

摘 译

外国自然科学哲学

上海外国自然科学哲学著作编译组编

3

1975

上海人民出版社

摘 译

外国自然科学哲学

一九七五年第三期(总五期)

上海外国自然科学哲学著作编译组编

上海人民出版社出版

(上海绍兴路5号)

科学书店上海发行所发行 上海新华印刷厂印刷

开本 850×1156 1/32 印张 7 字数 173,000

1975年9月第1版 1975年9月第1次印刷

统一书号: 13171·162 定价: 0.54元

内部发行

+

乙

摘译

目 录

分子遗传学问题

- 分子遗传学的由来和发展 庚 元(1)
- 分子水平的生物学 [日] 松代爱三(5)
- 分子生物学的过去和未来 [日] 近藤宗平(23)
- 分子生物学的第二个发展时期 [日] 渡边 格(38)
- 论遗传现象的本质 [苏] H·И·杜比宁(48)
- 还原论,代替论与分子生物学 [加] M·E·鲁斯(62)
- 分子生物学和形而上学 [美] G·S·斯坦特(96)
- 分子生物学的哲学观 [美] D·伯林斯基(106)
- 核酸的分子结构
- 脱氧核糖核酸的一个结构模型
- [美] J·D·华生 [英] F·H·C·克里克(124)

关于计算机的议论

- 信息处理的一些哲学问题 [奥] H·齐玛纳克(128)

海底的矿物资源

海底地理区划及其含矿远景

- [美] V·E·麦凯尔维等(157)

- 海底矿物资源.....〔西德〕W·肖特(167)
大陆架〔美〕K·O·埃默里(173)

苏修科技动态
——关于“气质学说”

- 评苏修的气质学说**施 辛(184)
气质〔苏〕A·Г·科瓦列夫(188)
气质公式〔苏〕A·贝洛夫(195)
关于气质问题的两个具体研究
 同某些个体类型特征相联系的中学高年级学
 生社交积极性的表现〔苏〕B·C·伊万诺娃(198)
 神经系统强度和积极性水平对单调工作效果
 的影响〔苏〕B·И·罗日杰斯特凡斯卡娅(200)

外国自然科学家的哲学观

- 途径的探索〔奥〕E·薛定谔(205)

分子遗传学问题

分子遗传学的由来和发展

庚 元

遗传学是研究生物遗传变异的原理和规律的一门学科。“科学的发生和发展一开始就是由生产决定的”。(《自然辩证法》) 遗传学也不例外,它的源泉和动力来自人类农牧业生产实践。

上溯到远古时代,人们在向自然界索取食物来源的长期斗争中,逐渐认识了各种动植物,把野生动植物驯化成家畜和作物;在栽培和饲养过程中,观察到生物的变异,开始懂得区分品种特性,注意选留具有优良性状的个体,这可以说是遗传学的萌芽。比如,我国甲骨文中,就有稻、稷、黍、粟、麦、马、牛、羊、猪、犬等名称;在《诗经》中则有“诞降嘉种”的说法,这尽管蒙上了迷信成分,却反映了劳动人民已在生产实践中,有了“种”的概念;此外还明确记载了生物变异现象,如提到马有三十六个品种,每一品种在性状上都各有差异。恩格斯指出:“没有种的概念,整个科学就没有了。科学的一切部门都需要种的概念作为基础”。(《自然辩证法》)“种”和“品种”的概念是在生产实践中,从大量生动的经验事实中抽象概括出来的;有了种的概念,又可进一步观察研究生物体的遗传和变异,使客观自然界为人类的需要而服务。后魏杰出的农学家贾思勰在《齐民要术》中就谈到:“服牛乘马,量其力能;寒温饮饲,适其天性”,为的是保持和发挥合乎人们生产要求的遗传特性。培育花卉的劳动人民,“岁取其变者以为新”,连年选取变异的植株,育成重瓣、异色的名花奇葩。在埃及,随同六千年前的木乃伊一起出土的有大麦、小

麦、稻、豆、棉花等作物；古代巴比伦人和亚述人在更早些时候，就学会人工授粉进行植物杂交。这些事实都雄辩地说明，在古代，不管是中国还是外国，劳动人民在变革自然界的进程中，早已积累了有关生物遗传和变异的丰富知识。

可是，囿于当时的生产发展水平，人们对整个生物界的认识，还只能是停留在直观观察和现象描述的阶段上，对生物体的内部构造、生理活动、物质代谢等的了解，还极其肤浅，有的还一无所知，因此还不可能形成一个科学的遗传学理论体系。

十八世纪中叶以后，西欧资本主义各国相继完成了工业革命，促进了农业生产的发展。资本主义农牧业的发展，要求弄清楚生物生长、发育、遗传、变异的规律，使育种事业置于精确有效的科学指导之下。正是在这一社会需要推动下，达尔文的物种进化论问世了。进化论以大量的科学事实，在总体上阐明了生物界变化发展的规律。与此同时，也推动了以人工实验方法来研究个体的变异原因和遗传方式。孟德尔以豌豆为实验材料，揭示了两条遗传定律，这就从现象描述进入到本质分析，从经验科学抽象为理论科学，对遗传学研究的发展有一定的推动作用。

