假定，“没有什么可见或不可见的力量，能干扰或使物质事物的正常发展变得不可解释。”⁴ 因为科学

事业有责任承诺 (commitment) 是以“无间断的规律性”或“无间断的规律”为特征的。⁵ 科学理论**必须参考自然规律**来解释事件或现象。⁶ 由于智能设计论援引于一个事件——有意识的设计者的活动——而不是自然律来解释生物形态和信息的起源，鲁斯还说以科学来讲它是“不恰当的”。看起来鲁斯还认为，如果一位智能设计者曾在历史中起过作用，那么这个作用一定会违反自然律，因为智能者通常干扰（否则的话）“事物的正常运作”。由于鲁斯认为智能设计者违背了自然律，——不是以规律而是以这种活动——就违反了科学的规则。

在回应中⁷，我指出一个智能设计的活动，不一定违反或破坏自然律。人类的设计富含信息的结构并经常（否则的话）干扰“物质事物的正常运作”。当他们这样做时，并没有违反自然律，他们不过是在自然律作用下改变了他们的条件而已。当我在金属黑板上用磁性字母排列出了“Biology Rocks!”的字样时，我不过改变了物质的配置，我并没有违反了电磁定律。发生作用时，他们在现存的自然律作用下启动了新事件而并不违反这些律。（如要快速查询自然律的定义并区别定律和事件，请看这个注释。）⁸

我还指出鲁斯的界限划定标准，如果严格来讲，**它对达尔文进化论和化学进化论（和其他科学理论）的反对并不比对智能设计的少**。例如，我说自然律往往描述了，而不是解释了自然现象。牛顿的万有引力律描述了但没有解释为什么会有万有引力。严格应用鲁斯的第二条准则，这就该说牛顿的万有引力律“不科学”，因为它没有以自然律为**解释**。

我还证明，许多历史性科学理论并不提供**自然律**的解释。反而，他们用已过去的事件（或事件的模式）来解释其他过去的事件和现在可观察的证据。历史性科学理论主要以过去的事件或原因作解释，而不是用自然律。

例如，一位历史性地质学家寻求解释喜马拉雅山脉不寻常高度的原因。他就会指出某一特殊的事件或因素在喜马拉雅造山运

动这一事件中而不在其他的事件中存在。在所有造山运动事件中，即使明白了那些描述作用力工作的物理律，喜马拉雅山脉和其他山脉之间的比较对地质学家来说也是毫无用处的。要解释喜马拉雅山脉为什么会上升到这么高，地质学家用不着一个普通的定律，相反，要用一系列特殊的过去事件和条件。⁹ 进化论的理论，尤其是在他们的解释中，往往强调过去事件的重要性。¹⁰ 例如，亚历山大、奥巴林的化学进化论假设了一系列的事件（场景），而不是用一个普遍的律来解释第一个活细胞是如何出现的。

当然，过去事件和历史场景已经假设了是服从自然律的。此外，我们对因和果关系的认识（有时我们可以像定律那样制定）能够引导科学家来推论有关过去发生的事件，而且会影响他们对有争议的历史场景的评估和解释。即使这样，许多历史性科学理论根本不提及定律。定律，充其量在历史性科学理论中仅占次要地位。相反，事件却起了主要的解释作用。

在对鲁斯的回应中，我指出，智能设计理论按照其他历史性科学理论规范了科学解释的同样的方式。智能设计援引了一个过去的事件，尽管是一个智能的事件，而不是定律来解释生命的起源和细胞的复杂性。和其他历史性科学理论一样，我们用因和果的知识（“信息惯性地从有意识的活动而来”）支持对设计的推理。一条定律（信息守恒律 conservation of information）也有助于以智能作为最佳解释是合理的推理。智能设计论的提倡者用了一条定律（“复杂特定信息，在非生物背景下一定是从智能而来”）来推断过去事件的原因，即设计的智能活动。那些活动或事件解释了所发生的（事件的）证据。尽管诸定律在理论上起了次要的作用，过去的（诸）事件却揭示了生物信息的最终起源。

但是如果主要以过去事件而不是以定律来解释事件，并没有取消其他历史科学的理论，包括进化论的资格，从科学的角度考虑，同理也不应当取消智能设计理论的资格。有意思的是，在一场群体遗传学（population genetics）的讨论中——当代达尔文理

论解释架构的一部分——鲁斯本人认识到“认为现代进化论者是在每一个情况下都寻求起作用的普遍律，可能是错误的。”¹¹如果定律在其他历史性理论上没有作用或部分有效，那么为什么在智能设计理论中仅仅用了一条来支持它的定律就变成“不恰当”了呢？

反过来说，如果因援引过去的事件而不是定律，就说智能设计论是不科学的，那么按照同理，唯物进化论也应该是不科学的。所以，我的结论就是鲁斯的主要科学标准不能作为辨别两种不同理论何者为科学的基础。两者都能达到鲁斯的定义标准。

鲁斯对我批评他文章的反应出乎意外。我们在台上讨论的时候，他看起来真的对如何达到我的论点很感兴趣并且愿意来了解它。后来，当我和他私下谈话时，我发觉他是真诚的、和善的。他真心地给我事业前途的建议，还问了些有关我们在剑桥所共同认识的人物。在我们的私下谈话中，我还惊讶地发现他对自己用界限划定标准在生物起源辩论中的决定性价值表示怀疑。次年，在美国科学推进协会（AAAS）的讲话中他公开地谈到了他的一些怀疑（见下）。

否决者被否决

在和鲁斯教授讨论的鼓舞下，我开始详细研究“智能设计论不是科学”的反对意见。我逐步得到了一个激进的结论：不但有许多理由（如果是常规理论的话）把智能设计论归类为历史性科学理论（基于我的博士研究），此外还没有好的理由（无逃避问题的论证：循环论证）把智能设计定义为**非科学**。

一般来说，那些辩称“智能设计论不是科学”的那些人，往往诉求于不同的界限划定标准，就像鲁斯在阿肯萨法院中一样。自从我和鲁斯的谈话之后，我还遇到了许多这样的争议，他们说智能设计不够格为科学理论是因为：其一，他诉求于一个观察不

细胞中的印记

到的实体¹²；其二，不可测试¹³；其三，它不以自然律作解释¹⁴；其四，它没有预测性¹⁵；其五，它不可被检验¹⁶；其六，他没有说明机制¹⁷；其七，它没有暂定性。¹⁸

在研究这些争议的时候，我发现一些有趣的规律。每当批评者应用他们的定义标准时，——例如可观察性，可测试性或“一定要用自然律来解释”等等——严格来讲，这些标准不但会使设计假设不符合科学之格，同样也使它的主要对手——其他的历史性科学不合格。因为他们都援引无指引的进化过程。

相反地，我发现，如果这些定义性的标准以不太严格的方式来应用的话，或许在审查生命起源这个明显的历史角度上看——这些标准不但确立了智能设计论的对手的真正的科学地位，它同样也确定了设计假设的科学地位。任何情况之下，这些界限划定标准完全不能区分得出智能设计论和它的竞争者之间的差别。科学若不是被定义得太狭窄而两种理论都不合格，就是定义得太宽，要把智能设计（或它的竞争对手）排除在外的当初目的就消失了。如果一个理论符合某一个标准，那另一个也同样符合，如果一个不符合，对手的理论也不符合（如果公平和无争议地应用标准的话）。智能设计和它的唯物理论的对对手同样符合不同的界限划定标准或正常的方法论。（我后来给它取了一个容易记住的短语“方法论上的同等性，methodological equivalency”来描述这些互相竞争的理论符合不同的界限划定标准的能力。）给定等同性，还给定唯物进化论已经广为认为是科学的，我看不到有什么理由来把智能设计论归为非科学。这种否决者不起任何作用。

因为这些“否决者”总是被用来反对智能设计论，他们为什么会失败就显得很重要了。那么，在下面的篇幅里，我就讨论另一些常用来反对智能设计论所见到的界限划定标准。（我不在这些篇幅中详细地说明我所发现的他们的等同性。因为这要一本书的篇幅，而且其细节的水平也只有科学哲学家才有兴趣。然而别气馁，有兴趣者可到本书的网站和找与它有关的参考文献¹⁹。）

可观察性

当论到如何处理旧金山州立大学迪恩·肯尼昂的争议时，我发现他的批评者用了常见的第二个界限划定标准来反对 ID。在旧金山州大生物系不让肯尼昂教授他的生物课程时，一些肯尼昂的同事认为，他的智能设计论不够格为科学理论，因为它诉求于一个**不能观察**的实体；具体来说是一个看不见的设计智能。在提出这个争议时，肯尼昂的同事们认为科学理论只能援引**可观察**的实体。因为肯尼昂所讨论的理论违反了这一个惯例，他们坚持他所讨论的理论，连同他本人都不属于生物学教室之内。²⁰

其他为州大生物系的行动作辩护的人，例如 NCSE（全国科学教育中心）的尤琴妮·斯科特（Eugenie Scott）用了一个相似的理由。她坚持智能设计理论违反了科学的规则是因为，“你不能把一个全能的上帝放在一个试管里面（或把他拒之门外）。”²¹在南方卫理公会大学（SMU）会议中，就是年前见到鲁斯的地方，我也遇到类似的抱怨。在那里的分子生物学家弗雷德·格林内尔（Fred Grinnell）认为智能设计论不能成为科学的概念，因为如果有什么事物“不能被度量，或计数，或能被拍摄，这就不能是科学。”²²按照这些对智能设计的批评，设计的不可观察性，使得它经验上不可探及，所以使得它成为非科学。

但这是真的吗？参照到一个无法观察的实体，就是把这理论划为非科学最好的理由吗？是否我假定了一个无法观察的智能，就使得我的智能设计论为非科学呢？

问题的答案再一次依赖于如何来定义科学。如果科学家（包括所有有关人士）决定把科学定义为一个项目，在他们的理论中科学家只能够应用观察得到的实体，那就很清楚智能设计论不能成为科学的理论。智能设计主张，不是直接观察到的设计的智能有责于 DNA 中的数码信息。

但是很快我就发现，这个科学定义还会使许多其他的科学理论，也包括许多生物起源进化理论等按定义也是不科学了。许多科学理论推断或假设观察不到的实体、原因或事件。化学进化论诉求于过去发生的事件作为部分的场景来解释现代的细胞如何产生，这些事件发生在数亿万年前，当然不能在今天被观察到。达尔文生物学家，也是长期以来为他们想象的、不能被证伪的本质而辩护。他们提醒批评者许多进化过程，不是太慢以至于现在还不能观察到，就是太快而不能留下化石记录。还有，许多过渡性的中间生命形态的存在，这些形态在达尔文著名的分支树分支关节处的代表生物竟告阙如，也是不能观察到的²³。事实上，不能观察到的生命过渡形态是**假定的**、用以解释可观察的生物事件——就如达尔文本人所解释的。这和假设用不可观察到的智能设计活动来解释可观察的生命细胞的特征有什么两样？无论是达尔文的过渡形态，新达尔文主义的变异过程，以及古尔德（Stephen Jay Gould）的点断平衡（punctuated equilibrium）的“快速分支”过程，化学进化论的场景，还是智能设计论过去所发生的事件都不是可以直接看到的。从直接可观察性的角度看，这些理论都是平等的。

因此，如果可观察性的标准严格应用的话，无论是智能设计论，还是其他的生物起源的理论同样地不够格成为科学理论。但是，让我们从另一方面考虑一下。如果可观察性的标准放松一些来应用，可能比较实际一些，如果科学被定义为检验可观察的自然界的一个项目，考查可观察到的世界，而不一定需要用可观察的实体来解释观察到的现象。

用这种比较灵活的方式来定义科学有意义吗？有的。科学理论中的许多假定的实体或事件都不能直接被观察到，甚至有时在理论上也不能被观察到。实际上，科学家必须拿出观察不到的实体来解释可观察的事件、证据或现象。物理学上的各种力，电磁或重力场、原子、夸克、过去的事件、表面下的地质特征、生物

分子结构——这些全部都是可观察到的事实推断出来的不可观察的实体。2008年，法国和瑞士边境的地下，欧洲科学家给大型强子对撞机（Large Hadron Collider）举行了揭幕礼。这个超级对撞机使得物理学家能“看”不同的基本粒子，包括难以捉摸的希格斯玻色子（Higgs boson）。然而这些粒子没有一个能够直接观察到。物理学家从能量的特征、踪迹或遗留下来的衰变产物试图测到它们。

许多领域的科学家们，都是从它们的效果上发现了观察不到的实体和事件。他们往往从所见的推断到所不见的。然而，常规上这些实体和事件都被认为是科学理论的一部分。那些反对者往往把需要解释的事件或证据（科学探索中往往用不同办法能够观察得到）和用来做解释的事件或实体（往往观察不到）混淆了。

观察不到的实体，在科学理论上的存在，给那些想要用可观察性作为一个界限划定标准来把智能设计论排除在科学之外的人出了一个难题。许多科学理论——被广泛认为是科学的——援引了观察不到的实体。但如果其他科学理论，包括生物起源的唯物理论，可以用观察不到的事件或实体来解释可观察的事件仍然够格为科学的话，那么为什么智能设计论这样做就不行了呢？

重访可测试性

上一章中我阐述了智能设计论是可以用经验上的证据来测试的。我大致地描述了科学家们如何用不同的经验方法来测试智能设计论，我还用了这个理论所做的一个可测试性预测的例证。但是多年来，我和人们——科学家、神学家、哲学家、律师、记者以及电台节目上的电话问询者交谈时——他们都声称智能设计论是不能测试的。[奇怪的是这些人中的有些人还说这理论已被测试证明是不对的（译注：说是不可测试，还作了测试，就是自打嘴巴）]。²⁴

细胞中的印记

有时候批评家们说，智能设计论不可测试是因为设计的智能是无法观察的，因此结合这两个界限划定标准，可观察性和可测试性。其他人说，智能设计论是无法测试的，因为他们设想 ID 提倡者一定是假设了一个全能的神明。有人说，智能设计论是无法测试的因为智能设计行为（不论什么样的）本质上是无可预料的，而且可测试性有赖于做出预见的能力。

因此，这些常见的、有关可测试性的反对意见和涉及到的、智能设计的科学地位，阻止了許多人考虑智能设计论的证据。那么我们怎么认识这些“否决者”呢？这些具体的界限划定标准是否就是否认智能设计论是科学理论最好的理由呢？尽管在前面的章节中，我对反对者提出论证，那么他们是否还是认为智能设计论是无法测试的？让我们进一步来考察这个问题。

不可观察性和可测试性

罗伯特·彭诺克，多弗县庭讯发言人之一，辩称设计智能的不可观察性排除了科学测试设计智能的可能性。因为，他解释道：“科学是由可**观察测试**的经验原则所运作的，假设必须以……可得到的经验数据来被肯定或否定。”²⁵尤琴妮·斯科特看来也认为智能设计论不能被测试，因为它诉求于一个无法观察的实体。我在上文中曾引用过的、斯科特护卫旧金山州立大学肯尼昂的反对者，她把可观察性和可测试性的标准结合起来。然后她说“你不能把一个全能的神放在一支试管里，”接着又说，“只要创造论者发明一个‘神明测试计’（theo-meter）那么我们可能测试神迹的参与。在科学上你不能直接或间接地研究不能测试的变量。”²⁶

像这一类的争议，批评者坚持设计智能的不可观察性使得这个理论不能有经验上的探求。这就使它成为无法测试的和非科学的。“可观察性”和“可测试性”被肯定为是具备科学资格所必

须的，而另一个反面（不能观察性）就被认为排除了另一个（可测试性）事件的可能性。表面上这一类的争议似乎比仅引用自身的可观察性来排除智能设计的界限划定标准要更令人信服一些。然而仔细研究，它就站立不住了。

首先，有许多可测试的科学理论是涉及到一个不可观察的实体。例如，我们在第三章中所看到的，在阐明遗传分子结构的竞赛中，双螺旋和三螺旋的模型都被考虑过，因为二者都能解释DNA结晶的X射线的影像。²⁷虽然这些结构（当时）都不能被直接观察到，沃森和克里克的双螺旋模型最后胜出，因为它能解释三重螺旋模型所不能解释的其他可观察到的现象。这个不可观察到的双螺旋结构仅凭推理就能接受，因为它被认为具有比竞争者更大的解释能力。

不可观察的事件，在科学上常间接地用可观察的证据的方法来被测试。在许多领域中，这个不可观察实体的存在是通过测试其解释能力而被建立或被测试到的，这种解释能力会让一个假设（比如，一个不可观察到的）的实体像事实一样被接受。许多科学认为，最佳的解释就是——这个假设意味着一个不可观察的实体的真实性——这包括理论物理、地质学、分子生物学、遗传学、宇宙学、心理学、物理学、有机化学和进化论生物学。

其次，在第七章和第十五章，我提到尤其是历史性科学，常用间接的测试方法来测试，这些方法包括用互相竞争的不可观察的事件的因果能力来测试，如果（该事件）是真的话，是谁具有最大的解释能力。回忆一下，达尔文在维护他理论的科学地位时指出，用比较解释能力来评估其共同祖先（共同起源）理论——这是一个不可观察的过去事件——是完全合法的和可接受的科学测试法。²⁸

再次，我在十五章和十八章中讲到，智能设计论恰恰用这种可测试的方法——采用检验它的解释能力和与它的竞争对手的假设进行比较的方法。如果测试假设的间接方法——例如评价比较

其解释能力——可以允许用在科学上的话，智能设计理论所提到的、这个不可观察到的智能并不排斥测试理论。如果把科学定义得较狭窄，只有直接观察到的、一些因果因素才可算作对因果假设的肯定测试。那么无论是智能设计，还是一大批其他的理论都不可算做是科学的。

不管怎么做，智能设计的理论和不同进化起源的理论，在符合可观察性和可测试性的联合标准的能力是等同的。如果智能设计论的批评者，采用阻止推断有不可观察的实体和间接测试的方法来诠释科学标准，那么，智能设计和它的可能竞争者都不够格。如果批评者，容许间接测试不可观察的实体或事件来诠释这些标准的话，那么智能设计论和许多竞争的进化理论都够格成为科学理论。不论怎样，这些标准都不能把智能设计论和已经被承认是科学的其他理论区别开来。如此，他们想找一个好的理由来使智能设计论不够格为科学理论是失败了。

可测试性、全能性和超自然性

罗伯特·彭诺克辩称，智能设计论所提到的设计智能还有一些东西使它不能测试。具体来说，彭诺克声称，智能设计不能测试是因为它诉求于一个不能观察的超自然的存在且有无限的能力。他还说，由于这样一个可以援引来“解释任何情况之下的任何结果”的能力的存在，所有的事件都符合这样一个存在的作为。因此，没有可以想到的事件能够反驳智能设计的假设。肯尼斯·米勒（Kenneth Miller）也说：“设计的假设可以兼容任何可以想得到的数据，（而且）作没有可测试的预测。”²⁹

这种争议失败于两个原因。首先，他们错误地表达了智能设计理论。智能设计的理论从来没有声称发现了一个超自然的、具有无限能力的智能的存在。虽然这位生命的设计者很可能是一位全能的上帝，智能设计的理论并不声称能确定是谁。因为设计的

推断有赖于我们在世界上所知道的有关因果关系的一致经验，这个理论不能推定对于生命负责的设计智能是否展示出超出我们经验所知的能力。智能设计论也不能决定这位智能者是否从自然界或超自然界对生命信息施加能力的。反而，智能设计的理论只不过声称探测到某种**智能**产生的行动（运用能力，至少，相当于我们从经验上所知的）。而且从我们的经验所知来肯定，只有有意识的智能者才能产生大量的特定信息。智能设计的理论并没有声称能够辨认智能者的身分或任何其他属性，即便哲学上的思考或从其他学科所提供的额外证据可能有理由考虑，例如，一个特殊的有神设计的假设。³⁰（在下章中我将讨论智能设计理论的可能**蕴涵**。）

彭诺克的理论也不成立，因为智能设计理论受制于经验的探测和反驳。确实，实际上比他在法庭上用讽刺手法来批评智能设计的声称要强有力得多了。彭诺克批评“一位全能的上帝**能够**解释生命的起源”的假设。但是智能设计理论在本书中所说的和那个假设不同。我的智能设计理论不仅仅肯定说智能“**可能**”解释生命中的某些特征。而且，这里所说的这个设计假设断言智能设计是生命具体特征的**最佳**解释，是因为**我们所知道的世界上的因果的结构**，尤其是因为我们知道什么是产生大量特定信息所需要的。由于这个理由设计假设决不是“可以兼容任何可以想得到的数据”，或是任何可观察到的现象。

如果能够证明，比如，世界的因果结构与智能设计者所声称的不同，如果有人成功地证明，“大量功能上特定的信息确实能够从纯化学的和物理的前身产生，”那么我的设计假设，连同它的强有力的声称是对这种现象的**最佳**解释（明显的最好），就会失败了。智能设计就会作为一种可能的解释而存在（更像是“机会说”现在所处的地位）。但是智能设计所说的对生物信息起源的最好解释（具有最具因果充分性）的声称就会被否认。同样地，如果能够证明，智能的关键特征——例如生命机体内并不存

在有特定信息，那么设计假设现有的强型性质就烟消云散。因此，彭诺克和米勒把智能设计理论说成是任何经验情况下都对的话是不正确的。智能设计论，事实上是可测试的，正如我在上一章中谈论到的。

可测试性和可预测性

我知道当智能设计的批评者遭遇到对某一个界限划定标准的批驳的对抗时，往往转移他们的立场，或诉求于另一个界限划定标准，或把原先的标准提高来辩驳。例如，在解释了智能设计论是如何能被测试的，以及如何作出某些预测之后，我常听到说这个理论是不科学的异议，因为它还不能做出其他种类的**预测**。批评者正确地指出，例如，我们不能完全正确地预测智能者会作什么。因为智能者，应当是有能力按照自己的自由意志来行事。而因为 ID 涉及到不可预测其行为的智能设计者，且因为科学理论必须作出预测，因此涉及到智能者行为的理论是不科学的，他们就是这样说。

然而，标准的唯物进化理论（不论是化学或生物进化论）也不能做出这种预测。尤其是，进化论并不能对未来的进化过程作出预测。它也不能做出任何关于未来的随机变异和自然选择所产生的特征或物种的预测。正如肯尼斯·米勒所说：“**进化的后果是不可预测的。**”³¹即便这样，大多数进化论生物学家都认为这些理论是科学的，且又有好的理由（如果依靠传统上讲的话）。进化理论给出了对过去事件的解释和现在的证据，然后他们预测科学家在**未来的调查中**能够发现的事件的证据模式，例如基因组和化石记录。

照样，智能设计论并没有预测对生命负责的设计智能什么时候或是否会对生命起作用。然而它却解释了过去的事件和现在的证据，此外它还对科学家们在未来的调查研究中能够发现的事件

做了高度准确的预测（见第十八章和附录 A）。³²因此双方的起源理论如果把“产生预测的能力”并且以严格的形式作为具科学地位的一个条件的话，那谁都不够格，虽然说如果这个标准等同于科学地位，且以较宽松的方式解释的话，二者都够格。

当我研究反对智能设计论的不同的界限划定标准时，我不断地发现这个相同的模式。所列的条件总是似乎证明，智能设计论本质上是不科学的，那它也就同时也否定了智能设计论和它的唯物的竞争者，但如果把条件放宽一点，那就二者都合法。——当然这些条件不能用逃避问题的循环论证的方式来表达。（译注：见下文琼斯法官的逃避问题的循环论证。）

每次在我审核这个定义条件时，这种模式显得越来越清晰，我开始越来越被说服，在生物信息起源上，没有足够的理由来排除智能设计论是生物起源的科学解释。因为生物起源的唯物理论解释按常规被认为是科学，且智能设计论与它的竞争对手的理论一样，满足各种科学的标准，那么同样，很清楚智能设计论也必须被看作是科学的。然而，约翰·琼斯法官不同意。

界限划定论证的让位

2005年，多弗审判之前，我知道美国民权自由联盟（ACLU）试图说服琼斯法官说“智能设计论不是科学”。然而我想知道他们如何能做到这一点。我知道企图用某种界限划定标准否定不同概念或理论的悠久历史。我还知道绝大多数科学哲学家，其中有些被 ACLU 用做专家身份来作证的，他们也并不认为这些争议是合适的。那些研究了界限划定标准历史的科学哲学家们已经知道，我发现：不用一个双重标准或是逃避问题的循环论证的逻辑，只用单一的一套方法论来定义科学是困难的，而且想找到一个界限划定标准，来区分互相竞争的理论的科学地位也是困难的。

细胞中的印记

我还知道用这种法庭上的论证有一个不确定的历史。虽然 ACLU 在 1981 年的 *Mclean vs. Arkansas* 案中获胜，领先的科学哲学家，³³ 他们虽没有一个同情创造论，之后却严厉地批判了鲁斯在证词中用了界限划定标准的论证。他们指出，鲁斯用来建立创造论科学为伪科学的许多定义性标准，实际上可以用来建立创造论科学就是科学的理论。他们还指出同样的标准，如果严格应用的话，能够使得达尔文进化论从尊贵的地位上降为不够格。参阅这个注解可以看到有关这个有趣结果的更多详细细节。³⁴

由于这些困难，许多领先的科学哲学家，例如拉瑞·劳登（Larry Laudan）、菲利普·奎因（Philip Quinn）和菲利普·基彻（Philip Kitcher）³⁵ 论证道，“科学和非科学的区别是什么？”这个问题不单是难处理而且是没有兴趣的。相反，他们和绝大多数科学哲学家们越来越认识到，真正的问题并不是某一个理论用抽象的定义决定是否“科学”，而是这个理论是否是真确的，是否有证据来支持。

科学家们并不用抽象的标准，衡量那些可以事先说出所有好的科学理论是如何构成的，或它们通常看起来将会是什么样的。相反，科学家观察证据以决定互相竞争理论的长处和短处。理论被否定不是由于定义而是由于证据。因此，现代一篇知名的文章称之为“界限划定标准的让位”。拉瑞·劳登证明鲁斯在 1981 年所提出的界限划定标准，并没有解决鲁斯想要解决的问题。具体来说，这些标准并不能决定互相竞争的理论之间的长处或分辨它们。

鲁斯本人后来公开承认这事——至少部分地。在 1993 年美国科学推进协会（AAAS）的一次谈话中，他否定了以前对界限划定标准的支持，承认了达尔文主义（和创造论主义）“依赖一些不能证实的形而上学的假设。”³⁶ 在较近的著作中，他还更进一步描述进化论常常似乎具有一种“世俗宗教”的功能。³⁷ 还有，上世纪 90 年代早期，有关应用界限划定标准在科学哲学家中已形

成了一种共识。正如哲学家马丁·埃格尔（Martin Eger）总结的：“界限划定争议是垮掉了。科学哲学家们不再坚持它。他们可能仍在普及（popular）的世界中享受接纳，但那是一个不同的世界。”³⁸

多弗案是如何裁决的

2005年，我思忖“ACLU能否成功？”它的代表们能够说服法官把智能设计论用定义排除在科学之外吗？如果是，以什么为依据？他们用什么标准来区别智能设计论和达尔文或化学进化论？而这后二者已经常规地被教授在高中科学课本中。可观察性？可测试性？可辩伪性？我已经知道用这些标准来区分互相竞争的起源理论的科学性是无能为力的。我想：一个法官会用什么标准来否认智能设计论是一个科学理论呢？

结果是，琼斯法官作了一件聪明事。他并没有因为智能设计论达不到科学的中性定义或方法论规范而否定智能设计论就是科学。在ACLU的催促下，他绕过了整个界限划定标准，以把智能设计论排除在外地定义科学——只是他并没有这样说。反而，他接受了ACLU专家的证据和描述，他称这个排除法则是“方法论的自然主义”（methodological naturalism）³⁹。然后他就把科学等同于这个原则，而否定智能设计论因为它违反了这原则。

但是什么是方法论的自然主义？方法论的自然主义断言，要够格成为科学，一个理论必须用纯物质来解释所有的现象——那就是非智能的原因。正如哲学家南西·墨菲（Nancey Murphy）解释道，方法论的自然主义在科学理论上禁止参照“创造性的智能”⁴⁰。

那么，这个法官找到了可以区别智能设计论和唯物进化理论的界限划定标准或方法论的规则吗？显然是的。如果科学真是像琼斯法官定义地那样，智能设计论就不是科学理论。但是科学应

该这样定义吗？这个法官找到了好的理由来把智能设计论排除在科学之外吗？他并没有做到。相反，他只是提供了一个完全随意（肆意）的、循环地逃避问题的论证方法来把设计论排除在外。我和许多其他的科学哲学家们都知道，基于中立地应用方法论的界限标准的争议，例如可测试性，并不能在科学上解释禁止智能的原因。多弗案中的法官应当为这个禁止提出理由，但是他的理由到头来只是用了另一个名字（译注：这就是循环论证）。按照琼斯法官所说，智能设计论算不得科学的，因为它违反了方法论的自然主义，但是这个原则终究不过是说智能的原因⁴¹——也就是智能设计论——必须从科学中排除。因此，智能设计论不是科学因为它违反了方法论的自然主义原则。什么是方法论的自然主义？这就是在科学理论中规定不能考虑智能设计。

因此，尽管看起来不是这样，琼斯法官并没有给出一个好的理由——一个理论上中立的规律或科学定义——可以把智能设计论合理地排除在科学之外。相反，他不过断言了反对考虑智能设计（在科学中），然后用另外一个名词来重申这个禁止。然后拿它当做一个理由——一个方法论的原则——来合理化他禁止的本身。

幸运的是，我们并没有依靠联邦法官来调停重要的科学上和哲学上的大问题。那么生命是由纯粹的无方向的物质原因而产生或是智能有所作为？⁴²当然，以法庭颁布的科学定义，肯定地讲，特别是像逻辑上问题多多的方法论的自然主义，并不能回答这个问题。⁴³

毫无疑问，琼斯法官对他所给的对科学定义的不足信的循环论证的理由会自我感到是有道理的，因他知道许多科学家都同意它。而且大多数科学家确实会接受方法论的自然主义原则。所以，如果科学就是科学家所作的，而且如果许多或大部分科学家不认为以智能产生的假设存在于他们的理论中，那么智能设计论可能完全不够格为科学理论。按照这条思路，琼斯法官并没有随

意强加科学的定义。反之，他的裁决仅仅表达了科学团体已有的、有关正常科学的共识。就像法官在宣判中自己所讲，方法论的自然主义不过是科学“几百年以来的基本规则”。⁴⁴

那么，为什么科学家不该继续接受方法论的自然主义作为严格的规则来控制科学呢？可能我们应该接受这个传统而一往直前。当然，有些科学家可能决定就以此为准则。但是如果他们这样做，重要的是应该认识到这个决定将是什么，什么不会对设计假设具有意义。那些决定将创造智能的解释定义为不科学的科学家们，不能够既想因这假设不符合他们的科学标准而说这个假设是失败的，或是作为拒绝这个假设的理由。为什么？因为逻辑上仍然是一个“不科学的”假设（根据方法论的自然主义）有可能比当下最好的“科学的”假设包含有更好的解释。基于本书所陈证据，我要坚决主张说，不论是什么分类法，在最初生命产生的特殊信息的必须起源上，设计假设比任何它的唯物竞争者提供了一个更好的解释。**重新分类一个争议并不能够否认它的真实性。**

无论如何，目前科学家中的优势惯例并没有非要不可的理由来继续下去。惯例也不过是如此。如果没有一个好理由来持续它，它就不过是未加审核的偏见和探求前进道路上的绊脚石。当有一个拒绝惯例的好的理由出现时，理智的人就会把它抛弃。而现在就有好的理由来把这个惯例抛弃。

首先，科学家们从来不把他们限制在唯物的假设上，这和多弗审讯中的一个见证人所说的相反。例如牛顿，在他的科学著作中作了设计论证，特别是在《原理》和光学理论上。又如路易斯·阿加西（Louis Agassiz），一个与达尔文同时代的杰出的古生物学家，他也在他的科学文献中作了设计的论证，并坚持说化石记录强有力地表现了“头脑的作为”。方法论的自然主义的捍卫者们，最多能够说，这不过是科学历史中某一时期的正常趋向。但是这承认了真正的科学方法是随时间而迁移的——而且确实如此。从牛顿到达尔文，设计论证是科学研究的普遍特征。达尔文

之后，更多真正的唯物方法就逐步成为正统。然而，最近由于越来越多的科学家对智能设计论的证据有兴趣，这个趋向也随之改变。其次，许多现代的科学领域也以智能的理由作为科学的解释。设计的检测早已成为科学的一部分。考古学家、人类学家、法医学家、密码解译学家和其他学科科学家们，现在常规地从富含信息的模式或结构或样品中推断出智能的因素。再有，寻找外星智能（SETI）的天文生物学家也没有一个可以反对智能因素的规则。相反，他们公开地来侦查智能，只不过迄今为止还没有证据来支持这种推断而已。由此，所有科学领域断然排除以创造性智能为参照的声称显然是错误的。甚至有些生物学家现在也在辩论方法论的自然主义。当然，许多进化论生物学家在他们的原则基础上像常规理论一样接受方法论的自然主义。然而，生物学家对设计假设有兴趣而拒绝方法论的自然主义，因为这阻挠了他们思考一个可能的真假设。诚然，目前对设计的论证恰恰就在今日方法论的自然主义是否应当在生物学中被认为正常的问题。绝大多数的进化论生物学家们说这应该维持正常；科学家们推崇智能设计论不同意论。但是智能设计的批评家们不能期望于方法论的自然主义来解决有关智能设计科学地位的辩论，因为方法论的自然主义本身正是被争论的一方。

第三，以严格的唯物主义来定义科学是不合理的、可能错误的——这是生物起源的观点。在逻辑上这至少可能是一个有位格的——一个有意识的有目标的智能者——存在于第一个地球生命出现以前。此外，在第十五和十六章中所看到的，现在有严密的科学方法可以从某种结果来检测或推断出智能者的活动。因此，如果有一个智能者确实在地球生命出现以前存在，那么至少他的行为可以用诸方法之一被探知。如果是这样，那么禁止生命起源的设计假设，就相当于说在这个事件以前没有任何智能的存在或可能存在。但这个假设是完全不公正的，尤其是找不到自然发生学说（abiogenesis）的唯物解释。最后，容许方法论的自然主义

作为绝对的“基本规则”，这对所有的科学或对科学的某些分支产生有害的效果，特别是历史性科学。⁴⁵例如，在生命起源的研究中，方法论的自然主义人为地限制探测和防止科学家来探讨或检验一些很可能提供足够的最佳因果解释的假设。作为一个真理的寻求者，生命起源研究的问题一定不能是，“哪一个唯物的场景是最可能的？”而必须是“什么真正导致了地球上生命的产生？”很明显，对于后一个问题，一个可能的回答是“生命是一位人类出现以前就存在的智能者所设计的。”如果接受方法论的自然主义作为常规理论，那么，科学家们可能决不会考虑它为真正的假设。这样的排他性的逻辑就使得任何声称理论上很卓越的任何假设黯然失色，而这就提出了最佳的（方法论的自然主义）“科学的”解释，事实上并不是最佳。科学理论解释，它本质上是一个比较的事业。在人为限制的竞争中得到的科学理论既不能说“最佳”也不能说“最可能真实的”。多数情况下，这种理论可以称为“在人为限制的一组选择下是最佳，最可能是真实的。”因此，对充分理性的历史生物学来说，对设计假设持开放的态度好像是必要的，——也就是对寻求真理的人来说，“各种意见毫无限制”⁴⁶一个严格遵循证据的历史性生物学，不管它引导到哪里都不会因为他们有可能的哲学影响而排除一些先存的假设。相反，它只能采用哲学上中立的标准——例如因果的充分性——来评价互相竞争的假设。诚然这个较开放的（和可以说是理性的）方法，现在似乎肯定智能设计论可以作为最佳的、最具充分因果关系的、产生构建第一个生命机体所必需信息的科学解释。

第二十章 为什么会如此重要呢？

本章提要

* 反对者企图以智能设计论者的信仰和智能设计论者的动机来否定智能设计论的科学性。

* 用以上两点来否定智能设计论和其他科学理论是犯了“起源谬误”（genetic fallacy）的逻辑错误。

* 本章揭露了反对者本身的信仰和动机。

* 作者最后讲到自己的信仰心路历程。

2005 年秋，在媒体狂热宣传多弗县审讯前后，我被邀请参加 MSNBC 电台的 The Abrams Report 节目。按照惯例在会面的开始之前，主持人 Dan Abrams 先放了一段“背景录音”。有关审讯的报告是由 Robert Bazell 所写，他是 NBC 新闻社的科学记者。在这一段录音之后，问我问题之先，Abrams 用了一个异乎寻常的做法，他陈述了他自己对有关智能设计论的看法。

他所说的当然不会对我有利。Abrams 解释了他是如何认为智能设计论“不诚实”。按他的观点，这是创造论为了隐藏宗教的目的而避免提到上帝的迂回进攻形式。他还声称这个理论不是科学的。不但它的拥护者“没有提供新的证据”；也没有“经同行

审查的文章”来支持它，他就是这么说的。在我的老对手尤琴妮·斯科特（见第六章）作为他的另一个客人上台以后，由她来肯定这个（当然是假的），Abrams 开始了一系列的问题来建立智能设计论是“宗教”。要做到这一点，他试图要我说我认为上帝就是那个生命设计的智能。

但是 Abrams 设立了一个圈套，现在我是太知道这个诡计了。如果我诚实地告诉他（我是这样做了）无论是生物上的证据，还是智能设计论都不能够证明这位设计者是谁，那他要指控我不诚实和“拒绝坦白交待”这个理论的宗教本质（他就是这样说了）。但另一方面，如果我告诉他——也是实话——我个人相信是上帝设计了宇宙和生命，他就会抓住我的话作为证明智能设计的理论是“宗教”的把柄，因此它一定没有任何科学根据就牢牢地建立在他的脑海里。他不断地要求我“你就承认了吧，它是宗教”。

作为一个基督徒，我从来就没有隐瞒我相信上帝，也没有隐瞒我为什么认为从人类总体的经验来说，有神论比其他的世界观更合理。但是我是在 Abrams 的节目中讨论智能设计论，而这个理论并没有涉及到任何神明，而且它也不能。在我们对这种原因的一成不变的经验基础之上，作了一个比较保留的声明——就是一个智能的原因——是生物的形状和信息起源的原因。但这个保留的声称却提出了另一个截然不同的问题，诚然，这是一个重要的宗教或哲学问题。这就是 Abrams 逼问我智能者是谁的问题。当然，他的问题是合理的。但是我要在解释什么是智能设计论，建立它的科学证据之后再回答。否则，一旦我说出我个人认为上帝就是设计者，他就会立刻以它是“宗教”而拒绝智能设计论，因为可能许多观众，都假设一个理念属于宗教的话，那么它就没有事实或证据为基础。

所以，随后是一个拉锯状态。要叫我“承认”或叫我显得闪烁其词，Abrams 以急速的语序问了我两个不同的问题：“什么是智能设计论？”和“谁是智能设计者？”当我打算用定义智能设计

细胞中的印记

和解释支持它的证据来回答他第一个问题时，他不断地要我承认设计者就是上帝。他就好像记者在追随一个丑闻的线索一样，而这丑闻就是他要我承认我相信上帝。如果我“承认”我认为上帝设计了宇宙，他就会用智能设计论是宗教来证明我的立场是错误的。因此他集中火力问了一系列的问题：“这是不是宗教？”“你就是不能……这是宗教！”“这是否是宗教？”“你就承认了罢，这是宗教。”

宗教、科学或者是其他？

可能与其他反对意见相比，指控智能设计论为宗教或“宗教伪装成科学”更能令思想封闭者（不去）考虑设计假设（客观）证据的想法。部分原因是传媒成功地描绘智能设计论者有一个隐藏的宗教计划。但是还有一个封闭人们思想的更为基本的理由。许多人设想科学和宗教之间没有一个有意义的交接。他们假设科学理论与宗教或哲学问题毫无关联，如果他们有关联的话，那它们肯定就不是真正的科学。

当 Abrams 以“不是这样，就是那样”的各种问题追逼时，他肯定是做了这样的假设。琼斯法官在多弗案的裁决中也暴露了这样的思路。智能设计论不是科学就是宗教。因为，这两位先生都提到，“主要科学机构”说它不是科学，那它就一定是宗教。相同地，有些“智能设计论”的提倡者认为生命是上帝设计的，那么智能设计论就一定是宗教的信仰，而不是以证据为基础的科学理论。

但这是否就是结论呢？智能设计论是宗教吗？如果是的话，是否它就意味着智能设计论缺乏科学的基础？而且智能设计论的提倡者的信仰和动机是什么呢？是否这就把智能设计论，包括了本书我所作出的辩论否定了呢？有许多理由不这样认为。

不是宗教

首先，无论从何种合理的定义来说，智能设计论都不是“宗教”。当大多数人想到宗教时，他们想到的是一个制度化的崇拜形式，或是建立在对最终极现实的全面信仰系统。宗教通常有正式的结构、做法和崇拜仪式，包括“正式仪式、功能、神职人员的在场”和“守假日”等。¹

虽然智能设计论和他的唯物进化论的对手，确实争论到生物起源的问题，且可能蕴含着最终现实的哲学问题（见第二章），但它并不提供有关此现实的全面信仰系统。智能设计论并不回答诸如上帝的特性，甚至它并不声称上帝是否存在的问题。智能设计论并不推动一套道德或对某一个来世说法给予肯定。它并不要求相信神圣启示或者对信徒指示如何达到高级境界或如何和上帝和解等等。它只不过论证道，某种智能的原因在生命起源中曾经起了某种作用。这是有关生物信息和生命系统其他表征（appearances）起源的理论。