从本世纪初开始，遗传学逐渐形成了一个完整的理论体系。随着社会实践对遗传学的要求日益增进，随着自然科学各学科的发展，遗传学与细胞学、胚胎学、生物化学、生理学、医学等结合起来，逐渐深入到细胞内部去研究遗传变异的物质基础。在此之前，达尔文曾提出过“泛生论”假说，认为生物体各个部分都会产生代表各自性状的微粒，他称这种遗传物质为芽球。这种微粒通过血流等汇集到生殖细胞，保证了性状的遗传传递。以后的实验事实否定了泛生论，但证明了遗传变异这一生命现象确有其特定的物质基础，它们主要位于细胞核里的染色体上。

染色体的主要组成是核酸和蛋白质。本世纪四十年代，发现一个品系的肺炎双球菌的一些遗传特性，可以通过特定的化学物

质传递给另一品系,使它们也获得了原先不具有的那些遗传特性。这种化学物质就是脱氧核糖核酸。核酸是生物体的主要遗传物质基础,这一发现为人们定向地、有效地控制生物遗传变异开辟了新的前景,因而也有力地促进了在1871年就已发现的核酸的研究。1953年,华生和克里克根据X衍射资料,提出了脱氧核糖核酸双螺旋结构模型,这一DNA的分子结构模型可以合理地解释生物遗传性的传递和展现途径、变异出现的原因和机理,也就是说,使人们能在主要生命物质结构的分子层次上来阐明生物的遗传变异规律,使遗传学研究深入到分子水平,开创了分子遗传学这一新的学科领域。

可见,分子遗传学的出现,是在生产实践的推动下,在遗传学研究的科学实验基础上,发展形成的一个分支,是遗传学研究的一个新阶段。分子遗传学出现以后,在农作物、微生物育种实践、肿瘤和遗传性疾病的病因学等实际问题的促进下,在工业生产提供的精密实验分析设备的基础上发展很快。同时,分子遗传学理论又能为工农业生产和医学实践提供一定的指导原理和方法,使它自身在实践中不断汲取了新的滋养。所以,人类的生产实践活动始终是推动着遗传学研究发展的动力,是科学研究的永不枯竭的源泉。

可是,在推动科学发展的动力是什么这个问题上,历来存在着两种世界观的斗争。一些资产阶级学者往往截取科学发展的历史长河中的一个片段,加以夸大,以偏盖全,割断科学同生产实践之间的关系,把科学的发展完全归之于科学家个人的作用,强调学科自身的矛盾是科学发展的决定因素。有人就把分子遗传学产生的原动力归之于所谓的“欧罗巴精神”的创造,正是这种唯心主义天才史观的典型反映。

分子遗传学的研究在揭露生命的本质和生物遗传变异规律方面取得了不小的进展,在理论和实践上都有较大的意义。它使人们

逐步进入到一个前所未见的广阔世界，它是人们认识生命物质的结构和功能的有力武器。但分子遗传学决不象某些人认为的那样，是什么完美无缺的理论。事实上，它目前的一些理论概念或是来自噬菌体、病毒、微生物等一些低等生物的实验资料，或是以离体培养的试验为依据，因此还存在很大的局限性，对于从生物体的整体水平上，特别是对高等动植物的遗传变异还难以作出完善的解释；何况人们对物质世界的认识是无限的，分子水平并不是生命物质结构的最后层次，因而分子遗传学的理论也决不可能是阐明遗传变异规律的终极真理。人们的认识还有待于深化，分子遗传学还要不断发展和完善，还有一个去芜存菁、去伪存真的过程；唯心论和形而上学仍会依附在人们还未充分认识的领域中兴妖作怪。正因为如此，必须坚持辩证唯物主义的世界观，批判形形色色的唯心论和形而上学，使分子遗传学循着正确的方向健康地发展。事实上，西方一些学者已经在歪曲分子遗传学的研究成果作为种种反动哲学的“科学论据”，力图把分子遗传学引入歧途。他们说什么核酸结构的发现是“上帝存在的确凿的证据”；人们越是在变革物质世界中揭示事物的客观规律，就越是证明“上帝制订的、支配世界井然有序地运转的自然法则的存在”。分子遗传学揭示了生物遗传密码的同一性，在分子水平上论证了生物有机界的统一性，丰富了达尔文的物种进化论，可是有人却以此来论证世上一切生物都是来自“一个特殊的细胞”，而且这个细胞要在地球上出现的几率太小了，只能是“从天外飞来的”，为宇宙生源说树幡招魂。因此，为了迅速发展我国的遗传学事业，赶超世界先进水平，广大遗传学工作者必须认真学习马列主义、毛泽东思想，坚持开展对资产阶级世界观的批判，深入工农业和医学实践，在改造世界观的同时，认真总结群众的丰富的实践经验，为建立起闪烁着唯物辩证法的光芒的我国遗传学理论体系而奋斗。

分子水平的生物学

〔日〕松代爱三^①

〔内容提要〕^② 本文系统介绍了七十年代以前分子遗传学发展的几个方面和主要成果,为了解现代生物学史,提供了比较完备的资料。

引 言

新陈代谢旺盛的生物体,是以蛋白质、核酸等生物高分子为基础组成的。生物学本来的使命在于阐明遗传与分化发育,激素与神经性调节,思考与记忆等诸如此类的生命现象。从构成生物体的上述物质及其活动的角度,即从分子水平来说明生命现象就是分子生物学领域。因此,分子生物学是生物学中的一个重要部分,从某种意义上说,它是生物学的最基础部分。

既然遗传学在生物学中是非常基础的学科,因而从分子水平阐明遗传现象——基因的复制机制和基因的性状展现机制,在整个分子生物学中也就具有特别重要的意义;而且令人高兴的是分子遗传学的研究近年来也取得了很大进展。在最近的不到四分之一世纪里,描绘出梗概的只有分子生物学中的分子遗传学,因此,分子遗传学与分子生物学这两个概念如今象同义语似地使用着,至于说整个分子生物学那还是有待于今后开辟的学术领域。

① 作者在日本大阪大学微生物研究所工作。

② 本书各篇的“内容提要”均为译者所加。

分子遗传学的历史与现状

(1) 基因的实体是脱氧核糖核酸

(A)型转化 下面谈谈分子遗传学是在怎样情况下酝酿起来的,并怎样发展到今天。在若干动因中,起初具有特别重要意义的是艾弗里等人关于肺炎双球菌的型转化因子的研究。

此项研究的端倪可追溯到 1928 年格里菲思的实验。肺炎双球菌中有外侧包有荚膜的 S 型和由于突变失去荚膜成为裸露的 R 型。根据荚膜在免疫学上的特异性,可区别为 SI, SII, SIII...等型。由于 S 型菌具有荚膜不能被白血球吞食,因而是强毒性的,给小白鼠注射,即便量极少,亦可使小白鼠发生肺炎而致死。R 型菌因为没有荚膜,所以没有型的特异性,很容易被白血球吞食,即使大量注射到小白鼠体内也不能使小白鼠致死。有趣的是将少量 R 型活菌与加热杀死的 SIII 型菌一道注射到小白鼠皮下,小白鼠也会发病致死,后来从其血中检查出多量 SIII 型的活菌。这一事实被称为格里菲思现象。这种现象只能认为是由于 SIII 型死菌的作用, R 型活菌转化为 SIII 型了。后来,这一事实为二、三处的研究者所验证,进而注意的焦点转到从加热死菌中纯化出使型发生转化的有效化学成分上。艾弗里等(1944)证明了使型转化的活性因子是高度聚合的 DNA。

艾弗里等人的这项功绩是分子遗传学史上的第一个里程碑。遗传学自孟德尔、摩尔根以来,发现并研究了很多遗传现象,但作为基因负荷者出现的是染色体。很多遗传现象同染色体的行为联系起来便得以说明了。可是通过艾弗里等人的努力,支配遗传现象的实体开始从化学上提纯出来。换言之,自孟德尔、摩尔根及格里菲思以来,累积起不少关于遗传“现象”的研究成果,而以艾弗里等人的研究为转折点,则确定了支配遗传的“实体”是 DNA 这

一事实。而且这个转折点从这种意义上来说也是重要的：它是连接基于华生-克里克模型——分子遗传学史上第二个里程碑——解释清楚基因 DNA “本质”的环节。

(B) 赫尔希和蔡斯的实验 基因的实体为 DNA 的这一客观事实,当然不限于艾弗里等的实验证明,后来又为在美国牢固发展起来的噬菌体研究小组中的优秀工作者赫尔希和蔡斯(1952)的实验再一次确认。他们先用 P^{32} 和 S^{35} 分别标记 T_2 噬菌体的 DNA 和蛋白质部分(DNA 当中不含有 S^{35} , P^{32} 也不进到噬菌体蛋白质中去)。随着感染,检查了参入寄主细菌细胞内的是 DNA 还是蛋白质,还是二者都参入。结果表明侵入细胞内的只有噬菌体的 DNA 部分,而脱下来的蛋白外壳则留在细菌的表面。以侵入的 DNA 为基础,迅速产生出第二代噬菌体的事实,说明第一代噬菌体的 DNA 分子中包含着全部遗传信息,即 DNA 核苷酸的链条中包藏着全部遗传信息,而蛋白质则和遗传没有直接关系。

查明基因的“实体”是 DNA 一事,自然不是仅靠艾弗里和赫尔希等的两个实验,它们不过是两个典型而已。迄今已积累了无数直接或间接的证据。特别值得重视的是当时美国噬菌体研究小组作出了巨大贡献。因此,下面想介绍一下分子生物学创始者们的谱系。

(2) 分子遗传学早期创建者们的谱系

1935 年斯坦利将烟草花叶病毒(TMV) 结晶成功后不久,就弄清了它是核蛋白质(鲍登和皮里, 1937; 斯坦利 1940, 1948)。另外,施莱辛格确定了细菌的病毒即噬菌体也是核蛋白质,然而与 TMV 不同的 DNA 型核蛋白质。因为病毒是核蛋白,能自己繁殖,从而病毒-核蛋白-基因三者间的关系,从 1940 年前后起迅速地展开了精细的研究。当时在加省理工学院当了教授的马克斯·德尔布鲁克,虽然是尼尔斯·波尔的学生,理论物理学家,但是从 1940 年起肩负起噬菌体研究小组的领导工作。他所以搞起这项研究,虽然可以说是因为形势成熟了,但还不如说是由于起初帮助他