此外，智能设计论并没有包含任何行动礼仪，也没有像宗教那样的组织结构或特点。它没有崇拜、默想，也没有灵性锻炼系统等。它没有神圣文件、按立的牧师、拉比和神父等；没有智设论的礼仪、祷告会，或智设论的假期。智设论推动者，组成不同的团体和研究机构，²但是这些和其他科学或专业团体一样，不同于教会或宗教机构。

尽管如此，有些批评家，例如罗伯特·彭诺克和杰拉德·史库格，甚至说智能设计理论差不多就是一个宗教的派别（Sectarian）³，但是只要考察一下，这个说法就烟消云散了，剩下的就是这个理论在某些基督徒而非其他人中较为受欢迎。无论如何，智能设计的理论并不肯定宗派教义。它并不论及例如处女怀孕、圣母无原罪、预定论、婴儿洗礼、伊斯兰律是否有效、救赎、原

细胞中的印记

罪，或道成肉身的合理性。此外，相信有一个设计智能在生物世界的起源上发挥过作用，对基督徒或一般宗教界人士来说并不是独一无二的。历史上，设计的推动者，不但包括有神论者，也有非宗教人士、泛神论者、希腊多神论者、罗马斯多亚派和自然神论启蒙哲学家等，现在还包括了自称为不可知论者的现代科学家和哲学家们⁴。

有神论的蕴含之义

否认智能设计论是宗教，决不意味着智能设计在生物学上的证据没有宗教或哲学上的涵义。诚然，Abrams 先生和琼斯法官（应）还有一个选择。他们（急于）划分这个理论而并没有考虑到它的价值。许多理论，尤其是起源理论，不必是非科学即宗教。它们可能兼而有之。或者更确切地说，有些科学理论——虽然它们本身并不是宗教——但可能有哲学上和宗教上的涵义。

我们有好的理由认为智能设计论就是这样一种科学理论。首先，我已经阐明（第十八章和第十九章），有好的理由认为智能设计论是一种科学理论。其次，智能设计论讨论了一个大多数宗教和哲学系统也讨论的主要的哲学问题，这就是，“生命是怎么产生的或者什么导致了宇宙的存在？”因此，和它的唯物主义的对立面一样，智能设计论无可避免地提到首要的或基本的终极现实的问题。“一切由它而起的事物”（见第二章）。⁵

不但如此，智能设计论可以认为具有特殊的神学蕴含，因为智能设计论肯定了有神论世界观的一个主要的信条，那就是，生命是由一位自觉而智能的存在而设计的，一位有目的有思想的智者。如果智能设计论是正确的，那么，接着就应有一些典型与上帝所具有特征的设计智能参与了第一个生命细胞的出现。生物学上的智能设计的证据并没有证明上帝的存在（或一个存在，being，具有所有上帝的超然的特性），因为逻辑上至少可能有内在

（宇宙之内）的智能（译注：非上帝），而非一个超然的智能可能设计了生命。然而，在这种程度上，一个超然的上帝（由有神论所设想的）确实具有自觉意识和智能，它具有产生（和解释其来源）特定的生物信息的必须的原动力。因此，有神论上帝的作为就可以提供足够的生物学上的设计智能证据的解释，当然，其他实体也在构想中同样能做这点。而且，生物学上的智能设计证据增加了有神论的解释能力（作为一种哲学上的某种假设），这就使有神论比在没有这种证据时更有说服力或更像是真实的。

因此，那些相信一个超然的上帝的人们，就可以在赞成智能设计理论的生物学证据上来找到他们信仰的支持。他们能够提出这方面和别的证据作为他们的宗教信仰中确认上帝就是对生命起源的智能设计的理由。因此，可以公平地说，智能设计具有有神论的含义，或者说这个含义对有神论是友好的，即便理论本身并不是一个宗教（或上帝存在的证据）。

哲学或宗教蕴涵？

但是，如果智能设计论使得相信上帝较为信服或更为可能，是否意味着智能设计论基本上是宗教而不是科学的生命起源的概念呢？是否会对它的科学方面的价值产生怀疑呢？

不，相反，智能设计论的宗教涵义不应该是否定它的理由。不然，这就把理论的证据和它的涵义搞混淆了。这还没有意识到智能设计论不是唯一的、具有哲学或宗教涵义的理论，这与说科学“就是事实”的大众的成见相反，许多科学理论有更宽广的思想、哲学上或宗教上的蕴涵。起源理论尤其具有这种蕴含，因为它可以作出有关生命，或人类，或宇宙出现的主张。⁶

例如，许多科学家相信，大爆炸理论肯定了宇宙有一个时间上的开始，⁷肯定了有神论世界观的蕴涵。事实上，许多倾向于唯物哲学的科学家一开始就抵制大爆炸理论，因为他们认为它挑战

了永存的自存的宇宙思想，也因为他们认为它指出了物质、空间和时间需要有一个超然的原因。⁸然而，科学家们终于接受了这个理论，尽管它（对某些人）有令人讨厌的哲学蕴涵。他们这样做是因为他们认为有强有力的证据支持它。

科学理论必须以证据为基础来评价，而不是以哲学蕴含的偏好为基础。安东尼·弗柳（Antony Flew），一位长时间的无神论哲学家最后接受了智能设计，他持守正确的观念，我们必须“跟随证据，不管它导向何处”，不管它有什么涵义。如果它不对，其他科学理论的抽象的蕴含就会去否定它，但是它们没有。

或者可以从另外一个例子考虑。有些科学家认为达尔文主义和其他的唯物起源理论有明显的、抽象的和宗教（或反宗教）的蕴涵。因为古典达尔文主义和现代新达尔文主义都否认出现在生命有机体上的智能的表象是真的。他们肯定道，导致生命机体上智能出现的过程是盲目的和无方向的。化学进化论的理论家也同样坚持，第一个生命是无方向地从毫无理性的化学反应来的。⁹道金斯还称这个生命出现的理论为“盲目的钟表匠”的无方向过程结果的理论。¹⁰他，还有其他领先的进化论理论家声称，生物学的证据压倒性地支持这种无目的和完全唯物的创造说法。¹¹正如乔治·盖洛德·辛普森，上一代领先的新达尔文主义者，说“人类是毫无意识的无目的的唯物过程的结果，他是没有在计划之中的”¹²。

由此看来，辛普森和一大群杰出的达尔文科学家们——从菲秋马（Douglas Futuyma）¹³到普罗文（William Provine）¹⁴到古尔德（Stephen Jay Gould）¹⁵到道金斯¹⁶——都坚持说，达尔文主义（和广一点的“盲目的钟表匠”论点）已经令唯物世界观更可信。他们还说唯物的进化论已使传统的信仰上帝站不住脚或不大可能了。道金斯说：“达尔文使得无神论者得到知性上的满足成为可能。”¹⁷或如近代哈佛大学古生物学家斯蒂芬·杰伊·古尔德争辩道，达尔文已经制订了“一个基于变异的机会和自然选择进化理

论……这是一个硬性的唯物主义（且基本上无神的）的进化形式。”或如古尔德在其他场合解释道，“达尔文之前，我们认为一位仁慈的上帝创造了我们，”但是在达尔文之后“生物学剥夺了我们以上帝的形象被造的完美模范的地位。”¹⁸

同样地，许多主要生物学课本把现代进化描述为一个过程，其中有意识的智能（比如说上帝）并没有发挥可察觉的作用，正如肯尼斯·米勒和约瑟夫·莱文在他们广被采用的课本 *Biology* 第四版中解释道，进化的过程是“随机而无定向的”，而且“既没有计划也没有目的”¹⁹，或者如 W. H. Purvis, G. H. Orians 和 H. C. Heller 在 *Life: The science of Biology* 中告诉学生们的：“生命世界不停地毫无目标地进化着。进化的变化是不定向的。”²⁰有些课本公开地说达尔文的理论对有神论具有深刻的负面含义。如菲秋马（Douglas Futuyma）的生物学课本这样讲：“以无定向的、无目标的变异再结合自然选择的、盲目的、无动于衷的过程，达尔文使得神学上或对生命过程精神上的解释成为多余。”²¹由于这个原因，许多人会从达尔文和化学进化论找到唯物哲学信仰的支持。相反地，有些科学家例如肯尼斯·米勒，相信进化理论加强了他们的宗教信仰。²²因此，如果他是对的话，学习进化论会引导学生“找到达尔文的上帝”。

不论怎样，化学进化论和新达尔文主义无可避免地提出了超自然的和宗教的问题。这些理论也就不可避免地有超自然和宗教（或反宗教）的蕴涵。至少，许多科学家认为进化论有广大的、超自然的宗教（或反宗教），或世界观的蕴涵。然而这些事实并没有阻止认为达尔文主义是科学的理论，也没有任何人认为这些理论可能的蕴涵应该决定他的科学价值或使他有利的证据无效化。如果宗教的（或反宗教的）唯物进化理论的涵义并没有使这些理论变为宗教或使支持它们的证据无效，那么同样，也不能使智能设计论的宗教蕴含用来否认有利于它的证据，或把他变成为“宗教”——和它所对现代思想所带有的含义（译注：即不是科

学)。

反之，科学理论的内容，而不是他的蕴涵，才应该用来决定它的价值。科学理论应该决定于它证据的质量和它所列举的有利于它们的论证。但是如果这个原则普遍地应用而且特别地应用在唯物的进化论上，那它也就应该同样地应用于智能设计论的评估上。如此，则智能设计论的抽象的和宗教的蕴涵也不能否认对它有利的证据。

宗教的动机？

正和特定理论的蕴含不能决定它们的价值或真理性一样，推动那些理论的理论家们的动机也不能废止它。诚然，智能设计理论的拥护者所认为的生命设计者的身份，和智能设计的理论所确认的是显然两件不同的事。道理很简单，有些拥护者认为上帝是存在的，而且是担当了设计者的职分，并不意味着智能设计论肯定了他们的信仰。

虽然如此，毫无疑问，许多智能设计论的拥护者确实有宗教兴趣和信仰，而且有些人被他们的信仰所鼓动。我个人认为，设计在生物学上的证据在佐以其他证据后，强化了有神论和我个人对上帝的信念。主观上讲，作为一个基督徒，我认为智能设计论的蕴涵使我可以得到“知性上的满足”。

难道这就否定了我所提出的智能设计论吗？有些人争辩道，是的。例如，在多弗审讯中，巴巴拉·弗雷斯特和罗伯特·彭诺克争辩道，智能设计论拥护者的宗教信仰非法化了这个理论。但这并不对头。

首先，不是激发科学家理论的动机可以决定他的价值、地位，或立场；而应以它的争议的质量和所收集到的、支持这理论的有关证据来决定。即使所有拥护智能设计论的科学家都是被宗教信仰所鼓动（实际上不是如此），这也与科学无关。真正有关

的是证据。如果不是这样的话，那就犯了一个基本的逻辑错误，叫起源谬论（genetic fallacy），就是说某论断的来源或起源有某种所谓的缺陷，就把这种缺陷拿来当作这种论断不足以信的证据。

举例说，如果有人辩论因为某甲是在邪恶无神论的家中长大的，那么他反对上帝存在的论据就是错的。这种推论显然是错误的。某甲的论据是否合理和他的成长是无关的。这些论据必须被分别开来，并以它本身的价值来衡量。同样的，许多 ID 提倡者有宗教信仰，这可能使得他们对考虑智能设计论有更为开放的心态，但这并不能说明这个理论是真还是假。反而，必须用该理论解释证据的能力来评估它。

不论怎样，科学家们不论站在辩论的任何一方都会有其意识形态上、哲学上，或宗教上的（或反宗教上的）倾向。巴巴拉·弗雷斯特，一位批评智能设计论的领头者，他是新奥尔良世俗人文主义联合会（New Orleans Secular Humanist Association）董事会的成员。其他著名的批评智能设计论的领头者如尤琴妮·斯科特和迈克尔·谢默都是美国人文主义宣言（第三稿）（American Humanist Manifesto III）的签署者（译注：第一、第二稿因希特勒的表现而作废了）。道金斯的主张是众所周知的²³。奥巴林是一个忠诚的马克思主义者。肯尼斯·米勒采取了一个不同的、然而有趣的改弦易辙，他声称达尔文主义照亮了他作为一个天主教徒的信仰²⁴。

那么这些领头的进化论的倡导者是否因他们的宗教或反宗教的动机，而取消他们的达尔文或化学进化论作为科学理论的资格或压低其价值呢？显然不是这样，并没有因为理论倡导者的动机而否定他们理论的科学地位、价值，或合理性。但如果这个普遍的原理可以拿来应用到评价唯物的进化理论上，那么同样在评价智能设计论上也应当如此。简言之，不能因智能设计论提倡者的动机而否定他们的理论主张。

牵涉到我个人了：为何如此重要？

在公众辩论中，我经常会遇到一些批评智能设计论的人，他们引用智设论拥护者承认自己的宗教信仰这一点来作为设计假设不足信的理由。虽然这事不断发生，我总对科学家和特别是专业的哲学家（他们应该学过逻辑学的）感到有点好奇，他们竟然会（把自己）降低到用这种错误动机的荒谬方法来取胜。不过，在热烈的讨论中宗教动机和世界观蕴含会浮现为一个热点也并不奇怪。生物起源提出了深刻的个人和哲学问题。当我反省以上这些问题时，我信服了我以前的哲学教授 Norman Krebbs 的观点，他是对的。智能设计论的科学性也为哲学意义所充满，它严重地挑战了唯物的世界观，而这世界观已经主导了西方科学和大部分的西方文化有很长时期了。

自从唯物进化理论在 19 和 20 世纪的兴起，科学就据称解释了每一件事物的起源问题。从太阳系到细胞到人类灵魂的渴求等，都可以由无定向的物理过程来解释。总体来说，拉普拉斯、达尔文、奥巴林和其他学者等将宇宙描绘成一个永存、自我存在、自我创造的系统。斯金纳（Skinner）、弗洛伊德、马克思等应用这种观点来认识人类，他们假设形成物质宇宙的没有位格的力量也同样决定了人的行为、思想和历史。这种从自然和社会科学中引申出来的、对本真（reality）的观点，可以理解地看起来是在支撑着科学唯物主义全面的哲学或世界观。

科学唯物主义认为，本真（reality）说到底是没有位格性的；物质和能量决定了一切，最终，只有物质才是最要紧的。“太初有微粒，微粒渐成复杂，复杂之物交互作用而生活物，活物进化，而终有知觉可自觉……其时未长。”根据这唯物信条，物质和能量才是最根本的本真，由此产生万物和万物的实体（entity），这也包括我们的头脑和自觉意识，可是这一切最终都会消解。头

脑和个人之特质（personhood）不过是暂时的副现象（epiphenomena），从非位格性的深海中短时漂浮起来的不安分的泡沫而已。

这种观点看来一时似乎有一点解脱感，因为它把人类从外界所强加的道德系统中解脱了出来，但是它却使人陷入深刻和真正的沮丧中。如果构成我们个人之特质的自觉意识本真并非长久的存在，如果生命和心思不过是物质宇宙无意识的副现象，那么，正如存在主义的哲学家已经认识到的，我们的生命没有持久的意义或最终目的。没有一个有目的性的宇宙，就不会有一个“有目的的人生”。

英国解析哲学家伯特兰·罗素（Bertrand Russell）明白否定设计（他称之为前瞻，prevision）和人类的存在困境的联系。他在1918年解释道：

人是一个没有前瞻为原因的产物，并不知道要达到的终点是什么；他的起源、生长、希望和畏惧，他的爱和他的信仰，这些不过都是原子的偶然集结；没有热情，没有英雄主义，没有强烈的思想，没有感情，能够越过坟墓保存个人的生命；多年的劳动，所有的忠诚，所有的灵感，所有人类中如日中天的天才，注定要在太阳系广大的死亡中消失，整个人类成就的庙宇不可避免地被埋葬在宇宙的残砖碎瓦之中——所有这些事，即使不是无可争议，却也是何等地近乎确定，没有一个哲学能够拒绝它还能有希望屹立不倒的。²⁵

20世纪70年代，我还是十来岁的少年，已经意识到现代生活失落了意义。我不知道为什么。可能就是这原因使我敏锐地意识到我前一代的愁苦。可能就是这个原因我的家庭离开了教会。可能就像我不断问的问题得不到明确的回答一样。“一百年之后它还有什么意义吗？”而这个“它”是指任何事情。什么英雄主义、思想或情感、劳碌、灵感、天才或成就能够持久存在，如果

细胞中的印记

非位格性的粒子是所有这一切最终归宿的话？

虽然智能设计论并没有指出谁是细胞中信息——印记——的行动者，它却肯定了生命的终极原因是有位格性的。这里所谓“有位格性的”是说一位自觉、审慎的意念而又具有思想、愿望和用意。只有有位格的思想者方能产生这种复杂而特定的信息。考察万事之后，我们必然会明白这个道理。因此，尽管智能设计论并不证明上帝的存在或回答我们所有有关存在的问题，它所重新建立的理论条件确实使“搜寻意义”成为了有意义的事。智能设计论挑战了唯物信条的前设（premise）而有希望翻转这些哲学所带来的绝望。生命是意念的产物；它是有用意的、有目的的、有“前瞻的”。因此，可能存在一个在物质之外的本真（reality）值得我们探讨和寻找。

该理论的这些蕴意，从逻辑上来说，并不是肯定或拒绝它的理由。但是它们却是——非常个人的和人性的理由——来详细思考这些声称，而且防止对智能的可能行动者被推出界外（而不予考虑）。智能设计论是科学么？是宗教么？可能这些不是正确的发问。或许该问：“智能设计有否证据？”“智能设计是真的么？”如果这是真的，“它意味着什么？”

诚然，对我来说，思考智能设计的证据远不是想避开它自然会产生哲学和神学问题。恰恰是这些问题使我长期以来保持了对围绕生命起源科学争议的兴趣。不是吗？如果有证据显示生命是设计的且有其目的，这就必然会产生更深一步的哲学问题。到底谁是设计者？这些数码背后显然的意念可否被知晓？作为人的我们，对这个赋予生命复杂性的行动者能否知道一二？到底我们的存在有无意义？这些问题我思想了好多年。有关智能设计论和无可辩驳的支持它的证据，使我兴奋的不是因为该理论回答了这些问题，而是它使我们有理由相信这些问题值得再次思考。

结论

一百五十年以来，许多科学家坚持“机遇和定律”——偶然和规律——联合起来就足以解释地球上生命的起源。然而，现在我们发现，正统进化思想——依靠上述两根唯物思想的柱子（译注：即“机遇和定律”）——不能解决生命的中心特征，信息的起源问题。

即便这样，许多科学家们仍坚持认为，考虑其他的可能性就会离开科学，离开理性了。然而通俗的理性以及许多被唯物论的详细的监视下所认可的推理不但认识到，而且需要我们去认识智能者参与的因果活动。米开朗基罗的雕塑、微软公司的软件、亚述王石碑的刻文等等都表明了之前的智能活动而不是单单的非位格性的过程。事实上，在我们所处的高科技环境里，随处可见的复杂的事件、器物 and 系统都促使我们的头脑去认识别人的思想活动；思想是能够沟通、计划和设计的。然而要测到思想的存在，在它果效的回响中测到智能的活动，需要一种推理的模式——事实上是一种学问——而这方面是被科学，至少是官方的生物学，长期以来排除在外的。如果生物——明显不是由我们自己设计的——却带有设计的标志，如果它们表现出的印记能将我们导向领略我们在其他领域中所经验到的智能活动的话，现在是时候恢复那种迷失的（被排除在外的）探求方法了，要重新燃起对自然界设计和智慧的探索热情，科学革命就是被这种热情所首先激发的。

结语 (*Epilogue*)

一门活科学

约翰·肯尼迪总统被一个单独男子所行刺。威廉姆·莎士比亚的剧本由威廉姆·莎士比亚所写。特洛伊是古代真实存在的一个城市，而不仅仅是一个传说。设想一个历史学教授刚刚宣称这三个断言来引发一个关于历史学家如何审查证据来得出结论的课堂讨论。但在讨论如期开展之前，一位校长迈进教室之门，清了清嗓子：“大学的领导层一致认为应该简单地去掉这样的断言，”他开始道，“这样的断言没有实用性。历史，正确理解的话，应该发展能够让历史科学向前发展的理论。除非这些历史的断言能够显示出对于新的发现是**有用的**，否则你们学生就应该拒绝它们。谢谢你们的关注。继续上课。”他坐了下来。

学生们反应各异——默认的、目瞪口呆的和在教科书后悄悄行中指礼的。历史学教授，从这不期而遇的干扰中回过神来（想到她已经有了可靠的终身聘任），迅速地反应且抓住这个施教机遇。她提醒人们无法来评价一个提案的真理性，若用它对于实行或发现其他事情是否有用来判定。海王星围绕太阳运行，不管我们能否进一步应用这个事实。而更多的是，她继续道，一些看起

来缺乏实际应用的历史结论，最终会引向有用的视角或洞见。莎士比亚写莎士比亚戏剧的知识告诉我们，对于产生巨著什么是重要的而什么不是。例如，莎士比亚生长于一个不知名的英国小村庄，父母平庸，只接受了小学的教育。他山之石或可攻玉。学生们点头赞许。

校长不为所动。“除非能证明历史断言的实用性，”他重申，“否则就应该被抛弃。”

这个虚构的场景也是目前针对智能设计论证的真实写照。当我提出充分的理由认为，智能设计是生物信息起源的最佳解释，经常会遭遇到假想的历史课上的不速校长所提出的类似的反对之音。对于我的主张，科学家们对我论证的反应通常不是提出信息起源的更好解释，而是坚称智能设计是不相关的，因为它不能进一步引导。“我能用智能设计做什么？”他们会问“它能做什么预测？”“它能引出什么科学研究问题？”这些科学家并非一定在否认智能设计的科学性。他们以缺乏实用性为理由来拒绝它。然而即使一项提案或许缺乏能产生预测的使用性但依然可以是对的。

菲利普·基彻（Philip Kitcher）明确表达过一个更微妙却相关的反对。基彻是一个受人尊重的科学哲学家，是哥伦比亚大学的一位杰出哲学教授。2008年他出版了《和达尔文共活》，主要以应付对智能设计的兴趣的增长。书中，基彻拒绝智能设计论，因为他看到他不能解释基因组研究中发现的假定的新的DNA证据。基彻并未提到我在本书中所作的论点，即智能设计最好地解释了产生第一个活细胞所需的特定信息的来源。相反，他辩论的是基因组的其他特点——具体是DNA中许多认为是“废物”（junk）的序列——智能设计不能解释。因为这些失败，他断言智能设计是一门“死科学”。

基彻是一位老成的科学哲学家，用语谨慎。基彻清楚知道，试图用界定的方法确定智能设计本质上非科学已然不能成功。为要证实智能设计成为一个科学理论并不合格，他说：“我们必须

细胞中的印记

解释它违背了正统科学的哪条规则。”不过，他也观察到，这“会引入哲学的灌木丛里，因其中尚无明确的解决方法。过去的半个世纪中，在科学和伪科学之间精确的界定上哲学家们屡次尝试，终归失败。看来我们无法清楚地划出界限来。”此外基彻也知道，在过去的几个世纪里，设计假说在许多科学的形成中起了重要作用，并时常引导许多丰硕的科学研究。他解释道：“智能设计和宇宙学，地球和生命科学有很深的渊源。”

不过，基彻认为这个理论所担当的作用已一去不返了。尽管设计假说被许多早期的自然哲学家应用来指导他们的研究，基彻说，智能设计再也难当此任，源于它无法解释如今生物学的事实——具体说是基因组中广泛存在的“废物 DNA”。据此，基彻的结论是：智能设计是一门死科学——它无法担当用于作为解释的框架——因为它不能解释分子生物学中现有的事实。

基彻和我一样，他预先假定了理论的解释力和它可能的真实性之间的一种关联。他并没有坚持有关既往的理论必须引导发现和预测未来。他也没有说因为做不到这些故而 ID 不是科学。相反，他宣称它不能提供有用的解释框架因为它**没有解释力**。但这是明显反对我所得出的例证的。再者，鉴于我对智能设计的例证中并没有引用基因组领域中的最新进展，可能会有人附和基彻“废物 DNA”的见解来质疑，我对于智能设计的观点已是昨日黄花了。

基彻说对了么？智能设计在解释基因组研究中现有的 DNA 证据上无有作为么？那些认为智能设计对于引导研究和作出预测上已经失去功用的人是正确的么？简言之，智能设计是一门死科学，还是活跃的、有用的、活的科学？如果是活的，以怎样的方式呢？可以是一个解释框架么？能否引向新的发现？抑或是一个预测产生器呢？

在此结语中，我的结论是智能设计是一门“活科学”，能够：其一，很容易解释新的事实，包括基因组中一些令人惊讶新奇的

发现；其二，产生富有成效的研究问题和研究的线索。事实上，我证明了**因为**ID 解释了最前沿的关于细胞信息贮存和处理的信息系统（而且，可圈可点，表现的特别棒）。它**顺理成章**地提示了许多新的科研问题和探求线索。后面，在附录 A 中，我也显示同样证据，尽管惯常我们并没有要求历史性的科学理论应做到这一点；其三，智能设计确实也做了许多有鉴别能力的预测，关于在未来的生命系统中我们应该找到什么，如果智能设计确实在这些系统的起源上起了作用的话。

在继续之前，提一个醒是比较恰当的。本结语主要是为那些思考智能设计**能**帮他们做什么的科学家而写。这意味着和之前的章节相比，技术性的内容会多一点。它篇幅也更长一些，因为探讨了很多细节问题，涉及智能设计如何，比我前面谈到的（包括基因组中的最新发现）既为一类广泛的事实提供**解释**框架，还为对正在进行的研究提供**探索**框架。当然，有好奇心的非科学家也会着迷于这些内容，但对有些内容也可略读而过，对不同部分的总结性材料在每一节起首和结尾都有。

智能设计论的持续解释力

一个成功的科学方案，或许是首要和最重要的，就是提供一个判断框架以解释新证据，包括那些与之互斥的理论难以解释的证据。纵贯科学史，新的理论和研究，当它们能解释那些从旧有的理论观点看来，为预期之外、视为异常和新的事实时，就被认为是“活科学”而建立起来。例如，牛顿万有引力能确立的部分原因在于它能够很容易地、为既定的、漩涡理论（vortex theory）无法解释的、许多事实来作出解释。正如他在《原理》中的起始处，在列举这些反常的例证前，所做的著名断言：“漩涡假说为诸多困难所包围。”²

如前所强调（见第七、十八和十九章），科学历史中的许多

理论之所以被接受，主要在于它们比其他竞争的理论能更好地解释现有的事实，而与它们是否能预测新的事件无关——尽管许多成功的理论两方面都做到了。解释力，尤其是在面对一批反常的数据时，常能够将一个理论树立为活跃的科学研究的程式。当然，一套理论通常也提示了更深的研究问题，科学家可以在实验室，在田野里，或越来越多地在计算机上来探究。但它最初的亮相通常仍是对一大堆证据，特别是为新发现的证据，提供了一套理解和解释的有用的框架。

这对智能设计论同样适用。故而，在考察智能设计理论所产生的研究问题和预测之前，我想先从细节看一下它所解释的新证据，特别是有关基因组和细胞信息处理和储存的新证据，后者使DNA之谜更加深奥，而且常规唯物主义进化论的立足点来看被确认的困惑也日渐增多。

尽管智能设计和选择及突变机制二者同样都能解释一些表面上的设计，但二者起因却不同。基于此，有一些生命系统的特征我们可以预计是否只有通过变异和选择才产生，其他特点和后果也可以期望是否智能设计所为，而生命系统中的某些特征我们可以期望找到是否两者都有作用。

我们从经验中知道，许多有关智能者（intelligent agent）怎样设计信息处理和储存系统。我们知道智能者通常对这些系统应用特殊的设计策略和模式。他们分等级多层次地组织信息，以便最大化储存密度和方便有效地提取。我们也知道他们能够在事物出现之前就能构想其结果。这些结果通过组织系统许多迥异的不同部分而实现，而无需一路上发展和维持功能上“中间形式”或结构，以导向期望的功能终点。我们也知道设计者经常设法去优化一个或多个目标，在优化多个目标时，经常通过平衡竞争的目标，在它们间做一些“漂亮的”权衡。这样，我们可以预计一个设计的系统会具有许多特点，如果细胞内的信息处理和储存系统确实是智能所设计的。本书的主体显示了两个这样的特点——功

能性特异数字信息和功能上整合的系统来处理这些信息——显然在细胞内为明证。

相反，我们对自然选择和随机突变以及其他相似的自然主义机制了解很多。我们知道在理论上这些机制如何运作，它在生命系统中哪一类的特征能够很容易地用这些机制来解释，或者哪一类是不能够得到解释的。

进化论生物学家不断地提醒我们，自然选择和变异可以产生貌似设计。但是他们中也有不少人承认，选择和变异可以解释有些貌似设计而不能解释另外一些。这种机制解释了貌似设计用了一种相当于盲目的成与败的摸索（trial and error）过程的方法来使它优化。然而，它无法解释那些优化了的结构和设计不符合这一工作过程。与此相似，由于按定义自然选择是无思想的和无方向的，它就不能解释那些需要以前瞻性来装配的系统、结构或信息的特征（貌似设计），然而智能设计论能够解释这种“貌似”的设计。

由于自然选择能够“选择”或保存功能上有利的变异和变化，它能够解释需要经过一系列的小进步才产生的系统的起源，其中每一步都能够维持和赋予生物一个功能上的优势。然而，同理，他解释不了那些不可能通过一系列的功能上的中间环节来产生的结构或系统。此外，因为只有突变产生在先，选择才能起作用，因之二者也解释不了那些超出机遇之所及，需要不连续的复杂性的跳跃的貌似设计，上述的机遇指的是所有机率资源（所提供的机遇）。

这两种不同类型的因（突变加选择比较智能设计）至少会产生一些不同的效果。他们还会对于在生物体中（或化石中）能发现什么，得出不同的经验上的预期。科学家们因此可以用生物系统中的证据来评估不同原因模式解释能力的差别。（因为其他唯物机制产生某种特征和效果，而不是其他，他们的解释能力能够用同样的方法来评估。）

细胞中的印记

由于我们期望在生物系统中发现不同模式的证据；如果是一种模式而不是另一种模式的因在起作用的话，那么生物系统中呈现出的证据使我们能评估两者中何者具有更好的解释，因为这些理论所援引的模式都是显然可测试的。设计者以一种方式生产富有信息的系统。那么突变和选择则被认为用另一种方式来产生信息。所以基因组和其围绕它的信息处理系统的特征，就提供了一个关键的测试来比较这两种相对立的因果解释的解释能力。

因此，就我们所知道的这些可能的原因，在基因组和细胞庞大的信息处理系统中，我们将期望能够发现什么呢？如何来比较我们所观察到的呢？

事实上，我们找到的特征正符合我们所预期的细胞信息处理系统是设计智能的结果，而不是无方向的过程（如选择和突变）。

新基因组学

过去十五年以来，基因研究使我们对理解细胞在基因和其他形式的生物信息上如何运作有了革命性的改变。生物学家依然肯定 DNA 中存有特定性的信息，但是他们还发现用于储存和处理这些信息的系统比我在第五章中所说的更为复杂。虽然在第五章中所述的转录和翻译机制，在表达基因信息上仍然被认为居于中心和根本的地位，领先的科学家发现某一蛋白质的构造信息在 DNA 分子中的定位并不经常（甚或往往不）位于一处。他们还发现一个基因可以不止作为一个蛋白质的编码，这是比德尔（George Beadle）和塔特姆（Edward Tatum）在 20 世纪 40 年代早期首先宣称的。

现在，领先科学家开始意识到，基于细胞如何处理存于 DNA 中的信息，单个基因可以提供几千种蛋白质和其他基因产品（如调控和结构 RNA 分子）的产生³。细胞还利用基因信息来生产关键的 RNA 分子，它们并不进入翻译，但去指导其他基因信息的

处理。⁴再有，在翻译过程中，在折叠成最终功能性的构型之前，所产生的氨基酸链还有额外的编辑过程。⁵ 同样有革命性意义的就是发现了 DNA 之外（不在 DNA 中）的生物信息在机体发育中所起的关键作用。由于分子生物学和基因组学揭示了细胞信息存储和处理的新特征，这就启发了一个新的基因概念。基因就不再被认为是 DNA（双螺旋）长条上的孤立、线性和局限的单位，而应看作是数据文件的分配，以备经由一个复杂的信息处理系统提取和产生以上下文为基础的表达。⁶

由于以上的原因，有人可能会说智能设计论的论证过时了。事实却非如此，它非但没有过时，上述的新发现还加强了它。细胞内的信息处理和存储系统有许多特征，只有在智能设计的工程系统中才能找得到。因此，如果这些系统中确实是出于设计的，那么这些特征恰恰就是我们所应当期望找到的。基于我们对世界结构上的经验告诉我们，有何因必有何果，我们知道只有一种形式的因能够产生上述新发现之特征的果，而这个因还是智能。智能设计理论对那些看来有些异常的证据和未料到的发现，能够提供充分的因果解释，这就印证了它能提供一个科学研究的解释框架，并展示了在活跃的科学计划中它是一个关键方法。

让我们思考三个有关细胞信息系统的新发现，来阐明智能设计论如何解释这些看来意外的发现，其中许多是对立的理论无法解释的。第一，功能上特定的信息密集在 DNA 中；第二，基因组是分级安排的，以利于进入和提取信息；第三，机体提供信息的上下文——包括基因组内和组外的信息——以此来决定下层基因模块的表达。

第一，信息浓集于 DNA

过去的十年，科学家们开始认识到，DNA 中的基因信息是以信息存储的最大化建构而成的。远不是含有大量的所谓“废

细胞中的印记

物”——就是被当作是“无功能的”非蛋白质编码部分——基因组中主导的是具有丰富功能信息的序列。事实上，即使是非蛋白质编码的区段，也提供了多项功能。在第十八章我列出了非蛋白质编码区执行的诸多功能中的几项。我又指出——总体上讲——这些基因组区域履行的多种工作正相当于计算机操作系统的功能。例如，DNA 的非编码区（配合其他来源的信息）指导 DNA 的蛋白质编码区碱基序列的表达。这样，远不是在“无功能”序列的（所谓突变中积累的）废物汪洋中稀疏地、杂乱地和无效率地散布着，功能性基因信息是在 DNA 分子之中高度集中的。

但这不是说其中（功能性基因组）没有经过时日的突变和 DNA 降解积累的证据。基因组确实表现出有过去的病毒的插入、删除、转位等诸如此类的证据，就好像软件的数字程序经过不断的复制而积累差错一样。然而，绝大多数的碱基序列，包括许多不编码蛋白质的序列发挥着重要的生物学功能。基因信息淹没了噪音，正像是设计论提倡者在 90 年代早期所期望和所预测的（请看第十八章后注解 25 和 39）。

细胞信息储存系统的另一个特征就是重新塑造我们对基因本身的理解。基因组研究显示细胞如何使用“分别的基因资料数据组”，然后组合这些特定单元组件的信息，再通过翻译指导制造不同的蛋白质——这就非常像计算机的操作系统从不同的地址在硬盘中取得单元组件（module），然后从新组合成为一个单独的文件一样。由于这些最近的发现，生物学家们开始了解到基因很少把核苷酸序列仅仅放在 DNA 螺旋的一个地方，而是更多地将特定的碱基序列储藏在不同的地点（有时甚至跨越不同的染色体）⁷。这些分布不同地点的富信息序列是通过机体的信息处理系统用——除了基因码外还有——其他高层次码来决定如何将不同的单元组件基因信息取出并使它们连接起来然后再开始翻译。

基因组还采取另一种更为神奇的——甚至可以说是怪诞的——方式来使它的信息存储最大化。在传统的基因画面中，某

一蛋白质的碱基序列从一个起始密码子开始（三联密码作为有关指令的起始信号）而结束于终止密码子，其间的序列就是那个蛋白质的基因建造指令。许多蛋白质是这样建成的。但是最近分子生物学家们发现多重信号（多组组合指令）能够储存在基因组同一区域的序列中。

有时，这些多重信息沿着基因组重叠在一起。这就是说，RNA 多聚酶复合体可以从同一个基因或基因组区但是不同的起始点和终止点来取出和转录。⁸ 此外，两个被称为“剪接体”（spliceosome）和“编辑体”（editosome）的大型核糖核酸蛋白复合体，对转录来的 RNA 进行剪接和编辑，以产生许多其他的基因信息后再在核糖体内进行翻译。⁹（从同一个基因组区域转录的 RNA，或从许多不同染色体中转录而来的 RNA 都可以剪接在一起以形成许多新的组装指令。）¹⁰ 在核糖体中，翻译机构——协调多种其他蛋白质和 RNA 因素——然后决定这些信息当如何解读。

剪接、编辑和读取过程可以从同一个 RNA 信息产生不止一种蛋白质。诚然，基因组中的一个基因或区段，与基因组外的编码和机构协调能够产生数千个不同 RNA 信息和蛋白质。这种多能性是源自一个高效信息储存系统，其中包括 DNA 分子和一个更大的由许多特定 RNA 和蛋白质因子所组成的系统。事实上，交叠的基因信息和不同的信息处理方式产生的结果是，现在认为 DNA 中所储存的特定信息就比当初生物分子革命第一波时所设想的大几个数量级。

基因信息有时也常以别的方式埋藏在其他信息中。从 DNA 区域中拣选的基因包含内含子和外显子。外显子含有某种蛋白质（也有时是 RNA）的指令码。内含子是外显子之间的 DNA 区段——内含子并不像外显子那样存有蛋白质或 RNA 的信息码。要产生一个可供翻译的转录本，信息处理器必须从 RNA 转录码中切掉内含子，再把每一个外显子连接起来（就是上述被内含子分割开的）成为单个天衣无缝的以备翻译的转录。猛然看时内含

细胞中的印记

子显得太碍事。然而，科学家最近发现，虽然内含子并不含有外显子的信息，但是他们埋藏着制造其他蛋白质的基因。¹¹再有，单个内含子和外显子中还埋藏着不同的信息或编码区以生成出特异的结构和调节的 RNA。¹²因此，像电影俄罗斯娃娃中还有一个俄罗斯娃娃一样，外显子和内含子中编码着多重基因信息，而它们自身又是更大基因信息的一部分。

要设想它们是如何工作的，假想在美国独立革命战争中一封包含密码信息的信件要通过敌人阵地。按该信标准读法是在说农场中所发生的问题、气候、家庭的争执、孩子的学习如何等等，所有的都很清楚且是正确的信息。但是这封信中却设法藏有有关敌方军力部署的密码、其兵力调动、武器弹药供应和敌人下一步的进攻等等。收信者可以读出这个信息因为他有一把钥匙——一个密码检索本——可以帮助他从信件中找到第二个信息的埋藏位置并将之翻译出来。

同样，细胞所具备的蛋白质机构和 RNA 码联合起来就成为一个密码检索本使它使用和读出基因第一信息中埋藏的第二个信息。细胞中，高层 RNA 码、蛋白质因子和切割连接酶等共同工作以令细胞识别，使用基因信息中所含的信息，转录到 RNA，然后在核糖体翻译过程中读出。基因中埋藏基因（信息中的信息）更加强了基因组信息存储密度，强调了基因组是如何加强它信息存储容量。

设计的标志？

这种极度致密的功能信息，加上有一个存储系统来使它达到这目的，就从多方面提示了设计。第一，最简单的原核的（译注：指细菌类）基因组中的信息量之多是大于最初所假设的几个数量级。由于以前所假设的量已经大大超过了全宇宙的机率资源，现在所知道的储藏在基因组中的信息是更不可能以纯机遇来

解释的。宾州州立大学比较基因组学和生物信息学的生物信息学家 W. Y. Chung 说，“双重编码”的存在和重叠的蛋白质编码阅读框架，这只不过是细胞用来浓缩基因组信息的发明之一，这是“实际上不可能是机遇所造成的”。¹³

自然选择加上随机突变更不能解释基因组高效高密度的信息储存。正好相反。自然选择和随机突变基本上是成与败的摸索 (trial and error) 过程。在产生功能上特定序列过程中，它自然就一定会产生大量突变错误。这样由此所产生的基因组会有大量的基因噪音而竞争或压抑了基因信号。这就是为什么发现了所谓的“废物 DNA”后就被看作为证实了选择和突变形成了基因组。诚然，科学家们对发现所谓的废物 DNA 就是这样想的——大野进 (Susumu Ohno)、道金斯、克里克、莱斯利·奥格尔、福特·杜立德 (W. Ford Doolittle)、萨皮恩沙 (Carmen Sapienza) ——全都认为废物 DNA 是进化论所预期的突变过程的副产品，而且基因组中存有废物 DNA 也证实了进化过程在基因组的形成中起了中心性的作用。¹⁴然而，我在第十八章中说道，智能设计论提倡者早就期望非蛋白质编码区应当在细胞中有功能，因为信息处理系统设计逻辑上排除了伴随大量占优势的无用编码，特别是在生物中，这种过度冗余会使细胞能量负担过重。

此外，基于对智能者如何设计信息处理系统和将之译成密码等的经验，我们还有其他正面理由来猜想智能设计在基因组的信息存储中起了作用，这些基因组致密存储的特征一点也不意外。我们有信息处理系统的以一段的信息码来控制调节另一段的信息的先例经验。我们还知道有系统取出散在不同地址的单元组件，然后重新组合成为完整的数据文件。这些都是计算机操作系统在完成这些工作，也都是无可争议的智能设计的产品。

计算机操作系统，利用储存在硬盘一部分的数字编码信息来指挥另外一部分数字码信息的应用。特别是，应用程序储存在硬盘的另一部分。在细胞中，基因组中非蛋白编码区就提供格式