搞实验的埃利斯实验工作进展顺利,而把德尔布鲁克吸引过来;以及与卢里亚的会合。关于噬菌体一级增殖实验(埃利斯和德尔布鲁克,1939)直至今日在分子遗传学领域中仍作为重要的实验系统被采用。以此实验为开端到五十年代初期,由卢里亚和德尔布鲁克领导的噬菌体小组完成了几项重要的研究。这里虽不能一一详述,但值得提出的有卢里亚-德尔布鲁克的变异与选择学说,多尔曼的更加严格的一级增殖实验,赫尔希-罗特曼的 T₂ 噬菌体结合实验,维斯康蒂-德尔布鲁克学说,本泽的顺反子概念的确立等。进而从这个学派中相继涌现出斯坦特、爱泼斯坦、埃加等著名的年青工作者,成为分子遗传学的主要学派之一。

在美国与噬菌体研究小组的诞生和发展的同时,也不能忽视以霉菌和细菌为材料的生化遗传学研究小组的产生和发展。比德尔和塔特姆选育出很多红色面包霉的需营养突变株,由于它们不能产生某种酶因而需要给予氨基酸或维生素。而且基于这些事实他们提出了“一基因—一酶”的学说。从此以后,继承他们这一学派的研究富于生物化学特色,而上述的噬菌体小组不论从那个方面来说都富于物理方面的色彩。比特尔和塔特姆后来的研究材料很快地换成了大肠杆菌和鼠伤寒沙门氏菌。这似乎是由下述几项重要成果促成的:

① J·莱德伯格指出,大肠杆菌也有雌雄之分,通过杂交可进行基因分析。

② 同时期,津德尔等以鼠伤寒沙门氏菌为材料发现通过噬菌体进行转导的现象。

③ 以加内机研究所的德梅雷茨为中心在鼠伤寒沙门氏菌中进行了大量的生化学突变株的分离工作。

而且从生化微生物遗传学小组中培养了一批新手:邦尼尔、亚诺夫斯基、哈特曼、艾姆斯等。出了名的是大肠杆菌 K-12 株,不久就在这个菌中偶然发现了有 λ -噬菌体即溶原噬菌体寄生的情

况(E·莱德伯格, 1951, E·沃尔曼, 1953)。因而从五十年代后半期起,随着溶原噬菌体研究的蓬勃开展,噬菌体小组和生化微生物遗传学小组融为一体,成为分子遗传学发展的中流砥柱。另外,法国巴斯德研究所的陆沃夫、雅各布等人也蓬勃地开展了溶原噬菌体的研究。还想补充一句,关于溶原噬菌体阻遏物研究的进展对于后面将要讲到的酶合成时阻遏物概念的形成过程具有重大影响。

根据肯德鲁的看法,为缔造现代分子生物学而做出了贡献的另一个主要的研究小组是英国剑桥的结构学派。从 X-射线衍射的创始者布雷格开始,经过班纳,以至佩鲁茨、肯德鲁、克里克、布伦纳等一系列人,他们对深入探讨分子结构具有强烈的兴趣。下面即将谈到的 DNA 双螺旋结构的发现者之一——华生就是美国噬菌体研究小组权威卢里亚大胆送到剑桥学派里去的、并成了大业的骄子。当然,实际上并非是一帆风顺的。

(3) 华生和克里克的模型

如前所述,到五十年代初,“基因的‘实体’是 DNA”这一事实已被确定了。接着面临的问题乃在于探明 DNA 结构,以及结构与功能的关系。

关于 DNA 的结构模型,波林和科里以前提出过,但不完善。富兰克林和威尔金斯采用了从前一直用来分析蛋白质立体结构的 X-射线衍射法来研究 DNA 的结构。华生和克里克(1953)基于威尔金斯数据,并把查尔加夫关于 DNA 碱基组成的规则考虑进去,加以发展,终于提出了划时代的 DNA 双螺旋结构模型。根据这一模型, DNA 是由两条多核苷酸链围着同一中轴旋转而构成的双股螺旋。螺旋是向右卷曲的,两条链的 3', 5' 末端呈逆平行关系。多核苷酸链是由脱氧核糖和磷酸交替排列并以酯键连接成的链状框架,在双螺旋的阶梯平面上,链上的对应的碱基形成氢键,从而保持稳定。由氢键结成的碱基对有以下两种类型: A = T,

$G \equiv C$ (A 代表腺嘌呤, G 代表鸟嘌呤, T 代表胸腺嘧啶, C 代表胞嘧啶), 螺旋的每一个螺距, 排列着 10 个碱基对, 碱基对的间隔为 3.4 \AA , 螺旋的直径为 20 \AA 。

关于 DNA 结构的华生和克里克模型就象上面讲的那样。其要点是: DNA 是双股螺旋; 双股螺旋的碱基互补 (A-T, G-C)。对于这个模型是准确地反映着基因本质这一点, 后来在研究基因复制、突变、信息展现时, 受到了检验。它不仅经受住了检验, 而且它还促成了分子生物学以后发展中的一系列成就。

(4) 基因 DNA 的复制

(A) 半保存复制 根据华生和克里克模型, DNA 复制将象下面讲的那样。首先是双螺旋松开, 两条链分别成为合成新的对应链的样板。因为碱基配对的方式是根据 A 对 T, G 对 C 的互补原则严格确定的, 所以新合成的双股螺旋的多核苷酸的排列次序与原来的完全一样。在复制完了的双螺旋链中, 一条链是新合成的, 另一个是作为样板的那条链。因此, 亲代 DNA 分子中的一条链是原封不动地传到后代。这种复制模型称之为半保存复制。

另外也考虑过保存性模型或分散性模型的可能性, 但从以后的实验结果看来, 在各种情况下, 半保存复制模型都反复得到支持。为了在实验上证明半保存复制模型, 如果用某种方法能分辨出原来的一条链和新的的一条链就好了。梅塞尔桑-斯塔爾的实验就是沿着这个思路进行的, 兹叙述如下:

将大肠杆菌 B 株置于以重氮 (^{15}N) 为氮源的培养基中, 并使之增殖, 其 DNA 均由重氮 (^{15}N) 标记。然后突然移到以轻氮 (^{14}N) 为氮源的培养基中。然后逐时取样, 抽提其 DNA, 用氯化铯密度梯度离心法分析, 结果说明, 开始全是重氮标记的 DNA, 一代以后变成半重氮标记, 二代以后则半重标记与轻标记量相等, 以后随着时间的延长轻标记分子的比例不断增加。将第一代半重氮标记的 DNA 分子按多蒂方法加热后急速冷却, 可将只含重氮 (^{15}N) 的

原来一条旧链和只含轻氮(^{14}N)的另一条新链分开,从而证明了第一代新形成的杂合分子是由新旧两条链组成的。

梅塞尔桑-斯塔尔方法后来也用于解析各种噬菌体和动物细胞的 DNA 合成,同样得到 DNA 双螺旋半保存复制的结果。识别新旧 DNA 分子的更为简便的方法出现在泰勒的工作中。当蚕豆根尖细胞分裂时,使 H^3 -胸腺嘧啶参入新合成的染色体里,进行放射自显影分析。结果观察到新复制出来的染色体,在沿长轴划分的两半中,只有一半被氚(H^3)均一地标记。不过也看到了例外的分散标记,这可以用子染色体间的交叉来解释。这个方法也适用于噬菌体和大肠杆菌,对阐明其 DNA 双螺旋链是半保存复制这一点是有用的。

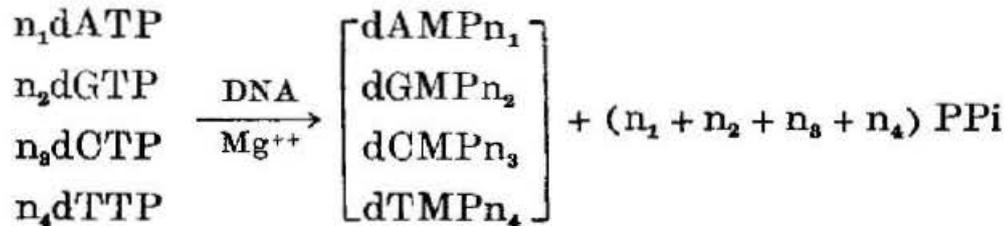
这里必须指出,对大肠杆菌,噬菌体来说,现在常常把染色体和 DNA 作为同意语来使用的。但在高等生物细胞中,两者是不可混淆的。在噬菌体和大肠杆菌中可以容许这种混同,是因为每个细胞只含一个作为基因组的 DNA 分子。因为大肠杆菌和噬菌体以这种简单的一条双螺旋 DNA 分子为其染色体,进而凯恩斯,富泽,英曼和施罗斯等人导出了染色体复制有一定起点的重要结论。凯恩斯运用放射自显影技术摄取到了处于分裂中的无损伤的大肠杆菌染色体。大肠杆菌染色体象雅各布设想的那样,是一个环状分子,链长约 $1100\text{--}1400\mu$,分子量为 2.8×10^9 道尔顿,由 4×10^6 个核苷酸对组成。在分裂中的染色体环上出现两个与复制有关的分叉点。根据 H^3 银粒子的分布情况判断,一个是 DNA 合成的起点,另一个是 DNA 正在进行合成的点。富泽,英曼和施罗斯用别的方法证实了 λ -噬菌体的复制也完全按同样方式进行的。此外,大肠杆菌和枯草杆菌染色体 DNA 有一定的复制起点已在基因地图上清楚地显示出来了。

(B)复制子学说 DNA 的复制是在与细胞分裂有着精密联系的基础上有节奏地进行的,对这一事实的解析现在还刚刚开

始。雅各布和布伦纳提出的复制子模型是最初的尝试。所谓复制子是能进行自主复制的 DNA 单位。细菌的染色体、F 因子以及溶原噬菌体的染色体都是复制子。但是这些游离基因整积到寄主的染色体上时,就不再是复制子。雅各布等对于以后将述及的酶蛋白合成控制,提出了操纵基因-阻遏学说。这个学说也用到复制子模型上。设想与操纵基因对应的是复制者(R),与阻遏物对应的有开始者(I),与调节基因“*i*”对应的是开始者基因(IG)。阻遏物为负的调节,而开始者为正的调节,即 IG 的产物,细胞质的开始者作用于 R(复制者),结果从这里开始复制循环。所以,如果将复制子模型同前面讲的 DNA 合成有一定起点的知识结合起来考虑的话,复制子的复制者(R)就相当于 DNA 合成的起点。一个环状染色体每复制一次都需要合成新的蛋白质,推想开始者相当于 DNA 合成酶,只有新合成的 DNA 合成酶(或其一部分亚基)能附着在染色体的特定部位(R)上,才由这里开始 DNA 的合成。最近被认为是 λ -噬菌体 DNA 的合成开始点的突变型由达夫分离出来。复制子模型的另一个重要方面是试图说明细胞分裂周期与 DNA 复制周期的密切关系。它们之间的关系其实是根据卡津摄得的枯草杆菌电子显微镜照片,看上去染色体的一部分和与细胞膜相连接的称为间体的膜结构结合起来这样一点推测出来的。根据甘尼桑及其他工作者的报告,刚合成的 DNA 还粘着在部分细胞膜上,然后收缩回去,这一点象是渐渐明确起来了。所以, DNA 复制实际上是附着在膜上进行的,也许细胞分裂完了的信号和 DNA 复制循环的开始连接着,而 DNA 复制完了又和细胞分裂开始的信号连接着。