细胞中的印记

化、加括号和加索引码以使细胞定位而使某种单元组件中所储存的信息得以表达，这可能是为应对某种环境的压力或发育条件的改变的表达所需的。¹⁵ 操作系统还知道获取分散的数据单元组件，它们处于硬盘的不同地点，然后重新组合成为一个完整的数据文件。细胞信息处理系统也是如此，取得基因数据单元组件、组合，以后连接起来以备表达（基因产品）。

操作系统还存有为了完成某种功能（“服务”）的码，许多应用程序都需要它，它容许精简应用程序以存入较少的信息代替正规所需信息量，相同的、非蛋白编码 DNA 在表达时就提供蛋白编码 DNA 的服务和需要的功能。例如，非蛋白编码那段 DNA 产生很小的、微 RNA（microRNA），每当蛋白编码 DNA 区使用和表达时，它就起到关键翻译调节的作用。每一个蛋白编码区还需要启动子序列，还有一大群其他的码（包括有些存在于基因非蛋白编码段上游多到百万碱基之远）。¹⁶ 这些启动子对正确安置细胞的抄录机器是非常必要的。

尽管大大地复杂，细胞的信息处理系统和存储系统完成许多相同的功能，它们采用了功能逻辑和设计模式，再一次使我们想到了现代数字计算机的操作系统。很清楚，生物系统和计算机系统用了不同的媒介材料来存储和处理信息。然而，这两个系统的逻辑显示了许多异乎寻常的相似性和功能的具体定位（mapping）。

发现基因信息中隐藏着另一基因信息的编码，使我们想到了它们的智能的源头。采用密码检索本，人们在一个信息中可以藏有另外一个信息。稍早，我讲了一个革命战争中士兵的信里含有双重信息的假想故事。这个故事在某一点上是虚构的，在革命战争时，事实上华盛顿的部下就用了简单的密码检索本，原件上每一个字母就被读成第二层的文字的另一个字母。如果收信者知道密码——一套一一对应的字母——它就能从表面的文字转换出隐藏的文字。众所周知，在一个信息中加写一个密码信息要比写一

个简单信息要难得多，因为他要考虑两方面的制约。每选一个字母，书写者要考虑如何两个序列互相影响——它们是否都有意义，隐藏的第二信息是否传达出了意图要说的。解码后的字母序列还要符合英语交流惯例以传达信息，而第一套信息也要有一定的意义等等——至少不会让别人怀疑其中有密信。

很显然，同时写两个序列以满足两套功能性的制约比起不过需要满足一套这样制约的单一序列要难得多。因此，产生这样的有意义的信息加在另一个有意义的信息上，通过机遇产生的机率要大大地低于单个信息。由于这个理由，如果以机遇或自然选择来做的话，在基因密码中发现双重编码和重叠编码——功能上必要的——只能使那些依赖机遇或自然选择的信息产生场景的问题更加复杂化。诚然，成与败的摸索过程并不能产生这种套叠在一起的信息编码，因为错误的机率随着每一次试验而增加，因它要满足两个或更多的功能性制约。而细胞中许多功能性结果有赖于满足多重制约。

还有，因为自我组织的亲和力（的理论也）不能解释 DNA 碱基的序列安排，他们更不能参与更为精致的基因组中的序列形式（例如双重编码）。另一面，这种方式的加密术，肯定指向了设计。因为应用如此的加密技术，从我们的经验智能者是唯一能做到的。我们并不知道还有其他的原因能够达成这个结果。这个精致的基因组中的加密技术证据就成为细胞中的智能另外一个确诊的特征（或印记）。

第二，层次结构的安排：最优化接近和提取

基因的另一个特征，也使我们将它与已知是智能设计者所为的信息处理和储存系统相比较。例如个人计算机文件夹中的文件用来组织数据文件，基因组同样是层次安排组织的，它使得提取、操纵和表达富信息数据组更有效率。

细胞中的印记

基因组以不同方式表达组织的层次。第一，DNA 序列中的不同基因和不同基因区的位置并非随意分组。¹⁷ 长期以来人们认为相互关联的序列的安排是一个偶然方式，基因群集只不过是偶然的重复复制或者其他的突变所致。但是在迥然不同的生物中基因序列的研究发现它们是被安排成较长功能复合体中，就好像基因不同编码区段的碱基被特殊安排以使制造（和有效的控制）独特的 RNA 和蛋白质。像字组成句和句组成段落一样，核苷酸基组成基因，基因又组成独特的基因群集。也可以认为这些具体的基因好像计算机的数据文件，基因群集好像含有几个文件的文件夹。

我们所观察到的 DNA 文件的群集有几个作用。这些群集容许细胞合并不同基因信息产生较长的抄录。换句话说，基因文件中的编码单元组件在文件夹中可以以不同方式组合——还可以从不同的方向——从同一个基因组区或资源可以大大地增加编码的抄录和生产蛋白质的数目。再加上，基因文件夹如此的构造可以容许大批提取 DNA 文件以供大型组合的抄录，或者它们如此结构以容许它有选择地使用次级文件。¹⁸

第二，基因文件夹也是沿着染色体非随意地集中成为高一级的文件夹。¹⁹ “内务操作” 基因文件夹就群集起来成为内务操作基因“超文件夹”；组织特定基因就群集成组织特定基因超文件夹。此外，哺乳动物基因组有倾向地群集特种功能性多价 DNA 元件与超级文件夹联络。SINEs（Short Interspersed Nuclear Element 短散在序列）在内务操作区是最为致密的，例如，它们调节一大群基因组的的活动。与之相对 LINEs（长散在序列），它们是组织特定染色体域中常见的的特征，一般性作为染色体“骨架结合区”以决定 DNA 线条在细胞核中如何折叠和放开。它们还可作“分子可变电阻器”可以精调基因表达。即使在超级文件夹之间的基因的（所谓）“沙漠”——长段的区域没有蛋白质编码，曾被认为是废物和常常至今以此为证据反对智能设计²⁰——现在知道它有超级文件夹。诚然，这些基因沙漠是被广泛地抄录并编码为调控

RNA。²¹总的来说，这些基因群集还有其他功能，现在刚刚被注意到。

第三，联合这些基因超级文件夹列阵，包括基因沙漠升级为更大的序列群称作“等值区 (isochors)”。可以想象等值区就是DNA 亿兆级文件夹。这些等值区，有几百万个碱基长，如此三联密码组成为带状模式，或“条形码” (bar code) 如科学家将哺乳动物染色体放在显微镜下所见的条带²²，虽然等值区亿兆级文件夹已经被人们知道有二十年之久了，只有在过去几年中方才弄清楚它的许多功能。其中之一是调控细胞核中附近染色体的三维联系。这些等值区还对形成核小器 (nuclear organelle) 样的分隔作为架构。²³而等值区和染色体带很可能仍是低层，而所属更高的编码层尚有待于发现。

设计的更多标志？

再一次看到，所有这些都是从一个设计理论观点上所期望到的。也就是基于我们所了解，智能是如何设计信息处理系统的观点。我们有广泛的经验知道系统如何组织数据、组成文件，它们又放在文件夹中以利提取信息——我们还知道这些系统是如何起源的。我用以书写这个“结语”的计算机操作系统和文字处理软件允许我把它和同一章中的其他草稿存储到一个文件夹中。我可以把这个文件夹，放在另一个文件夹中，其中有本书每一章节的草稿。这个文件夹还可以放在另一个文件夹中，其中还有其他书籍的材料。这种层次结构的信息分类归档勿容争辩是智能设计的产物。我们对计算机归档系统的知识，在研究分子生物学的信息归档系统中有一种似曾相识的感觉 (dèjà vu)，——和我相识的软件工程师他们还学了分子生物学所感受到的一样。但这些怪诞的似曾相识的感觉并不神秘。这是出于正常人智能倾向的先期理论 (即) 古今一致观为理由所导出的。已知我们有分层系统储存

细胞中的印记

信息的经验，而我们熟悉产生它的一种原因：智能设计。

另一面，如果以无指引的突变和选择来产生 DNA 中的信息系统染色体，我们就不能期望这种基因组的线性和分层结构。这种机制就会产生基因噪音多过基因信息，因为它有赖于成与败的摸索的过程。同样，我们不会期望随机突变和选择会产生非随机功能上特定的沿 DNA 线的基因文件组织，或者一个相仿的基因文件放在文件夹中的安排，或文件夹中还有文件夹。自然选择和随机突变（重组）或者可能产生少量看起来非随机基因群集。但是我们不会期望这个机制会产生基因组的系统组织，借着它安排必要的邻近基因帮助，无例外地达到功能的效果。我们也不会期望群集中还安排有基因或安排群集使之必然体现清楚和不可缺少功能的逻辑来。

突变可能偶然产生一种机遇性的相邻地址，例如转录控制序列刚好在蛋白质编码基因旁边。但是我们不能期望突变能产生那种基因协调不断在恰当时间以恰当量的基因产品送到正确的组织地点。然而基因的组合容许机体以如此精确的目标并以校准好的效率来表达基因产品。

印第安那州大学的进化论生物学家迈克尔·林奇（Michael Lynch）论证用标准群体遗传学，多细胞繁殖群体的大小就是不够大以给自然选择有足够的机遇来形成（如上）所呈现的基因组有这样的结构和以这种分层组织系统来储存信息。林奇希望基因组的结构能够用自然进化的理论主要以基因漂移来解释。²⁴但是去掉了能够作用于基因组结构形成的自然选择，林奇只用了纯随机突变来解释极其不可能的基因组总体的结构来修补。这个场景看来比依赖自然选择还要差。

无论如何，分层组织和在同一个物理媒体上的多层形式的信息看起来要有大量的预先计划，这恰恰就是按自然选择定义所不能提供的。经验证实显然在基因组中的分层组织信息是另一个明显智能的印记标志，这是生活系统的另一个特征，其中智能者是

唯一的已知原因。因此智能设计就成为最好、最有因果充分性的解释，并作为它的起源和细胞信息处理系统中的关键特征。这就加深了不断增长的智能设计论作为信息起源科学理论的解释能力。

第三，信息上下文：基因组的和基因组外的

近年来，胚胎学和进化论生物学家发现了，基因组中的编码序列本身并不在胚胎发育上决定基因产品的功能。相反，科学家们发现要表达的基因在于所处更广信息的上下文往往决定了所产蛋白质的特殊功能。生物学家们部分地证明这一点，是从一个生物拿出一个基因，然后把它移植表达在完全不同的另一个生物上。²⁵例如，在果蝇基因中的 *distal-less* 基因和他在脊椎动物的相应的同系物（*homologue* 又称同源物），*Dlx*，调控非常不同的生物的非常不同的肢体。在海胆中这个基因控制棘的发育。在果蝇它控制复合肢，其外骨骼和众多关节。脊椎动物中，它控制另外一型肢体的发育，就如骨骼在内部的多关节。²⁶除非这些结构都可归属于非常广义的附肢（*appendage*），它们之间并没有很大的相同之处。纽约医科大学细胞生物学教授斯图尔特·纽曼（*stuart Newman*）说：“昆虫和脊椎动物的附肢在解剖上除非都是体表所生出来的部分之外极少共同性。”²⁷然而每一例都有一个同样的基因起到使他们产生这些不同解剖结构的关键作用。*Distal-less*（或 *Dlx*）基因像是一个开关，每一个例子中它控制下游许多不同的基因，导致不同的解剖特征，这些特征就有赖于基因所处更大的信息上下文而定。

这对许多进化论生物学家是出其不意的，因为他们长期以来依靠正统进化理论而假设的：其一，基因控制机体的发育和解剖结构。其二，同源基因应当产生同源器官和结构。²⁸然而由 *distal-less* 和 *Pax-6* 所产生的解剖结构是如此的不同，然而它们可在如此关系遥远的机体中找到，并不可能从一个有它们结构前驱的

单个先祖进化来的。²⁹但是棘皮类动物的棘、节肢动物的复合肢和脊椎动物的有骨肢体都没有可理解的（共同）先祖附肢。生物学家道格拉斯·欧文（Douglas Erwin）和埃里克·戴维森（Eric Davidson）在思想这个普遍的谜时说：“虽然昆虫、脊椎动物和其他生物头、心、眼等等执行同功（analogous）的作用，如果考察细节它们发育形态学和功能解剖学，它们并不十分相似。”³⁰

另一方面，基因履行不同功能基于所见到更大信息上下文，对设计理论家并不是意料之外之事。我们有广泛信息系统的经验，智能者的设计恰恰表达了有赖于上下文的组件方式。

思考任何一篇有意义的英文文字它都分成段落、句子和字。在这一段文字，下级单元组件（字）的意义是决定于它所处上下文来决定。英文的单字往往有一系列相关的意义。但它的幅度并不毫无边际：字并不能有任意的意义。通常也不是完全不相关连的。单字很少只有单个意义明确的意义。相反，单字在一组可能意义中取得某种意义，是决定于它所处的更大的上下文。

现在思考两个完全等同的字句，但是它们有完全不同的意义。第一句，“‘哟，这蛋糕多好吃！’他热情地说。”第二句，“‘哟，这蛋糕多好吃！’他嘲笑地说。”头七个字是完全等同的，然而它们却有着完全不同的意义。为什么？因为最后几个字提供了重要上下文的信息，决定了另一个单元组件（头七个字）在整句中的意义。还要注意在更大上下文段落中，两句句子还有另外一个功能——在这段落更大的上下文，我并不在表达对蛋糕的称赞或轻蔑，我用它们阐明了在智能安排的通信交流中，上下文如何决定了单元组件的意义。

我的一位同事保罗·尼尔逊（Paul Nelson）阐明一个全部的信息系统的上下文，如何在另一方面能决定个体单元组件的意义或功能。他证明葛底斯堡的演讲（Gettysburg Address）结论的同样四十七个字可以同样用来写“无政府主义宣言”，它的意义和林肯总统所说完全相反。³¹二者之不同在哪里？不是在低层次单元

组件，其区别是整体字句的安排和它上下文所提供的对单字，及其下层单元组件意义的解释。有些单元组件的意义完全不同。

看来，更多生物系统组件方式中，基因组单元有这种上下文的依赖性，但根据生物形态起源的标准模式并不允许这样。化学和生物进化理论，新结构形式是从“底部开始”，先是化学构筑单元，然后是新基因和蛋白质来决定高层生物形状和功能。然而这个低级层次分子元件（基因和蛋白质）证明它们的功能决定于更大信息系统的上下文，并假设这个系统都必先到位。诚然，许多基因和蛋白质是以更大全系统和机体上下文“从上而下”地被决定的，也就是机体以整体的需要来决定的。

这个问题是无可避免的：基因和蛋白质怎么能存活（更不用说生殖和变异），因为在它们出现之前那个非常复杂的机体上下文却有赖于它们（元件所）独有的工作？虽然这个基因特征对标准物质和简化主义（reductionism）的进化理论是个谜；但是这对设计理论者确是完全可期望的。为什么？很简单，智能设计的单元组件（文字或软件）常规地表现有这种上下文的依赖性。换句话说，我们知道富信息的特征来源，这个来源还就是智能。因此，设计并不难对这个没有被期望到的信息结构特征作出解释。

基因组外和个体发育的信息

设计论可以解释另一个生命信息机构和分层的惊异特征。绝大多数的信息存储在机体内，但决定基因上下文和功能则是存在其他基因中。但是，特别是胚胎学生物学家发现它种信息，称之为基因组外的（不在 DNA 中），或叫做个体发育信息（机体的体构造的关键信息）存在细胞其他地方。

现在有众多的胚胎学的证据显示，DNA 并不完全决定机体的形态。³²DNA 指挥蛋白质和 RNA 的合成。它还辅助调节合成细胞内不同蛋白质的时序和表达。但是 DNA 不能独立决定每一个蛋

细胞中的印记

白质如何组合到大蛋白质系统中去，更不用说如何独立决定细胞种类、组织种类和器官安排到体形构造中去了。³³而是其他的因素，例如三维结构、细胞膜的组织、细胞骨架和受精卵的空间构造在决定体构造在胚胎形成中起到了重要的作用。

我们用两个类比来帮助澄清在机体中的过程。营造工地上建筑工人用很多材料：木料、铁丝、钉子、预制墙板、管道和窗户等。然而，构筑单元并不决定房子的平面图或它与邻里房屋安排的关系。相似的，电路由许多部件所组成，例如电阻、电容器和半导体管等。但是这些低层的组件并不决定他们自己如何在整体线路的安排。相反，盖房子的要一张蓝图而电工要一张布线图，以决定低层部件的安排。

生物机体也如此依靠高层信息和部件的分层安排。基因和蛋白质是从简单构筑单元——核苷酸碱基和氨基酸——以特定方式组合而成。不同细胞种类是由专门的蛋白质系统构成的（还有其他）。器官是专门组合不同细胞和不同组织而成。体形构造包含了专门特别的器官和组织具体的安排而成。而个别蛋白质的特性（更恰当地说，所有底层部件）并不充分决定高层结构的组成和模式。³⁴编码低层的蛋白质的基因信息并不决定高层的结构。

相反，高层结构信息看来对机体发展和发育起到了关键的作用。胚胎生物学家们并不都知道这些基因组外的信息处于细胞的何方，然而他们还是找到了一些。例如，他们知道细胞骨架的结构和地点会影响胚胎的模式。微小管的列阵可帮助必要的蛋白质运到细胞中的确定地点。这些微小管本身是由许多蛋白质次级单位所形成的。然而，好像砖块能够组成许多不同的结构一样，细胞内微小管的次级单位是互相同等的。因此，要从细胞骨架结构蛋白质成分的特征来预测其结构是不可能的。³⁵也不能从微小管次单位或从产生它的基因以知道微小管列阵的形状。这些不同的形状是与不同胚胎发育途径有关的。

相反，微小管列阵本身是决定于它次单位的地点和安排有

关，而不是次单位本身的性质决定的。在细胞膜内的目标地点对细胞骨架帮助决定形状，它并影响机体形状的发育。中心小体的位置也如此，以它为中心鞭策微小管以形成细胞骨架。虽然细胞膜目标和中心小体都是蛋白质所组成，但是这地点和这些结构并不完全以他们所形成的蛋白质来决定的。而是中心小体的结构和膜的模式的整体上传递了三维结构信息由此决定细胞骨架的构造和它次单位的地点。³⁶此外，组成中心小体（centrosome）的中心粒（centriole）的复制独立于 DNA 复制。³⁷后代中心粒从它上代中心粒传承了形状和总结构，并不是从组成它的个别基因所产生。³⁸纤毛虫细胞膜上作微手术可以产生可遗传的细胞膜模式的改变，尽管纤毛虫的 DNA 并没有改变。³⁹这就提示细胞膜模式而不是膜成分对后代细胞的影响。上述两例说明，形状是从亲代三维结构直接传到子代三维结构，而不完全存在于所构成的蛋白质或基因信息传来的。⁴⁰

因此，每一代细胞的形状和结构既是基因的产品，也是既存三维结构和机构的产品。细胞结构是蛋白质造的，但是蛋白质要达到正确的地位是部分地和先存的遗传的三维模式和机构有关。先存三维结构在上代中存在（无论是从受精卵的细胞膜、中心小体、细胞骨架或其他特征）提供了下一代形状。它既不是单独结构蛋白质，也不是给它编码的基因足以决定它们形成的三维结构。基因产品给予了必要但并不充分的信息用于细胞、器官和体构造的发育。⁴¹

这并不是标准进化理论所期望的。长期以来新达尔文进化论企图解释新信息、形状、结构的起源。也就是在层次结构的低层所发生的随机变异作为自然选择的结果，也就是在基因文字之内。然而主要形态的创新有赖于远为组织高层的特别安排，这一个层次，单单 DNA 不能决定。然而如果 DNA 不能全部负责体构造形态发生，那么 DNA 序列尽管不断地突变（不理实际上的机率资源限制如何），仍旧不能产生一个新的体构造，这就提示了

某些因素在主要形态创新的起源上在起作用。

智能设计能否参与呢？这个想法是有理由的。机体既有富信息部件（例如蛋白质和基因）和富信息部件的安排，形成了一个富多重信息的层次结构。我们知道设计工程师能够制造层次结构的系统，其中个别单元组件和这些组件的安排都表达了复杂性和特定性（这就是信息的定义）。个别半导体管、电阻、电容表达了设计得相当的复杂性和特定性；然而在高一层的安排，这种在整体电路中又加多了的信息反映了进一步的设计。有意识的理性者为表达有意图智能的能力，有能力来设计富信息部件还能把这些部件安排到富信息功能的层次结构上去。因此，一个富多层信息的层次结构的生命恰恰就是从 ID 观点所期望的。生物机体表现这种层次结构进一步强调了以智能设计作为解释和阐明为格局来认识生物系统的能力的有关性。

新的研究问题

很清楚，基因组和细胞信息处理，还有储存系统表达了许多特征——层次结构归档，套叠在一起的信息编码，低层单元组件信息有赖于上下文，用精致的策略来增加储存密度——如果是设计成的这些都是可以期望到的。相反，许多这些新发现的特征是不能无困难地以标准的唯物进化的机制来解释。

此外，这些信息特征是在高等多细胞生物上，也是在单细胞的原核细胞中。这就提示激起人们的好奇心，也可能有走极端的可能性（译注：请读者注意本书只讨论生命起源的问题）。这提示智能设计可能在复杂多细胞生物起源上起了作用。而突变和选择，还有其他无指引的进化改变的机制，并没有在这些生命的高一点的生命形式作出全部的解释。智能设计是否在生物进化上起了作用呢？那就是说，在历史上从先存较简单生物发展到新的生命形式呢？我们知道信息对生命系统居中心地位，还知道所有生

命的形式包括复杂多细胞生物，在它们的信息设计上表现了明确的智能设计的标志，现在有不断增加的理由来考虑这个可能性。

这个可能性进一步提示了几个研究问题，还没有其他人提出它们来，这是因为他们受到新达尔文主义观点限制的缘故。我们现在知道机体的每一层结构都有不同种类的信息，这包括不属 DNA 编码的个体发育的或结构的信息。然而，据新达尔文主义理论，新形状，新结构是因为信息产生者 DNA 突变所产生的。用它的进化改变群体遗传学模型，新达尔文主义者长期以来假设一些有关基因的事情，我们现在也知道这是错误的。例如，这些模型假设了基因信息是与上下文相独立的，基因独立地联合，也可以独立无穷突变，根本用不着考虑基因组外和其他功能上的制约。简言之，新达尔文主义者给基因以首位作为生物改变和创新的中心。这样作，它就假设了一维生物信息的概念。

因此，新达尔文主义就没有什么理由考虑去研究（却大有理由不去理会）信息的外加层次和在基因之外的编码。另一方面，智能设计论提倡者不但承认并且期望找到精致的细胞信息储存和处理模式。因为智能设计论理论家认为层次结构的信息储存，其在理论上具有重要意义，他们就自然对细胞信息的层次结构和错综复杂的编码方式有浓厚的兴趣。因此，一个设计理论的观点倾向于鼓励有关信息层次结构有关问题的研究，而新达尔文主义者倾向于忽视它。

这些问题包括：到底这些个体发育信息处于什么地方？它如何影响低层次基因单元组件的功能？细胞内有多少信息的形式？细胞内有多少个体发育的信息？我们如何量度这些信息，知道它往往是动态的和结构的，而不是数字式和静态的？以及，不同形式的非 DNA—基础的信息是如何突变的，如果有的话？

我们知道动物的体形构造在漫长年代里是稳定的。是否这个形态上的呆滞是由于信息层次结构互相依赖所施加于突变可能性的制约所致？有否其他制约——即便作用在个别基因和蛋白质层

细胞中的印记

次的机率制约——限制了选择和突变机制造成的形态改变受到了制约？已知表型可塑性（phenotypic plasticity）（相同基因型群体有不同的表现型）的现象，和在同一个种内重复相似的演变，那么多大的演变是预先编程所致，多大是真的随机突变？如果重复演变是由于预先编程所致，它们必要的程序信息是位于何处和它们是如何表达的？有多少现象现在认为是所谓新拉马克学说能够正确地应用到预先编程的、智能设计的和适应的能力？

以上所有这些问题是从设计理论观点自然产生的，但对新达尔文机制架构来说，它们是没有地位的。许多问题是有关结构、功能和生物系统本身的组成。有些问题是论及不同进化机制的效能。这些机制是否能够解释不同设计的现象和真正设计智能的一样。突变和选择能够产生什么，它们不能产生出什么？突变和选择能够产生新的基因或蛋白质吗？产生新的解剖结构和新的体构造吗？如果不能的话，生命的机制和特征是否能对生物变化加以限制呢？或者是否可能其他唯物机制具有产生生命的新形式的因果能力呢？如果不是的话，因复杂机体设计中普遍处在的智能设计标志表明真设计，那么这是否也暗指我们在生命系统中或化石记录所应当找到的？从软件设计和机械工程中是否还有其他可能的设计模式可以在生活体中或分子机器中发现？化石记录的模式是否表明智能的活动？

如果是这样的话，它们是否提示在产生新体构造或比较小的新形态时，智能设计也在起作用？在建立分类学高级的新生命形状所例示的（例如目、纲和门）时，智能设计是否必要？它是否对较低分类学的部属（例如属和种）也包括在内？突变和选择等无指引的机制能够在形态上造成多大的改变？智能设计在哪一点上成为必要？这一类问题是出自过去讨论中智能设计是否起作用的问题，从而改变成为**如何**、**何时**和**多经常**智能设计在起作用的问题。

如果设计智能以注入新信息到生物圈以产生新形态，我们是

否在什么地方能找到它在地质历史年代代表的证据？如果是的话，我们将如何和在何处能找到它？如果智能设计在生命起始之后还对生命的历史起作用的话，这智能者是逐步地或是离散地行动呢？是否把从简单到复杂逐步改变形状？或是突然改变或出现全新的形状，由此开始了新的另一条路线的代代相传？换言之，生命的历史是单源的还是多源的？如果是后者，有多少分别的传代线或叫做生命之树在生命的历史中存在过？而化石记录、胚胎发育、比较解剖和系统发生的研究如何表现？如果生命的历史是多源的，它在分别的生命之树的变化范围有多大？

反过来，如果无指引的进化机制足以解释生命所有新形式，那么高等生命形式中到处呈现的设计是否从生命一开始的简单细胞中早已编好了的程序，只是到时间才显出来呢？如果这种前负荷（front loading）建设计划植入第一个简单细胞，则细胞为储藏未来采用的信息暗指了细胞该有多大的容量？在这样的情况下，原核细胞的基因组该有怎样的样式？

上述各种问题是生物信息智能印记理论的自然引申。但是设计论证，例如贝希，他从不能简约的复杂性出发的论证，提示了另一方面的研究问题。是否特定的分子机器正如贝希所论证不能简约的复杂性？如果是的话，智能设计是否是产生这个系统特征的唯一原因？共取（co-option）或外适配（exaptation）等的机制是否像其他批评者最近在科学出版⁴²中所说，它解释得了鞭毛马达和其他分子机器的形成呢？

诚然，关于贝希所说，不能简约的复杂性已经鼓动了许多特殊的经验探求的新方向线索，也提出了一系列的新研究课题。本书论证时基于生命信息的特征提出了许多其他问题。不可否认，许多问题从正统新达尔文观点是走极端的，许多科学家们大概不太想考虑它们。然而，他们不能说考虑它们的科学家们是在无所事事。他们也不能说新基因组学就把本书正文中所论证的智能设计论淡化了。

附录 A 智能设计论的一些预测

智能设计论的批评者经常争辩说这个理论是不能验证的，因为它没有做出任何预测。这个指责揭示了一个关于历史性科学理论如何被验证的基本误解，基本上，这样的验证是比较其他互斥假设的解释能力和已知事实做对比来进行的。智能设计论和其他解释过去事件原因的理论一样，是可验证的，而且已经以这个方式验证了。既然如此，智能设计的理论也有预测结果的功能。因为设计论这个假说提出了是什么使生命诞生，它也预示了生命究竟应该像什么样子。不仅如此，智能设计论提供的解释框架也引出新的研究课题，其中一些暗示了可以用观察或实验室实验来验证特定的预测。

一部分这些预测可以用来帮助判断那些需要智能因素，或者物质性机制来解释生命的多样性或生命历史事件的假说。在那些关于一个会设计的智能如何影响生命历史中以帮助区别各种互斥想法的其他预测——比如说，有的设计论假说断言全体生命只有一个共同的祖先，而有的假说则推断在生命历史中智能的活动是更间断和不连续的。确实，根据科学家们如何看待智能设计在生命历史中所起的作用，他们可以形成不同的设计论假说，每一个假说都有自己不同但又可验证的预测。

一些预测（那些可以区别智能因素和物质性机制的解释能力

的)应该被用来测试进化变化机制作为原因的有效性。由于设计论假说经常强烈主张智能是一些特定现象的起因为最好的解释形式,这些假说也从反面宣示了那些和它竞争的物质性机制的不足。但是这些宣示也必须能够预测。如果主张智能设计论是物种特定信息特征最好的解释,就会不可避免地宣称其他与之竞争的起因假说不可能展示产生这些效果的能力——就像他们或许至今就没展示过这些。类似地,如果主张智能设计论是分子机器整体的或“不可简约的复杂性”最好的解释,也必须能够预测到其他与之竞争的物质性起因对这些系统的解释是不足的。

除了关于未来哪些证据会揭示各种不同过程的起因力量的预测外,智能设计论也可以在我们研究生命系统时预测有可能会发现哪些东西。我们有大量基于经验的、关于设计智能用来解决各种功能性问题的不同策略和系统的知识。我们也懂得由很多各种自然原因所造成的现象。正因为如此,智能设计的理论可以预测我们将可能在生命系统中发现不同的特征,如果它们真的是由智能设计造成的话。

其他一些类型的预测来源的考虑在智能影响下,会有对渐变或间断地指示或引导生命历史的可能性。不同的智能设计论(ID)假说可做出不同的预测。比如说,化石记录和种系研究将会展示什么。根据智能设计理论如何构想那个漫长时间设计的智能如何影响生命历史的,或者其他认为是由此智能而来的特征(比如说善意),设计论假说也可能对所谓的无目的论或无用器官论(*dysteleology*),或者坏设计等有特定的宣示。这些宣示也必须能做出特定的经验性的预测。

因此,智能设计论的假说可以作出几个特定类型的预测:关于不同机制为起因力量是否存在的预测;关于生命系统的结构、组织和功能逻辑的预测;关于生命历史会有什么证据的预测;关于潜在的坏设计的原因的预测。如果考虑十来个基于智能设计论的预测,每一个都是一个或多个这些类型的例子。让我从两个与

测试本书主要论点直接相关的预测开始。

物质性机制的因果力量

智能设计理论作出关于不同的物质性机制的因果能力会有哪些证据的预测。根据本书作出的假说，智能设计论是产生第一个生命所需信息起源最好的解释。为了说明这一点，我认为没有纯物理或化学机制（或过程）可以拥有产生复杂特定信息的因果能力——这里说的“复杂”是指特定数量的信息（大约五百比特或者更多）或一个概率估算的倒数（但布斯基的通用概率限制，Universal probability bound）。从这个论断可以得出一个明显的预测——具体来说，就是大量的新功能特定信息（多于五百比特）不可能从随机的或无指引的自然过程中累积而来，也不可能发现一个可以从纯物理或化学前体产生多于五百比特的新特定信息的过程。我的理论承认小量的特定信息可以从随机的过程中偶然产生，但是可以产生的信息量受宇宙中所有机率资源（probabilistic resource）限制。如果能发现一个可以产生多于五百比特功能特定信息的无定向物理或化学过程，那这个预测可以很清楚地被证伪。

这个一般性的预测必须要能作出其他更明确的预测。比如说，根据我们刚刚讨论的那些想法，这里发展的智能设计理论预测说，模拟无定向进化过程能力的遗传运算法则（genetic algorithm）不可能产生出多于五百比特新的复杂特定信息（这些信息并不是由运算法则的程序制定者提供的）——除非那是一个有智能的程序制定者提供了必需的“有效信息”。它进一步预测说，仔细审视那些好像可以产生新的复杂特定信息的程序将会发现：其一，程序制定者的意志输入，导致新的复杂特定信息想象的诞生，而这信息是超过从所有可用的机率资源所能预计得到的；其二，计算机模拟太离谱，并不代表生物的现实，不可能产生真正的生物实体；其三，以上两者皆是。最近，威廉·但布斯基和罗

伯特·马克已经发表了一些经同行审订的遗传系统规则的信息计算的文章，在一些特定例子的研究中证实了这些预测¹。

明显地，这些遗传运算法则脱离现实：其一，提供含目标序列的程序；其二，提供计算机一个程序让它能选择接近未来的功能而不是选择现实存在的功能；其三，选择那些不能产生有生物学现实意义的步进功能变化，这些功能变化反映了核苷酸碱基或氨基酸的功能序列在相关的序列空间中的极端稀有性（见第 13 章）。

本书所谈的智能设计理论，也能做出关于 RNA 世界的研究特定预测。举例说，它预测核酶（RNA 催化酶）特性的研究，将发现核酶没有足够数目的酶促功能来维持一个原始细胞，甚至一个基于 RNA 的蛋白合成的替代系统，说明 RNA 不可能像 RNA 世界剧情中所预想的那样执行现代蛋白质所必要的、酶促功能和核酸的信息存储功能。另外，本书发展的智能设计理论也预测说，想象有一个“成功的”核酶工程试验——更确切地说，是能增强核酶的复制酶功能的试验——那将要求任何有功能的核酶的 RNA 碱基含有高度的序列特异性；而且，当回头去检验时，由核酶工程师提供的有效信息，将是这个序列特异性的大部分来源（确切地说，就是超出从所有可用的机率资源所能预计自发产生的特异性）。

生命系统的结构、组织和功能逻辑

智能设计论也对生命系统的结构、组织和功能逻辑做出预测。2005 年，芝加哥大学细菌遗传学家詹姆斯·夏皮罗（他不是智能设计论提倡者）发表了一篇文章描述细胞里一个叫做乳糖操纵子（lac operon）的调节系统²。他证明这个系统按照清楚的功能逻辑来运作，而这个逻辑可以马上精准地用一系列“如果/就”（if / then）命令组成的运算法则来表示。由于在我们的经验中，运算法则（algorithm）和运算法则逻辑是智能的产物，智能设计论

细胞中的印记

或许可以预期在细胞调节和控制系统的运作中找到这样的逻辑证据。因此，它也预计，当有更多的调节和控制系统在细胞中被发现和阐明的时候，它们中许多也将显示出一个可以以运算法则形式来表达的逻辑。

分子生物学家乔纳森·威尔斯（Jonathan Wells）也曾经用设计论的理念来推论说，有可能在研究癌症的起因中存在一个以前不曾发现的细胞分子机器在作用。威尔斯对细胞中一个叫中心体（centrosome）的细胞器可能在这种病中起重要作用的可能性产生了兴趣。

在动物细胞中，中心体位于细胞核旁。它是支撑细胞形状的微管（microtubule）的中心，微管也是蛋白质从细胞核运送到细胞其他适当部位的轨道。中心体在细胞分裂中起作用，一些注意到的癌细胞通常含有损坏的、不正常的或多余的染色体。癌症研究者建议说，中心体缺陷或许是癌症发生的最初阶段。

也有许多癌症研究者不同意这个说法。受到新达尔文主义的影响，他们相信癌症是DNA突变造成的。威尔斯怀疑新达尔文主义，所以他倾向于怀疑这个论点，转而考虑中心体理论的可能性。当他研究那些癌症的文献时，他猜测癌症中并没有一致的突变模式。当他研究中心体时，他对中心体可能在癌症中起重要作用的可能性更加感兴趣了。

当动物细胞分裂时，它们依靠一个细胞内的叫“纺锤体”（spindle）的装置。看上去就有点像聚集在磁铁两极的铁屑形成的酒桶状图案，纺锤体在每一极都有一个中心体。已经复制的染色体就包含在纺锤体里，在细胞分裂前，有一个“极性喷射力”帮助染色体移动到纺锤体的中心点。染色体在中心点排列整齐后，细胞内的钙离子水平突然上升。然后染色体分裂成相等的两套，分别移向纺锤体的两极——中心体。

威尔斯怀疑是中心体产生极性喷射力，他把注意力转向它们。每一个动物细胞中心体包含两个“中心粒”（centriole），那

是只有百万分之一米的一半那么长的圆柱体结构。每一个中心粒就像一个有九片倾斜叶片的小涡轮机。作为一个智能设计论的拥护者和对无定向进化的批评者，威尔斯暂时假定这些结构实际上就是被设计成的涡轮机。从那里，威尔斯用反向工程学去预测中心粒的其他特征和它们在正常和癌细胞中的作用。

首先，从其他中心粒研究而来的提示——结合工程学上的考虑——引导威尔斯建议说，每一个中心粒都含有一个阿基米德螺旋桨（Archimedes screw），那是一个螺旋状的泵，把液体从涡轮机的一端抽进来然后通过叶片推出去。第二，威尔斯提出假说，中心粒里的动力蛋白（dynein）马达分子提供推动螺旋泵（helical pump）的动力。第三，威尔斯从工程学的考虑得出结论说，这样的安排运作起来就像实验室用的漩涡混匀机（vortexer），那是一种通过产生摇动来混匀试管里的东西的常用装置。

运用数学，威尔斯推导出中心粒每秒可以转几万次。纺锤体两端各有一对中心粒，可以产生细胞分裂前把染色体移到中点的极性喷射力。伴随着染色体分离的胞内钙离子水平上升关掉动力蛋白马达，因此关掉极性喷射力。这样就可以让染色体移向两极而不会同时被推开。但如果中心粒涡轮机不能被关掉，持续的极性喷射力就会给染色体施加异常的压力，从而造成现在被一些研究者认为是癌症发生第一步的染色体损伤。钙缺乏和癌症相关这个事实与这个假说是一致的。

威尔斯现正在用实验来验证他的假设。如果确证的话，这个假说也许可以帮助对癌症的预防和早期诊断。威尔斯的工作也显示了，一个智能设计的观点可以怎样引出新的假说，可测试的预测和新的研究领域。就此而言，他的工作的结果并不会直接证实或证伪智能设计或新达尔文主义，因为这两个理论的真相都不能只依靠任何特定的结构是不是一个涡轮机来判定。但它阐释了一个智能设计的观点在产生新的可测试的假说和预测细胞的结构和功能（还有当细胞功能异常时的起因）上是何等有效。

细胞中的印记

威尔斯自己已经注意到那些从达尔文主义框架出发的科学家也可能构建出相似的假说。然而，他也注意到达尔文主义者的基本假定（关于 DNA 突变的作用）阻碍他们去这么做。相反地，威尔斯对智能设计的坚信促使他猜想设计的表象或许正是真设计的证据，正是这个引导使他猜想一个分子机器存在于中心粒里。这也导致他用反向工程学去发展一个关于它的结构和功能的可测试的假说。正如他在一篇科学论文的摘要中对他的假说所解释的那样，“与其把中心粒看为分子简化和新达尔文主义的杰作，这个假说假定它们是作为一个整体被设计成一个涡轮机……如果中心粒真的是小涡轮机会怎么样？如果我们用整体论（holistic）而不是简化论（reductionistic）的方法，如果我们把中心粒看成被设计的结构，而不是新达尔文主义进化的偶然副产品，接受这个看法就容易得多³。

生命的历史

不同的智能设计假说也对生命的历史做出了预测。主张产生新形式生命的必需信息一开始就存在于第一个细胞中的设计论的拥护者，可以预计原核细胞会有携带大量遗传信息（超过那些细胞需要的信息）的能力或者这些细胞还保留有这种能力的痕迹。同样，主张产生新形式生命的必需信息，一开始就存在于宇宙初始状态（先期载荷 front-loaded）和物理定律的微调的设计论的拥护者或会预测说，物理和化学定律将显示与生物体相关的自我组织的倾向。由于这两个设计论假说都倾向于一个单源发生（monophyletic）的生命历史，它们与新达尔文主义一样，预测说单一共同世代的传统证据（从生物地理学、古生物学、胚胎学、比较解剖学和基因组学）将可以经得起挑战。确实，这些理论产生了许多关于这些每一个生物学分支会有什么样的证据的特定预测。当然，这些预测并不能提供第一个生命起源的先期载荷假说

优于唯物论解释的原因。所考虑的证据和预测已经这样做了。然而，它们是可以帮助决定先期载荷设计假说和那些不连续设计假说各自长处的预测。

相反，那些认为设计的智能在地质时间的跨度上间断性地不连续地起作用的设计论拥护者在生命历史上倾向于接受多元（polyphyletic）起源而不是单一起源。因此，他们预测从这些相同的生物学分支中所出现的模式，与生命历史的传统的单一起源观点互相矛盾的证据会不断地出现，从而支持了多元起源的解释。

由于功能上的整合和生命系统中不同部分之间的相互依赖性，也出于对这些功能上整合在一起的系统如何限制形式上的变化的理解，这些设计理论学家经常相信生命历史是多元起源而不是单一起源的。工程学上的限制原理宣称一个系统在功能上的整合程度越高，要扰乱这个系统的一部分而不摧毁整个系统就越不容易。因为许多智能设计论者认为，有机体是被设计成含有许多部分和分系统的功能上整合的系统，他们认为要显著地改变这些系统而不摧毁他们是非常困难的，特别是当这些改变是由一系列盲目的却又想“追求”更高功能的突变组成。因此，这些智能设计论者预测说，不同的有机体所能承受变化的程度应当有明显的和可确认的限制，在化石记录中主要的身体蓝图也应当在长时间里显现显著的稳定性。