(C) DNA 的复制 下面想谈谈 DNA 链的复制机制,首先必须涉及 A·科恩伯格等人的 DNA 合成酶 I 的工作。他们于 1956 年在大肠杆菌抽提液中发现催化 $\alpha\text{TTP}^* \longrightarrow \text{DNA}$ 反应的酶,精制后称为 DNA 合成酶。由这种酶催化的聚合反应要求四

种 5'-脱氧核苷三磷酸为底物,引物 DNA 和镁离子,催化反应如下式所示:



后来发现此酶也广泛存在于大肠杆菌以外的生物中。由于这项成绩,科恩纳格获得诺贝尔奖金。他精制的 DNA 合成酶在生物体内 DNA 复制中大概起着主要作用这一点,直到最近没有人怀疑过。

可是露西亚·凯恩斯 1969 年从大肠杆菌中分离出不含有科恩伯格所说的 DNA 合成酶活力的突变株 pol A_1^- 。因此,对于科恩伯格 DNA 合成酶在活体中对 DNA 复制实际是否还起什么作用发生怀疑。其证据就是 pol A_1^- 虽不含此酶,但 DNA 合成照常进行,也生存得很好。于是学术界立即提出这样的疑问,并且把过去科恩伯格精制出的 DNA 合成酶称为 DNA 合成酶 I,另外又分离出其他表现 DNA 合成酶活力的酶,称 DNA 合成酶 II 和 III。也就是说,大肠杆菌 pol A_1^- 株不含 DNA 合成酶 I,而含 DNA 合成酶 II, III。

后来的研究就转向于在活体内对 DNA 合成实际上起着主要作用的是合成酶 II,还是合成酶 III 的问题。与此同时又分离出很多高温下不能合成 DNA 的温度敏感突变株,整理的结果可以分为 DnaABC...E 等“顺反子”。现在也有报告说, DnaE 缺 DNA 合成酶 III。总之,关于活体中哪种 DNA 合成酶起着主要作用问题,目前还是刚开始在探讨。从很多顺反子 DnaA...E 好象参与这一点来看,也应该说实际上是由很多亚基组成的 DNA 复制酶系在活体中起着复杂的机能。

其次一个问题是，要想使 DNA 双链所具有的反向极性同 DNA 合成从 5'→3' 的方向进行一事调和起来，该取怎样的复制模型呢？冈崎认为，DNA 复制时，先合成许多片断，每个片断含几千个核苷酸都是按 5'→3' 方向进行半保存复制的。然后这些片断在多核苷酸连接酶作用下依次联结起来。这种见解是基于下述事实提出来的，若观察用极短时间的脉冲标记合成的 DNA，计数集中在相当于数千个核苷酸对的片断（称为冈崎片断）上。追踪结果会发现其计数联结为更巨大的 DNA 分子。

在 DNA 复制问题上，最近的一个焦点问题是当 DNA 合成开始时总是先合成 RNA 片断，接着再进行 DNA 合成。因而在合成开始点附近形成 RNA-DNA 杂合分子。这一点通过这部分 RNA 的合成有时受到利福霉素所抑制而显现出来。仅这个问题现还有许多不清楚的地方，这里我再一次痛感到关于 DNA 合成问题，随着历史的发展不断地累积着新的生物学基本问题。

(5) 遗传信息的展现

性状展现与 DNA 复制同样是基因最重要的特性。基因的实体已知是 DNA，关于其结构与自我增殖机制的本质，华生-克里克模型起了重要作用。基因的实体是 DNA，如果基因是控制性状的因子，那么这里就提出基因本质论的另一个侧面：“基因 DNA 是通过怎样的机制导致性状展现的呢？”

从历史的发展来看，在华生和克里克模型提出的前后，对这个问题的提法表现出明显不同。例如，在华生和克里克模型提出之前，比德尔-塔特姆的“一基因—一酶的学说”占支配地位；模型提出之后，这一学说变成现在盛行的“一顺反子—一多肽”的形式。基因决定着机能蛋白质的结构特异性，这一点已得到公认。也就是说，在华生-克里克模型提出之前，只是让基因 DNA 与蛋白质（或酶）直接联结起来，至于它们之间存在着什么样的分子机制这样本质的议论当时是没有的，而且也不可能。另外，RNA 以某种形式

参与蛋白质合成的这种想法，早在华生和克里克模型提出之前就有，例如布拉谢和卡斯帕尔森早就提起过。但是他们只是靠细胞化学的方法，把存在于细胞内的多种 RNA 分子分离出来。分别研究其功能，但是同基因 DNA→蛋白质合成的性状展现过程结合起来的努力，并未获得成果。性状展现的真实过程的本质性研究，实际上是在华生-克里克模型提出之后才提供了开展起来的条件。在这样条件下，该研究又经历了怎样的过程呢？