主张不连续智能活动的设计论假说也预测，化石证据将显示生命历史上生物形式和信息大的不连续的或“量子跳变”（quantum）的增加。这一类设计论假说的拥护者希望能看到生命的主要形式是突然出现的，形态上是稳定的⁴。由于设计的智能并不局限于只从较简单的前体来创造结构上的技术进步，也不用通过一系列的中间步骤来保持这些更简单前体的功能，他们也预测一种“从上到下”的出现模式：形体上的大规模的不同（许多不同的身体布局之间的“差异”）是突然出现的，而且是在形体上更低水平的不同（即种或属）出现之前。新达尔文主义和先期载荷论

的假说预计相反的模式，一种“从下到上”的模式：形体上的小差异先累积（由此能分辨种和属），然后要到后来才形成形体上大规模的不同因此分出分类学上更高等级的类别如门和纲。

这两种设计论的假说对种系分析会发现什么也有不同的预测。那些接受共同祖先的设计论拥护者（像新达尔文主义者）预测说对两个种的不同的分子和结构所做的种系分析应当产生和谐的生命树（生命树用来说明从一个共同祖先而来的差异，相关和分歧的相似程度。不论是用哪个分子或解剖结构来作比较都一样）。根据共同祖先的理论，由于一个有机体所有的分子和分系统都是从同一个共同祖先进化来的，从相同的两个物种的不同分子和结构产生出来的种系遗传树（phylogenetic tree）应当是一致的，而不管是用哪些分子或分系统做比较的。

出于同一个原因，那些确信多元发生（和其中更为不连续的设计的方式和注入）的设计论拥护者预测说，种系遗传分析将经常产生互相矛盾的生命树（种系遗传树）——就是说，用不同的分子或解剖结构来比较同样两个种，会得出不一样的差异，即相关性和分歧的测量结果。他们这样预测还有另外一个原因。许多设计论拥护者把有功能的生物大分子和解剖结构的相似性看作是功能性的或工程性考虑的结果而不是共同祖先的结果。由于设计的智能有以独特的方式把从不同的信息资源而来的模块元素和分系统进行组合的自由，我们预计不同系统和分子的种系遗传分析将产生一些互相冲突的结果。

很明显地，有几个关于设计如何在生命历史中起作用的可能的假说。由于每一个这些假说都有不同的经验性的结果，设计论假说会产生关于不同类型的证据会说明什么的不同而且互相竞争的预测。但是这并没有什么好奇怪的。科学哲学家已经老早认识到当假说与所谓的辅助假说结合时，它们会产生预测，也就是关于世界的其他论断和推测。在这一点上，设计论的拥护者与其他科学理论的拥护者并没有区别。一些人或许把设计假说和关于生命

起源的单种系发生假说结合起来；另一些人为了提出不同但又是特定的和可测试的预测，或许把它与多种系发生的观点或与其他关于世界或生命起源的主张（比如工程学的限制原理）结合起来。这些不同的预测并不说明智能设计是支离破碎不协调的。它们只是使得测试和评估那些互相竞争的设计论假说的相对价值成为可能。

无用器官或坏的设计

智能设计理论通常确信复杂的生物结构是为功能的原因而设计的。因此，它预测对假定的“无用的”或“不良设计的”结构的研究将揭示：其一，这些设计特征有功能性的原因，其二，或退行进化的证据——就是说，一个本来合理的和有利的原始设计衰变的证据。比如说，新达尔文主义争辩说，脊椎动物视网膜反向布线是一个不够理想的或坏的设计，这与智能设计格格不入。设计论者对此提出挑战，预测说对脊椎动物视网膜更进一步的研究将揭示它与直觉不符的设计方案会有功能上的原因。生物学家乔治·阿佑普（George Ayoub）和迈克尔·但顿（Michael Denton）已经确认出一些脊椎动物视网膜设计的功能上的原因，这就证实了这个预测⁵。比如说，阿佑普已经指出，脊椎动物视网膜是工程师所说的约束优化的极好例子，约束优化就是几个互相竞争的设计目的要精巧地取得平衡以达到总体上的最佳设计。

智能设计理论也预测自然界中“坏”设计的例子或许实际上是原先精巧或有用的设计的退化。设计论的批评者已经指出一些像有害（致病的）细菌之类有机体的存在来辩驳智能设计假说，争辩说一个有智能的良善的设计者不会造出这样的生物。一些设计论者（这里是指那些认为设计者既是有智能的又是良善的）预测说，遗传研究将揭示有害的细菌系统是因为失落了原生的遗传信息而形成残余的系统⁶。爱达荷大学微生物学家史考特·明尼克

(Scott Minnich)，一个设计论的拥护者，已经特别预测说造成中世纪欧洲黑死病的鼠疫耶尔森氏菌 (*Yersinia pestis*) 的致病性是因为基因突变造成的，使得本来可以被人体免疫系统识别的分子和结构不能得到表达。他正在做一些试验来验证这个假说。他和他的团队已经发现更加局限的假结核耶尔森氏菌 (*Yersinia pseudotuberculosis*) (一种导致肠胃炎的细菌) 它的致病性是由产生鞭毛蛋白的基因突变降解造成的，鞭毛蛋白是细菌鞭毛马达上一个人类免疫系统可以识别的蛋白。明尼克和他的团队已经发现如果恢复这个产生鞭毛蛋白的基因，就能降低结核耶尔森氏菌的致病性⁷。这个例子加上其他越来越多的说明细菌致病性通常是由于遗传信息缺失所引起的，其证据已经在相当程度上初步证实了智能设计论做出的关于细菌致病性起源的预测⁸。

起因机制的有效性和生命系统的特征

智能设计理论有时也把因果充分性的考虑和关于我们在细胞或基因组中会发现什么的预测联系起来。这些预测通过详细说明两种起因模式如何不同，然后指出它们各自如何在生命系统的一部分造出不同的特征，来测试是智能因素还是与之竞争的物质性机制更有可能是一些系统的起因。

我们以上关于非蛋白编码 DNA 的讨论正说明了这一点。由于新达尔文主义宣称生物信息是无指引的成与败的摸索的结果，它预测基因组中会存在大范围的无功能的 DNA。相反，智能设计论的拥护者认为 DNA 顺序主要是有目的的设计的结果。因此，他们预测，非蛋白编码的 DNA 会执行重要的生物功能。由此，智能设计论和新达尔文主义各自宣称生物信息起源的互相竞争的原因，对科学家在基因组中会发现什么做出各自不同的推断。

关于不可简约的复杂性分子机器起源的争论是这种预测的另一个例子。在《达尔文的黑盒子》这本书中，生化学家迈克尔·

贝希论证说，细胞中已经发现的许多微型机器和线路为智能设计论提供强有力的证据。贝希的智能设计论点的重要部分包括他为说明微型机器，比如现在已经很出名的细菌鞭毛马达，不可能从更简单的前体逐渐以一步步的方式发展出来。在贝希看来，鞭毛马达的许多部分协调的相互作用，归根结底是从作设计的智能意识里的理念而来，而不是从一系列更简单的物质前体经逐渐的一步步地进化过程而来。

但是，贝希的批评者，比如布朗大学的生物学家肯尼斯·米勒，已经提出鞭毛马达或许是经由不同的起因途径而来的。他们提出鞭毛马达可能是其他更简单系统的功能部分或马达的更简单的分系统而来的。他们提到一个微小的叫第三型分泌系统（T3SS）的分子注射针筒。他们注意到 T3SS 通常是作为鞭毛马达的一部分起作用，但有时在细菌中也发现它们但并没有鞭毛马达的其他部分。由于在三十个蛋白组成的鞭毛马达中，第三型分泌系统含有大约十个非常相似的蛋白，也因为这个微泵的确有功能，米勒暗示鞭毛马达可能是从这个小泵来的⁹。但是，贝希还是坚信鞭毛马达是原生的系统。为了替贝希辩护，其他的设计论者建议说，当第三型分泌系统独立于鞭毛马达其他部分时，这是退行进化的结果——就是说，是失去了制造马达其他部分所必需的遗传信息的结果。

因此，对 T3SS 的这两种不同的看法，分别暗示了制造鞭毛马达和 T3SS 的基因的相对年龄不同。功能替换理论预测制造 T3SS 的基因应该比制造鞭毛马达的基因老，因为从这个观点看注射针筒是前体系统。设计论和退行进化假说的预测正好相反——鞭毛马达的基因应当比 T3SS 的基因要老。因此，这两个理论假定的这些分子机器的起源互相矛盾，但结果都做出了关于这些系统（基因的年龄）的可测试的预测。

正如所发生的，鞭毛系统在细菌中分布的种系遗传分析，现在已经有可能判断这两套基因的相对年龄。这些种系遗传分析暗

细胞中的印记

示鞭毛马达基因比 T3SS 基因老，因而，初步证实了设计理论的关于鞭毛马达起源的假说¹⁰。

但是，这个例子有一点有趣的麻烦——正说明了智能设计论是如何引出许多新的和未解决的研究问题。还有一个设计论假说是关于鞭毛马达和 T3SS 的。它认为这两个系统都是独立设计事件的产物，虽然 T3SS 和鞭毛马达的一部分是相似的。它预测说，如果 T3SS 是独立于鞭毛马达而设计的，那么我们应该能在 T3SS 中找到许多独特的（不同源的）基因——这些基因和鞭毛系统中的基因没有什么相似性。现在已经知道 T3SS 确实有几个这样的不同源基因，证实这另一个智能设计论假说的预测。这样 T3SS 到底是从鞭毛马达分解出来的还是由一个另外的设计动作独立产生的？这是智能设计理论产生的另一个研究问题。很明显，需要更多的实验测试来分辨这两个互相竞争的设计论假说。

这里还有另外一个这类的预测，也开创了一个有趣的实验研究计划。如果智能在第一个生命出现后，还在新的生命形式的起源上起作用的话，它也很可能应当通过创造产生这些生命形式所必需的生物信息来实现。如果这样，智能设计应该或者在新基因和新蛋白起源上起作用，或者在基因组外信息的起源上起作用，或者两者皆有。不管怎样，这个设计论假说暗示无指引的随机突变机制和选择，是不足以产生这样的生物创新所必需的信息的。因此，这个特别的设计论假说将预测说，突变和选择缺乏产生根本性的新基因和蛋白的能力。（再次重复，那些反对者说，这只是反驳新达尔文主义的负面主张而不是智能设计论的正面主张的人误解了历史性科学理论基本的比较性质，这个性质就是取最佳解释的那个论点。）

我在第九章里提及了道格拉斯·艾克斯从 20 世纪 90 年代早期就开始对智能设计论感兴趣。他用一套严密的实验工作程序，设计了一种方法来测试智能设计论启发的预测——他一开始在剑桥大学做这个工作，后来在华盛顿州 Redmond 市的“生物研究

所” (Biologic Institute) 继续这项工作。

在发展这项测试过程中，艾克斯形成如下理论。根据新达尔文主义，新的生物信息是由作用在功能上有优势的基因突变的自然选择而来的。为了产生任何根本性的新生物形式，这些突变至少也应该造出几个新的蛋白。但自然选择只能在突变最初的产物上起作用。因此，为了使突变和选择能产生新的有功能的蛋白或蛋白折叠（可被选择功能的最小单位），新的蛋白或蛋白折叠必须先随机产生——也就是随机突变。如果这个可能性是极端地低——甚至低于所有机率资源所能产生的话——那就会损害新达尔文主义机制的可信度，也证实艾克斯自己的基于智能设计论的对新达尔文主义不足性的预期。

因此，作为新达尔文机制有效性（和前生命条件下信息的机会起源）的特定测试，艾克斯提出了这个问题：在相应的氨基酸序列空间里有功能的蛋白折叠到底有多稀有或多普遍？他认识到，如果功能序列足够地普遍使得突变能够在它们中相对容易地碰上（也就是在相关的进化转变所需要的时间内），突变和选择就有可能以小增量的步骤构建出本来极端不可能的结构。另一方面，如果序列空间里功能蛋白极其稀有，这样的突变就不可能有实际的机会在有限的时间内找到功能蛋白，选择也就基本上无从作用，减低了产生生物信息的能力。

要强调的重点是，艾克斯的预测是建立在智能设计在生物（或化学）进化中是在新基因和蛋白的起源上有起作用这个前提之上的。由于要宣称智能设计论是产生新生命形式所必需的、生物信息的、起源的、最好解释部分上要依赖有功能的（富含信息的）基因和蛋白不能由随机突变和选择来解释。这个设计论假说暗示，选择和突变并不足以产生遗传信息，结果在蛋白序列空间里有功能的氨基酸序列就极度地稀有而不是普遍的。艾克斯的突变诱导试验，已经也将继续测试智能设计论的这个预测。正如在第九章中提到的，艾克斯已经表明，有功能的氨基酸序列和无功

能的氨基酸序列的比率极其地低，对一个有一百五十个氨基酸长的蛋白折叠来说比率是 $1:10^{74}$ 。由于多数新蛋白都超过一百五十个氨基酸长，也由于根本性的新生命形式需要许多新蛋白，这个发表在《分子生物学杂志》的实验结果初步证实了艾克斯的基于智能设计论的假说¹¹。

当然，关于物质性机制的不足性的预测，并不能作为主张智能设计论的全部基础——不管是作为一个化学上还是生物进化上的理论。主张设计论假说是最佳解释，它不仅仅要求证实一个关于另一个竞争的起因解释的不足性的预测。相反，它也要求智能起因有效性的正面证据和驳斥其他有关的因果假设、应用预测法，或者解释能力的评估，或者两者皆用来反驳其他相关的起因假说。基于同样的原因，只是一个预测失败了也很少能证伪一个理论。通常一个理论能够多好地解释（或预测）绝大多数相关资料的优势是更好的衡量标准。在第十五章和结语里，我说明了智能设计论，至少作为一个关于第一个生命起源的假说，展示了广阔的解释能力。即便如此，任何宣称智能设计论最好地解释了一些生命的特定特征的主张，也必须能预测说，有相关的证据能说明那些与之竞争的假说不能解释同样的特征。出于这个和其他的原因，设计论假说确实有做出预测。为了免得会有什么疑问，我把前面讨论的一些重要预测总结在下面：

十二个基于智能设计论的预测

1. 没有一个无指引的过程可以展示从非生物的物质产生出五百比特新信息的能力。
2. 信息计算将揭示有效信息的来源必须为假想中成功的计算机模拟进化负责。
3. 将来的试验会继续显示 RNA 催化酶缺乏必需使 RNA 世界场景可信的能力。

4. 信息计算将揭示核酶复制酶功能的任何提高，都是由核酶工程师提供有效信息的结果。

5. 细胞中调节和信息处理系统逻辑的研究，将揭示细胞中使用的设计策略和逻辑与那些用在工程师设计系统中的非常相像，虽然可能更加复杂。细胞生物学家将发现按照可以用运算法则表述逻辑运作的调节系统。

6. 先进的成像技术将揭示在细胞分裂中起作用的中心粒里的纳米机器（涡轮机）。其他证据将说明这些机器调节不正常是染色体损伤的原因。

7. 如果智能设计论仅在生命起源，而不在后续过程中起作用的话，原核生物应该携带有超过它们自身需要的遗传信息量，或者至少保留有这样的痕迹，分子生物学将提供超过仅凭随机性、必然性或者两者结合的起因能力所产生的富含信息结构的证据。

8. 如果设计的智能是在生命历史中不连续地起作用，生物学的不同分支将显示多源发生的证据。

9. 具体地说，化石记录将显示信息以阵发性的间隔不连续地注入生物圈的证据，而且新化石形式的出现应该是从上而下，而不是从下而上的方式。

10. 如果一个有智能的（而且良善的）行动者设计了生命，那么研究生命里假定的坏设计——比如脊椎动物视网膜和有害细菌——将揭示：其一，表明一个隐藏的功能逻辑的设计的原因；其二，或原先的好设计残余的证据。

11. 如果鞭毛马达是由智能设计的，然后第三型分泌系统是由它而来的，编码细菌鞭毛马达的基因应该比那些编码 T3SS 中蛋白的基因要老，而不是年轻。或者，如果 T3SS 和鞭毛马达是独立设立出来的，T3SS 应该有不存在于鞭毛马达基因组中的独特的（非同源的）基因。

12. 氨基酸序列空间里的氨基酸功能序列应该是极度稀有而不是普遍的。

附录 B 多宇宙论和生命之起源

科学家们越来越认识到我们所能观察到的宇宙机率资源 (probabilistic resource) 解释不了——以纯机会——一个最小复杂细胞的来源，或即便是自我复制的 RNA 分子系统 (或一个中等长度蛋白质也不能)。有鉴于此，一些科学家就寻求其他唯物机制或自我组合过程等来解释。但是从前面第十一章到第十四章说到这一类的理论已经陷入困境。于是，少数的科学家就寻求从我们宇宙之外的机率资源再一次使得纯机会解释看起来有点说服力。

2007 年 5 月，美国国立卫生研究院 (NIH) 所属，美国国家生物技术信息中心 (NCBI) 的尤金·库宁 (Eugene Koonin) 在 (*Biology direct*) 发表了题为“永远暴胀的宇宙模型和生命历史上从机遇到生物进化的转变” (The cosmological Model of Eternal Inflation and the Transition from Chance to Biological Evolution in the History of Life.) 一文中，库宁承认 RNA 世界既不能，其他唯物主义的化学进化假设也不能用来解释生命的起源，即使用尽所有宇宙的机率资源也不行。他解释道：“尽管大量的试验和理论上的努力，当下没有令人信服的复制和翻译起源的场景，二者协作这是生物体系的核心过程，且显然是生物进化的首要条件。RNA 世界可能提供最佳解决这个谜的机会，但是至今还找不到一个有效力的 RNA 复制酶或一个翻译系统。”¹

为解决这个问题，库宁以纯机遇为解释生命起源作了一个提议。他的特殊机遇解释，并不参照地球上或整个可观察宇宙的过程。反而，他认为有无穷多个适合于生命的宇宙，他争辩道，这样宇宙的存在能使得再不可思议不可能的事情（例如生命的起源）变为可能或不可避免的。为了使他所提到的其他宇宙为合理，他援引了一个宇宙起源的模型称之为暴胀宇宙学（inflationary cosmology），也叫做“众多世界归一”（many worlds in one）的假设。这是宇宙学家亚历山大·威连坚（Alexander Vilenkin）所提出的。根据这个暴胀宇宙论，大爆炸之后几分之一秒刹那间，我们的宇宙发生了指数性的急速膨胀，在此之后，这膨胀就缓慢下来到较平稳的速度。暴胀宇宙论是为了解释两个宇宙特点而提出的。这两个特点是宇宙的统一性和平直性。这是标准大爆炸模型的困难。

所谓均匀性，宇宙学家是指观察者不论从哪里看，所看到的宇宙都是一样的。这均匀性的一个方面就是宇宙背景辐射的一致性，在所有观察到的宇宙，其温度是一样的。这是标准大爆炸理论的问题，大爆炸理论认为自从宇宙的开始直到约三十万年左右，背景辐射的光子就应该从充满整个宇宙的热等离子体的电子上反弹出来。那时候宇宙就应该冷却到足够形成电中性的原子，释放出背景辐射。这个辐射最终到达了我們，我們得到了宇宙大约三十万年时的照片。

令人费解的是，从任何一个方向测到的温度都是相同的，其相差仅为十万分之一。这就是说宇宙在三十万年的时候温度是异常的均匀，由此，就要求有非常精确的起始条件。这就是说，观察到的背景辐射均匀性按照通常的大爆炸场景，只有假设宇宙初始状态的温度和等离子体分布是异常的均匀，追其源必须有一个非常精调的爆炸起始。²

一个均匀的宇宙，如果它在最终重力塌陷和永远膨胀两个力量中得到平衡称之为“平直”（flat）；这种情况之下它的几何就

细胞中的印记

是精确地欧几里得式的，空间就不是弯曲的。宇宙要达到这种平直度，就要求它的质量密度要非常接近于临界密度（Critical mass density）（足以阻止宇宙膨胀的密度）——那就是，实际密度和临界密度的比例要非常接近于一。在我们的宇宙中，以上两个量的比值是极其微小地少于一。其结果就是我们的宇宙就会一直膨胀下去而不会产生重力塌陷，整个空间几乎都不是曲度的。这些数字是如此精密地平衡着，对标准大爆炸理论的立场说是颇为意外的。因为，要有如此的平衡，宇宙的初始条件就必须非常精确地设定。

暴胀宇宙学意图不以上述初始条件精调来解释视界问题（horizon problem）（也就是均匀性问题）（然而它有它自己的特殊条件，见下）。它以早期指数式急速宇宙膨胀的结果为替代。根据暴胀模型，大爆炸后几分之一秒内，宇宙的温度有一个获均匀的机会。随之以暴胀，宇宙就把均匀辐射分布到所有可见宇宙。它还把剩余的不均匀性推到可见宇宙边缘之外。³

以现在的模型来说，从大爆炸约 10^{-37} 秒开始暴胀直到 10^{-35} 秒，在这期间空间以约 10^{60} 的倍数膨胀。譬如说在暴胀期（inflationary epoch）开始可观察宇宙约为 10^{-60} 米，在暴胀后就成为一米。然而在暴胀开始，视界（horizon）（自大爆炸以来光穿越的距离）为 10^{-37} 光秒（light-second），这就远远比那小团（patch）大得多，此小团今后就成为我们可观察的宇宙。因此，暴胀过程不但把均匀的背景辐射分布到所有可观察的宇宙，它还把剩下的不均匀性分布到可观察宇宙的边缘之外。

暴胀理论把宇宙的几乎平直性解释为超膨胀（hyper-expansion）的结果。在暴胀期，所有的宇宙距离增加了 10^{60} 倍，这就意味着可观察宇宙的半径也以同样的倍数增加。假使在宇宙暴胀期之前其四维的空间-时间是有正曲度的，好像在三维空间的气球表面一样，那时它的半径是一米的十亿分之一（一纳米 nanometer）。暴胀期后，它就成为 10^{51} 米，或 1000 亿亿亿光年。就像

一个气球把它膨胀到越来越大，使得其上每一片看起来更平一点，所以，膨胀整个宇宙使得可观察的那片空间和时间看起来也越来越平。

暴胀宇宙学和讨论生命的起源有关，因为有些宇宙学家认为它给产生和我们不一样的许多宇宙提供了一个机制，而且一位著名的分子生物学家最近就援引了这类其他宇宙企图来解释生命之起源。根据最近盛行的“混沌永久暴胀模型”（chaotic eternal inflationary model），宇宙快速膨胀是受到了“暴胀场”（inflaton field）——一种相斥的重力场所驱动。在最初的膨胀期结束后，膨胀场就局部衰变（decay）而产生我们的宇宙。然而它仍旧在局部之外以全力产生一个更大的空间的扩张，在其中若有局部的暴胀场衰变了就可产生其他的宇宙。因此，暴胀宇宙学家就提出暴胀场的衰变作为产生其他“泡沫宇宙”（bubble universes）的机制。他们还提出暴胀还能无穷尽延续到将来，所以，广大的暴胀场就会产生无穷尽数的其他宇宙，只要在不断膨胀的空间中它的局部区域产生衰变。因为“暴胀场”不断以远大于其中“泡沫宇宙”的速度膨胀，任何“泡沫宇宙”就不会相互影响。一个“暴胀场”产生无尽“泡沫宇宙”——“众多世界归一”这是威连坚（Vilenkin）的华彩形容。⁴

库宁就应用这个宇宙学来解释机遇产生生命的起源。他引用威连坚来争辩道，“暴胀场”能够产生无穷其他宇宙，我们宇宙所发生的每一个事件不可避免地在其他某宇宙发生过无数次。因此，看起来我们宇宙的机率资源极其不可能的事件，实际上是非常可能的——确实是不可避免的——因为众多的其他宇宙是——或将要——存在。库宁解释道：“在一个无穷多宇宙相对于有限数目的特别宏观历史（每一个重复无数次），以机遇产生高度复杂的系统不但成为可能，且是不可避免的……所以可以想象，生物进化开头所需的最小要求（突破期）可以由机遇出现原始转录-翻译系统。这个极其稀有的事件在地球上出现而产生生命仅仅

由我们所知的人择（anthropic）选择。⁵ 所谓“为人的选择”（anthropic selection）库宁的意思就是我们感知到生命的极其不可能性不过是从我们所处位置所见到的产物而已。因为我们所看到的不过是一个“泡沫宇宙”而已，我们并没有意识到其他宇宙的存在和使其存在的机制，以使像我们一样有生命宇宙的不可避免性。

如此，是否库宁利用暴胀宇宙学解决了生命的起源和其必须的生物信息呢？是否它比智能设计论更好地解释了生命和生命信息的起源呢？有若干理由认为不能如此思想。

“暴胀场”是否存在？

首先，有理由怀疑“暴胀场”的真实存在。“暴胀场”的提出主要用来解释均匀性和平直性，一些著名的物理学家早就指出，就是这么一些性质它也不一定能很好地解释。要用“暴胀场”来解释宇宙的均匀性，物理学家必须对万物之源的奇点（singularity）做出无根据的假设。牛津物理学家罗杰·彭罗斯（Roger Penrose）指出，如果奇异点是完全通用的（generic），从此膨胀可能产生多种不规则（不均匀的）的宇宙，即便暴胀发生了也罢。⁶ 因此，单单暴胀而不作其他假设，并不能解决均匀性的问题。要得到合理的结果就需要在时间-空间加上一个正确的度量（距离度量）。

还有，物理学家斯蒂芬·霍金和堂·佩琦（Don Page）指出，已经证明用“暴胀场”和重力场（这是广义相对论所描述的我们认为有强有力理由来接纳的）相合作来产生我们所观察的宇宙背景辐射和空间平直性是困难的。确实，当这些场联合起来，暴胀能否发生是根本没有保障的。⁷ 还有，这些暴胀场，以其异乎寻常的本事在恰好的时间（大爆炸后 10^{-37} 到 10^{-35} 秒）还要在恰好的度量，且在没有其他物理场的关系的特性下进行衰变。（相反地，这些特性的发明完全是为了解决视界和平直问题，不然的话就不

会有这些任意加上的初始条件和假设。)

因果足够性的考虑

还有另一个理由，暴胀宇宙学并不能提供一个比智能设计论更令人满意或更好的关于生命信息起源的解释。暴胀宇宙学的解释能力有赖于一个假设的、我们完全无知的因果能力——你要这样假定来解答一类完全神秘的效果——而这个原因能力并没有证明或被观察到的。我们并不知道暴胀场是否存在。即使存在，我们也不知道它到底有什么作用。然而，我们确实知道（如果没有其他的话，我们至少从我们个人知觉是知道的）有意识的智能头脑是存在的而且它能够做什么。

更进一层，物理哲学家罗宾·科林斯（Robin Collins）论证道，有关因果能力的各种说法，如果大家条件相同，我们宁可选择“从我们已经知道的来作自然外插法。”⁸ 在一个稍微不同的场合下，他论证道，在解释宇宙的人择精调（anthropic fine-tuning）方面，多宇宙假设达不到这个标准，而设计假设却能达到。为了说明这点，他要求读者想象有一个考古学家，认为有一个“恐龙骨产生性电磁场”作为解释巨大化石骨头来源的解释以替代真实恐龙产生的原因。虽然这种电磁场够格作为化石来源的可能解释。但是我们能在沉积物和沉积岩观察到动物不同腐解和保存各阶段的遗骸。因之，绝大多数科学家正确地选择真实的恐龙假设，而不选择表面的恐龙假设（就是“恐龙骨产生磁场”假设）作为化石来源的解释。

同样地，我们对暴胀产生无穷多宇宙没有任何经验（或同样地，自身不是设计而来的机器或机制会产生像我们那样精调的宇宙是没有任何经验的）。然而我们对设计论却有广泛的经验，智能者可以产生精调机器或富有信息的字母或数字码系统。因此，科林斯结论道，假设以头脑来解释宇宙的精调是从我们经验为基

细胞中的印记

础和对智能者的因果能力知识的自然外插，然而多宇宙的假设（包括由暴胀而产生的多宇宙）就没有相当的基础。对生命所必需的信息来源的解释，无须多说，设计假设（design hypothesis）要比暴胀场衰变好得多。因为它有赖于我们所不断反复经验所熟知的因果能力的实体。暴胀宇宙学有赖于一个抽象实体，而这个因果能力没有被观察到或显示出来。

回到取代问题

用暴胀场来解释信息来源以产生第一个生命，还有外加的问题。若要在可观察的宇宙来解释某种特征，与（是一个意外收获）无数和我们宇宙一样地支持生命宇宙的来源，暴胀宇宙学必须要依赖一些毫无理由的信息来源或输入。例如，暴胀场和它所要联合的场必须精调到以产生合宜的泡沫宇宙。暴胀场能量的“关闭”（发生在它的衰变时）就这一项就要精确地调到 10^{53} 分之一或 10^{123} 分之一（有赖于不同模型的要求），以此产生一个适合生命的宇宙。再加上，暴胀宇宙学使得已经困难的宇宙的低熵（low entropy）精调问题，成指数倍地困难。据罗杰·彭罗斯的计算（他认为暴胀宇宙学是一个很可疑的事业），原始宇宙的熵，已经精调到 $10 \exp(10 \exp(123))$ 分之一。⁹ 暴胀不但对它毫无解释上的贡献，且实际上加剧了它。

有些宇宙学家争辩道，虽然是这样，但是这些不可能性能够以原始暴胀场所产生众多泡沫宇宙来抵偿。但是这种说法除了它的缺乏优雅性和缺乏简明的解释战略之外，要产生一个能够达到预期目的（就是有一个和我们可观察宇宙一样的）的大暴胀场，它本身就需要有相当数目的无根据的假设和精调的初始条件。正如前文所述，物理学家对有关奇异点作出了一系列太大方的假设以此使暴胀场能和广义相对论相啮合。例如，要使暴胀宇宙学和广义相对论协调，宇宙学家就要假设一个在时-空中特殊的距离

测量（一所谓 metric 的）而拒用其他的。再加上，可能的暴胀模型不止一个，它们中只有少量的（和广义相对论符合的）才能使宇宙暴胀。为了保证暴胀场能够产生泡沫宇宙，科学家们还要在他们的物理假设中筛选一些模型排除另一些模型。每一种选择就在构造模型者一方构成了信息干预（informative intervention）——这就反映了无解释的信息必须在起始条件上就与奇点一起存在。

诚然，需要做这些假设和限制理论前设，意味着原始奇点本身必须精调到使暴胀场能够产生和我们一样的宇宙。然而，我们知道我们的宇宙是存在的。我们还有足够的理由认为广义相对论是正确的。因此，如果像暴胀宇宙学家所期望的那样，暴胀场存在的话，只有从暴胀场中产生的奇点本身也要精调的（富有信息的）才行。

因此，依赖于暴胀宇宙学来解释能够产生第一个生命所需信息，库宁再一次在所谓的解决问题上制造了新的信息难题（请看第十三章）。即使暴胀场是存在的，且它们能够产生无穷数的宇宙（绝不是—一个安全的赌注），库宁解决了生物信息问题用了一个产生新问题的宇宙学的信息问题——以它的模型来说，这个信息问题，却是完全有必要用来解释生命的起源。另外，所有暴胀模型的那个暴胀场都是以和我们宇宙中一样的基本律和物理常数为假设，以这些来产生新宇宙的。而我们宇宙本身的物理律和常数却是极其精调到允许产生生命的可能的。这个精调表示了另外一个信息的源头。这就还应提到并以它来解释宇宙中生命的起源另加的一部分。然而这个暴胀理论，假定了而不是解释了这个精调的存在。

认识论所付出的代价

暴胀宇宙学还有另外一个弱点：一旦容许它作为解释一切可能的解释，它就毁坏了实际和科学理论对任何事物的理解。由于

细胞中的印记

它声称能产生无穷“机率资源”（译注：见本章开始）的暴胀宇宙学，不管它是多么的不可能，却能够解释所有事件的起源。那么我们用常理对因果的解释，完全都可用暴胀宇宙学来解释，甚至用不到提什么原因了。根据暴胀宇宙学的话，所有符合我们自然律的事件都能最后出现，都可归结于暴胀场所产生的量子真空（quantum vacuum）的随机涨落的结果。这就意味着，像被人创造一样的精密设计的机器或者一首细腻写作的诗篇，都可从量子真空的机遇涨落所产生。它也意味着像地震或有规律的现象，例如凝聚等，也可以同样用量子真空的机遇涨落来解释，像我们所知有规律或可观察到的物质的原因一样。总之，如果暴胀宇宙学成立的话，任何事件都可毫无理由地发生，只要假定暴胀场的量子真空的随机涨落就可以了。

更有甚者，暴胀宇宙学实际上暗指通常某些我们认为非常不可能的解释变成很可能是真的。例如“玻尔兹曼脑”（Boltzmann brain）量子宇宙学家曾大量地讨论它。暴胀宇宙学之中完全有可能自动蹦出一个有充分功能的人脑成为现实，这是由于在量子真空中的热涨落所致，然后再消失。这种存在体就叫做“玻尔兹曼脑”。在暴胀宇宙学产生泡沫宇宙的标准条件下，玻尔兹曼脑的出现比在我们宇宙正常出现一样常见或更常见。诚然，基于某些暴胀宇宙学模型的计算，“自由漂浮”玻尔兹曼脑可能远远超过人们正常脑的数量。¹⁰

由于认识论含义的这种可能性使暴胀宇宙学家不得不思考一下。如果这些暴胀宇宙学模型是真的话，这就是说我们自己就成为无限多可能性的自由漂浮的波兹曼脑而不是真实的人生活在—百三十七亿年老的宇宙中。在有些模型中，甚至像我们那样的全宇宙完全能够自动涨落地产生，比起来我们宇宙具有那样异常不可能的初始条件能够在亿万年中有条不紊地、有规律地产生。这就是众多世界归一所产生的荒诞。它暗指我们并不是我们所认为的人，我们的记忆和知觉是不可靠的，更可能使量子场的机会所

造成的。根据无穷暴胀论的假设，我们的宇宙也不是像我们所看到的一样。总之，库宁所提议为解决生命起源所采用的方法，令所有的科学论理和解释变为无可依循而不可靠，这样连他自己对生命如何发生的解释也处于无根基之上。很难找得到比这更为自我否定的设想了。

Notes

Prologue

1. Wilgoren, “Seattle Think Tank Behind ‘Intelligent Design’ Push.”
2. Wilgoren, “Politicized Scholars Put Evolution on the Defensive.”
3. Holden, “Random Samples,” 1709; Giles, “Peer – Reviewed Paper Defends Theory of Intelligent Design”; Stokes, “Intelligent Design Study Appears”; Monastersky, “Society Disowns Paper Attacking Darwinism.”
4. Klinghoffer, “The Branding of a Heretic”; Price, “Researcher Claims Bias by Smithsonian”; “Unintelligent Design Hostility.”
5. “Intelligent Design and the Smithsonian,” *New York Times*, August 20, 2005, Editorial/Letters, national edition; Powell, “Darwinian Debate Evolving.”
6. Ostling, “Lifelong Atheist Changes Mind.”
7. Powell, “Editor Explains Reason for ‘Intelligent Design’ Article”; “Intelligent Design and the Smithsonian,” *New York Times*, August 20, 2005, Editorial/Letters, national edition; Wilgoren, “Politicized Scholars Put Evolution on the Defensive.”
8. *The O’Reilly Factor* (Fox News), “Brutally Criticized,” August 25, 2005.
9. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life’s Origin*.
10. Meyer, “The Origin of Biological Information and the Higher Taxonomic Categories.” See also Meyer, “The Cambrian Information Explosion”; “DNA and the Origin of Life”; “Evidence of Design in Physics and Biology,” 53 – 111; “The scientific Status of Intelligent Design”;

- “Teleological Evolution”; “DNA by Design”; “The Explanatory Power of Design”; Meyer, Nelson, and Chien, “The Cambrian Explosion.”
11. Meyer, “The Origin of Biological Information and the Higher Taxonomic Categories.”
 12. Pera, *The Discourses of Science*.
 13. Darwin, *On the Origin of Species*, 481 – 82.
 14. Ayala, “Darwin’s Greatest Discovery.”

Chapter 1: DNA, Darwin, and the Appearance of Design

1. Newton, *Opticks*, 369 – 70.
2. Crick, *What Mad Pursuit*, 138.
3. Dawkins, *River out of Eden*, 17.
4. Gates, *The Road Ahead*, 188.
5. Küppers, *Information and the Origin of Life*, 170 – 72.
6. The Harvard Origins of Life Initiative, <http://origins.harvard.edu>.
7. Elizabeth Pennisi, “Finally, the Book of Life.”
8. Interview with Williams, in Brockman, ed., *The Third Culture*, 42 – 43.
9. Interview with Williams, in Brockman, ed., *The Third Culture*, 42 – 43.
10. Klir and Wierman, *Uncertainty – Based Information*.
11. Gilder, *Telecosm*.
12. Watson and Crick, “A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid.”
13. Williams, *Natural Selection*, 11.
14. Yockey, “Origin of Life on Earth,” 105.
15. Lewontin, “Adaptation.”
16. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 1.
17. Mayr, “Darwin: Intellectual Revolutionary.” The effort to explain bio-

细胞中的印记

logical organisms naturalistically was reinforced by a trend in science to provide fully naturalistic accounts for other phenomena such as the precise configuration of the planets in the solar system (Pierre Laplace) and the origin of geological features (Charles Lyell and James Hutton). It was also reinforced (and in large part made possible) by an emerging positivistic tradition in science that increasingly sought to exclude appeals to supernatural or intelligent causes from science *by definition* (see Gillespie , “ Natural History , Natural Theology , and Social Order ”) . See also Darwin , *On the Origin of Species* , 481 – 82 .

18. Darwin , *On the Origin of Species* , 188 .
19. Darwin , *Life and Letters* , 1 : 278 – 79 .
20. Ayala , “ Darwin’s Greatest Discovery , ” in Ruse and Dembski , eds . , *Debating Design* ,
58. As the late Harvard evolutionary biologist Ernst Mayr explained , “ The real core of Darwinism... is the theory of natural selection . This theory is so important for the Darwinian because it permits the explanation of adaptation , the ‘ design ’ of the natural theologian , by natural means , instead of by divine intervention ” (Foreword , in Ruse , ed . , *Darwinism Defended*) .
21. Ayala , “ Darwin’s Greatest Discovery , ” *Proceedings of the National Academy of Sciences* , 8573 .
22. Bishop , “ The Religious Worldview . ”
23. Crick , *What Mad Pursuit* , 138 . Emphasis added .
24. Ruse , “ Teleology in Biology . ”
25. Dawkins , *River Out of Eden* , 17 .
26. Shapiro , review of *Darwin’s Black Box* , by Michael Behe .
27. Lenoir , *The Strategy of Life* , ix .
28. Watson , et al . , *Molecular Biology of the Gene* , 1 : 704 .
29. I used the character converter at <http://www.csgnetwork.com/>

asciiset. html for the binary conversion of the first few words of the Declaration of independence in ASCII code.

Chapter 2: The Evolution of a Mystery and Why It Matters

1. For a scholarly account of this discovery, along with a more detailed account of the series of discoveries that caused vitalism to fall from favor, see Aaron J. Ijde, *The Development of Modern Chemistry*, 164 – 65.
2. As quoted in Kauffman and Chooljian, “Friedrich Wöhler (1800 – 1882), on the Bicentennial of His Birth,” 126.
3. Partington, *A History of Chemistry*.
4. Florkin, *A History of Biochemistry*, 251 – 52.
5. Hopkins, “BAAS Presidential Address,” 382.
6. Darwin, *The Life and Letters*, 1: 18.
7. For a detailed treatment of this perspective in ancient philosophy, see Sedley, *Creationism and Its Critics in Antiquity*.
8. Newton, General Scholium, *Mathematical Principles of Natural Philosophy*.
9. Kirk and Raven, *The Presocratic Philosophers*.
10. Hobbes, *Leviathan*; Hume, *Dialogues Concerning Natural Religion*.
11. Laplace, (Vietnamese) *Exposition du système du monde*.
12. Lyell, *Principles of Geology*.
13. Ernst Haeckel, for instance, in *The History of Creation*, stated: “We can, therefore, from these general outlines of the inorganic history of the earth’s crust, deduce the important fact that at a certain definite time life had its beginning on earth, and that terrestrial organisms did not exist from eternity” (401) .
14. Darwin, *More Letters of Charles Darwin*, 273.
15. Farley, *The Spontaneous Generation Controversy*, 103ff. ; Lechevalier

细胞中的印记

and Solotorovsky, *Three Centuries of Microbiology*, 35 – 37.

16. Farley, *Spontaneous Generation Controversy*, 103 – 7, 114, 172; Lanham, *Origins of Modern Biology*, 268.

17. Nevertheless, the doctrine of spontaneous generation did not die easily. Even after Pasteur's work, Henry Bastian continued to find microbial organisms in various substances that had been sealed and "sterilized" at 100 degrees C or higher. Not until the 1870s, when microbiologists like Cohn, Koch, and Tyndall perfected methods of killing heat – resistant spores, were Bastian's observations discredited. Despite an increasingly critical scientific response to his experimental methods and conclusions, Bastian continued to offer observational evidence for spontaneous generation from inorganic matter for another thirty years. Nevertheless, these and other attempts yielded to a familiar pattern of refutation. Experiments supposedly establishing the spontaneous occurrence of microorganisms remained tenable only as long as sterilization methods were inadequate to kill existing microorganisms or prevent bacterial contamination of experimental vessels from the surrounding environment. When sources of microorganisms were identified and methods of destroying them perfected, observational evidence for spontaneous generation was withdrawn or discredited. In the minds of some scientists, especially after the turn of the century, development seemed to confirm that living matter is too complex to organize itself spontaneously, whether beginning from organic or inorganic precursors. Although Huxley and Haeckel accepted Pasteur's results, both insisted that his work was not relevant to abiogenesis (life arising from nonliving matter), as his experiments discredited only theories of what Haeckel called "plasmogeny" or what Huxley called "heterogenesis," i. e., spontaneous generation from once living matter (Haeckel, *The Wonders of Life*, 115; Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 55, 60) .

18. Glas, *Chemistry and Physiology*, 118.
19. Coleman, *Biology in the Nineteenth Century*, 129.
20. Steffens, *James Prescott Joule and the Concept of Energy*, 139.
21. Steffens, *James Prescott Joule and the Concept of Energy*, 129 – 30;
Glas, *Chemistry and Physiology*, 86.
22. Haeckel, *The Wonders of Life*, 27.
23. Haeckel, *The History of Creation*, 332.
24. Virchow, “On the Mechanistic Interpretation of Life,” 114.
25. Virchow, “On the Mechanistic Interpretation of Life,” 115.
26. “Haeckel’s attitude, and that of other contemporary Darwinians, to the question of the origin of life was first and foremost an expression of their worldview. Abiogenesis was a necessary logical postulate within a consistent evolutionary conception that regarded matter and life as stages of a single historical continuum” (Fry, *The Emergence of Life on Earth*, 58) .
27. Hull, “Darwin and the Nature of Science,” 63 – 80. As Hull, a philosopher of biology, explains, Darwin posited “that species are not eternal but temporary, not immutable but quite changeable, not discrete but graduating imperceptibly through time one into another.” As Darwin himself said in *On the Origin of Species*, “I was much struck how entirely vague and arbitrary is the distinction between species and varieties... Certainly no clear line of demarcation has yet been drawn between species and subspecies... or, again, between subspecies and well – marked varieties” (104, 107) .
28. For instance, John Tyndall argued, “There does not exist a barrier possessing the strength of a cobweb to oppose the hypothesis which ascribes the appearance of life to that ‘potency of matter’ which finds expression in natural evolution” (*Fragments of Science*, 434) . As Kamminga explains, Tyndall held that “it was inconsistent to believe in evo-

细胞中的印记

lution and at the same time reject abiogenesis” (“Studies in the History of Ideas,” 57) .

29. Darwin’s work amplified a theme that evolutionists such as Lamarck and Matthew had articulated in various ways since early in the nineteenth century. The publication of *Origin* in 1859 reaffirmed the importance of environmental influences on the development of species. See Mckinney, ed. , *Lamarck to Darwin*, 7, 9, 29, 41.
30. Darwin, “Letter to Hooker”; see also Darwin, *Life and Letters*, 18.
31. Oparin, *Genesis and Evolutionary Development of Life*, 7.
32. Haeckel, *The Wonders of Life*, 135.
33. This strengthened the conviction among many scientists that vital function was ultimately reducible to a “ physical basis,” as Thomas H. Huxley phrased it in 1868 (“On the Physical Basis of Life”). See also Geison, “The Protoplasmic Theory of Life”; and Hughes, *A History of Cytology*, 50.
34. Geison, “The Protoplasmic Theory of Life. ”
35. Geison, “The Protoplasmic Theory of Life,” 274.
36. As cited in Geison, “The Protoplasmic Theory of Life,” 274.
37. The descriptions matched those by Felix Dujardin in 1835 and Gabriel Gustav Valentin in 1836. See Geison, “The Protoplasmic Theory of Life”; Hughes, *A History of Cytology*, 40, 112 – 13.
38. Geison, “The Protoplasmic Theory of Life,” 276. Shultze, in particular, emphasized the importance of protoplasm based on his realization that lower marine animals sometimes exist in a “primitive membraneless condition” and on his identification of protoplasm as the source of vital characteristics like contractility and irritability. See Suñer, *Classics of Biology*, 19 – 20. This conclusion was widely endorsed and amplified throughout the 1860s by influential thinkers like Ernst Wilhelm von Brucke, Wilhelm Kühne, Ernst Haeckel, T. H. Huxley, and others.

39. Hughes *A History of Cytology*, 50; see also Huxley, "On the Physical Basis of Life," 129; Wilson, *The Physical Basis of Life*, 1 – 2; Geison, "The Protoplasmic Theory of Life," 273, 276 – 91. Geison comments that during this period, "The conviction grew that the basic unit of life was essentially a protoplasmic unit" (278). It was during this period that the term "protoplasm" gained wide currency.
40. Huxley, "On the Physical Basis of Life," 138 – 39.
41. Haeckel, *Generelle Morphologie der Organismen*, 179 – 80; *The History of Creation*, 411 – 13; Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 60 – 61.
42. Haeckel, *The History of Creation*, 411 – 13; Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 62.
43. Haeckel, *Generelle Morphologie der Organismen*, 183; Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 62.
44. Haeckel, *The History of Creation*, 421 – 22; Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 60 – 62.
45. Haeckel, *The Wonders of Life*, 111. Even amid such bold claims, Haeckel and Huxley acknowledged that certain special but unspecified past conditions must have played an important role in the origin of protoplasm, since its spontaneous generation from nonliving matter had never been observed. However, neither Huxley nor Haeckel could demonstrate that the specific conditions enumerated in their prebiotic scenarios could be inferred from classes of evidence other than the existence of life itself. This deficiency ensured that, as Haeckel himself put it, "Any account of the primary generation of [life] must be considered premature" (as quoted in Oparin, *The Origin of Life* [1938], 105). Neither Huxley nor Haeckel attempted to identify the relevant past conditions. Haeckel acknowledged, "We have no satisfactory conception of the extremely peculiar state of our earth's surface at the time of the first

细胞中的印记

appearance of organisms.” Instead, both men tried to turn this absence of information to their advantage by intimating that the conditions specified in their scenarios were at least possible. They also relied on materialistic conceptions of life’s nature to suggest that life’s origin could be explained by reference to materialistic causes.

46. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 69 – 70, 73 – 74; Haeckel, *The Wonders of Life*, 111 – 14.
47. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 70 – 71; Haeckel, *The Wonders of Life*, 112.
48. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 70 – 71.
49. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 185, 188 – 92. As Robert E. Kohler argues, the rise of the new field of biochemistry after 1900 marked the emergence of a “common outlook on the physico – chemical nature of life” in which it was agreed “that enzymes were the key agents in life processes” (“The Enzyme Theory and the Origin of Biochemistry,” 194) .
50. Oparin, *The Origin of Life* (1924); Meyer, “Of Clues and Causes.”
51. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 222.
52. Graham continues: “The Russian biologist with the securest claim to being an orthodox Darwinist was K. A. Timiriazev. If any Russian deserved the title of ‘ Darwin’s Bulldog,’ to match that of Huxley in England, it was Timiriazev. A plant physiologist, Timiriazev combined scientific knowledge with radical politics. Throughout his career he was engaged in a running battle with established authorities, even though, as a teacher in St. Petersburg University, and later, a professor at Moscow University, he became something of an authority himself, particularly among radical intellectuals. His political scraps included expulsion as a student from St. Petersburg University and, many years later, dismissal from the faculty of Moscow University as a result of his continuing radical

sympathies. Timiriazev was the most popular defender of Darwinism in all of Russia. His books, *A Short Sketch of the Theory of Darwin* and *Charles Darwin and His Theory*, were published in fifteen editions between 1883 and 1941. His influence was so great that it could still be felt well into the middle of the twentieth century. In an interview in Moscow in 1970 academician A. I. Oparin, a well – known authority on origin of life, described the lectures on Darwinism Timiriazev gave at the Polytechnical Museum in Moscow when Oparin was a boy as the most important influence on his professional development” (*Science in Russia and the Soviet Union*, 67) .

53. Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 262 – 63.

54. In a letter to Ferdinand Lassalle, Marx wrote: “Darwin’s work is most important and suits my purpose in that it provides a basis in natural science for the historical class struggle. One does, of course, have to put up with the clumsy English style of argument. Despite all shortcomings, it is here that, for the first time, ‘teleology’ in natural science is not only dealt a mortal blow but its rational meaning is empirically explained” (http://www.marxists.org/archive/marx/works/1861/letters/61_01_16.html) .

55. Engels, *The Dialectics of Nature*.

56. Yockey, *Information Theory, Evolution, and the Origin of Life*, 151 – 52.

57. Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 262 – 63. Oparin did not himself participate in the revolution or join the Communist Party. Moreover, in an interview near the end of his life, he stressed the importance of Darwinism over Marxism on his initial theorizing. When asked if he had been a Marxist in 1924, Oparin replied, “Politically, yes I was. But at that moment what exercised the major influence on my ideas about the origin of life was the postulates of Darwin’s

细胞中的印记

theory of evolution.”

58. Although as Graham notes, “Oparin has not been one to attempt rigorous definitions of ‘life.’” His theoretical work in 1924 did reflect a definite conception of life, which he expressed “in metaphors or in terms of varying combinations of characteristics necessary for life” (*Science and Philosophy in the Soviet Union*, 268) .
59. Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 214, 208.
60. Oparin not only rejected “idealistic” approaches to the origin of life that assumed an impassable divide between animate and inanimate. He also rejected the “theory of panspermia” advocated by various nineteenth – century scientists such as Helmholtz, Thomson, and Richter. Panspermia specified that life on earth had originated from spores or germs transmitted here from outer space. These germ species were then supposed either to have originated elsewhere through some unspecified process or to have existed eternally. Many nineteenth – century advocates of the theory opted for the latter of these two views on the grounds that the complicated structure of living cells, though only vaguely discernable with nineteenth – century microscopes, suggested an “impassable abyss” between animate and inanimate matter. In rejecting this assumption, Oparin regarded recourse to panspermia as motivated by an incorrect premise and that it was, as such, “philosophically useless.” Even if life on earth had issued from outer space, he noted, the ultimate origin of life would remain unsolved, especially if one assumed that life had existed eternally. (See Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 203 – 4, 206, 211.)
61. Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 203.
62. Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 199 – 202.
63. Oparin’s hypothetical reconstruction actually began with an account of the earth’s formation. Oparin accepted a contemporary version of the neb-

ular hypothesis. He thought, therefore, that the planets formed from hot, incandescent clouds of gas. According to this view, as these nebular clouds condensed under the mutual gravitational attractions of their gas molecules they would have formed stars, with the vapors of heavier metals like iron, nickel, and cobalt settling to the center of the cloud. These vapors then cooled and concentrated in a liquid core of heavy metal. (See Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 217 – 18, 221.)

64. Oparin supported this suggestion with spectroscopic studies confirming the presence of hydrogen in the sun's atmosphere and studies showing the presence of hydrocarbons in the atmospheres of dying red stars. He also cited the work of the Russian chemist D. I. Mendeleev, who earlier had proposed that methane and other naturally occurring hydrocarbons could have had a nonbiological origin. Mendeleev believed hydrocarbon production occurred naturally when metallic carbides combined with oxygen at high temperatures and pressures. Though Oparin did not accept Mendeleev's account of the origin of extant terrestrial hydrocarbons, he did appropriate Mendeleev's suggested reaction pathway to account for the origin of high – energy biological precursors on the early earth. (See Oparin, *The Origin of Life* [1938], 98, 107 – 8; Graham, *Science and Philosophy in the Soviet Union*, 218 – 23.)
65. Oparin thought these hydrocarbon compounds would have included alcohols, ketones, aldehydes, and organic acids (*The Origin of Life* [1938], 108) .
66. Oparin thought these nitrogen – rich compounds would have included amines, amides, and ammonium salts (*The Origin of Life* [1938], 108) .
67. Oparin, *The Origin of Life* (1938), 229.
68. Oparin, *The Origin of Life* (1938), 229 – 31.

细胞中的印记

69. Miller, "A Production of Amino Acids."
70. Shapiro, *Origins*, 98.
71. William Day, *Genesis on Planet Earth*, 5.

Chapter 3: The Double Helix

1. As Crick noted: "Only gradually did I realize that this lack of qualification could be an advantage. By the time most scientists have reached age thirty they are trapped in their own expertise. They have invested so much effort in one particular field that it is often extremely difficult, at that time in their careers, to make a radical change. I, on the other hand, knew nothing, except for a basic training in somewhat old-fashioned physics and mathematics and an ability to turn my hand to new things" (*What Mad Pursuit*, 16) .
2. Chamberlain, "The Method of Multiple Working Hypotheses."
3. Oparin, *Genesis and Evolutionary Development of Life*, 7.
4. Kamminga, "Protoplasm and the Gene," 1.
5. Haeckel, *The Wonders of Life*, 111.
6. Mendel called the discrete inheritance of the two traits for one characteristic the "law of segregation." See Jenkins, *Genetics*, 13 – 15.
7. Jenkins, *Genetics*, 238 – 39.
8. Jenkins, *Genetics*, 238 – 39.
9. Morgan, *The Physical Basis of Heredity*.
10. Olby, *The Path to the Double Helix*, 73 – 96, including chap. 6, "Kossel, Levene and the Tetranucleotide Hypothesis."
11. Avery, MacCleod, and McCarty, "Induction of Transformation by a Deoxyribonucleic Acid Fraction."
12. Griffith, "The Significance of Pneumococcal Types"; Dawson, "The Interconvertibility of 'R' and 'S' Forms of Pneumococcus."

13. Avery, MacLeod, and McCarty, "Induction of Transformation by a Deoxyribo nucleic Acid Fraction"; for a detailed historical account of their work, see Judson, *The Eighth Day of Creation*, 13 – 23.
14. Chargaff, "Preface to a Grammar of Biology."
15. Chargaff, *Essays on Nucleic Acids*, 1 – 24, "Chemical specificity of Nucleic Acids."
16. According to Chargaff: "The deoxypentose nucleic acids extracted from different species thus appear to be different substances or mixtures of closely related substances of a composition constant for different organs of the same species and characteristic of the species. The results serve to disprove the tetranucleotide hypothesis" (*Essays on Nucleic Acids*, 13) .
17. Chargaff, *Essays on Nucleic Acids*, 21.
18. "The number of possible nucleic acids having the same analytical composition is truly enormous. For example, the number of combinations exhibiting the same molar proportions of individual purines and pyrimidines as the deoxyribonucleic acid of the ox is more than 10^{56} , if the nucleic acid is assumed to consist of only 100 nucleotides; if it consists of 2, 500 nucleotides, which probably is much nearer the truth, then the number of possible 'isomers' is not far from 10^{1500} " (Chargaff, *Essays on Nucleic Acids*, 21) .
19. McElheny, *Watson and DNA*, 5 – 29; Watson, *The Double Helix*, 17.
20. Watson, *The Double Helix*, 17, 27.
21. Watson, *The Double Helix*, 9 – 12, 31.
22. Olby, *The Path to the Double Helix*, 310.
23. "Politeness, Francis Crick said over the BBC at the time he got the Nobel Prize, is the poison of all good collaboration in science. The soul of collaboration is candor, rudeness if need be. Its prerequisite, Crick said, is parity of standing in science, for if one figure is too much sen-

细胞中的印记

ior to the other, that's when the serpent politeness creeps in. A good scientist values criticism almost higher than friendship: no, in science criticism is the height and measure of friendship. The collaborator points out the obvious, with due impatience. He stops the nonsense, Crick said—speaking of James Watson” (Judson, *The Eighth Day of Creation*, 125) .

24. “When Crick and Watson began, they knew very little about DNA for sure, and part of what they were most sure of was wrong. To consider DNA as a physical object, they wanted diameters, lengths, linkages and rotations, screw pitch, density, water content, bonds, and bonds and again bonds. The sport would be to see how little data they could make do with and still get it right: the less scaffolding visible, the more elegant and astonishing the structure.... ‘The point is [said Crick] that evidence can be unreliable, and therefore you should use as little of it as you can... There isn't such a thing as a hard fact when you're trying to discover something. It's only afterwards that the facts become hard’” (Judson, *The Eighth Day of Creation*, 92 – 93) .
25. Watson, *The Double Helix*, 57 – 59.
26. Watson, *The Double Helix*, 57 – 59.
27. Watson, *The Double Helix*, 81.
28. According to Judson: “On Friday of that week, January 30 [1953], Watson went to London to see Hayes. He took the copy of Pauling's manuscript with him, and about teatime that afternoon stopped at King's College” (*The Eighth Day of Creation* [1996], 135) .
29. Watson, *The Double Helix*, 96.
30. “Afterwards, in the cold, almost unheated train compartment, I sketched on the blank edge of my newspaper what I remembered of the B pattern” (Watson, *The Double Helix*, 99) .
31. Chargaff, *Essays on Nucleic Acids*, 1 – 24.

32. As Watson recalled in his memoirs, “The high point in Chargaff’s scorn came when he led Francis into admitting that he did not remember the chemical differences among the four bases... . Francis’s subsequent retort that he could always look them up got nowhere in persuading Chargaff that we knew where we going or how to get there” (Watson, *The Double Helix*, 78) .
33. Chargaff, *Heracleitean Fire*, 101.
34. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 120.
35. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 135 – 38.
36. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 141.
37. Olby, *The Path to the Double Helix*, 398.
38. Crick, quoted in Olby, *The Path to the Double Helix*, 400.
39. Olby, *The Path to the Double Helix*, 400.
40. “It must have been during the second week of February [1953] that Perutz passed on to Crick his copy of the report which Sir John Randall had circulated to all the members of the Biophysics Research Committee [of the Medical Research Council] who came to see round his Unit on December 15, 1952” (Olby, *The Path to the Double Helix*, 402) . This report contained a summary of Rosalind Franklin’s crystallographic findings about the structure of DNA.
41. Watson, *The Double Helix*, 114.
42. Watson, *The Double Helix*, 110.
43. “I went back to my desk hoping that some gimmick might emerge to salvage the like – with – like idea. But it was obvious that the new assignments were its death blow. Shifting the hydrogen atoms to their keto locations made the size differences between the purines and pyrimidines even more important than would be the case if the enol forms existed. Only by the most special pleading could I imagine the polynucleotide backbone bending enough to accommodate irregular base sequences”

细胞中的印记

(Watson, *The Double Helix*, 112) .

44. Watson, *The Double Helix*, 114.

45. Watson, *The Double Helix*, 114.

46. “A few minutes later he [Crick] spotted the fact that two glycosidic bonds (joining base and sugar) of each base pair were systematically related by a diad axis perpendicular to the helical axis. Thus, both pairs could be flip – flopped over and still have their glycosidic bonds facing in the same direction. This had the important consequence that a given chain could contain both purines and pyrimidines. At the same time, it strongly suggested that the backbones of the two chains must run in opposite directions” (Watson, *The Double Helix*, 115) .

47. Crick, *What Mad Pursuit*, 74. This aesthetic criterion—the beauty and, hence, rightness of the double helix—rings through many accounts of the encounters with the molecule. Watson himself, at the end of an early 1950s inebriated after – dinner lecture about DNA, was (in Crick’s judgment) “at a loss for words. He gazed at the model, slightly bleary – eyed. All he could manage to say was ‘It’s so beautiful, you see, so beautiful!’ But then, of course, it was” (Crick, *What Mad Pursuit*, 79) . François Jacob, on first hearing from Watson about the structure of DNA, reflected that “this structure was of such simplicity, such perfection, such harmony, such beauty even, and biological advantages flowed from it with such rigor and clarity, that one could not believe it to be untrue” (*The Statue Within*, 270 – 71) .

48. Watson, *The Double Helix*, 115.

49. Watson and Crick, “Genetical Implications,” 965.

Chapter 4: Signature in the Cell

1. Watson and Crick, “A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid”; “Ge-

- netical Implications,” esp. 964; Schneider, “Information Content of Individual Genetic Sequences”; Loewenstein, *The Touchstone of Life*. Hood and Galas, “The Digital Code of DNA.”
2. Lewbel, “A Personal Tribute to Claude Shannon.”
 3. Gardner, *The Mind’s New Science*, 11.
 4. Horgan, “Unicyclist, Juggler and Father of Information Theory.”
 5. Shannon, “A Mathematical Theory of Communication.” Information theorists found it convenient to measure information additively rather than multiplicatively. Thus, the common mathematical expression ($I = -\log_2 p$) for calculating information converts probability values into informational measures through a negative logarithmic function, where the negative sign expresses an inverse relationship between information and probability.
 6. Shannon and Weaver, *The Mathematical Theory of Communication*, 8.
 7. Astbury and Street, “X – Ray Studies of the Structure of Hair, Wool and Related Fibres”; Judson, *The Eighth Day of Creation*, 61 – 62; Olby, *The Path to the Double Helix*, 63.
 8. Bergmann and Niemann, “Newer Aspects of Protein Chemistry.”
 9. According to Judson: “The man who released the present – day understanding of molecular specificity in living processes was Frederick Sanger. His determination, beginning in the mid – forties, of the amino – acid sequences of bovine insulin proved that they have no general periodicities. His methods and this surprising result had many consequences, of course: the most general and profound was that proteins are entirely and uniquely specified” (*The Eighth Day of Creation*, 88 – 89, 585). See Sanger and Thompson, “The Amino Acid Sequence in the Glycyl Chain of Insulin.”
 10. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 581 – 85.
 11. Olby, *The Path to the Double Helix*, 265.

细胞中的印记

12. Rose, “No Assembly Required,” 36, 28.
13. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 538.
14. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 539.
15. Kendrew, et al., “A Three – Dimensional Model of the Myoglobin Molecule,” 662 – 66.
16. Lodish, et al., *Molecular Cell Biology*, 321 – 23.
17. Gitt, *In the Beginning Was Information*, 192 – 93.
18. Lodish, et al., *Molecular Cell Biology*, 322.
19. Alberts, et al., *Molecular Biology of the Cell*, 111 – 12, 127 – 31.
20. As Monod expressed the point in an interview with Judson: “The first determination of the exact amino – acid sequence of a protein by Sanger” —the sequencing of bovine insulin between 1949 and 1955— “was absolutely essential. One could not even have begun to think seriously about the genetic code until it had been revealed, to begin with, that a protein is beyond the shadow of doubt a polypeptide in which the amino acid residues really are arranged in a definite, constant, genetically determined sequence—and yet a sequence with no rule by which it determined itself. Therefore it had to have a code—that is, complete instructions expressed in some manner—to tell it how to exist, you see” (Judson, *The Eighth Day of Creation*, 188) .
21. Watson and Crick, “Genetical Implications.”
22. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 332 – 33.
23. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 332 – 35.
24. Beadle and Tatum, “Genetic Control of Biochemical Reactions in *Neurospora*.” Though Beadle and Tatum’s results helped to establish that genes encode proteins, we now know that in most cases one gene encodes multiple RNA and protein products. See Gerstein, et al. “What Is a Gene, Post – ENCODE?”; Carninci, Yasuda, and Hayashizaki, “Multifaceted Mammalian Transcriptome”; Kapranov, Willingham,

- and Gingeras, "Genome - wide Transcription"; Pesole, "What Is a Gene?"
25. De Chadarevian, "Protein Sequencing and the Making of Molecular Genetics."
 26. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 453 - 70; Matthei and Nirenberg, "Characteristics and Stabilization of DNAase - Sensitive Protein Synthesis in *E. coli* Extracts"; "The Dependence of Cell - Free Protein Synthesis"; Zamecnik, "From Protein Synthesis to Genetic Insertion"; Brenner, Jacob, and Meselson, "An Unstable Intermediate"; Portugal and Cohen, *A Century of DNA*, 272, 298 - 302; Hoagland, et al. , "A Soluble Ribonucleic Acid Intermediate in Protein Synthesis."
 27. Alberts, et al. , *Molecular Biology of the Cell*, 106 - 8; Wolfe, *Molecular and Cellular Biology*, 48.
 28. Alberts, et al. , *Molecular Biology of the Cell*, 108.
 29. Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 110.
 30. Küppers, "On the Prior Probability of the Existence of Life," 355 - 69.
 31. See Schneider, "Information Content of Individual Genetic Sequences." See also Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 246 - 58, for important refinements in the method of calculating the information - carrying capacity of proteins and DNA.
 32. Crick, "On Protein Synthesis"; Sarkar, "Decoding 'Coding,'" esp. 857; "Biological Information."
 33. Orgel, *The Origins of Life*, 189.
 34. Dawkins, *River Out of Eden*, 17.
 35. Gates, *The Road Ahead*, 188.
 36. Yockey, "Origin of Life on Earth," esp. 105.

Chapter 5: The Molecular Labyrinth

1. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 264.
2. Gamow, "Possible Relation Between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures"; "Possible Mathematical Relation Between Deoxyribonucleic Acid and Proteins."
3. Gamow, "Possible Relation Between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures." As Judson explains, Gamow thought that the "permutations of the bases formed holes of different shapes... into which various amino acids fit as specifically as keys into locks" (*The Eighth Day of Creation*, 256 - 57) .
4. Crick, "On Degenerate Templates."
5. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 291.
6. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 258.
7. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 291.
8. De Chadarevian, "Protein Sequencing and the Making of Molecular Genetics."
9. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 585.
10. <http://ascii-table.com/> (last accessed July 5, 2008) .
11. Crick, "On Degenerate Templates," 8 - 9.
12. Crick, "On Degenerate Templates," 8 - 9.
13. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 293.
14. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 292.
15. Zamecnik, "From Protein Synthesis to Genetic Insertion."
16. Brenner, Jacob, and Meselson, "An Unstable Intermediate."
17. Lengyel, Speyer, and Ochoa, "Synthetic Polynucleotides and the Amino Acid Code"; Nirenberg and Matthaei, "The Dependence of Cell - Free Protein Synthesis."

18. Portugal and Cohen, *A Century of DNA*, 272, 298 – 302.
19. Hoagland, et al. , “A Soluble Ribonucleic Acid Intermediate in Protein Synthesis.”
20. Jones, *CAD/CAM*.
21. Beeby, “The Future of Integrated CAD/CAM Systems.”
22. Watson, et al. , *Molecular Biology of the Gene*, vol. 1: 360 – 81.
23. Fraser, et al. , “The Minimal Gene Complement.”
24. Watson, et al. , *Molecular Biology of the Gene*, vol. 1: 368 – 80.
25. Wolfe, *Molecular and Cellular Biology*, 580 – 81, 639 – 48.
26. Wolfe, *Molecular and Cellular Biology*, 639, 731.
27. Lodish, et al. , *Molecular Cell Biology*, 342 – 45; Wolfe, *Molecular and Cellular Biology*, 727 – 30.
28. Cramer, et al. , “Structure of Eukaryotic RNA Polymerases.”
29. Wolfe, *Molecular and Cellular Biology*, 580 – 81.
30. Introns are now known to perform many functions in the cell, including (a) encoding transcriptional (and mutational) control elements, (b) encoding nontranslated RNAs and their transcriptional regulatory sequences, and (c) encoding RNA splicing control elements. See Sowpati, et al. , “An Intronic DNA Sequence within the Mouse Neuronatin Gene Exhibits Biochemical Characteristics of an ICR and Acts as a Transcriptional Activator Gene in *Drosophila*,” 963 – 73; Ozsolak, et al. “Chromatin Structure Analyses Identify miRNA Promoters,” 3172 – 83. Wang, et al. “Splicing Regulation: From a Parts List of Regulatory Elements to an Integrated Splicing Code,” 802 – 13.
31. Lodish, et al. , *Molecular Cell Biology*, 437 – 38.
32. Fraser, et al. , “Minimal Gene Complement,” 399.
33. Watson, et al. , *Molecular Biology of the Gene*, vol. 1: 393 – 430.
34. Watson, et al. , *Molecular Biology of the Gene*, vol. 1: 443.
35. Lodish, et al. , *Molecular Cell Biology*, 116 – 34.

细胞中的印记

36. Lodish, et al. , *Molecular Cell Biology*, 120 – 25.
37. Lodish, et al. , *Molecular Cell Biology*, 120 – 25.
38. Fraser, et al. , “Minimal Gene Complement,” 399.
39. Fraser, et al. , “Minimal Gene Complement,” 618 – 22.
40. Lewontin, “The Dream of the Human Genome.”
41. Goodsell, *The Machinery of Life*, 45.
42. Monod, *Chance and Necessity*, 143.
43. Bult, et al. , “Complete Genome Sequence”; Glass, et al. , “Essential Genes of a Minimal Bacterium.”
44. Lewontin, “The Dream of the Human Genome,” esp. 33.
45. Goodsell, *The Machinery of Life*, 45.
46. Popper, “scientific Reduction.”
47. Monod, *Chance and Necessity*, 143.

Chapter 6: The Origin of Science and the Possibility of Design

1. Dyson, *Origins of Life*, 18.
2. Biever, “The God Lab.”
3. I’m not, of course, invoking the example of such genius to claim a similar stature, but rather to highlight the legitimacy of a particular form of scientific inquiry—one that I was inspired to pursue by my admiration for these examples of boldness and willingness to think “outside the box” and perceive possibilities that had not been considered before, even by others who had access to all the same facts.
4. Whitehead, *Science and the Modern World*, 2 – 4, 13.
5. Fuller, *Science vs. Religion?* 15. See also; Crombie, *Augustine to Galileo*; Jaki, “Science: Western or What?”; Butterfield, *The Origins of Modern Science*; Hooykaas, *Religion and the Rise of Modern Science*.
6. As cited in Holton, *Thematic Origins of scientific Thought*, 86.

7. "God is a most free agent, and created the world not out of necessity but voluntarily, having framed it as he pleased and thought fit at the beginning of things, when there was no substance but himself and consequently no creature to which he could be obliged, or by which he could be limited" (Boyle, *A Free Enquiry*, 160) .
8. Hodgson, "The Christian Origin of Science," 145.
9. Hodgson, "The Christian Origin of Science," 142.
10. Watson, *The Double Helix*, 133 - 34.
11. Agassiz, *Essay on Classification*; see also Rieppel, "Louis Agassiz (1807 - 1873) and the Reality of Natural Groups," 34.
12. "Rational inquiry must inevitably, in Linné's [Linnaeus] opinion, lead, not to skepticism or disbelief, but to the acknowledgment of and respect for an omniscient and omnipotent Creator" (Larson, *Reason and Experience*, 151) .
13. The full passage reads: "For the characters and impressions of wisdom that are conspicuous in the curious fabric and orderly train of things can with no probability be referred to blind chance, but must be ascribed to a most intelligent and designing agent" (Boyle, *A Free Enquiry*, 101) . See also Lennox, "Robert Boyle's Defense of Teleological Inference. "
14. Newton, General Scholium, *Mathematical Principles of Natural Philosophy* (1969) .
15. Newton, General Scholium, *Mathematical Principles of Natural Philosophy* (1969) .
16. Scott, Testimony Before the U. S. Commission on Civil Rights.
17. Meyer, Testimony Before the U. S. Commission on Civil Rights.
18. I also remembered in my reading of the great chemist Robert Boyle that he thought that scientists and philosophers ask different kinds of questions about natural objects. Boyle noted that scientists usually ask what something is made of and how it works or operates, whereas philoso-

细胞中的印记

phers or theologians ask what the purpose of something is. But Boyle noted that there was a third kind of question that scientists ask that stands at the boundary between science and philosophy. That question is, “How did this originate?” or “Where did this come from?” So I thought maybe there is a special class of scientific questions that required a special method of investigation.

Chapter 7: Of Clues to Causes

1. Gould, “Evolution and the Triumph of Homology.” Following the nineteenth – century philosopher of science William Whewell, Gould describes the process of testing in the historical sciences as seeking “consilience.” “Consilience” occurs when many facts can be explained well by a single proposition or theory. Gould also notes that despite the differences between historical and experimental sciences, both share “nomothetic undertones,” meaning, in the case of the historical sciences, that they depend upon knowledge of the laws (Greek *nomos*) of nature to make inferences about the past (see esp. 64 – 65) . Cleland, “Methodological and Epistemic Differences”; “Historical Science, Experimental Science, and the scientific Method.”
2. Meyer, “Of Clues and Causes.”
3. Morris, *The Crucible of Creation*, 63 – 115.
4. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences; History of the Inductive Sciences*.
5. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 1st ed. , 95 – 123; 2nd ed. , 637 – 65; Meyer, “Of Clues and Causes,” 12 – 23.
6. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 1st ed. , 95 – 96; 2nd ed. , 637 – 38; *History of the Inductive Sciences*, 3: 397; Meyer, “Of Clues and Causes,” 12 – 13.

7. Although most inductive sciences sought to *establish* general laws via induction, palaeontology sought to *use* knowledge of such generalizations *in order to* establish past causal conditions or events that could, in turn, be used to explain present events or “manifest effects.”
8. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 1st ed. , 112 – 13, 121 – 22; 2nd ed. , 654 – 55, 663 – 64; Meyer, “Of Clues and Causes,” 18 – 22. For a contemporary study of how singular or past events can explain other events, see Alston, “The Place of the Explanation of Particular Facts in Science”; Martin, “Singular Causal Explanation”; Gallie, “Explanations in History and the Genetic Sciences.”
9. Hodge, “The History of the Earth, Life, and Man,” esp. 262.
10. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 1st ed. , 95, 101 – 4, 121; 2nd ed. , 637, 643 – 46, 663. See also Meyer, “Of Clues and Causes,” 14 – 18.
11. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 1st ed. , 113, 121; 2nd ed. , 665, 663.
12. Gould, “Evolution and the Triumph of Homology,” 62.
13. Morris, *The Crucible of Creation*, 63 – 115; Gould, *Wonderful Life*.
14. Meyer, “Of Clues and Causes,” 36 – 76; Cleland, “Historical Science, Experimental Science, and the scientific Method”; Gould, “Evolution and the Triumph of Homology.”
15. Peirce, *Collected Papers*, 2: 372 – 88. Later Peirce adapted his mode of classifying forms of reasoning so it would not contradict his earlier classification scheme, but in so doing he made its implications for the methodology of historical science less apparent. Only his early classification scheme is appropriated in this discussion. See also Fann, *Peirce’s Theory of Abduction*, 28 – 34.
16. Peirce, *Collected Papers*, 2: 375; “Abduction and Induction.”
17. Peirce, *Collected Papers*, 2: 375, emphasis added.

细胞中的印记

18. Chamberlain, “The Method of Multiple Working Hypotheses.” Chamberlain, though a contemporary of Peirce, does not address the limits of abductive reasoning by name. Nevertheless, he advances the method of multiple competing hypotheses to address the problem just the same. In his seminal article, he recommends that geologists (and presumably other historical scientists) use the method to protect against prematurely establishing a merely possible explanation as a single “ruling theory.” Moreover, his concern arises specifically in the context of geological and historical sciences in which many possible causes may conceivably explain the origin of present features of the earth. Chamberlain uses as an example a geologist who faces this problem as he tries to explain the origin of the Great Lakes basin.
19. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 1.
20. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 1.
21. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 56 – 74.
22. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 133 – 57. A concrete example supportive of Lipton’s claims can be found in a fascinating case study by University of Maryland historian of science Stephen Brush, who showed that, in the case of Einstein’s theory of general relativity, the ability to explain many already known facts played a far greater role in general relativity’s acceptance than did the few successful predictions it made. See Brush, “Prediction and Theory Evaluation.”
23. Prior to Lipton’s work, the most common conception of scientific reasoning had been advanced by Sir Karl Popper, a British – Hungarian philosopher of science. Popper taught that for a theory to be scientific it must be testable against the evidence. Furthermore, he insisted that to test a scientific theory, scientists must make predictions based upon the theory and then observe whether the predictions came true. Typically, scientists do this by establishing a set of highly controlled conditions in

the laboratory and then conducting an experiment to see if the outcome conforms to their expectations based on the theory in question. If the predictions come true, the theory passes the experimental test and can be regarded as “confirmed,” but not as “verified.” If the prediction fails to materialize, however, the experiment is said to have falsified the theory—unless, of course, it can be determined that some other factor, such as faulty experimental apparatus, is responsible for the failed test. Another philosopher, Carl Hempel, had a similar idea. He argued that to explain an event scientifically, scientists need to be able to deduce an event from a set of initial conditions and scientific laws. Lipton’s work showed that Popper’s and Hempel’s conceptions of scientific testing and explanation were far too limited (*Inference to the Best Explanation*, 29 – 31, 75 – 98) . He showed that explanatory power played a key role in testing in many branches of science. I realized that Lipton’s work provided an excellent description of how historical scientists formulate and test their theories—something that Popper’s account of scientific testing could not do. Historical scientists usually do not make predictions or deduce outcomes in advance. Instead, historical scientific theories typically explain events after the fact and can be tested by comparing their explanatory power against that of their competitors.

24. Lipton summarized the problem this way: “One reason ‘Inference to the Best Explanation’ has been so little developed, in spite of its popularity, is clear. The model is an attempt to account for inference in terms of explanation, but our understanding of explanation is so patchy that the model seems to account for the obscure in terms of the equally obscure” (*Inference to the Best Explanation*, 2) .
25. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 32 – 55, 75 – 98.
26. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 32 – 98. A particularly helpful example can be found in Lipton’s extended discussion of Ignaz

细胞中的印记

- Semmelweis's well-known research on childbed fever, 75 – 98. See also Scriven, "Causes, Connections and Conditions in History," esp. 250.
27. For example, see Lyell's discussions in *Principles of Geology*, 1: 75 – 91; 3: 1 – 7.
28. William Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 2: 101.
29. For a discussion of the similarity between Lyell's principle of uniformitarianism and the *vera causa* principle adopted by Darwin, see Kavalovski, "The *Vera Causa* Principle," 78 – 103.
30. Darwin, *On the Origin of Species*, 80 – 130.
31. Darwin also argued that the process of descent with modification was a *vera causa* of certain kinds of patterns found among living organisms. He noted that diverse organisms share many common features. He called these "homologous" and noted that we know from experience that descendants, although they differ from their ancestors, also resemble them in many ways, usually more closely than others who are more distantly related. So he proposed descent with modification as a *vera causa* (a known cause) for homologous structures. That is, he argued that our uniform experience shows that the process of descent with modification from a common ancestor is "causally adequate" or capable of producing homologous features (*On the Origin of Species*, 131 – 70; esp. 159, where Darwin refers to the "community of descent" as a "*vera causa*" of homologies among plant species). See also Meyer, "Of Clues and Causes," 112 – 36; Kavalovski, "The *Vera Causa* Principle," 104 – 29; Hodge, "Darwin's Theory and Darwin's Argument"; Recker, "Causal Efficacy"; Kitcher, "Darwin's Achievement"; Hull, *The Philosophy of Biological Science*, 50 – 51.
32. Scriven, "Explanation and Prediction in Evolutionary Theory," 480 – 81; "Causes, Connections and Conditions in History," esp. 250.
33. Scriven, "Causes, Connections and Conditions in History," 250; "Ex-

- planation and Prediction in Evolutionary Theory,” 481. As Hodge explains: “One should invoke only causes whose... competence to produce such an effect can be known independently of their putative responsibility for that phenomenon” (“The Structure and Strategy of Darwin’s ‘Long Argument,’ ” 239) .
34. Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 481. See also Hodge, “The Structure and Strategy of Darwin’s ‘Long Argument,’ ” 239; Meyer, “Of Clues and Causes,” 79 – 111; see esp. 108 – 10 for a discussion comparing Scriven’s “retrospective causal analysis” and the *vera causa* principle.
35. See the discussion of Sober below. See also Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 480; “The Temporal Asymmetry of Explanations and Predictions. ”
36. Meyer, “Of Clues and Causes,” 96 – 108.
37. Sober, *Reconstructing the Past*, 1 – 5.
38. Sober, *Reconstructing the Past*, 3 – 4. I have modified Sober’s example in order to make its point clearer.
39. See also: Michael Scriven, “Causes, Connections and Conditions in History,” *Philosophical Analysis and History*, 250.
40. Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 480; Sober, *Reconstructing the Past*, 1 – 5; Alston, “The Place of the Explanation of Particular Facts in Science,” 23; Gallie, “Explanations in History and the Genetic Sciences,” 392.
41. Gallie, “Explanations in History and the Genetic Sciences,” 392.
42. Meyer, “Of Clues and Causes,” 96 – 108. See also Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 2: 240; Thagard, “The Best Explanation,” esp. 85. For background on Whewell’s ideas about consilience, see Butts, *William Whewell’s Theory of scientific Method*; Laudan, “William Whewell on the Consilience of Inductions. ”

细胞中的印记

43. Meyer, et al. , *Explore Evolution*, 4 – 5.
44. Scriven, “Causes, Connections and Conditions in History,” 250.
45. Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 481.
46. Scriven, “Causes, Connections and Conditions in History,” 251.
47. Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 481.
48. Meyer, “Of Clues and Causes,” 77 – 111.
49. Scriven, “Causes, Connections and Conditions in History,” 249 – 50.
50. Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 481.
51. See the extended discussion of this claim in Meyer, “Of Clues and Causes,” 112 – 36. For other relevant studies, see Kavalovski, “The *Vera Causa* Principle,” 104 – 29; Hodge, “Darwin’s Theory and Darwin’s Argument,” 167 – 74; Recker, “Causal Efficacy,” 147 – 75; Kitcher, “Darwin’s Achievement,” 127 – 89; Ruse, *The Darwinian Revolution*, 160 – 201; Hull, *The Philosophy of Biological Science*, 50 – 51.
52. Darwin, *Life and Letters*, 1: 437, emphasis added.
53. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 16.
54. Küppers, *Information and the Origin of Life*, 170 – 72.

Chapter 8: Chance Elimination and Pattern Recognition

1. Monod, *Chance and Necessity*, 97 – 98.
2. See Hogg, Craig, and McKean, *Introduction to Mathematical Statistics*, esp. the sections on statistical testing.
3. For a quick synopsis of Fisher’s views on hypothesis testing, see Fisher, *The Design of Experiments*, 13 – 17. For a fuller treatment, see Fisher, *Statistical Methods and Statistical Inference*. For Neyman and Pearson’s extension of Fisher’s ideas, which sets an explicit alternate hypothesis over and against a null hypothesis, see Ian Hacking, *The Logic of Statistical Inference*, 92 – 93. Hacking’s text also has an excellent historical

discussion of rejection regions (“rejection classes”) going back to the eighteenth – century work of John Arbuthnot and Nicholas Bernoulli and relating it to the work of Fisher (78 – 83) . For a Bayesian critique of Fisher’s ideas about statistical significance and hypothesis testing, see Howson and Urbach, *scientific Reasoning*, chap. 8. For Dembski’s response to Bayesian criticisms of Fisher’s theory and Dembski’s approach more generally, see Dembski, *The Design Revolution*, chap. 33, “Design by Elimination Versus Design by Comparison.”