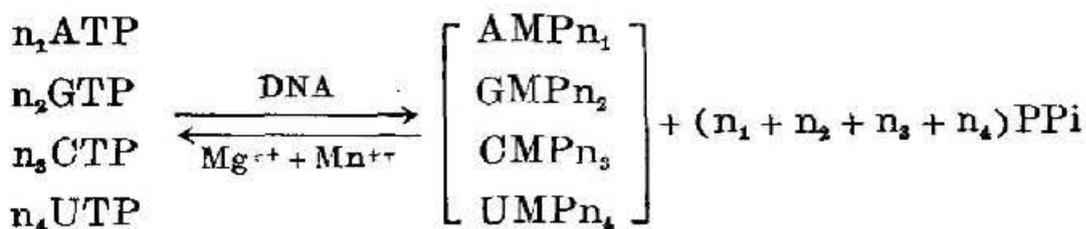
(A) 信息 RNA 1956 年沃利金和阿斯特拉汉首先用接受 T_2 噬菌体感染的大肠杆菌系进行 P^{32} 参入实验，当噬菌体增殖时，看到(1)合成与噬菌体 DNA 碱基组成非常相似的 RNA；(2)此合成的 RNA 寿命很短，所以只能看到代谢周转。 T_2 噬菌体感染大肠杆菌时，宿主的 RNA 合成就立即停止。关于其机制虽然现在还不十分清楚，可是这个系统的这一特点对研究很有利，当 T_2 DNA 侵入后当然只能合成以 T_2 DNA 为模板的 RNA。从那以后，这个系统以及沃尔金、阿斯特拉汉的工作很受重视，经过 1960 年野村，霍尔，施皮格尔曼的工作和 1961 年布伦纳，雅各布，梅塞尔桑等的实验，建立了信息 RNA(mRNA)的概念，性状展现的本质的的大门被打开了，遗传信息的展现机制得以从分子水平上进行解析。野村等人用蔗糖梯度离心方法得到 8S 的 mRNA，这是有别于核糖体 RNA(rRNA)的，明确推论是噬菌体 DNA 信息发展为性状过程中的中间体。布伦纳等人再次利用这个系统，工作更加完善。他们在 T_2 噬菌体感染前将大肠杆菌的核糖体用 ^{15}N 和 ^{13}C 进行重标记，在 T_2 感染后对合成的 mRNA 用 P^{32} 作脉冲标记，于是查明了以噬菌体 DNA 为模板合成的噬菌体 mRNA 同感染前就存在于寄主大肠杆菌中的核糖体相结合，并以核糖体为舞台，进行蛋白质合成。信息 RNA 这个名称也是他们提出来的。mRNA 的存在并不仅限于 T_2 噬菌体系统，采用适当的方法也可以得到以寄主大肠杆菌的基因 DNA 为模板合成的大肠杆菌 mRNA。这一

点也由和布伦纳等同时发表的华生小组的工作成果而得到明确。围绕 mRNA 的研究在其后的发展中,重要的成果列举如下:

① 作为 mRNA 的析出定量方法,建立了 DNA-RNA 杂合法(霍尔和斯皮格尔曼,1961;鲍兹和霍尔 1962)。沃尔金和阿斯特拉汉的研究以后,确定了 mRNA 的碱基组成和其样板 DNA 的碱基组成几乎完全一致,若 DNA 双链中只有一条链进行转录(不对称转录),这条链和由其生成的 mRNA 应呈互补对应。基于这一原理对 T₄ 噬菌体、λ 噬菌体、大肠杆菌乳糖酶解系统以及色氨酸合成系统的结构基因产生出来的 mRNA 进行了析出工作,并对其合成调节机制进行了探讨。

② 随着 mRNA 析出定量方法的建立,就能对 mRNA 的合成是否由顺反子单位进行的这一点进行分析。很多情况下,已查明 DNA 以操纵子(调节单位,下面将要讲到)为单位进行转录,结果就是多聚顺反子的信息一道进行转录。自然也就有长达到两个或两个以上顺反子的 mRNA,其分子量可超过 10⁷。由此翻译成多肽的工作则在核糖体上进行。里奇等人用电子显微镜或密度梯度离心图形看到一条 mRNA 上粘着许多 70S 的核糖体的情况。多数情况下一条 mRNA 与多个核糖体结合,呈多聚核糖体状态。当 mRNA 象蛇一样在核糖体群中穿行的时候,一条多肽链则在各个核糖体上得到延长。

③ 合成 mRNA 的酶是 1960 年韦斯等人找到的,是以 DNA 为模板的 RNA 多聚酶。RNA 就是靠这个酶,以引物 DNA 的一条链为样板经过下述反应合成的。