4. The waiting time is computed in terms of a Poisson distribution. See Grimmett and Stirzaker, *Probability and Random Processes*, chap. 3.
5. Fisher, *The Design of Experiments*, 13 – 17.
6. Often scientists and statisticians have a wealth of data from their disciplines about how frequently certain events occur, data that helps them define these rejection regions. Other times they may define them based on their analysis of the relevant outcome – producing process, such as a roulette wheel, radioactive decay, or genetic recombination or mutation. Fisher argued that when events occur that fall within well – defined and prespecified rejection regions, the chance hypothesis could safely be eliminated from consideration. Given the chance hypothesis, it would be *more likely than not* that events would fall outside such a rejection region. In such cases, Fisher therefore concluded that something other than chance was operating—such as, in our previous illustration, Slick cheating at roulette or some physical defect in the roulette wheel (along with an apparently dim – witted croupier) .
7. In this case, a gaming commissioner will be on the lookout for an improbable ratio of victories for the casino, such as a roulette wheel that typically has bets on about half its numbers, but consistently turns up winners only one – fourth of the time.
8. William A. Dembski, “The Logical Underpinnings of Intelligent De-

细胞中的印记

sign,” in William

- A. Dembski and Michael Ruse, eds. , *Debating Design: From Darwin to DNA*, 314.
9. De Duve, *Singularities*, 233.
10. For the underlying mathematics, see Dembski, *The Design Inference*, 175 – 77. Dembski recycles this example for a more popular audience in his book *No Free Lunch*, 19.
11. Dembski puts the criminal’s situation in perspective: “The probability of getting 100 heads in a row on a given trial is so small that the prisoner has no practical hope of getting out of prison, even if his life expectancy and coin – tossing ability were dramatically increased. If he could, for instance, make 10 billion attempts each year to obtain 100 heads in a row (this is coin – flipping at a rate of over 500 coin – flips per second every hour of every day for a full year), then he stands an even chance of getting out of prison in 10^{20} years (i. e. , a hundred billion billion years) . His probabilistic resources are so inadequate for obtaining the desired 100 heads that it is pointless for him to entertain hopes of freedom” (*No Free Lunch*, 19) .

Chapter 9: Ends and Odds

1. Lehninger, *Biochemistry*, 782.
2. Wald, “The Origin of Life,” 48; Shapiro, *Origins*, 121.
3. Crick, “The Origin of the Genetic Code,” 369 – 70; Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 303 – 4.
4. Cairns – Smith, *The Life Puzzle*, 95.
5. De Duve, “The Beginnings of Life on Earth,” 437.
6. According to the advocates of chance, we are now observing in the DNA molecule or in proteins the outcome of a fortuitous sequence of random e-

vents. So, according to this hypothesis, if an observer had been on the early earth to watch this process, he or she would have witnessed an event very similar to a gambler turning up just the right card time after time after time. An astute observer would have witnessed a pattern, a pattern of events that produced a functionally significant outcome. De Duve's point is that just as we should be suspicious of chance in the case of the uncannily successful gambler, so should we be suspicious of chance in the game of life—and so should we be suspicious of chance as the explanation for the origin of life and the information it requires.

7. De Duve, "The Beginnings of Life on Earth," 437; Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 7; Morowitz, *Energy Flow in Biology*, 5 – 12; Hoyle and Wickramasinghe, *Evolution from Space*, 24 – 27; G. Cairns – Smith, *The Life Puzzle*, 91 – 96; Prigogine, Nicolis, and Babloyantz, "Thermodynamics of Evolution," 23 – 31; Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 246 – 58; "Self – Organization Origin of Life Scenarios and Information Theory"; Shapiro, *Origins*, 117 – 31; Behe, "Experimental Support for Regarding Functional Classes of Proteins"; Crick, *Life Itself*, 88.
8. Bult, et al. , "Complete Genome Sequence. "
9. In prokaryotic cells, the information content of the genes and their protein products are nearly equivalent. In eukaryotic cells, posttranscriptional processing of the amino – acid chain requires information beyond the information that encodes amino – acid sequences. Nevertheless, since prokaryotes arose on the earth first and have a simpler structure, they are thought to more closely resemble the first living cells. Thus, those calculating the probability of the first minimally complex cell arising by chance correctly assume that the genes and the proteins they encode had closely comparable information content—just as they do in modern prokaryotes.
10. The redundancy in the genetic code makes it easier as a practical matter

细胞中的印记

to calculate these odds using proteins.

11. Moorhead and Kaplan, *Mathematical Challenges to the Neo – Darwinian Interpretation of Evolution*.
12. Reidhaar – Olson and Sauer, “Functionally Acceptable Substitutions”; Bowie and Sauer, “Identifying the Determinants of Folding and Activity.”
13. Oddly, Sauer’s descriptions of his team’s results often downplay the rarity of functional sequences within sequence space. Instead, he often emphasizes the tolerance for different amino acids that is allowable at each site. For example, the abstract of the paper reporting the figure of 1 in 10^{63} makes no mention of that figure or its potential significance, stating instead that their results “reveal the high level of degeneracy in the information that specifies a particular protein fold” (Reidhaar – Olson and Sauer, “Functionally Acceptable Substitutions”) .
14. Bowie and Sauer, “Identifying the Determinants of Folding and Activity”; Reidhaar – Olson and Sauer, “Functionally Acceptable Substitutions”; Chothia, Gelfand, and Kister, “Structural Determinants in the Sequences of Immunoglobulin Variable Domain”; Axe, “Extreme Functional Sensitivity”; Taylor, et al. , “Searching Sequence Space for Protein Catalysts.”
15. See, e. g. , Perutz and Lehmann, “Molecular Pathology of Human Hemoglobin.”
16. Axe, “Estimating the Prevalence of Protein Sequences.”
17. Axe, “Estimating the Prevalence of Protein Sequences.”
18. Cramer, Bushnell, and Kornberg, “Structural Basis of Transcription.”
19. Hoyle and Wickramasinghe, *Evolution from Space*, 24 – 27.
20. Morowitz, *Energy Flow in Biology*, 5 – 12; Hoyle and Wickramasinghe, *Evolution from Space*, 24 – 27; Cairns – Smith, *The Life Puzzle*,

91 – 96; Prigogine, Nicolis, and Babloyantz, “Thermodynamics of Evolution,” 23 – 31; Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 246 – 58; “Self – Organization Origin of Life Scenarios and Information Theory”; De Duve, “The Beginnings of Life on Earth,” 437; Shapiro, *Origins*, 117 – 31; Crick, *Life Itself*, 88.

Chapter 10: Beyond the Reach of Chance

- 1 The number of possible ways to combine elementary particles (and thus the number of combinatorial possible events) is actually much greater than the number of different events that could have taken place in the history of the universe. Why? Because the occurrence of each individual event precludes the occurrence of many other possible events within the larger combinatorial space. The number of combinatorial possible events represents the number of different events that might have occurred before the universe actually unfolded in the way that it did. Dembski correctly identifies the maximum number of events that could *actually* occur in any given history of the universe as the number that determines the probabilistic resources of the universe. This smaller number determines how many opportunities the universe has to produce a particular outcome by chance. As Dembski explains, it is not the total number of combinatorial possible events (or elementary particles) in the universe that determines the available probabilistic resources, but how many opportunities there are to “individuate” actual events. See Dembski, *The Design Inference*, chap. 6; see also 209, n. 15.
- 2 For Dembski’s treatment of probabilistic resources at the scale of the known universe, see Dembski, *The Design Inference*, chap. 6.
- 3 The elementary particles enumerated in this calculation include only protons, neutrons, and electrons (fermions), because only these parti-

细胞中的印记

cles have what physicists call “half – integral spin,” which allows them to form material structures. This calculation does not count bosons, which cannot form material structures, but instead only transmit energy. Nor does this calculation count the quarks out of which protons and neutrons are made, because quarks are necessarily bound together within these particles. Even if quarks were counted, however, the total number of elementary particles would change by less than one order of magnitude because there are only three quarks per proton or neutron.

- 4 To be safe, Dembski rounded the number he had calculated up a few orders of magnitude to 10^{150} , though without any physical or mathematical justification. Since he didn't need to do this, I decided to use his more accurate, if less round, number as the actual measure of the probabilistic resources of the universe in my evaluations of the chance hypothesis.
- 5 Cryptographers, for instance, have established 1 chance in 10^{94} as a universal limit. They interpret that improbability to mean that if it requires more than 10^{94} computational steps to decrypt a cryptosystem, then it is more likely than not that the system won't be cracked because of the limited probabilistic resources of the universe itself.
- 6 Borel, *Probabilities and Life*, 28 – 30.
- 7 Van de Sande, “Measuring Complexity in Dynamical Systems.”
- 8 Dam and Lin, eds., *Cryptography's Role in Securing the Information Society*, 380, n. 17; Lloyd, “Computational Capacity of the Universe”; see also Kauffman, *Investigations*, 144.
9. Sometimes after I explain the odds against producing a protein of even modest length by chance, someone will ask why a shorter functional protein couldn't have arisen by chance and then gradually evolved into a larger one. Sometimes critics point out that some functional amino acid chains, such as peptide hormones, have fewer than 150 amino acids. Some peptide hormones, for example, are just a few tens of ami-

no acids long, though some are much longer. And there are also some proteins that are shorter than 150 amino acids. Critics ask me, "Couldn't such molecules have arisen by chance and then evolved into longer functional molecules?" There are a number of problems with this scenario. First, functional proteins (including all enzymes) depend upon complex folds, or "tertiary structures." Attaining tertiary structure in proteins requires about 50 properly sequenced amino acids for the simplest structures and many more (typically hundreds) for more typical structures. Moreover, these thresholds of minimal function vary from protein to protein. Just because one protein fold or tertiary structure may need "only" 50 specifically sequenced amino acids does not mean that another can form with that few. Most can't. The protein equivalent of a ruler may form with only 50 amino acids, but the hammer and saw may need 150, the wrench 200, and the drill 300. Many of the functions that a minimally complex cell requires depend upon these longer proteins. Thus, the presence of some shorter proteins or peptide hormones in living systems does nothing to obviate the need for many larger proteins in the origin of life. Moreover, as protein chemist Doug Axe explains in more detail in a forthcoming article ("The Nature of Protein Folds: Quantifying the difficulty of an Unguided Search Through Protein Sequence Space") there are physical reasons that short proteins with small tertiary structures can't be gradually transformed into larger tertiary structures. Short proteins typically exhibit a hydrophilic exterior. To build a larger structure around them, at least some of this hydrophilic exterior would have to become interior to the larger structure. But this requires, among other things, that a region of hydrophilic surface become hydrophobic, which in turn requires many simultaneous amino acid changes. Having a short protein to start with contributes little or nothing toward building a larger one. The same probabilistic hurdles have to be o-

细胞中的印记

vercome in sequencing. In any case, it is important to distinguish between peptides that function without a folded structure at all and proteins that function only with a folded structure. The former (which includes the shorter peptide hormones) are functional only by virtue of binding to larger folded protein structures. But this implies that these shorter molecules have no function—and no selective advantage—apart from the prior existence of much larger protein molecules. Thus, citing functional peptide hormones as a starting point in evolution begs the question as to the origin of the larger protein molecules that give them functional significance. It only pushes the problem back to where it started—to the problem of explaining the origin of large functionally specified proteins by chance. Indeed, absent long functional protein molecules—and, realistically, a minimally complex self-reproducing cell—there would be no context to confer functional significance or advantage on either unfolded peptide hormones or shorter proteins (for that matter).

10. If Slick had replaced each marble before he searched again, the number of marbles he would have needed to sample to have a 50 percent chance of finding the red one would have been significantly more than 5,000. The probability of selecting a red marble in n random draws with replacement from the sack is given by the equation $1 - q^n$, where q equals the proportion of blue marbles. The variable q is given by the equation $q = 1 - p$ where p is the proportion of red marbles in the gunny-sack. If $p = .0001$, then $q = 1 - .0001$, or $.9999$. It follows that Slick would have a 50 percent chance of finding a red marble only after he had sampled 6,931 marbles. Indeed, the probability of finding the red marble reaches $1/2$ only if $n = \log(.5) / \log(.9999) = 6,931$. For the relevant math see Feller, *An Introduction to Probability Theory*, 49.
11. For the record, most of the skeptics about the chance hypothesis to

- whom I refer here (Christian de Duve, Alexander G. Cairns – Smith, P. T. Mora, Hubert Yockey, Ilya Prigogine, Robert Shapiro, the later Francis Crick ca. 1980) were not advocates of intelligent design.
12. Mora, “Urge and Molecular Biology,” 215.
 13. Miller, “A Production of Amino Acids.”
 14. Abelson, “Chemical Events on the Primitive Earth”; Florkin, “Ideas and Experiments in the Field of Prebiological Chemical Evolution”; Fox and Dose, *Molecular Evolution and the Origin of Life*, 43, 74 – 76; Cohen, “Novel Center Seeks to Add Spark to Origins of Life”; Walker, *Evolution of the Atmosphere*, 210, 246; Kerr, “Origin of Life”; Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life’s Origin*, 73 – 94; Horgan, “In the Beginning”; Kasting, “Earth’s Early Atmosphere.”
 15. Towe, “Environmental Oxygen Conditions”; Berkner and Marshall, “On the Origin and Rise of Oxygen Concentration,” 225; Kasting, “Earth’s Early Atmosphere”; Brinkman, “Dissociation of Water Vapor and Evolution of Oxygen,” 5355; Dimroth and Kimberly, “Pre – Cambrian Atmospheric Oxygen,” 1161; Carver, “Prebiotic Atmospheric Oxygen Levels,” 136; Holland, Lazar, and McCaffrey, “Evolution of the Atmosphere and Oceans”; Kasting, Liu, and Donahue, “Oxygen Levels in the Prebiological Atmosphere”; Kerr, “Origin of Life”; Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life’s Origin*, 73 – 94.
 16. Holland, *The Chemical Evolution of the Atmosphere and Oceans*, 99 – 100; Schlesinger and Miller, “Prebiotic Synthesis in Atmospheres Containing CH₄, CO, and CO₂,” 376; Horgan, “In the Beginning.”
 17. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life’s Origin*, 69 – 98; Dembski and Wells, *The Design of Life*, 222 – 24.
 18. Thaxton and Bradley have shown that polymerizing amino acids under reducing conditions releases 200 kcal. of energy per mole, whereas polymerizing amino acids in neutral conditions requires an *input* of 50

细胞中的印记

- kcal. of energy per mole ("Information and the Origin of Life," 184) .
19. Brooks, *The Origins of Life*, 118.
 20. Schwartz, "Intractable Mixtures and the Origin of Life," 656.
 21. Dean Kenyon, in Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*, vi.
 22. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*, 102.
 23. Thaxton and Bradley, "Information and the Origin of Life," 184; Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*, 100 – 101.
 24. De Duve, "The Beginnings of Life on Earth," 437; emphasis added.
 25. Koonin, "The Cosmological Model of Eternal inflation."

Chapter 11: Self – Organization and Biochemical Predestination

1. Kenyon and Steinman, *Biochemical Predestination*, 31.
2. Kenyon and Steinman, *Biochemical Predestination*, 206.
3. Kenyon and Steinman, *Biochemical Predestination*, 207.
4. These differences in bonding affinity are due to steric (spatial) hindrances between the side chains of the different amino acids. Longer side chains block each other and impede the formation of peptide bonds.
5. Kenyon and Steinman, *Biochemical Predestination*, 207.
6. The most prominent advocate of the protein – first origin – of – life model during this time period was Sidney Fox. Fox not only thought that the first functional macromolecules would have been proteins, but he thought the first protocells would have been enclosed with membranelike enclosures made from polypeptides. He called these circular enclosures proteinoid microspheres. See Fox, "Simulated Natural Experiments."
7. *Biochemical Predestination* cemented Kenyon's reputation as a world – class originof – life researcher. For example, in 1974, Kenyon was invited to publish an article in a prestigious *Festschrift* in honor of Alek-

- sandr I. Oparin. The volume included essays from most of the leading origin – of – life researchers at the time and included an introduction from Oparin himself. See Kenyon, “Prefigured Ordering and Proto – Selection in the Origin of Life,” in Dose, et al. , *The Origin of Life and the Evolutionary Biochemistry*, 207 – 20; see also table of contents, v – vii.
8. Solomon Darwin, <http://www.haas.berkeley.edu/faculty/darwin.html> (last accessed September 9, 2008) . Professor Kenyon conveyed the details of this story to me in a personal interview.
 9. Steinman and Cole, “Synthesis of Biologically Pertinent Peptides,” 745 – 41. Though Kenyon and Steinman expected that the amino – acid sequences in the proteins in extant organisms would strongly resemble the original proteins from which they had evolved, they did not expect that they would exhibit an exact sequence identity. Instead, as Kenyon told me, “we thought that the primordial amino – acid sequences would have different mutation histories within the subsequently evolving lineages of cells, but thought that much of the primordial sequence specificity would still be intact today. ”
 10. Kok, Taylor, and Bradley, “A Statistical Examination of Self – Ordering. ”
 11. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 301 – 4, 308 – 12.
 12. Crick, *Of Molecules and Men*, 10.
 13. Dawkins, *River Out of Eden*, 17.
 14. Polanyi, “Life Transcending Physics and Chemistry,” 55.
 15. Polanyi, “Life Transcending Physics and Chemistry,” 55; “Life’s Irreducible Structure,” 1309.
 16. Polanyi, “Life’s Irreducible Structure,” 1309.
 17. Polanyi, “Life’s Irreducible Structure,” 1309.
 18. Polanyi, “Life’s Irreducible Structure,” 1309.
 19. The bases do participate in weak van der Waals and hydrophobic inter-

细胞中的印记

actions, but these chemical affinities are so slight and nonspecific as to be incapable of determining the specific sequential arrangements of the bases in the DNA molecule.

20. Küppers, "On the Prior Probability of the Existence of Life," 364.
21. De Duve, "The Beginnings of Life on Earth," 428 – 37, esp. 437.
22. Note that the "RNA world" scenario was not devised to explain the origin of the sequence specificity of biomacromolecules. Rather, it was proposed as an explanation for the origin of the interdependence of nucleic acids and proteins in the cellular information – processing system. By proposing an early earth environment in which RNA performed both the enzymatic functions of modern proteins and the information – storage function of modern DNA, "RNA first" advocates sought to formulate a scenario making the functional interdependence of DNA and proteins unnecessary to the first living cell. In so doing, they sought to make the origin of life a more tractable problem. Chapter 14 examines this hypothesis and the many problems it has encountered.
23. An article heralding a breakthrough for "RNA world" scenarios makes this clear. After telling how RNA researcher Jack Szostak had succeeded in engineering RNA molecules with a broader range of catalytic properties than previously known, science writer John Horgan makes a candid admission: "Szostak's work leaves a major question unanswered: How did RNA, self – catalyzing or not, arise in the first place?" ("The World According to RNA") .
24. The National Center for Biotechnology Information (NCBI) maintains a Web archive where the currently known variant codes, both nuclear and mitochondrial, are listed; see <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Utils/wprintgc.cgi#SG4> (last accessed September 10, 2008) .
25. Polanyi, "Life's Irreducible Structure," 1309.

26. This, in fact, happens where adenine and thymine interact chemically in the complementary base pairing *across* the information – bearing axis of the DNA molecule. *Along* the message – bearing axis, however, there are no chemical bonds or differential bonding affinities that determine sequencing.
27. Stalnaker, *Inquiry*, 85.
28. Dretske, *Knowledge and the Flow of Information* (1981), 12.
29. As noted in Chapter 4, the information – carrying capacity of any symbol in a sequence is inversely related to the probability of its occurrence. The informational capacity of a sequence as a whole is inversely proportional to the product of the individual probabilities of each member in the sequence. Since chemical affinities between constituents (“symbols”) increase the probability of the occurrence of one, given another (i. e. , necessity increases probability), such affinities decrease the information – carrying capacity of a system in proportion to the strength and relative frequency of such affinities within the system.
30. Yockey, “Self – Organization Origin of Life Scenarios. ”
31. Polanyi, “Life’s Irreducible Structure, ” 1309.

Chapter 12: Thinking Outside the Bonds

1. Nicolis and Prigogine, *Self – Organization in Nonequilibrium Systems*, 339 – 53, 429 – 47.
2. Prigogine, Nicolis, and Babloyantz, “Thermodynamics of Evolution, ” 23 – 31. Prigogine’s statement in full: “The probability that at ordinary temperatures a macroscopic number of molecules are assembled to give rise to the highly ordered structures and to the coordinated functions characterizing living organisms is vanishingly small. The idea of spontaneous genesis of life in its present form is therefore highly improbable,

细胞中的印记

even on the scale of the billions of years during which prebiotic evolution occurred. ”

3. Yockey, “A Calculation of the Probability of Spontaneous Biogenesis,” esp. 380.
4. Eigen, *Steps Toward Life*, 12.
5. Kauffman, *At Home in the Universe*, 274.
6. Fry, *The Emergence of Life on Earth*, 158.
7. Kauffman, *The Origins of Order*, 285 – 341.
8. Kauffman, *The Origins of Order*, 299. He also cited proteins in the blood – clotting cascade that “cleave essentially single – target polypeptides” to support his claim that some low – specificity proteins can perform biological functions.
9. Creighton, *Proteins*, 217 – 21.
10. See the entry for trypsin at <http://www.expasy.org/cgi-bin/niceprot.pl?P07477> (last accessed September 15, 2008) .
11. Kauffman, *The Origins of Order*, 298.
12. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life’s Origin*, 127 – 43.
13. Shapiro, “A Simpler Origin of Life,” 47 – 52.
14. Shapiro, “A Simpler Origin of Life,” esp. 52.
15. Lifson, “On the Crucial Stages”; Joyce, “RNA Evolution and the Origin of Life”; Dover, “On the Edge.”
16. Kauffman, *At Home in the Universe*, 47 – 92.
17. Kauffman, *At Home in the Universe*, 53, 89, 102.
18. Kauffman, *At Home in the Universe*, 86, 88.
19. De Duve, “The Beginnings of Life on Earth,” 437, emphasis added. De Duve also notes: “The probability of any given card distribution is infinitesimally small. Yet no bridge player has ever exclaimed at being witness to a near – miracle. What would be a miracle, however, or, rather, unmistakable evidence of trickery, is if the same distribution

should be dealt again, even once” (*Singularities*, 4) .

20. De Duve, “The Beginnings of Life on Earth,” 437.

21. De Duve, *Vital Dust*, 9 – 10, emphasis added. In April 2000, I presented my case for intelligent design in a talk titled “DNA by Design” in a session with Chris tian de Duve at the “Nature of Nature Conference” at Baylor University. In the discussion after my presentation, de Duve explained that he had agreed with everything I had presented *except* “the last slide,” by which he meant my criticism of his statement on that slide. The slide to which he referred contained the quote cited in the main body of the text to which this note refers. De Duve’s response to my presentation revealed that his differences with me were not scientific. Indeed, he has acknowledged the same problems with the main naturalistic explanations for the origin of biological information that I had described. Rather, our differences were mainly philosophical and methodological. Because of his understanding of the definition of science, he was unwilling to consider the design hypothesis. I was not.

Chapter 13: Chance and Necessity, or the Cat in the Hat Comes Back

1. Oparin, *The Origin of Life* (1938), 64 – 103, 107 – 8; Meyer, “Of Clues and Causes,” 174 – 79, 194 – 98, 211 – 12.
2. Oparin, *The Origin of Life* (1938), 133 – 35.
3. Oparin, *The Origin of Life* (1938), 148 – 59.
4. Oparin, *The Origin of Life* (1938), 195.
5. Oparin, *Genesis and Evolutionary Development of Life*, 146 – 47.
6. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 326; Oparin, *Genesis and Evolutionary Development of Life*, 146 – 47.
7. Kamminga, “Studies in the History of Ideas,” 300 – 301, 308 – 28.

细胞中的印记

8. Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 301.
9. Kamminga, "Studies in the History of Ideas," 323 – 28; Oparin, *Origin of Life on Earth* (1957), 229 – 90; *Genesis and Evolutionary Development of Life*, 127 – 51.
10. Versions of the gene theory, such as Richard Dawkins's "selfish gene" hypothesis (see Dawkins, *The Selfish Gene*) and the theory that life began as self – replicating RNA, have persisted to the present day. The latter idea has been the subject of extensive investigation during the mid – 1980s.
11. Pattee, "The Problem of Biological Hierarchy," esp. 123.
12. De Duve, *Blueprint for a Cell*, 187.
13. Dobzhansky, "Discussion of G. Schramm's Paper," 310.
14. Joyce and Orgel, "Prospects for Understanding," esp. 8 – 13.
15. Mora, "The Folly of Probability," 311 – 12; Bertalanffy, *Robots, Men and Minds*, 82.
16. Von Neumann, *Theory of Self – Reproducing Automata*.
17. Pennisi, "Seeking Life's Bare (Genetic) Necessities," 1098 – 99; Mushegian and Koonin, "A minimal gene set," 10268 – 73.
18. Wigner, "The Probability of the Existence of a Self – reproducing Unit," 231 – 35; Morowitz, "The Minimum Size of the Cell"; *Energy Flow in Biology*, 10 – 11.
19. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, ix.
20. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 16.
21. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 1.
22. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 43.
23. Hubert Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 247.
24. Though many regard hypercycles as a self – organizational model that produces information purely by deterministic chemical reactions, I prefer to address them as a model that relies on both chance and necessity,

- because the initial complement of information necessary to make them work (even hypothetically) clearly does not come from any self – organization process and thus presumably must come from chance.
25. Eigen and Schuster, “The Hypercycle.”
 26. Smith, “Hypercycles and the Origin of Life”; Dyson, *Origins of Life*, 9 – 11, 35 – 39, 65 – 66, 78; Shapiro, *Origins*, 161.
 27. See the critical discussion of Eigen’s hypercycle in Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 275 – 77. Yockey cites Eigen as acknowledging that the “hypercyclic link would then become effective only after concentrations have risen to sufficiently high level... There is only one solution to this problem: the hypercycle must have a precursor, present in high natural abundance, from which it originates gradually by a mechanism of mutation and selection” (275) .
 28. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 46 – 49; Küppers, “On the Prior Probability of the Existence of Life.”
 29. Küppers, “On the Prior Probability of the Existence of Life,” 366.
 30. Dawkins reports the following as “10th generation” phrases, arising as intermediate “progeny” of his Weasel program: MDLDMNLS ITJISWHRZREZ MECS P and Y YVMQKSPFTXWSHLIKEFV HQYSPY. This sequence contains a few small words. A few small English words (for example, IT and ME) are imbedded in these longer strings of gibberish. In the context of the surrounding gibberish, however, these short strings perform no communication function and thus provide nothing “selectable” by the logic of natural selection that Dawkins means to simulate. Even if they did, these short strings lack the complexity of genes and protein and thus do not simulate the amount of complexity that would need to arise by chance in biology before selection can play a role.
 31. Berlinski, “On Assessing Genetic Algorithms.”

细胞中的印记

32. Schneider, "Evolution of Biological Information."
33. See <http://www-lmmb.ncifcrf.gov/~toms/paper/ev/> (last accessed September 17, 2008).
34. Schneider, "Evolution of Biological Information," 2794, emphasis added.
35. Schneider, "Evolution of Biological Information," 2796. In his simulation, Schneider treats 131 specified digital characters as equivalent to a protein-binding site on a gene. Schneider indicates that his computer organism has 265 digital characters, roughly 134 or so of which are dedicated to computing. That leaves 131 digital characters corresponding to the binding site, the generation of which *Ev* attempts to simulate (see the caption to Figure 1, p. 2796). A successful simulation would, therefore, involve specifying 131 digital characters ("zeros" and "ones"), or 131 bits of information.
36. Schneider, "Evolution of Biological Information," 2795.
37. The amount of exogenous information is equal to the difference between the amount of endogenous information and the amount of active information. It represents the amount of information that a purely random unguided search must generate after all active information has been used to search for a target.
38. Links to Robert Marks's papers analyzing *Ev* and other evolutionary algorithms are available on the interactive Web site supporting this book, www.signatureinthecell.com. See also Dembski and Marks, "The Search for a Search." Dembski and Marks, "The Conservation of Information."
39. Adami and Brown, "Evolutionary Learning."
40. Lenski, et al., "The Evolutionary Origin of Complex Features."
41. Lenski, et al., "The Evolutionary Origin of Complex Features," 139.
42. Pennock, "Does Design Require a Designer?" See also Pennock,

“Learning Evolution.”

43. In these determinations, the character “1” typically represents true and the character “0” typically represents false. After reading a pair of binary digits, a computer applying an OR function will register a “1” if it is true that one “or” the other of the digits represented true, that is, that one “or” the other of the digits was a “1.” In the same way, if the computer applies an AND to the pair of binary numbers it will register a “1” if both characters—first and second—represent true—i. e., if they are “1” s.” It will register a “0” otherwise.
44. In particular, the *Avida* organism generates an output indicating that the logic function EQU has been performed on the input. Computer scientists will recognize EQU as a compound logic function that is equivalent to AND, OR, and NOR being performed in sequence.
45. Lenski, et al., “The Evolutionary Origin of Complex Features,” 139.
46. Even as a demonstration of how biological evolution—mutation and natural selection—might generate new information, *Avida* leaves much to be desired. To understand why requires knowing a bit more about the way *Avida* functions. After the evaluation algorithm has detected a logic function, *Avida* will replicate the loop of instructions that generated the logic function more frequently than it would have otherwise. *Avida* then randomly mutates the instructions in that loop before allowing them to operate again on the set of input strings. As noted, each of these instructions is, in fact, information – and content – rich. Yet *Avida* does not mutate the content of these instructions themselves. Instead, it changes only the instructions as discrete packets of specified information. Given the amount of information represented by each command, this presumably simulates the equivalent of shuffling whole genes. Therefore, this rearranging of instructions might simulate how a new structure and function made from several separate but preexisting

细胞中的印记

gene products might have arisen (via mechanisms such as inversion, recombination, or lateral gene transfer). Nevertheless, *Avida* does not simulate how new genes and proteins might have arisen, even from preexisting genes and self-replicating organisms. Yet clearly, theories of biological evolution must account for the origin of such genetic information in order to account for the origin of new organisms.

Avida rewards small incremental steps as functional improvements, but it does so in a way that lacks biological realism. Although *Avida* rewards new functions that are qualitatively similar to Darwinian evolution, it lacks quantitative similarity to biology. *Avida* does not select for proximity to future function as *Ev* and earlier simulations did. Instead, it rewards incremental additions of function—simple logic functions—along the way to its desired end point, the compound logic function EQU. In *Avida* these intermediate functional steps are relatively easy to generate by a random search. In biology, however, no comparably modest changes produce new protein structures. Yet such structures must arise before any truly novel function can arise during biological evolution. And any complete theory of biological evolution must explain the origin of such novel proteins and the genetic information required to produce them.

The authors of *Avida* hoped that their simulation would produce a compound logic function, namely, EQU (EQU represents “equal”). EQU is a compound logic function equivalent to a combination of other logic functions operating on bit pairs. For this reason, the authors of the *Avida* paper regard it as a reasonable representation of a functionally integrated or “irreducibly complex” biological system in their simulation. Nevertheless, the programmers of *Avida* knew that they could build EQU by concatenating a series of less complex logic functions together. So they designed their evaluation algorithm to reward each of

these less complex logic functions (NAND, AND, OR, and NOR) as well. This, by itself, would not necessarily compromise the realism of the *Avida* simulation, were it not for the size of the steps that the *Avida* simulation rewards. In theory, at least, natural selection might select and preserve a series of small incremental changes provided each of the smaller increments confers a functional advantage along the way toward producing a more complex structure. To produce new biological information, however, even starting from a self-replicating organism, requires producing new genes that find expression as new proteins. Biological change is denominated in novel proteins. In other words, proteins represent the smallest functionally significant (and selectable) step in evolution. And building new proteins requires new genetic information.

Since natural selection acts upon or preserves new functional proteins only after the fact of a successful search, random mutations must do the work of generating these new genes and proteins. Yet finding new proteins (and the genetic information necessary to produce them) by a random search is a vastly more difficult proposition than *Avida* simulates. Instead, the logic functions that *Avida* rewards can be produced easily given the probabilistic resources available to it. Yet the same thing cannot be said of novel protein structures.

Bob Marks has written a similar simulation program to replicate the function of *Avida* for purposes of evaluation. He used loops with a fixed length of 50 without the instructions needed for organism duplication. He found the NAND logic function, out of which EQU can be made, arose roughly once every 2, 297 times. The other logic functions out of which EQU can be built—AND, OR, and NOR—arose roughly once every 892, 193; 3, 605, 769; and 157, 894, 737 (1.57×10^8 times), respectively. Though these frequencies are

细胞中的印记

clearly small, *Avida* had more than enough trials (probabilistic resources) available to it to ensure that these functions would arise. *Avida* also had more than enough trials to ensure that these simple functions would combine in enough different ways to ensure that the compound EQU function would eventually arise from one of the combinations. (In Professor Marks's simulation of *Avida*, EQU arose 9 times in 6 billion queries.)

Yet, as noted in Chapter 9, site - directed mutagenesis experiments have shown that the odds of generating a functionally sequenced protein of a modest length (150 residues) via a random search stand at about 1 chance in 10^{74} . In other words, the ratio of functional proteins of modest length to nonfunctional amino - acid sequences of equivalent length is about 1 in 10^{74} . To sample a combinatorial space this size by a series of undirected trials would require probabilistic resources far in excess of those available to the entire history of the earth. (Recall that the probabilistic resources corresponding to the 4.6 billion year history of the earth stand at about 10^{41} possible events.) Yet many crucial evolutionary transitions, including the Cambrian explosion in which many novel body plans as well as proteins first arose, took place within 5 to 10 million years, in less than . 2 percent of the history of the earth. I have argued elsewhere that these facts cast doubt on the mechanism of mutation and selection as an adequate explanation of the origin of new genes and proteins. They certainly also suggest that *Avida*, whatever its other merit, does not provide a realistic simulation of the origin of new genetic information in a biological context. That is, *Avida* does not realistically simulate the generation of new functional genetic information even in a context in which the information necessary to a self - replicating organism is already present. See Meyer, "The Origin of Biological Information."

47. Pennock, "Does Design Require a Designer?"
48. Wolpert and Macready, "No Free Lunch Theorems for Optimization."
49. Brillouin, *Science and Information Theory*, 269.
50. Personal interview with Robert Marks, June 2008.
51. William Dembski gives a more generalized expression and justification of this law in his paper "Intelligent Design as a Theory of Information."

Chapter 14: The RNA World

1. Gilbert, "Origin of Life."
2. Meyer, "DNA and Other Designs." See the write-up in the *Chronicle of Higher Education*, March 29, 2000. See also Correspondence, *First Things*, October (2000): 2-3.
3. Miller, "How Intelligent Is Intelligent Design?"
4. Szostak, Bartel, and Luisi, "Synthesizing Life," esp. 387-88.
5. Gilbert, "Origin of Life."
6. Gilbert, "Origin of Life."
7. Shapiro, "Prebiotic Cytosine Synthesis"; Waldrop, "Did Life Really Start Out in an RNA World?"
8. Levy and Miller, "The Stability of the RNA Bases; Shapiro, "A Simpler Origin of Life," 49.
9. Levy and Miller, "The Stability of the RNA Bases," 7933.
10. Shapiro, "Prebiotic Cytosine Synthesis," 4396.
11. Shapiro, "Prebiotic Ribose Synthesis," esp. 71.
12. Prebiotic chemists have proposed that the nucleotide bases, particularly adenine, could have been produced on the early earth from hydrogen cyanide, HCN, reacting in solutions of ammonium hydroxide, $\text{NH}_4(\text{OH})$. This reaction does produce small yields of adenine and other

细胞中的印记

nitrogenous bases, at least if the reaction starts with extremely high (though probably unrealistic) concentrations of hydrogen cyanide. But this reaction also produces a variety of nitrogenous substances that quash the formose reaction. This fact creates a formidable difficulty for the RNA – world hypothesis; the main reaction proposed for producing nucleotide bases in a prebiotic environment also prevents synthesis of ribose. *Yet both substances are needed to make RNA.* See Shapiro, “Prebiotic Ribose Synthesis,” 81 – 82.

13. Kenyon and Mills, “The RNA World.”
14. Shapiro, “Prebiotic Ribose Synthesis,” 71.
15. Noller, Hoffarth, and Zimniak, “Unusual Resistance of Peptidyl Transferase.”
16. Zhang and Cech, “Peptide Bond Formation.”
17. Illangasekare, et al. , “Aminoacyl – RNA Synthesis Catalyzed by an RNA.”
18. Joyce, “RNA Evolution and the Origins of Life.”
19. Gil, et al. , “Determination of the Core of a Minimal Bacterial Gene Set,” Table 1, 521 – 22.
20. Wolf and Koonin, “On the Origin of the Translation System.”
21. Wolf and Koonin, “On the Origin of the Translation System,” 6.
22. Kumar and Yarus, “RNA – Catalyzed Amino Acid Activation.”
23. There is another difficulty associated with generating the enzymatic capacities of synthetases in an RNA world. The probability of ribozymes arising with even the limited capacity to catalyze aminoacyl bonds is very small. The first researchers who found an RNA molecule capable of self – aminoacylation with phenylalanine had to sift through a preengineered pool of 170 trillion (or 1.7×10^{14}) RNA molecules (see Illangasekare, et al. , “Aminoacyl – RNA Synthesis Catalyzed by an RNA”) . This suggests that the probability of finding a single RNA

molecule that could catalyze the formation of this bond is roughly one chance in 10^{14} . But to generate an RNA – based genetic code equivalent to that in the modern translation system would require not just one such ribozyme, but nineteen others (corresponding to each aminoacyl – tRNA synthetase enzyme) working together as a system, each with its own specific role. And *that* would require sequestering all the components of the system in a compartment that prevents interference from useless RNAs. If the other necessary ribozymes were roughly as rare as the first, then the probability of sequestering one additional ribozyme that performs the same function with a different amino acid would be the square of the original probability, or less than chance 1 in 10^{28} . The probability of sequestering three such ribozymes in close quarters would be the cube of that initial probability, or less than one chance in 10^{42} . The probability of sequestering twenty such ribozymes in close enough proximity to function as a system—as a part of a genetic code—would be prohibitively small, no better than 1 chance in 10^{280} . Overcoming these odds would require a huge infusion of information (930 bits) . And still these ribozymes would not be capable of coordinating the complex two – stage reaction that actual synthetase enzymes perform in extant cells.

24. Some researchers cite the ability of certain RNA molecules to catalyze peptide bonds outside the ribosome (albeit in the presence of another catalyst) as support for the RNA – world hypothesis (see, e. g. , Zhang and Cech, “Peptide Bond Formation”) . But the mere presence of an RNA molecule capable of catalyzing peptide bonding would not obviate the need for a system of proteins to translate mRNA into proteins. This scenario has two obvious problems, however. (1) Ribozymes facilitating peptidebond formation in the absence of an mRNA transcript produce random, not sequence – specific, arrangements of

细胞中的印记

amino acids. Yet as shown in Chapters 8 – 10, formidable probabilistic hurdles face any chance – based scenarios for the origin of sequence – specific functional proteins. (2) RNA – catalyzed peptide bonding outside of a ribosome will lead to the production of many improperly formed and folded peptide chains. Because the side chains of several amino acids feature amino groups and/or carboxyl groups, many branching peptide linkages can form. This would essentially preclude structures like natural protein folds. Indeed, papers that have acknowledged the possibility of rRNA catalyzing peptide bonds in the absence of ribosomal proteins have also acknowledged that the ribosome as a whole provides critical “substrate positioning” during protein synthesis. (See Rodnina, Beringer, and Bieling, “Ten Remarks on Peptide Bond Formation.”)

25. The twenty protein – forming amino acids are capable of a much wider range of chemical interactions than are the four nucleotide bases. The four bases are exclusively hydrophilic (water – attracting) molecules, and they form mainly hydrogen bonds with each other. On the other hand, some amino acids are hydrophilic; some are hydrophobic; some are acidic; and some are basic. This diversity of properties among its constitutive chemical groups allows proteins to attain more complex three – dimensional geometries than do the simple pairing interactions between bases in RNA molecules. As a result, proteins play functional roles that RNA does not and, in many cases, probably cannot.
26. By coupling and enabling energetically favorable and unfavorable reactions, synthetase enzymes catalyze the production of a molecule—a charged tRNA ready for translation—that would not form in any appreciable quantities otherwise—even with the help of two separate RNA catalysts. An RNA catalyst might drive forward the energetically favorable first reaction that activates amino acids with AMP. But even a sepa-

rate RNA catalyst will not drive forward the energetically unfavorable second aminoacylation reaction (unless massive amounts of the reactants are provided to overcome the unfavorable energetics) .

27. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 16.
28. Recently, Lincoln and Joyce claim to have produced a fully self – replicating RNA molecule. Nevertheless, their claim trades upon an ambiguity in the meaning of self – replication and constitutes little more than a gimmick. True template – directed polymerases can copy any template using free – floating bases from their surroundings. Polymerases do the work of copying a template by sequestering, aligning, and linking bases on a template strand. For a polymerase to function as a true replicase, it would likewise have to do the work of replicating a template, in this case the template provided by itself.

The RNA molecules that Lincoln and Joyce devise do not do this work. Instead, they simply joined together via a single bond two *presynthesized, specifically sequenced* RNA chains to form a longer chain. After the formation of a single phosphate bond, these linked chains resulted in a copy of the original RNA molecule, but *only because Lincoln and Joyce first designed the original RNA molecule and then directed the synthesis of two specifically sequenced, complementary partial strands* to match it. Thus, Lincoln and Joyce provided the information (did the sequencing work) required to make even this limited form of replication possible. Further, instead of demonstrating RNA – directed *self* – replication, they demonstrated investigator – directed replication. Lincoln and Joyce, “ Self – Sustained Replication of an RNA Enzyme,” 1 – 6. Hayden, “ A Never – Ending Dance of RNA: The Recreation of Life’s Origins Comes a Self – Catalysing Step Closer. ”

29. Johnston, et al. , “ RNA – Catalyzed RNA Polymerization. ”

细胞中的印记

30. Joyce and Orgel, "Progress Toward Understanding the Origin of the RNA World," esp. 33.
31. Szostak, Bartel, and Luisi, "Synthesizing Life," 389.
32. Johnston, et al., "RNA - Catalyzed RNA Polymerization," 1321.
33. Because of the complex chemical interactions of their amino - acid side chains, proteins form much more complex three - dimensional shapes than RNA molecules do. The inability of RNA to form the same kind of subtle three - dimensional geometries that proteins form may limit the capacity of ribozymes to perform many of the functions that proteins perform. It also appears to limit the efficiency and usefulness of known ribozymes in comparison to their protein counterparts. Gerald Joyce has noted, for example, that ribozyme polymerases are not nearly as stable and do not perform nearly as well as wild - type polymerases. He notes that the RNA - only polymerases have several limitations that naturally occurring polymerases do not. First, they copy templates of genetic information more slowly. Second, they can copy only certain templates of information without stalling. Third, they copy with less fidelity than wild - type RNA polymerases. Fourth, ribozymes require a higher concentration of RNA monomers to facilitate copying than do their wild - type counterparts.

Joyce summarizes the functional problems with the Bartel lab - engineered 189 nucleotide class 1 ligase: "Closer inspection of the polymerase ribozyme reveals some of its key limitations. First, although the k_{cat} for NTP [nucleoside triphosphate, a unit of RNA that includes the sugar - phosphate backbone and the nucleotide base] addition is greater than 1 min^{-1} , the K_m for the separate template - primer complex is immeasurably high and in excess of 1 mM. In practical terms this means that if one employs typical concentrations of 1 μM template - primer, about 2 hours are required for a productive substrate - bind-

ing event. For most templates the ribozyme has little processivity, that is, little ability to add multiple NTPs before dissociating from the template – primer complex. Thus another 2 hours are required for the next productive binding event. The ribozyme is susceptible to hydrolysis of its component phosphodiester linkages, and under the preferred reaction conditions of 200 mM of MgCl_2 at pH 8.5 and 22°C , suffers non-specific cleavage of one of its phosphodiester linkages at a rate of about 10^{-2} min^{-1} . Thus in the race between NTP addition and degradation of the ribozyme, it is possible to achieve about 12 NTP additions in 24 hours, but not many more, because by then the ribozyme is largely degraded.

“A second limitation of the class – I – derived polymerase ribozyme is that, although for one special template it can add up to 14 successive NTPs, for more typical templates it adds only a few NTPs. Even a very subtle change in the sequence of the preferred template dramatically reduces the extent of NTP addition. A third limitation is that, although the fidelity of template copying is high when measured for the full – length products, the overall fidelity is considerably lower because incorporation of the wrong NTP reduces the rate of subsequent extension. A fourth limitation is that the affinity of NTP binding to the template is determined largely by the strength of Watson – Crick pairing, thus requiring high concentrations of NTPs and providing an inherent advantage for GC pairs” (“Forty Years of *In Vitro* Evolution,” esp. 6430 – 31) .

34. De Duve, *Vital Dust*, 23.
35. Joyce and Orgel, “Progress Toward Understanding the Origin of the RNA World,” 35 – 36.
36. Joyce and Orgel, “Progress Toward Understanding the Origin of the RNA World,” 33.

细胞中的印记

37. In theory, at least, Joyce and Orgel may have assumed an overly restrictive condition on the origin of a self – replicating RNA system. They are correct to note that self – replication requires two RNA molecules, one to act as replicator and one to act as template. Moreover, for a ribozyme to replicate itself in one step, the template RNA would have to be the exact reverse complement of the replicase RNA. Nevertheless, it might be possible to copy the original replicator in two steps if the original replicator had come into contact with another RNA molecule capable of copying any RNA. This molecule would not need to be the exact reverse complement of the original, but it would have to have a sequence and structure making it capable of general replicase function. That way, after this second replicase had produced a transcript of the original replicase, the original one could transcribe this transcript. The result would be an exact copy of the original RNA replicase. Extending the RNA world this extra benefit of the doubt, however, does not improve the odds of it occurring or eliminate the displacement problem. It only illustrates the displacement problem in a slightly different way. In this scenario, RNA self – replication would arise after two long functional RNA replicators had arisen in close spatial and temporal proximity to one another. These two replicators would not need to be identically sequenced. But both would need to be sequenced specifically to ensure replicase function. Thus, instead of displacing a *sequence – identity* problem from one molecule to another, this revised RNA – first hypothesis just displaces a *sequence – specificity* problem from one molecule to another.

Because these two sequences would likely possess a roughly equal degree of functional specificity, the probability of achieving a system of two molecules capable of RNA self – replication would be roughly the square of the probability of achieving one such molecule. Though scien-

tists don't know exactly how specified such sequences would have to be in order to achieve RNA – catalyzed self – replication, the experimental evidence cited above suggests that RNA molecules with this capacity are exceedingly rare within the space of possible RNA base sequences. Since, additionally, Orgel and Joyce made an overly optimistic assumption about the number of bases necessary (only 50) to make an RNA capable of true self – replication, they probably vastly underestimated the probability of two sequence – specific replicases of any kind (whether identical or not) arising in close proximity to one another.

Beyond that, ribozyme engineers are finding it more difficult to design an RNA molecule that can copy *any* RNA sequence whatsoever. As Joyce notes, all known

RNA polymerases are template dependent, meaning that they can copy only

complements of themselves with appreciable fidelity. This means that the scenario

that Joyce and Orgel envision—in which an RNA replicase and its exact complement

arise in close proximity to each other—is still the only realistic one from a chemical—

though perhaps not a theoretical—point of view.

38. Joyce and Orgel, “Prospects for Understanding the Origin of the RNA World,” 35.
39. Shapiro, as quoted in Brockman, ed., *Life: What a Concept!*, 90.
40. Szostak, Bartel, and Luisi, “Synthesizing Life.”
41. Szostak, Bartel, and Luisi, “Synthesizing Life,” 388; Wolf and Koonin, “On the Origin of the Translation System.”
42. Ekland, Szostak, and Bartel have claimed that functional ribozymes are more common in pools of RNA sequences than previously thought

细胞中的印记

(“Structurally Complex and Highly Active RNA Ligases,” esp. 364). The sequence space (the total number of possible combinations of nucleotides) corresponding to the 220 – base RNA molecules that they investigated is vast, 4^{220} , or roughly 1×10^{132} possibilities. Since they were able to isolate a ribozyme ligase by searching a tiny fraction of the whole space (about 1.4×10^{15} distinct sequences), this does imply that the whole space would contain a vast number of comparable ligases. But, for such a simple function to require a one – in – a – trillion sequence raises serious questions about the rarity of more complex functions. As noted, for example, ribozyme engineering has not yet produced a single ribozyme capable of true polymerase activity. Nor have researchers discovered ribozymes capable of most other essential enzymatic functions.

43. As Wolf and Koonin note, “Because evolution has no foresight, no system can evolve in anticipation of becoming useful once the requisite level of complexity is attained” (“On the Origin of the Translation System”) .
44. Crick, *Life Itself*, 88.
45. Dose, “The Origin of Life.”
46. Joyce and Orgel, “Prospects for Understanding the Origin of the RNA World,” 19.
47. Because of the improbability of producing an RNA molecule with the specificity necessary to perform self – replication, Christian de Duve and Robert Shapiro have proposed “pre – RNA world” scenarios. These scenarios envision self – replication arising first in systems of smaller molecules, thus reducing the probabilistic hurdles facing the RNA – first approach. These models face a different problem than that of the RNA world, however. RNA – first models fail to explain the origin of biological information because of the improbability of specific sequen-

cing arising in molecules so large (that is, in molecules large enough to perform replicase function). Small molecule – first hypotheses avoid this probability problem by envisioning smaller molecules arising first. Nevertheless, pre – RNA – world scenarios encounter the difficulty of getting sufficient three – dimensional complexity (and therefore biologically relevant specificity) to arise in molecules so small. Roughly speaking, an RNA world can produce complex molecules that aren't sufficiently specific (to perform biologically relevant functions). A pre – RNA world can produce specific molecules that aren't sufficiently complex (to perform relevant functions). Thus, neither actually solves the problem of the origin of biological information. These theories are relatively new, however. I will track their progress as necessary at: [http://www. signatureinthecell. com](http://www.signatureinthecell.com). See de Duve, *Vital Dust*, 20 – 45; Shapiro, “Small Molecule Interactions Were Central to the Origin of Life”; “A Simpler Origin of Life.”

Chapter 15: The Best Explanation

1. Gian Capretti and others explore the use of abductive reasoning by Sherlock Holmes in the detective fiction of Sir Arthur Conan Doyle. Capretti attributes the success of Holmesian abductive “reconstructions” to a willingness to employ a method of “progressively eliminating hypotheses” (“Peirce, Holmes, Popper”).
2. Peirce, *Collected Papers*, 2: 375, emphasis added; “Abduction and Induction.”
3. Capretti, “Peirce, Holmes, Popper,” 143.
4. Whewell, *The Philosophy of the Inductive Sciences*, 2nd ed. , 1: 24 – 25, 78 – 80; 2: 96, 101 – 4, 120 – 22, 397; Chamberlain, “The Method of Multiple Working Hypotheses”; Scriven, “Explanation and

细胞中的印记

Prediction in Evolutionary Theory,” 480; “Causes, Connections and Conditions in History,” 238 – 46; Meyer, “Of Clues and Causes,” chaps. 1 – 3; Lipton, *Inference to the Best Explanation*; Miller, “The Similarity of Theory Testing in the Historical and ‘Hard’ Sciences”; Cleland, “Historical Science, Experimental Science, and the scientific Method.”

5. See Meyer, “Of Clues and Causes,” chaps. 4 – 5.
6. Kamminga, “Protoplasm and the Gene,” 1.
7. Shannon, “A Mathematical Theory of Communication”; Shannon and Weaver, *The Mathematical Theory of Communication*.
8. Crick, “On Protein Synthesis,” esp. 144, 153.
9. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 32 – 98.
10. See Chapter 7. See, e. g., Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory”; “Causes, Connections and Conditions in History,” 238 – 64; Sober, *Reconstructing the Past*, 1 – 5, 36 – 69; Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 32 – 88; Meyer, “Of Clues and Causes,” chaps. 1 – 3.
11. Meyer, “The scientific Status of Intelligent Design,” 151 – 212; “The Demarcation of Science and Religion,” 17 – 23; “Of Clues and Causes,” 77 – 140; Sober, *The Philosophy of Biology*.
12. See, e. g., Charles Lyell’s discussions in *Principles of Geology*, 1: 75 – 91; 3: 1 – 7.
13. Monod, *Chance and Necessity*. Chance – based theories invoke processes that produce particular outcomes with a low probability. Theories of necessity invoke processes that produce specific outcomes with a high probability, typically with a probability of one. For this reason, these two general categories of explanation plus explanations combining them are generally considered to represent a logically exhaustive set of possible explanatory approaches, at least from within a materialistic frame-

- work.
14. See Ben Stein's final interview of Richard Dawkins in the documentary film *Expelled: No Intelligence Allowed*.
 15. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*, vi.
 16. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*, 102.
 17. Shapiro, "Prebiotic Ribose Synthesis."
 18. Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*, 184.
 19. Polanyi, "Life Transcending Physics and Chemistry," esp. 64.
 20. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 47 – 49; Küppers, "On the Prior Probability of the Existence of Life"; Lenski, et al., "The Evolutionary Origin of Complex Features"; Schneider, "Evolution of Biological Information."
 21. Denton, *Evolution*, 309 – 11.
 22. Lawrence and Bartel, "New Ligase – Derived RNA Polymerase Ribozymes."
 23. Polanyi, "Life Transcending Physics and Chemistry," esp. 64.
 24. Paul and Joyce, "A Self – Replicating Ligase Ribozyme."
 25. "The RNA molecules A, B, and T (Fig. 1) were prepared either by automated solid – phase synthesis or *in vitro* transcription [i. e., experimenter intervention]. B and T were obtained by transcription of the corresponding DNA template to yield 5'– pppGAGACCGCAAUCC – 3' and 5'– pppGGAUUGUGCUCGAUUGUUCGUA GAACAGUUU-GAAUGGGUUGAAUAUAGACCGCAAUCC – 3', respectively. Due to poor yields obtained for the transcription of A, this oligonucleotide, having the sequence 5' – GGAUUGUGCUCGAUUGUUCGUAAGAA-CAGUUUGAAU GGGUUGAAUAUA – 3', was prepared synthetically" (Paul and Joyce, "A Self – Replicating Ligase Ribozyme," 12734) .
 26. Dose, "The Origin of Life"; Yockey, *Information Theory and Molecular Biology*, 259 – 93; Thaxton, Bradley and Olsen, *The Mystery of*

细胞中的印记

Life's Origin, 42 – 172; Thaxton and Bradley, “Information and the Origin of Life”; Shapiro, *Origins*.

27. Of course, the phrase “large amounts of specified information” again begs a quantitative question, namely, “How much specified information or complexity would the minimally complex cell have to have before it implied design?” Recall that Dembski has calculated a universal probability bound of 1 out of 10^{139} (which he now rounds to 1 chance in 10^{150}) corresponding to the probabilistic/specificational resources of the known universe. Recall further that probability is inversely related to information by a logarithmic function. Thus, the universal small probability bound of 1 out of 10^{150} translates into roughly 500 bits of information. Thus, chance alone does not constitute a sufficient explanation for the de novo origin of any specified sequence or system containing more than 500 bits of (specified) information. Further, since systems characterized by complexity (a lack of redundant order) defy explanation by self – organizational laws, and since appeals to prebiotic natural selection presuppose, but do not explain, the origin of the specified information necessary to a minimally complex self – replicating system, intelligent design best explains the origin of the more than 500 bits of specified information required to produce the first minimally complex living system. Thus, assuming a nonbiological starting point (see Chapter 13, section headed “The Conservation of Information”), the de novo emergence of 500 or more bits of specified information will reliably indicate design.
28. See the relevant discussion in Peirce, *Collected Papers*, 2: 372 – 88; “Abduction and Induction”; Fann, *Peirce's Theory of Abduction*, 28 – 34; Scriven, “Explanation and Prediction in Evolutionary Theory,” 480; Sober, *Reconstructing the Past*, 1 – 5; Alston, “The Place of the Explanation,” 23; Gallie, “Explanations in History and the Genetic

- Sciences,” 392.
29. Sober, *Reconstructing the Past*, 1 – 5; Scriven, “Causes, Connections, and Conditions in History,” esp. 249 – 50.
 30. *McNeil – Lehrer News Hour*, Transcript 19 (May 1992) .
 31. Moreover, this generalization holds not only for the semantically specified information present in natural languages, but also for other forms of information or specified complexity, whether present in machine codes, machines, or works of art. Like the letters in a section of meaningful text, the parts in a working engine represent a highly improbable yet functionally specified configuration. Similarly, the highly improbable shapes in the rock on Mt. Rushmore conform to an independently given pattern; the faces of American presidents known from books and paintings. Thus, both systems have a large amount of *specified* complexity or information so defined. Not coincidentally, they also originated by intelligent design, not by chance and/or physical – chemical necessity.
 32. Again, this claim applies at least in cases where the competing causal entities or conditions are nonbiological—or where the mechanism of natural selection can be safely eliminated as an inadequate means of producing requisite specified information.
 33. Meyer, “Of Clues and Causes,” 77 – 140.
 34. Less exotic (and more successful) design detection occurs routinely in both science and industry. Fraud detection, forensic science, and cryptography all depend on the application of probabilistic or information – theoretic criteria of intelligent design. See Dembski, *The Design Inference*, 1 – 35.
 35. Many would admit that we may justifiably infer a past human intelligence operating (within the scope of human history) from an information – rich artifact or event, but only because we already know that human minds exist. But, they argue, since we do not know whether an

细胞中的印记

intelligent agent (s) existed prior to humans, inferring the action of a designing agent that antedates humans cannot be justified, even if we observe an information – rich effect. Note, however, that SETI scientists do not already know whether an extraterrestrial intelligence exists. Yet they assume that the presence of a large amount of specified information (or even just an unnaturally modulated radio signal) would establish the existence of one. Indeed, SETI seeks precisely to establish the existence of other intelligences in an unknown domain. Similarly, anthropologists have often revised their estimates for the beginning of human history or civilization, because they discovered information – rich artifacts dating from times that antedate their previous estimates. Most inferences to design establish the existence or activity of a mental agent operating in a time or place where the presence of such an agency was previously unknown. Thus, to infer the activity of a designing intelligence from a time prior to the advent of humans on earth does not have a qualitatively different epistemological status than other design inferences that critics already accept as legitimate. See McDonough, *The Search for Extraterrestrial Intelligence*.

36. Meyer, “The Explanatory Power of Design”; “DNA by Design”; “DNA and Other Designs”; “DNA and the Origin of Life.”

Chapter 16: Another Road to Rome

1. Dembski’s work on elucidating the forms of reasoning by which we infer design goes back to a seminal paper he wrote on the nature of randomness, “Randomness by Design.” It was this and another paper that first brought Dembski to my attention and led to our initial collaboration. In it he shows that randomness cannot properly be understood except with reference to patterns that random objects systematically vio-

late—once a pattern is matched, randomness dissolves. From studying the nature of the patterns used to defeat randomness, Dembski came upon the design inference. He presented an outline of the design inference in 1993 in Seattle in a paper, “Theoretical Basis for the Design Inference.” He developed these ideas into a doctoral dissertation about the foundations of probability theory (1996) and then went on to publish that dissertation in 1998: *The Design Inference*. He expanded on this work in his 2002 sequel, *No Free Lunch*. His idea of specification, which sits at the heart of the design inference, is subtle and requires some technical sophistication to elucidate in full, though the essence of the idea can be illustrated clearly with examples of the kind used in this chapter. Dembski’s most current formulation of specification appears in his article “specification,” available at <http://www.designinference.com/documents/2005.06.specification.pdf>. The most user – friendly treatment of his work on design inferences, with an application to biology, appears in Dembski and Wells, *The Design of Life*, chap. 7.

2. Dembski, *The Design Inference*, 1 – 35.
3. Dembski, *The Design Inference*, 1 – 35, 136 – 223.
4. Dembski, *The Design Inference*, 37.
5. Dembski’s initial work on specification focused on two requirements, a conditional independence condition of patterns from background knowledge and a tractability condition for the descriptive complexity of patterns. The former could be characterized using conventional probability theory. The latter could be characterized using Andrei Kolmogorov’s work on algorithmic information theory; see Kolmogorov, “Three Approaches to the Quantitative Definition of Information.” Dembski held to both these requirements throughout his books *The Design Inference* and *No Free Lunch*. In 2005, however, he wrote a paper on specifica-

tion that significantly simplified its characterization, "Specification." In that paper, he was able to characterize specification simply in terms of tractability by showing that conditional independence comes as a consequence of tractability (by tractability he means a pattern of low - descriptive complexity) . Specified complexity as Dembski now defines it signifies high - probabilistic complexity of an event (i. e. , improbability) combined with low - descriptive complexity of a pattern to which the event conforms.

6. Dembski illustrates this distinction with an example of an archer shooting an arrow. If an observer witnesses an archer shooting an arrow and then the arrow hitting a target, the observer can correctly infer something about the skill and intent (design) of the archer. If, however, the archer shoots an arrow and then the observer goes and draws a circle around the arrow and calls it the target, the observer can infer nothing about the skill of the archer. In that case, the pattern was fabricated to match the event; it did not exist independently of the event.
7. Of course, intelligent agents can also produce repetitive patterns. Nevertheless, so can natural causes and processes. For example, electrostatic forces of attraction between ions form highly repetitive crystal structures. Wave action on the beach produces patterns of interlocking arcs of sand. Indeed, what scientists call laws of nature typically describe natural processes that produce—of necessity—highly regular and repetitive outcomes. For this reason, repetitive patterns do not necessarily indicate the activity of intelligent causes, though they may and commonly do indicate undirected lawlike processes. Knowing this, the croupier rightly suspected a physical cause for the regularity he observed in the outcomes at the roulette wheel. When he found a physical cause that explained the regularity that he observed—the ball falling in the same hole every time—he rejected chance as an explanation and elected

physical necessity as, at least, part of the explanation. A smart croupier would realize that design might still have played a role in the observed regularity, for example, in the case that someone had intentionally scarred the wheel to produce the defect responsible for the ball landing in the same hole every time. This illustration suggests that explanations involving lawlike necessity and design do not necessarily mutually exclude each other, even though the presence of a regularity by itself does not point decisively or exclusively to an intelligent cause, but instead typically points to lawlike necessity.

8. Dembski, *The Design Inference*, 136 – 74.
9. Dembski, *The Design Inference*, 1 – 35, 136 – 74.
10. Axe, “Estimating the Prevalence of Protein Sequences.” See also calculations after section head “Symposium at the Wistar Institute” in Chapter 9.
11. Gamma, et al. , *Design Patterns*.
12. Yockey, “Origin of Life on Earth,” esp. 105.
13. Crick, “On Protein Synthesis,” 144, 153.

Chapter 17: But Does It Explain?

1. In this regard, see, e. g. , Elsberry and Wilkins, “The Advantages of Theft over Honest Toil”; Pennock, *Tower of Babel*, 171 – 72; Wilsson, “Intelligent Evolution”; Scott and Branch, “ ‘Intelligent Design’ Not Accepted by Most Scientists. ”
2. Quastler, *The Emergence of Biological Organization*, 16.
3. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 32 – 88.
4. Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 32 – 88; Meyer, “The scientific Status of Intelligent Design”; “The Demarcation of Science and Religion”; “Of Clues and Causes,” 77 – 140; Sober, *The Philosophy*

细胞中的印记

of Biology.

5. Shermer, Michael, "ID Works in Mysterious Ways."
6. See, e. g. , Miller "In Defense of Evolution"; Jones, Decision in *Kitzmiller et al. v. Dover Area School Board*, No. 04cv2688; Ruse, "Keep Intelligent Design Out of Science Classes."
7. Rothman, *The Science Gap*, 65 – 92; Popper, *Conjectures and Refutations*, 35 – 37. See also Oparin's discussion of the impossibility of spontaneous generation. Oparin, *Origin of Life* (1938), 27 – 28.
8. Meyer, "Of Clues and Causes," 77 – 140; Sober, *Reconstructing the Past*, 4 – 5; De Duve, "The Beginnings of Life on Earth," 249 – 50.
9. Harre and Madden, *Causal Powers*.
10. Barrow and Tipler, *The Anthropic Cosmological Principle*, 69.
11. See, e. g. , G. S. Hurd, "The Explanatory Filter, Archaeology, and Forensics"; Pennock, "The Wizards of ID."
12. Arguably, the unnaturally modulated electromagnetic signals that SETI scientists are looking for represent an improbable pattern, but not necessarily evidence of digitally encoded, functionally specified information. Some have noted this difference in the criterion that SETI uses to detect intelligence in order to discredit ID proponents who have cited SETI to legitimate design reasoning in biology. But, if anything, the SETI standard for detecting intelligence constitutes a less demanding threshold for detecting intelligence than that used by ID advocates. Whereas SETI requires only evidence of a channel of communication (i. e. , an unnaturally modulated signal), I have argued for design based upon the presence of functionally specified digital code within the communication channel represented by DNA and the gene – expression system. If the inference to design is legitimate based upon the former criterion, it is a fortiori certainly legitimate based upon the latter. Thus, SETI validates, rather than undermines, the reasoning

- used to infer intelligent design as the best explanation for the origin of biological information. See Sagan, *Contact*; McDonough, *The Search for Extraterrestrial Intelligence*.
13. See Hume, *Dialogues Concerning Natural Religion* (1980), 61 – 66.
 14. See, e. g. , Forrest and Gross, *Creationism's Trojan Horse*, 120ff. ; Pigliucci, "Intelligent Design—The Classical Argument."
 15. Kay, "Cybernetics, Information, Life"; *Who Wrote the Book of Life?*
 16. Kay, *Who Wrote the Book of Life?*
 17. Kay, *Who Wrote the Book of Life?* 611 – 12, 629.
 18. Sarkar, "Biological Information," 199 – 202.
 19. Schrödinger, *What Is Life?* 82.
 20. Alberts, et al. , *Molecular Biology of the Cell*, 21.
 21. Watson and Crick, "A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid"; "Genetical Implications"; Crick, "On Protein Synthesis."
 22. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 611.
 23. Orgel, *The Origins of Life*, 189.
 24. Davies, *The Fifth Miracle*, 120.
 25. Orgel, *The Origins of Life*, 189.
 26. Dawkins, *The God Delusion*, 147, 185 – 86, 188.
 27. Dawkins, *The God Delusion*, 147, 185 – 186, 188. See also Gleiser, "Who Designed the Designer?"; Rosenhouse, "Who Designed the Designer?"
 28. Moreover, explanations of particular events not only explain particular events; they also provide information about conditions in the past, in particular, the conditions that gave rise to the event in question. That is also part of what causal explanations do.
 29. A second problem with the objection is that the theory of intelligent design makes no claims about the nature of the designer. Moreover, some philosophers question whether agents qua agents must necessarily be

细胞中的印记

complex. For the sake of argument, however, I grant the assumption that an agent sophisticated enough to design the first life is both complex and highly specified.

30. Tommyrot, "The Dawkins Delusion."

31. Nor has evolutionary theory, or any other theory, given a causal explanation of the origin of consciousness, the origin of mind itself. Contemporary Darwinism may provide an explanation for the origin of the physical features of higher primates including ourselves, but it does not give anything like an adequate account of how consciousness first arose in *Homo sapiens*. Indeed, even explaining what generates consciousness in individual human agents now has proven utterly intractable from a materialistic point of view. How does the flow of electricity in our neurons or the reaction of chemicals in the brain produce my subjective experience of "red" or my comprehension of mathematical truth or my awareness of my own thoughts? How does chemistry produce consciousness? Leading brain physiologists and philosophers of mind have long acknowledged that they do not know the answer to this question. Many doubt there is an answer to it. See, e. g. , Chalmers, *The Conscious Mind*; Eccles, *Facing Reality*; Koestler, *The Ghost in the Machine*; Penfield, *The Mystery of the Mind*, xiii; Popper and Eccles, *The Self and Its Brain*, viii; Searle, *Mind*; Sherrington, *Man on His Nature*; Smythies, "Some Aspects of Consciousness," 235.

32. Additionally, ID advocates do not necessarily conceive of minds as complex (and functionally specified) collections of parts (or even symbols) . Some would argue that complexity (whether specified complexity or irreducible complexity) is a feature that characterizes material effects, not self – conscious minds. Indeed, a long tradition in Western philosophy conceives of mind as an immaterial entity consisting of no material parts, in which case it cannot be characterized as complex

at all. This is, at least, a logically coherent conception of mind. Thus, positing such a mind as the cause of the origin of biological information neither entails a contradiction nor commits the ID advocate to any inconsistency in reasoning. The rule “specified complexity always originates from intelligent design” is not violated if advocates of intelligent design posit a designing mind that is not complex (or specified) in the way that material artifacts or communication systems are.

33. This claim of inconsistency subtly misrepresents the basis of the argument to intelligent design. Uniform and repeated experience does not show that specified complexity always points to an intelligent cause. Instead, uniform and repeated experience shows that whenever specified information arises—*originates*—a mind always plays a causal role. Thus, we typically infer that specified complexity points to an antecedent intelligence because of this principle. In those many cases where we have good reason to think that specified complexity not only exists, but also first originated in time, we always infer an antecedent intelligence. Since an uncaused mind did not originate in time, such a mind would not point to a prior designing intelligence, even conceding for the sake of argument that minds are complex (and specified; see n. 32) .

Experience says nothing about whether there might be a self – existent uncaused mind capable of initiating a novel chain of cause and effect. Even so, that is a logically possible hypothesis for the origin of biological information. Nor would the existence of such an uncaused mind violate what we know from experience about information – rich systems always *originating* from intelligence. Since we have good reason to think that life and biological information originated at a time in the finite past, we have good reason to think that an intelligent cause played a role in that event. Nevertheless, inferring an intelligent design

细胞中的印记

ner for the origin of that information does not entail an infinite regress of other designing intelligences, since the designing intelligence in question may not itself have originated, that is, begun to exist. The designing mind may have existed eternally, as theists think the mind of God has done. Dawkins may not like this possibility, but an uncaused self – existent designer is, at least, a logically possible candidate cause. Thus, inferring intelligent design from the information that *originates* with the first life does not entail an infinite regress of similar designing minds.

Chapter 18: But Is It Science?

1. Jones, *Kitzmiller et al. v. Dover Area School District*, 400 F. Supp. 2d 707, 720 – 21, 735 (M. D. Pa. 2005).
2. Jones, *Kitzmiller et al. v. Dover Area School District*, 400 F. Supp. 2d 707, 764 (M. D. Pa. 2005) .
3. Prominent news reports include Wallis, “The Evolution Wars”; Ratliff, “The Crusade Against Evolution”; Wilgoren, “Politicized Scholars Put Evolution on the Defensive.”
4. Judge Jones falsely claimed that: (1) the theory of intelligent design affirms a “supernatural creation” —a position that ID proponents who testified in court denied during the trial; (2) proponents of intelligent design make their case solely by arguing against Darwinian evolution; (3) no peer – reviewed scientific publications in support of the theory of intelligent design have been published in the scientific literature; and (4) the theory of intelligent design has been refuted. See DeWolf, et al., *Traipsing into Evolution*; DeWolf, West, and Luskin, “Intelligent Design Will Survive *Kitzmiller v. Dover*”; Luskin, “Will Americans United Retract Their Demonstrably False Claims?” .

5. See Worden, “Bad Frog Beer to ‘Intelligent Design.’”
6. See West and DeWolf, “A Comparison of Judge Jones’s Opinion in *Kitzmiller v. Dover* with Plaintiffs’ Proposed ‘Findings of Fact and Conclusions of Law.’”
7. The stories of many such scientists are told in the documentary film *Expelled: No Intelligence Allowed*. See also Wells, *The Politically Incorrect Guide to Darwinism and Intelligent Design*.
8. There are numerous examples of this claim. Some include: “The claim that life is the result of a design created by an intelligent cause cannot be tested and is not within the realm of science” (Skoog, “A View from the Past,” 1 – 2); “ID has never produced an empirically testable hypothesis” (Forrest and Gross, *Creationism’s Trojan Horse*, 235); “The hypothesis of design is compatible with any conceivable data, makes no testable predictions, and suggests no new avenues for research” (Miller, *Only a Theory*, 87) .
9. “There is no demarcation line between science and nonscience, or between science and pseudo – science, which would win assent from a majority of philosophers” (Laudan, *Beyond Positivism and Relativism*, 210) .
10. Laudan, “The Demise of the Demarcation Problem.”
11. Gould, “Evolution and the Triumph of Homology, or Why History Matters,” 60 – 69.
12. For example, Pennock testified, “Intelligent design needs to have for it to be a science a way of offering a specific hypothesis that one could then test in an ordinary way. They failed to do that, and so they really don’t get off the ground with regard to science” (*Kitzmiller v. Dover* testimony, September 28, 2005, 39) .
13. Behe, *Darwin’s Black Box*.
14. Meyer, et al. , “The Cambrian Explosion.”

细胞中的印记

15. See, generally, Craig, “God, Creation and Mr. Davies,” 163; “Barrow and Tipler on the Anthropic Principle vs. Divine Design,” 389.
16. Gonzalez and Richards, *The Privileged Planet*.
17. See Nelson and Wells, “Homology in Biology.”
18. Dembski, *The Design Inference*, 36.
19. Dembski, *The Design Inference*, 36 – 66.
20. As noted in Chapters 7 and 15, considerations of causal existence also play a role in the evaluation—and testing—of historical scientific theories. Indeed, historical scientific theories can fail by being unable to meet this critical test as well.
21. Shermer, *Why Darwin Matters*, 75.
22. Miller, *Only a Theory*, 37, 96 – 97.
23. See also Kitcher, *Living with Darwin*, 57.
24. Some advocates of intelligent design think that an intelligent cause is directly responsible for only the information present in the first living organisms; other ID advocates think intelligent design is responsible for the information necessary to produce subsequent forms of life as well. Those who hold the latter view predict that the nonprotein – coding DNA in both eukaryotes and prokaryotes should perform functional roles. Those who hold the former view predict that only the noncoding DNA in prokaryotes should perform functional roles. The discovery that noncoding DNA plays an important functional role in both prokaryotic and eukaryotic organisms confirms the prediction of the more expansive ID hypothesis. I hold this latter view. See Meyer, “The Origin of Biological Information.” In this book, however, I have argued only for intelligent design as the best explanation of the origin of the information necessary to build the first living cell.
25. Dembski, “Intelligent Science and Design.” Here’s what Dembski writes about junk DNA: “[Intelligent] design is not a science

stopper. Indeed, design can foster inquiry where traditional evolutionary approaches obstruct it. Consider the term ‘junk DNA.’ Implicit in this term is the view that because the genome of an organism has been cobbled together through a long, undirected evolutionary process, the genome is a patchwork of which only limited portions are essential to the organism. Thus on an evolutionary view we expect a lot of useless DNA. If, on the other hand, organisms are designed, we expect DNA, as much as possible, to exhibit function.”

26. ENCODE Project Consortium, “Identification and Analysis of Functional Elements.”
27. Von Sternberg and Shapiro, “How Repeated Retroelements Format Genome Function.”
28. Han, Szak, and Boeke, “Transcriptional Disruption by the L1 Retrotransposon”; Bethany Janowski, et al., “Inhibiting Gene Expression at Transcription Start Sites”; Goodrich and Kugel, “Non – coding – RNA Regulators of RNA Polymerase II Transcription”; Li, et al., “Small dsRNAs Induce Transcriptional Activation in Human Cells”; Pagano, et al., “New Small Nuclear RNA Gene – like Transcriptional Units”; Van de Lagemaat, et al., “Transposable Elements in Mammals”; Donnelly, Hawkins, and Moss, “A Conserved Nuclear Element”; Dunn, Medstrand, and Mager, “An Endogenous Retroviral Long Terminal Repeat”; Burgess – Beusse, et al., “The Insulation of Genes”; Medstrand, Landry, and Mager, “Long Terminal Repeats Are Used as Alternative Promoters”; Mariño – Ramírez, et al., “Transposable Elements Donate Lineage – specific Regulatory Sequences to Host Genomes.”
29. Green, “The Role of Translocation and Selection”; Figueiredo, et al., “A Central Role for *Plasmodium Falciparum* Subtelomeric Regions.”
30. Henikoff, Ahmad, and Malik, “The Centromere Paradox”; Bell,

细胞中的印记

- West, and Felsenfeld, “Insulators and Boundaries”; Pardue and DeBaryshe, “Drosophila Telomeres”; Henikoff, “Heterochromatin Function in Complex Genomes”; Figueiredo, et al., “A Central Role for *Plasmodium Falciparum*”; Schueler, et al., “Genomic and Genetic Definition of a Functional Human Centromere.”
31. Jordan, et al., “Origin of a Substantial Fraction”; Henikoff, Ahmad, and Malik, “The Centromere Paradox”; Schueler, et al., “Genomic and Genetic Definition of a Functional Human Centromere.”
32. Chen, DeCerbo, and Carmichael, “Alu Element – Mediated Gene Silencing”; Jurka, “Evolutionary Impact of Human Alu Repetitive Elements.”; Lev – Maor, et al., “The Birth of an Alternatively Spliced Exon”; Kondo – Iida, et al., “Novel Mutations and Genotype – Phenotype Relationships”; Mattick and Makunin, “Non – coding RNA.”
33. McKenzie and Brennan, “The Two Small Introns of the Drosophila *Afinidisjuncta Adh* Gene”; Arnaud, et al., “SINE Retroposons Can Be Used In Vivo”; Rubin, Kimura, and Schmid, “Selective Stimulation of Translational Expression”; Bartel, “MicroRNAs”; Mattick and Makunin, “Small Regulatory RNAs in Mammals.”
34. Dunlap, et al., “Endogenous Retroviruses”; Hyslop, et al., “Downregulation of NANOG Induces Differentiation”; Peaston, et al., “Retrotransposons Regulate Host Genes.”
35. Morrish, et al., “DNA Repair Mediated”; Tremblay, Jasin, and Chartrand, “A Double – Strand Break in a Chromosomal LINE Element”; Grawunder, et al., “Activity of DNA Ligase IV”; Wilson, Grawunder, and Liebe, “Yeast DNA Ligase IV.”
36. Mura, et al., “Late Viral Interference Induced”; Kandouz, et al., “Connexin43 Pseudogene Is Expressed.”
37. Goh, et al., “A Newly Discovered Human Alpha Globin Gene”; Kandouz, et al., “Connexin43 Pseudogene Is Expressed”; Tam, et al.,

“Pseudogene – Derived Small Interfering RNAs”; Watanabe, et al. ,
 “Endogenous siRNAs from Naturally Formed dsRNAs”; Piehler, et
 al. , “The Human ABC Transporter Pseudogene Family. ”

38. Mattick and Gagen, “The Evolution of Controlled Multitasked Gene
 Networks”; Von Sternberg and Shapiro, “How Repeated Retroelements
 Format Genome Function. ”

39. In 1994, pro – ID scientist and writer Forrest M. Mims III submitted a
 letter to the journal *Science* (which was rejected) predicting function for
 junk DNA: “DNA that molecular biologists refer to as ‘junk’ don’t nec-
 essarily appear so useless to those of us who have designed and written
 code for digital controllers. They have always reminded me of strings of
 NOP (No OPeration) instructions. A do – nothing string of NOPs might
 appear as ‘junk code’ to the uninitiated, but, when inserted in a pro-
 gram loop, a string of NOPs can be used to achieve a precise time de-
 lay. Perhaps the ‘junk DNA’ puzzle would be solved more rapidly if a
 few more computer scientists would make the switch to molecular biolo-
 gy” (“Rejected Publications”) . See also Dembski’s prediction already
 cited. In 2004, Jonathan Wells argued that the theory of intelligent de-
 sign provides a fruitful heuristic (guide to discovery) for genomic re-
 search precisely because it predicts that noncoding DNA should have la-
 tent function. As he explained: “The fact that ‘junk DNA’ is not junk
 has emerged not because of evolutionary theory but in spite of it. On the
 other hand, people asking research questions in an ID framework would
 presumably have been looking for the functions of non – coding regions
 of DNA all along, and we might now know considerably more about
 them” (“Using Intelligent Design Theory to Guide scientific Re-
 search”) .

Other scientists have noted how materialistic evolutionary theories have im-
 peded scientific progress in the study of the genome. In 2002, Richard

细胞中的印记

von Sternberg reported extensive evidence for functional junk – DNA, noting that “neo – Darwinian ‘narratives’ have been the primary obstacle to elucidating the effects of these enigmatic components of chromosomes” and concluding that “the selfish DNA narrative and allied frameworks must join the other ‘icons’ of neo – Darwinian evolutionary theory that, despite their variance with empirical evidence, nevertheless persist in the literature” (“On the Roles of Repetitive DNA Elements”) .

40. Though historical scientists focus *primarily* on questions about the past, they clearly also have a secondary interest in questions about the present operation and causeand – effect structure of the world. Indeed, the uniformitarian method requires that historical scientists use knowledge of the present cause – and – effect structure of the world to reconstruct what happened in the past. Nevertheless, that the historical sciences address questions about the past at all distinguishes them from many sciences that focus wholly on questions about how nature *generally* operates.
41. Gould, “Evolution and the Triumph of Homology,” 61.
42. Meyer, “DNA and the Origin of Life”; Meyer, et al. , “The Cambrian Explosion”; Behe, *Darwin’s Black Box*; Gonzalez and Richards, *The Privileged Planet*; Craig, “Barrow and Tipler on the Anthropic Principle vs. Divine Design,” 389.
43. This is not to deny that laws or process theories may play roles in support of causal explanation, as even opponents of the covering – law model, such as Scriven, admit. Scriven notes that laws and other types of general – process theories may play an important role in justifying the causal status of an explanatory antecedent and may provide the means of inferring plausible causal antecedents from observed consequents. Nevertheless, as both Scriven and I have argued elsewhere, laws are not necessary to the explanation of particular events or facts; and even when laws are present, antecedent events function as the primary causal or explanatory entity in

- historical explanations. See Scriven, “Truisms as the Grounds,” 448 – 50; “Explanation and Prediction,” 480; “Causes, Connections and Conditions,” 249 – 50; Meyer, “Of Clues and Causes,” 18 – 24, 36 – 72, 84 – 92.
44. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 1.
45. Ayala, “Darwin’s Revolution.”
46. Nagel, “Public Education and Intelligent Design.”
47. For example, Judge Jones asserted in his decision: “We find that ID is not science and cannot be adjudged a valid, accepted scientific theory as it has failed to publish in peer – reviewed journals” (*Kitzmiller et al. v. Dover Area School District*, 400 F. Supp. 2d) .
48. Forrest, quoted in Vergano and Toppo, “ ‘Call to Arms’ on Evolution.”
49. Forrest, Expert Witness Report.
50. For example, Judge Jones asserted: (1) “We find that ID is not science and cannot be adjudged a valid, accepted scientific theory as it has failed to publish in peer – reviewed journals, engage in research and testing, and gain acceptance in the scientific community”; (2) “A final indicator of how ID has failed to demonstrate scientific warrant is the complete absence of peer – reviewed publications supporting the theory”; and (3) “The evidence presented in this case demonstrates that ID is not supported by any peer – reviewed research, data or publications” (*Kitzmiller et al. v. Dover Area School District*, 400 F. Supp. 2d) .
51. Holden, “Random Samples”; Giles, “Peer – Reviewed Paper Defends Theory of Intelligent Design”; Klinghoffer, “The Branding of a Heretic”; Powell, “Editor Explains Reasons for ‘Intelligent Design’ Article.”
52. See Discovery Institute, *Brief of Amicus Curiae (Revised)* .

细胞中的印记

53. E. g. , Behe, *Darwin's Black Box*; Gonzalez and Richards, *The Privileged Planet*; Thaxton, Bradley, and Olsen, *The Mystery of Life's Origin*.
54. E. g. , Dembski, *The Design Inference*; Campbell and Meyer, eds. , *Darwinism, Design and Public Education*; Dembski and Ruse, eds. , *Debating Design*.
55. See the five articles advancing the case for the theory of intelligent design published in Campbell and Meyer, eds. , *Darwinism, Design and Public Education*, and the four articles published in Dembski and Ruse, eds. , *Debating Design*.
56. Minnich and Meyer, "Genetic Analysis of Coordinate Flagellar and Type III Regulatory Circuits"; Dembski, ed. , *Mere Creation*.
57. Craig, "God, Creation and Mr. Davies," 163; "Barrow and Tipler on the Anthropic Principle vs. Divine Design"; Behe, "Self - Organization and Irreducibly Complex Systems. "
58. Wells, "Do Centrioles Generate a Polar Ejection Force?"; Behe and Snoke, "Simulating Evolution by Gene Duplication"; Dembski and Marks, "The Conservation of Information: Measuring the Information Cost of a Successful Search"; Voie, "Biological Function and the Genetic Code Are Interdependent"; Davison, "A Prescribed Evolutionary Hypothesis." See also Lönnig and Saedler, "Chromosomal Rearrangements and Transposable Elements. "
59. In 2005 my colleagues and I at the Discovery Institute actually opposed the policy of the Dover school board and urged the school board to withdraw it. Though we think there is nothing unconstitutional about teaching students about the theory of intelligent design, we feared that politicizing the issue would result in reprisals against ID proponents in university science departments. We also objected to the way some members of the Dover board attempted to justify their policy by invoking religious au-

thority as a reason to vote for the policy. This justification guaranteed the policy would run afoul the establishment clause in the courts. From our point of view, this justification was entirely gratuitous—and incongruous—since the theory of intelligent design is not based upon a religious authority, but upon empirical evidence and standard scientific methods of reasoning. Unfortunately, the school board did not heed our advice. It lost the case, just as we predicted, ultimately causing trouble for ID proponents at universities around the country, just as we, alas, also predicted.

60. “The Council [of the Biological Society of Washington, which oversees the publication of the *Proceedings of the Biological Society of Washington*] endorses a resolution on ID published by the American Association for the Advancement of Science ([www. aaas. org/news/releases/2002/1106id2. shtml](http://www.aaas.org/news/releases/2002/1106id2.shtml)), which observes that there is no credible scientific evidence supporting ID as a testable hypothesis to explain the origin of organic diversity. Accordingly, the Meyer paper does not meet the scientific standards of the *Proceedings*. ” See [http: //www. ncseweb. org/ resources/news/2004/US/294_ bsw_ strengthens_ statement_ repu_ 10_ 4_ 2004. asp](http://www.ncseweb.org/resources/news/2004/US/294_bsw_strengthens_statement_repu_10_4_2004.asp).
61. These charges were clearly misplaced. The president of the council that oversaw the publication of the *Proceedings* admitted to the editor in an e – mail: “I have seen the review file and comments from 3 reviewers on the Meyer paper. All three with some differences among the comments recommended or suggested publication. I was surprised but concluded that there was not inappropriate behavior vs a vis [sic] the review process” (Roy McDiarmid, “Re: Request for information,” January 28, 2005, 2: 25 p. m. , to Hans Sues, Congressional Staff Report, “Intolerance and the Politicization of Science at the Smithsonian” [December 2006] : 26, at [http: //www. discovery. org/scripts/viewDB/](http://www.discovery.org/scripts/viewDB/)

细胞中的印记

filesDB – download. php? command = download&id = 1489) . See also Rick Sternberg, “Statement of Facts / Response to Misinformation,” at <http://www.richardsternberg.org/smithsonian.php?page=statement>.

62. As Stephen Jay Gould wrote with other scientists and historians of science in a brief to the U. S. Supreme Court in 1993: “Judgments based on scientific evidence, whether made in a laboratory or a courtroom, are undermined by a categorical refusal even to consider research or views that contradict someone’s notion of the prevailing ‘consensus’ of scientific opinion... . Automatically rejecting dissenting views that challenge the conventional wisdom is a dangerous fallacy, for almost every generally accepted view was once deemed eccentric or heretical. Perpetuating the reign of a supposed scientific orthodoxy in this way, whether in a research laboratory or in a courtroom, is profoundly inimical to the search for truth... . The quality of a scientific approach or opinion depends on the strength of its factual premises and on the depth and consistency of its reasoning, not on its appearance in a particular journal or on its popularity among other scientists.” Brief Amici Curiae of Physicians, Scientists, and Historians of Science in Support of Petitioners, *Daubert v. Merrell Dow Pharmaceuticals, Inc.*, 509 U. S. 579 (1993) .

63. For a comprehensive annotated bibliography of ID publications, see <http://discovery.org/a/2640>. Some critics of design have attempted to discredit the theory because its advocates have published their case primarily in books rather than in scientific articles. But as I noted in Chapter 6 this argument ignores the important role that books have played in the history of science in establishing new scientific ideas. Anyone who understands the role that technical journals play in science will understand why this is so. Science journals are a highly specialized and con-

servative genre. They publish research designed to fill out an established scientific research program. They are part of what philosopher of science Thomas Kuhn calls “normal science” (*The Structure of scientific Revolutions*) . New and revolutionary ideas in science are unlikely to appear first in their pages. If the history of science is any indication, then we should expect most of the initial work in any fundamentally new scientific perspective to appear first in books. And this is precisely the pattern of publication we see in the case of intelligent design. In the last decade or so, new evidence – based arguments for the theory have made their initial appearance in books. More recently, scientific articles have begun to appear, elucidating the theory in more detail.

Chapter 19: Sauce for the Goose

1. *McLean v. Arkansas Board of Education*, 529 F. Supp. 1255 (E. D. Ark. 1982) .
2. For the purposes of litigation the court defined creation science as a belief system that affirms: “ (1) [The] sudden creation of the universe, energy, and life from nothing; (2) the insufficiency of mutation and natural selection in bringing about development of all living kinds from a single organism; (3) changes only within fixed limits of originally created kinds of plants and animals; (4) separate ancestry for man and apes; (5) explanation of the earth’s geology by catastrophism, including the occurrence of a worldwide flood; and (6) a relatively recent inception of the earth and living kinds” (*McLean v. Arkansas Board of Education*, 529 F. Supp. 1255, 1264 [E. D. Ark. 1982]).
3. *McLean v. Arkansas Board of Education*, 529 F. Supp. 1255, 1267 (E. D. Ark. 1982) .
4. Ruse, “Darwinism,” 21.

细胞中的印记

5. Ruse, "Darwinism," 23.
6. Ruse, "A Philosopher's Day in Court"; "Witness Testimony Sheet," 301; "Darwinism," 21 – 26.
7. Meyer, "Laws, Causes and Facts."
8. A law of nature typically describes a general relationship between two or more different types of events, entities, or properties. Many have the form, "If A occurs, then B will always follow under conditions C," such as the laws, "Pure water at sea level heated to 100 degrees C will boil" and "All unsuspended bodies will fall." Other laws describe mathematical relationships between different entities or properties that apply universally, such as the law, "Force equals mass times acceleration," or the law, "The pressure of a gas is proportional to its volume times its temperature." In any case, laws are not events; they describe *relationships* (causal, logical, or mathematical) between different types of events, entities, or properties.
9. Scriven, "Causation as Explanation," 14; Lipton, *Inference to the Best Explanation*, 47 – 81.
10. In the *On the Origin of Species*, Darwin proposed both a mechanism (natural selection) and a historical theory—the theory of universal common descent. Evolutionary biologists debate whether natural selection can be formulated as a law. But within Darwin's argument, the theory of common descent had its own explanatory power. Yet it did not explain by reference to a law of nature. Instead, the theory of common descent explains by postulating a hypothetical pattern of events (as depicted in Darwin's famous tree of life). The theory of common descent makes a claim about what happened in the past—namely, that a series of unobserved transitional organisms existed, forming a genealogical bridge between presently existing life – forms—to account for a variety of presently observed evidence (such as the similarity of anatomical structures in

different organisms or the pattern of fossil progression) . Darwin himself referred to common descent as the *vera causa* (i. e. , the actual cause) of a diverse set of biological observations (*On the Origin of Species*, 195, 481 – 82) . And in the theory of common descent, a pattern of events, not a law, does what I call the “primary explanatory work. ”

11. Ruse, *Darwinism Defended*, 59.
12. Grinnell, “Radical Intersubjectivity”; Scott, “Keep Science Free from Creationism. ”
13. Miller, *Only a Theory*, 87; Skoog, “View from the Past”; Sober, “What Is Wrong with Intelligent Design?”
14. Ruse, “Darwinism. ”
15. Miller, *Only a Theory*, 87.
16. *Kitzmiller v. Dover School District 04 cv 2688* (December 20, 2005), 22, 77; Riordan, “Stringing Physics Along,” 38.
17. *Kitzmiller v. Dover School District 04 cv 2688* (December 20, 2005), 81; Jack Krebs, “A Summary of Objections to ‘Intelligent Design, ’” *Kansas Citizens for Science*, June 30, 2001 ([http://www. sunflower. com/~jkrebs/JCCC/04%20Summary_ Objections. html](http://www.sunflower.com/~jkrebs/JCCC/04%20Summary_Objections.html)) .
18. Michigan Science Teachers Association, “Evolution Education and the Nature of Science,” February 3, 2007 ([http://www. msta – mich. org/downloads/about/2007 – 02 – 03. doc](http://www.msta-mich.org/downloads/about/2007-02-03.doc)) .
19. See [www. signatureinthecell. com](http://www.signatureinthecell.com) and, specifically, “The scientific Status of Intelligent Design: The Methodological Equivalence of Naturalistic and Non – Naturalistic Origins Theories” and “The Demarcation of Science and Religion. ” See also Philip Kitcher’s new book, *Living with Darwin*, 9 – 14. Kitcher is a leading philosopher of science who rejects intelligent design, but thinks that the attempts to refute it using demarcation arguments fail. Kitcher argues that the problem with intelligent de-

细胞中的印记

sign is not that it isn't scientific, but that it is "discarded" or "dead science." He argues this largely because he thinks that intelligent design cannot explain the accumulation of "junk DNA." He does not, however, address the empirical argument for intelligent design based upon the information - bearing properties of DNA or the evidence showing that nonprotein - coding DNA plays a crucial functional role in the cell.

20. Meyer, "A Scopes Trial for the '90s"; "Open Debate on Life's Origin."
21. Scott, "Keep Science Free from Creationism."
22. Grinnell, "Radical Intersubjectivity."
23. Meyer, "Of Clues and Causes," 120; Darwin, *On the Origin of Species*, 398; Hull, *Darwin and His Critics*, 45.
24. For example, in 1999 the U. S. National Academy of Sciences (NAS) issued a statement against intelligent design that claimed that ID is "not science because [it is] not testable by the methods of science." Yet the NAS simultaneously stated, "Molecular data counter a recent proposition called 'intelligent design theory'" and asserted that "scientists have considered the hypotheses" of intelligent design and "rejected them because of a lack of evidence." National Academy of Sciences, *Science and Creationism*, 21, ix. Similarly, Gerald Skoog argues that "the claim that life is the result of a design created by an intelligent cause cannot be tested and is not within the realm of science." Then in the next paragraph he states, "Observations of the natural world also make these dicta [concerning the theory of intelligent design] suspect" ("View from the Past"). Yet clearly something cannot be both untestable in principle and made suspect by empirical observations.
25. Pennock, Expert Witness Report. Emphasis added.
26. Scott, "Keep Science Free from Creationism."

27. Judson, *The Eighth Day of Creation*, 157 – 90.
28. Francis Darwin, ed. , *Life and Letters*, 1: 437, emphasis added.
29. Miller, *Only a Theory*, 87.
30. Meyer, “The Return of the God Hypothesis.”
31. Miller, *Finding Darwin’s God*, 238.
32. Similarly, neither type of theory describes events that will necessarily occur *repeatedly*, but both use uniform and *repeated* experience of cause and effect to make inferences about the most likely cause of various singular happenings.
33. Laudan, “The Demise of the Demarcation Problem”; “Science at the Bar—Causes for Concern”; Quinn, “The Philosopher of Science as Expert Witness.”
34. For example, in the Arkansas trial Ruse had asserted that to qualify as scientific a theory must be falsifiable. He argued that young – earth creationism (creation science) wasn’t scientific because it wasn’t falsifiable. But other philosophers have pointed out that young – earth creationism made many testable claims and that these claims were nothing if not falsifiable. As one of Ruse’s critics, Larry Laudan, points out, to claim that “Creationism is neither falsifiable nor testable is to assert that Creationism makes no empirical assertions whatever. That is surely false. Creationists make a wide range of testable assertions.... Creationists say that the earth is of very recent origin... . They argue that most of the geological features of the earth’s surface are diluvial in character.... They assert the limited variability of species. They are committed to the view that, since animals and man were created at the same time, the human fossil record must be paleontologically coextensive with the record of lower animals.” But as Laudan argues, “no one has shown how to reconcile such claims with the available evidence—evidence which speaks persuasively to a long earth history, among other things. Thus,

细胞中的印记

these claims are testable, they have been tested, and they have failed those tests.” It follows from Ruse’s definition that creation science should qualify as scientific theory. Since it had been falsified, it was falsifiable. Since it was falsifiable, it qualified—paradoxically—as a scientific theory. (Laudan, “Science at the Bar—Causes for Concern.”) Conversely, Laudan shows that many of Ruse’s criteria would also, depending on how strictly they were applied, have the opposite effect of disqualifying mainstream evolutionary theories. Advancing his own criticism of Ruse’s use of the “must explain by natural law” criterion, Laudan notes that scientists often make “existence claims” about past events or present processes without knowing the natural laws on which they depend. As he says, “Darwin took himself to have established the existence of [the mechanism of] natural selection almost a half century before geneticists were able to lay out the laws of heredity on which natural selection depended.” Thus, Ruse’s second demarcation criterion would require, if applied consistently, classifying classical Darwinism (as well as much of neo-Darwinism) as unscientific. As Laudan notes, if we took Ruse’s second criterion seriously “we should have to say that ... Darwin [was] unscientific; and, to take an example from our own time, it would follow that plate tectonics is unscientific because we have not yet identified the laws of physics and chemistry which account for the dynamics of crustal motion.”

35. Laudan, “The Demise of the Demarcation Problem,” 349; “Science at the Bar—Causes for Concern”; Quinn, “The Philosopher of Science as Expert Witness”; Kitcher, *Abusing Science*, 125–27. Kitcher allows for the possibility of a testable theory of divine creation. He argues that the presence of unobservable elements in theories, even ones involving an unobservable Divine Creator, do not mean that such theories cannot be evaluated empirically. He writes: “Even postulating an unobserved

Creator need be no more unscientific than postulating unobserved particles. What matters is the character of the proposals and the ways in which they are articulated and defended.” Nevertheless, Kitcher argues creationism was tested and found wanting in the nineteenth century.

36. Speech at Annual Meeting of the American Association for the Advancement of Science.
37. Ruse, *Monad to Man*, 511 – 17.
38. Eger, quoted in Buell, “Broaden Science Curriculum,” A21. Larry Laudan also categorically rejects the efficacy of demarcation arguments. As he summarizes, “If we could stand up on the side of reason, we ought to drop terms like ‘pseudoscience’ ... They do only emotive work for us” (“The Demise of the Demarcation Problem”) .
39. Jones, *Kitzmiller et al. v. Dover Area School Board*. As Judge Jones explained, “This self – imposed convention of science, which limits inquiry to testable, natural explanations about the natural world, is referred to by philosophers as ‘methodological naturalism.’ ”
40. Murphy, “Phillip Johnson on Trial,” 33. Nancey Murphy is a philosopher and seminary professor who strongly affirms methodological naturalism. Here’s what she says in full: “Science *qua* science seeks naturalistic explanations for all natural processes. Christians and atheists alike must pursue scientific questions in our era without invoking a Creator.... Anyone who attributes the characteristics of living things to creative intelligence has by definition stepped into the arena of either metaphysics or theology. ”
41. Some might object to my description of methodological naturalism as a principle that excludes all intelligent causes from science. They could point out, correctly, that some scholars construe the principle of methodological naturalism (MN) as forbidding, invoking only *supernatural* intelligent causes, not intelligent causes in general, within

science. Nevertheless, nothing follows from this objection. Interpreting the principle of MN in this more limited way doesn't justify disqualifying intelligent design from consideration as a scientific theory. If methodological naturalism merely forbids reference to supernatural causes in science, then the theory of intelligent design should qualify as a scientific theory. Why? The theory itself claims to do no more than establish an intelligent cause, not a supernatural intelligent cause, as the best explanation for the origin of biological information. Clearly, some advocates of the theory of intelligent design think (as I do) that the designing intelligence responsible for life is most likely to be a supernatural deity. But again, not much follows from that about the scientific status of the theory itself. Some advocates of the theory of intelligent design do indeed think that the theory has theistic *implications*. So what? Even if one concedes a definition of science that forbids reference to supernatural entities, all that follows is that the putative *implications* of intelligent design, not the claims of the theory itself, are unscientific.

Some scientists may even offer arguments in support of their contention that the designing intelligence responsible for life is most likely to be a supernatural deity. A definition of science that forbids reference to supernatural entities would, in that case, require classifying those arguments as unscientific. Nevertheless, classifying such arguments as unscientific or metaphysical or religious would not necessarily refute them.

42. Some scientists attempt to justify methodological naturalism by using another demarcation argument against intelligent design: ID does not cite a mechanism as the cause of the origin of biological form or information. But this demarcation argument assumes without justification that all scientifically acceptable causes are *mechanistic* causes. To insist that all causal explanations in science must be mechanistic is to insist

that all causal theories must refer only to material entities. A “mechanism” is, after all, just another word for a material cause. Yet this requirement is merely another expression of the principle of methodological naturalism, for which there is no noncircular justification.

As I have argued throughout this chapter, scientists have tried to justify a categorical exclusion of intelligent causes from science (i. e., methodological naturalism) by reference to specific demarcation criteria such as “testability,” “observability,” or “must explain by natural law.” But, as I have shown, these arguments have failed to justify the exclusion of intelligent causes from science and, thus, the principle of methodological naturalism as a rule for science.

The failure of demarcation arguments against intelligent design (or in favor of methodological naturalism) has left scientists without any justification for treating methodological naturalism as a normative rule of scientific practice. Attempts to justify this convention simply restate it in another form: “scientific theories must cite mechanisms.” Thus, it provides no grounds for excluding consideration of intelligent causes in scientific theories, even if the intelligence in question is ultimately immaterial.

This demarcation argument against intelligent design clearly assumes the point at issue, which is whether there are independent and metaphysically neutral reasons for preferring exclusively materialistic causal explanations of origins over explanations that invoke entities such as creative intelligence, conscious agency, mental action, intelligent design or mind—entities that may not ultimately be reducible to matter alone. Since demarcation arguments have failed to provide such reasons, and since we know from first – person experience that our choices and actions as conscious intelligent agents do cause certain kinds of events, structures, and systems to arise—that minds have re-

细胞中的印记

al causal powers—there does not seem to be any reason for prohibiting scientists from considering this type of cause as a possible explanation for certain kinds of effects. Instead, there is every reason to consider intelligent causes as explanations for effects that are known to arise only from intelligent activity.

43. Some have argued that the theory of intelligent design is unscientific because it doesn't cite a mechanism to explain how the designing intelligence responsible for life arranged the constituent parts of life. But this is also true in our own experience. We do not know how our minds influence the material substrate of our brains, the actions of our bodies, or through them the material world around us. Nevertheless, we have good reason to think *that* our conscious thoughts and decisions do influence the material world. Moreover, we can often know or infer *that* intelligent thought played a role in the arrangement of matter or outcome of events without knowing exactly *how* mind influences matter. It's hard to see how this limitation in our understanding makes the theory of intelligent design unscientific. Many scientific theories do not explain events, evidence, or phenomena by reference to any cause whatsoever, let alone a mechanistic one. Newton's universal law of gravitation was no less a scientific theory because Newton failed—indeed, refused—to postulate a mechanism or cause for the regular pattern of attraction his law describes.

In addition, many historical theories about *what* happened in the past stand on their own without any mechanistic or causal theory about *how* the events to which such theories attest could have occurred. The theory of universal common descent is generally regarded as a scientific theory even though some scientists do not think there is currently an adequate mechanism to explain how transmutation between lines of descent was achieved. In the same way, there seems little justification for asserting

that the geological theory of continental drift became scientific only after the advent of plate tectonics. Although the mechanism provided by plate tectonics certainly helped render continental drift a more persuasive theory, it was nevertheless not strictly necessary to know the mechanism by which continental drift *occurs* (1) to know or theorize that drift *had occurred* or (2) to regard a theory of continental drift as scientific.

In a similar way, advocates of design can affirm and detect *that* intelligence played a causal role in the design of life without knowing exactly *how* mind exerts its influence over matter. All that follows from this admission is that intelligent design does not provide an answer to every question, not that it is an unscientific (or unjustified) answer to the question that it does answer.

44. Jones, *Kitzmilller et al. v. Dover Area School Board*.
45. There are many types of scientific inquiry in which the convention of methodological naturalism does no damage to the intellectual freedom of scientists. Consider a scientist investigating the question, "How does atmospheric pressure affect crystal growth?" The answer, "Crystals were designed by a creative intelligence" (or, for that matter, "Crystals evolved via undirected natural processes") entirely misses the point of the question. The question demands an answer expressed as a general relationship describing the interaction of two physical entities: gases and crystals. A scientific law expressing such a relationship necessarily describes entirely materialistic entities. Methodological naturalism does not limit the freedom of scientists to theorize in this case. Instead, the question motivating their inquiry ensures that scientists will only consider certain kinds of answers and that these answers will necessarily describe materialistic entities. In this case, methodological naturalism does no harm, though neither is it necessary to guide

细胞中的印记

scientists to appropriate theories. Instead, the implicit question motivating the inquiry will do this on its own.

Methodological naturalism and its prohibition against inferring creative intelligence does inhibit inquiry in historical sciences such as archaeology, forensics, paleobiology, cosmology, anthropology, and origin – of – life studies, however, because in the historical sciences researchers are addressing different kinds of questions. They are asking about the causal histories of particular events, events in which the purposeful design of intelligent agents might have played a role. Scientists investigating the origin of life, for example, are motivated by the question, “What happened to cause life to arise on earth?” Since, conceivably, an intelligent designer could have played a causal role in the origin of life, any rule that prevents scientists from considering that possibility prevents scientists from considering a possibly true hypothesis.

46. Bridgman, *Reflections of a Physicist*, 535.

Chapter 20: Why It Matters

1. This quotation is from a court case in which the 3rd Circuit Court of Appeals defined religion for legal purposes. See *Africa v. Pennsylvania*, 662 F. 2d 1025, 1035 – 36 (3d Cir. 1981), cert. denied, 456 U. S. 908 (1982). See also *Alvarado v. City of San Jose*, 94 F. 3d 1223, 1227 (9th Cir. 1996). For a more extensive analysis of whether intelligent design qualifies as an establishment of religion, see DeWolf, Meyer, and DeForrest, “Teaching the Origins Controversy.”
2. See, e. g., Center for Science and Culture, Discovery Institute, [http://www. discovery.org/csc](http://www.discovery.org/csc). See also the Biologic Institute at [http://www. biologicinstitute. org](http://www.biologicinstitute.org).

3. Skoog, "A View from the Past"; Pennock, Expert Witness Report.
4. Michael Denton, an agnostic, argues for intelligent design in *Evolution: A Theory in Crisis*, 326 – 43. Antony Flew, a longtime champion of atheism, recently announced his abandonment of atheism based on the evidence of intelligent design, but emphasized that his religion was far from conventional (much less sectarian): "I'm thinking of a God very different from the God of the Christian and far and away from the God of Islam, because both are depicted as omnipotent Oriental despots, cosmic Saddam Husseins" ("Famous Atheist Now Believes in God," [http:// abcnews. go. com/US/wireStory? id = 315976](http://abcnews.go.com/US/wireStory?id=315976)) . See also Flew, *There Is a God*.
5. Logically, a statement or proposition (call it A) *implies* another proposition (call it B), if B is more plausible or *more likely* to be true if A is true. Logically, a proposition (call it A) *entails* another proposition (call it B), if B is *necessarily* true if A is true. Implication refers to any kind of epistemic support short of deductive proof, whether that support is provided by weak forms of abductive inference, induction, confirmation of hypothesis, Bayesian inference, or a strong abductive inference to the best explanation.
6. Similarly, archaeology often yields data or artifacts that may prove supportive or subversive of particular religious traditions. Yet the implications of archaeological theories do not make archaeology a religion or its theories necessarily false (or true) .
7. Hawking and Penrose, "The Singularities of Gravitational Collapse and Cosmology."
8. Eddington, "The End of the World."
9. Kenyon and Steinman, *Biochemical Predestination*, 6.
10. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 6.
11. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 6.

细胞中的印记

12. Simpson, *The Meaning of Evolution*, 344, emphasis added.
13. Futuyma, *Evolutionary Biology*, 5.
14. “The implications of modern evolutionary biology are inescapable.... Evolutionary biology undermines the fundamental assumptions underlying ethical systems in almost all cultures, Western civilization in particular” (Provine, “Evolution and the Foundation of Ethics”) .
15. Gould, *Ever Since Darwin*, 33.
16. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 6.
17. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 6.
18. Gould, *Ever Since Darwin*, 33, 147, 267.
19. Miller and Levine, *Biology*, 658. A later edition of the textbook deleted this language.
20. Purvis, Orians, and Heller, *Life*, 14.
21. Futuyma, *Evolutionary Biology*, 5.
22. “In many respects, evolution is the key to understanding our relationship with God” (Miller, *Finding Darwin’s God*, 291) .
23. Dawkins, *The Blind Watchmaker*, 6.
24. Miller, *Finding Darwin’s God*, 291.
25. Russell, *Mysticism and Logic, Including a Free Man’s Worship*, 10 – 11.

Epilogue: A Living Science

1. Kitcher, *Living with Darwin*, 11.
2. Newton, *Newton’s Principia*.
3. Carninci, Yasuda, and Hayashizaki, “Multifaceted Mammalian Transcriptome”; Gerstein, Bruce, Rozowsky, et al. “What Is a Gene, Post – ENCODE?”
4. Amaral and Mattick, “Noncoding RNA in Development.”
5. Squires and Berry, “Eukaryotic Selenoprotein Synthesis.”

6. Pesole, "What Is a Gene?"; Gerstein, Bruce, Rozowsky, et al. "What Is a Gene, Post – ENCODE?"
7. Savarese and Grosschedl, "Blurring Cis and Trans in Gene Regulation. "
8. Kapranov, Willingham, and Gingeras, "Genome – wide Transcription and the Implications for Genomic Organization. "
9. Sowden, Ballatori, Jensen, Reed, and Smith, "The Editosome for Cytidine to Uridine mRNA Editing has a Native Complexity of 27S"; Sperling, Azubel, and Sperling, "Structure and Function of the Pre – mRNA Splicing Machine. "
10. Fischer, Butler, Pan, and Ruvkun, "Trans – splicing in *C. elegans* Generates the Negative RNAi Regulator ERI – 6/7. "
11. Hudson and Goldstein, "The Gene Structure of the *Drosophila melanogaster* ProtoOncogene, *Kayak*, and Its Nested Gene, *fos* – Intronic Gene. "
12. Huang, Zhou, He, Chen, Liang, and Qu, "Genome – wide Analyses of Two Families of snoRNA Genes from *Drosophila melanogaster*"; Saini, Enright, and Griffiths – Jones, "Annotation of Mammalian Primary microRNAs. "
13. Chung, et al. , "A First Look at the ARFome. "
14. Ohno, "So Much 'Junk' DNA in Our Genome"; Dawkins, *The Selfish Gene*; Orgel, Crick, Sapienza, "Selfish DNA"; Orgel and Crick, "Selfish DNA. "
15. Shapiro and von Sternberg, "Why Repetitive DNA Is Essential to Genome Function. "
16. Denoeud, et al. , "Prominent Use of Distal 5' Transcription Start Sites. "
17. Michalak, "Coexpression, Coregulation, and Cofunctionality of Neighboring Genes in Eukaryotic Genomes. "
18. Miles, et al. , "Intergenic Transcription, Cell – Cycle and the Devel-

细胞中的印记

- opmentally Regulated Epigenetic Profile of the Human Beta – Globin Locus. ”
19. Gierman, et al. , “Domain – wide Regulation of Gene Expression in the Human Genome”; Goetze, et al. , “The Three – Dimensional Structure of Human Interphase Chromosomes. ”
 20. Miller, *Only a Theory*, 37, 56.
 21. Kapranov, Willingham, and Gingeras, “Genome – wide Transcription and the Implications for Genomic Organization”; Wu, et al. , “Systematic Analysis of Transcribed Loci in ENCODE Regions. ”
 22. Costantini, et al. , “Human Chromosomal Bands. ”
 23. Carvalho, et al. , “Chromosomal G – dark Bands Determine the Spatial Organization of Centromeric Heterochromatin in the Nucleus. ”
 24. Lynch writes that he is striving for “a general theory of the evolution of the gene that incorporates the universal properties of random genetic drift and mutation pressure” and that “at this point it is difficult to reject the hypothesis that the basic embellishments of the eukaryotic gene originated largely as a consequence of nonadaptive processes operating contrary to the expected direction of natural selection” (“Origins of Eukaryotic Gene Structure,” 464) .
 25. According to Gehring, “... the mouse gene [*Pax - 6*] was also shown to be capable of inducing eyes [in *Drosophila*]” (*Master Control Genes in Development and Evolution*, 204) .
 26. Panganiban and Rubenstein, “Developmental Functions of the *Distal - less/Dlx* Homeobox Genes. ”
 27. Newman, “The Developmental Genetic Toolkit and the Molecular Homology – Analogy Paradox. ”
 28. Carroll, *Endless Forms Most Beautiful; The New Science of Evo Devo*. “The discovery that the same sets of genes control the formation and pattern of body regions and body parts with similar functions (but very

different designs) in insects, vertebrates, and other animals has forced a complete rethinking of animal history, the origins of structures, and the nature of diversity. Comparative and evolutionary biologists had long assumed that different groups of animals, separated by vast amounts of evolutionary time, were constructed and had evolved by entirely different means So prevalent was this view of great evolutionary distance that in the 1960s the evolutionary biologist (and an architect of the Modern Synthesis) Ernst Mayr remarked: ‘Much that has been learned about gene physiology makes it evident that the search for homologous genes is quite futile except in very close relatives’ This view was entirely incorrect. The late Stephen Jay Gould, in his monumental work *The Structure of Evolutionary Theory*, saw the discovery of Hox clusters and common body – building genes as overturning a major view of the Modern Synthesis” (71 – 72) . See also Ron Amundson, “Development and Evolution,” in Sarkar and Plutynski, eds. , *A Companion to the Philosophy of Biology*, 248 – 68; esp. 264: “By the early 1990s molecular geneticists were beginning to identify genes on the basis of their molecular composition. The first shock was the discovery that certain genes were widely shared among nearly all animal groups, from mammals to insects to flatworms. The mere fact of widely shared genes was inconsistent with the expectations of major adaptationists. But the nature of those genes was even more surprising. They acted at the deepest and earliest stages of embryonic development... Adaptationists like Dobzhansky and Mayr had predicted just the opposite—the absence of any important homologous genes.”

29. “Insect and vertebrate legs,” note Erwin and Davidson, “are constructed entirely differently and it is difficult to imagine a morphogenetic process that would produce a version ancestral to both, i. e. , beyond the initial patterning stage.” Erwin and Davidson, “The Last

细胞中的印记

Common Bilaterian Ancestor. ”

30. Erwin and Davidson, “The Last Common Bilaterian Ancestor. ”
31. Nelson and Wells, “Homology in Biology,” esp. 317.
32. Goodwin, “What Are the Causes of Morphogenesis?”; Nijhout, “Metaphors and the Role of Genes in Development”; Sapp, *Beyond the Gene*; Müller and Newman, “Origination of Organismal Form. ”
33. Harold, “From Morphogenes to Morphogenesis”; Moss, *What Genes Can't Do*.
34. Harold, *The Way of the Cell*, 125.
35. Harold, *The Way of the Cell*, 125.
36. McNiven and Porter, “The Centrosome. ”
37. Lange, Faragher, March, and Gull, “Centriole Duplication and Maturation in Animal Cells”; Marshall and Rosenbaum, “Are There Nucleic Acids in the Centrosome?”
38. Lange, Faragher, March, and Gull, “Centriole Duplication and Maturation in Animal Cells. ”
39. Sonneborn, “Determination, Development, and Inheritance of the Structure of the Cell Cortex”; Frankel, “Propagation of Cortical Differences in *Tetrahymena*”; Nanney, “The Ciliates and the Cytoplasm. ”
40. Moss, *What Genes Can't Do*.
41. Harold, “From Morphogenes to Morphogenesis. ”
42. On his Michigan State University Web page, philosopher of biology Robert Pennock notes that his major 2003 *Nature* paper using the program *Avida* was intended to rebut Michael Behe’s arguments about the origin of irreducibly complex systems. “Though not discussed explicitly in the paper,” he writes, “the experiment refutes Behe’s claim that evolution cannot produce ‘irreducible complexity.’ ” This claim occurs under Pennock’s Web – page heading “Rebutting Michael Behe and Irreducible Complexity. ” See <https://www.msu.edu> (last accessed

February 9, 2009) . See also Thornton, “Implications for Intelligent Design,” and Minnich and Meyer, “Genetic Analysis of Coordinate Flagellar and Type III Regulatory Circuits in Pathogenetic Bacteria. ”

Appendix A : Some Predictions of Intelligent Design

1. Dembski and Marks, “The Conservation of Information” ; “The Search for a Search. ”
2. Shapiro, “A 21st Century View of Evolution, ” 124.
3. Wells, “Do Centrioles Generate a Polar Ejection Force?” ; “Using Intelligent Design Theory to Guide scientific Research” ; “A Possible Link Between Centrioles, Calcium Deficiency and Cancer. ”
4. Meyer, Ross, Nelson, and Chien, “The Cambrian Explosion. ”
5. Ayoub, “On the Design of the Vertebrate Retina” ; Denton, “Selected Excerpts: The Inverted Retina. ”
6. It might be objected that a beneficent designer skilled enough to produce biological systems would not allow natural processes to degrade them. But this objection inevitably raises a theological question about what a theistic designer would or would not have done, one moreover addressed by traditional theological formulations. For more on the subject see Hunter, *Darwin’s God*; Wiker and Witt, *A Meaningful World*.
7. Minnich and Rohde, “A Rationale for Repression and/or Loss of Motility by Pathogenic *Yersinia* in the Mammalian Host. ”
8. Chain, et al. , “Insights into the Evolution of *Yersinia pestis* Through Whole – Genome Comparison with *Yersinia pseudotuberculosis*. ”
9. Miller, “The Flagellum Unspun. ”
10. As microbiologist Milton H. Saier Jr. has noted: “In considering the logistics of the conclusions made by Gophna et al. [10], it should be

细胞中的印记

noted that Fla [gellar] systems have been able to diverge in structure so as to span either one membrane or two in the envelopes of Gram – positive and Gram – negative bacteria, respectively. So why haven't T3SSs? The most plausible explanation considers that T3SSs arose late from preexisting Gram – negative bacterial Fla [gellar] systems” (“Evolution of Bacterial Type III Protein Secretion Systems”). Additionally, as Saier observes, mutation density studies have shown that the T3SS and flagellar motor genes have roughly equivalent ages. Saier regards these studies as less definitive than phylogenetic studies because of their assumption of a constant rate of evolutionary change, i. e., that mutation rates function as a consistent “molecular clock.” But even if these studies yield accurate conclusions, they are consistent with the possibility of independent design or with an extremely rapid devolution of the T3SS from the flagellar motor, both of which are possibilities that would challenge the co – option hypothesis. This is the case, because it would presumably take longer to build a new system than to offload parts of an old one. Saier himself has recently changed his mind about his 2004 claim that the flagellar motor is older than the T3SS. He now favors the view that both the T3SS and the flagellar motor share a common ancestor. Nevertheless, he offers little empirical justification for this new view.

11. Axe, “Estimating the Prevalence of Protein Sequences Adopting Functional Enzyme Folds.”

Appendix B: Multiverse Cosmology and the Origin of Life

1. Koonin, “The Cosmological Model.”
2. Calculations predicated on the standard big – bang cosmology tell us that radiation arriving from opposite directions in the sky would have origi-

nally been separated, when the universe was 300, 000 years old, by about 100 horizon distances. (A horizon distance is the distance light could have traveled since the beginning of the universe.) Thus, these calculations imply that there would have been no opportunity for the background radiation in far flung corners of the universe to have “thermalized” or come into a thermal equilibrium by mixing. Instead, the only way to explain the homogeneity in the temperature of the background radiation given the standard big – bang model is to posit that the initial conditions of the universe were extremely finely tuned.

3. In current models, inflation begins at around 10^{-37} seconds after the big bang and lasts until 10^{-35} seconds, during which space itself expands by a factor of 10^{60} or so. At the beginning of the inflationary epoch the observable universe was, say, about 10^{-60} meters in size and at the end of it about a meter across. At the start of inflation, however, the horizon distance (the distance light could have traveled since the big bang) was 10^{-37} light – seconds, which is far larger than the tiny patch that was destined to grow into our observable universe. According to the inflationary model, some residual inhomogeneity in the background radiation might have remained even after the initial thermalization occurred. Nevertheless, if it did it would have existed only in the parts of the early universe that lay beyond the patch that would become our observable universe. Thus, the inflationary process not only distributed the homogeneous background radiation throughout the observable universe, it also would have distributed all remaining inhomogeneity beyond the edge of the observable universe as well.
4. See Garriga and Vilenkin, “Many Worlds in One”; Vilenkin, *Many Worlds in One*. The many – worlds – in – one model has the consequence that all macroscopic sequences of events not forbidden by physical conservation laws not only occur somewhere in an eternally inflating

细胞中的印记

universe, but occur over and over again without limit as inflation endlessly spawns new expanding regions of space – time. For instance, the model suggests there are an unlimited number of macroscopically exact copies of the earth and everything that exists on it, even though the probability of any given observable region of the universe containing such a copy is vanishingly small.

5. Koonin, “The Cosmological Model of Eternal inflation and the Transition from Chance to Biological Evolution in the History of Life.”
6. Penrose, “difficulties with inflationary Cosmology,” 249 – 64. Penrose, *The Road to Reality: A Complete Guide to the Laws of the Universe*, 746 – 57.
7. Hawking and Page, “How Probable Is inflation?”
8. Collins, “The Fine – tuning Design Argument,” esp. 61.
9. Penrose, “difficulties with inflationary Cosmology,” 249 – 64. Penrose, *The Road to Reality: A Complete Guide to the Laws of the Universe*, 746 – 57, esp. 730, 755.
10. Dyson, Kleban, and Susskind, “Disturbing Implications of a Cosmological Constant.”

SIGNATURE
IN THE CELL

细胞中的印记

DNA编码信息之谜

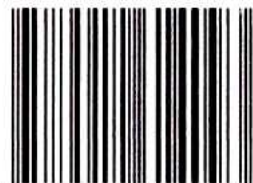
生命和宇宙到底何来？自古以来众说纷纭。

《细胞内的印记》作者，史蒂芬·梅尔博士(STEPHEN C. MEYER)在细胞内找到了一个分子迷宫，并揭示出一个DNA之谜。

他到英国剑桥大学追踪了沃森和克里克等发现DNA结构的经过及详细分析其重要的意义。梅尔进一步肯定遗传分子DNA中蕴藏的是数码信息，并介绍了香农的信息论在生命本质上的应用，显示生命的信息有特定的复杂性。梅尔认为，尝试解开达尔文没有正式讨论，克拉克不能回答的问题，“生命到底怎样开始”，必需从DNA开始。第一个DNA从哪里来，怎样产生的？这是生命起源不可逃避的首要问题。梅尔从科学、哲学、和历史的角度的角度检验了各种企图解释生命起源的理论。由于细胞内DNA的信息与人类智慧创造的信息极为相似，因此复燃了生命有设计的假设。


梅尔博士在《细胞内的印记》中，本于最新的科学发现，使用达尔文创始的科学方法发展出最新的见解和最佳的科学解释。

ISBN 978-7-5126-1409-3



9 787512 614093 >

定价：39.00元

 HarperCollins Publishers
哈珀·柯林斯出版集团