过去曾有这种误解：转录在体内遵守不对称的原则，而在体外这个原则则被破坏，可人为地使 DNA 的两条链都转录。但是在对 RNA 多聚酶反应条件的研究取得飞跃进展的今天，体外转录可能也是不对称性的。技术上的主要改进仍然是酶的纯化。伯吉斯等阐明了 RNA 多聚酶由 $\alpha_2\beta\beta'\sigma$ 等亚基所组成的。缺 σ 亚基的 RNA 多聚酶叫作“核酶”。“核酶”虽具有 RNA 合成能力，但是不能识别 RNA 在 DNA 上开始合成的信号。因而在用缺 σ 亚基的“核酶”时，转录不是在 DNA 上的特定位置开始，不论从什么地方，也不论是哪条链都可进行转录，自然在体外也就不能正确再现出体内转录的状态。如上所述， σ 成分对识别 RNA 合成的开始点是必要的。可是对于 RNA 的合成来说只“核酶”就够了。总之，已证明了当 RNA 合成开始后，RNA 链在延长时， σ 亚基便游离出来。后来又证明了大肠菌乳糖酶解系统的 lac-操纵子的开始转录，需要有环化 AMP (cAMP) 和与环化 AMP 结合的蛋白质 (CRP 或 CAP) 的存在。CAP 和 σ 亚基都是有关 RNA 合成的正调节因子，所以它们的发现具有重大意义，成为转录调节中与后边要讲到的对转录起负影响的因子阻遏物相对立的基本形式。

与 σ 因子发现的同一年，即 1969 年，罗伯特发现了 RNA 多聚酶识别终止信号的因子 ρ 成分。由于 σ ，CAP， ρ 因子等诸成分的发现，可以说体外 RNA 合成系也能把体内的活性确切地再现出来。

(B) 遗传信息的单位——密码 前面已谈到基因是 DNA，其不变的特异性是指碱基排列次序不变的特异性而言。这种碱基排列次序一方面在复制过程中由 DNA 合成酶忠实地保存下来，另一方面在转录过程中由 RNA 多聚酶忠实地按这一次序进行转录。因此，想讲讲 mRNA 碱基排列是怎样正确地反映到由其翻译出来

的多肽链中的氨基酸的排列次序上。

mRNA 是由多聚顺反子合成的，每个顺反子又分段落，不同的顺反子产生不同的多肽。在顺反子内排列着与多肽中氨基酸排列次序相对应的信息单位——密码。1959 年克里克证明了在密码排列中，密码与密码之间没有间隔（无“逗号”），每个密码由三个核苷酸排列而成，名之为“三体密码”。若三体密码正确的话，mRNA 中的四种碱基 A、G、U、C，就会形成 $4^3 = 64$ 种密码，它们与 20 个氨基酸相对应。实际上这 64 种密码与哪种氨基酸相对应，已由体外及体内试验决定了。

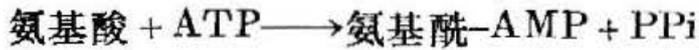
① 1959 年尼伦伯格在体外蛋白合成系统中，使用了人工合成的多聚尿嘧啶核苷酸 (poly U) 作为人工 mRNA，合成了多聚苯丙氨酸。接着奥巧阿小组，西林，柯拉纳等都展开充满活力的研究，特别是柯拉纳用化学合成的共聚多核苷酸如 UCUC……作为 mRNA，只得到丝—亮—丝—亮……共聚多肽，从而确定了 UCU = 丝氨酸，CUC = 亮氨酸。

② 大肠杆菌 TS-ase A 蛋白质，T₄ 噬菌体溶菌酶，TMV 或 MS2 RNA 噬菌体的外壳蛋白等的分子量都比较小，已知其全部氨基酸排列次序。而且由于这些材料中得到的突变可作详细的遗传分析，例如可以考察溶菌酶的突变是 N 末端起第几个氨基酸改换成了什么。将这些情况大量集中起来进行分析，就能推断出体内的密码。

上述①与②的研究结果最后完全一致，关于密码翻译的始点、终点等重要研究几乎全是由剑桥学派的克里克、布伦纳、桑格等人完成的。但是前面讲到的尼伦伯格、奥巧阿、柯拉纳等通过体外试验和亚诺夫斯基、斯特赖辛格、次田、冈田等人通过体内实验对密码的确定也有重大意义，甚至说具有本质意义。

(C) 遗传信息的翻译 这里简要地谈谈翻译的生物化学过程。合成多肽的氨基酸有 20 种，每种氨基酸均有其相对应的氨基

酸活化酶（催化合成氨基酰 tRNA 的酶）氨基酸按如下反应方式进行活化。



在核糖体的 50S 上，有二个场所对 tRNA 具有亲和力。氨基酰化了的 tRNA 以离子键形式与其中的一个场所——受位相结合，这里不需要特殊的酶催化。从受位转移到肽位的氨基酰 tRNA，在这里将连接在 tRNA 末端 CCA 上的氨基酸与相邻的氨基酸结成肽链，同时 tRNA 同氨基酸离开，使肽链不断伸长。因为 tRNA 以 CCA 部分与氨基酸的 C 末端相结合，所以多肽是从 N 末端开始逐渐合成的，斯威特已在血红蛋白中证实了这一情况。还要说明一点，在上述过程中遗传密码的特异性排列是怎样结构反映到多肽合成中去的。mRNA 同 30S 核糖体有亲和性，密码沿着从 5' 端→3' 端的方向顺序移动。与密码一个一个地移动相对应，氨基酰化了的氨基酸就出现在 50S 的肽位上。tRNA 的结构可比成三叶草形，在相当于叶尖部分的三个碱基的排列次序恰好同 mRNA 的密码形成互补关系，称为“反码子”。由于密码和反码子互相认识，所以 mRNA 上的遗传信息就能被如实地翻译，而使多肽链伸长。这样合成的多肽再折叠而成为蛋白质分子。一级结构即氨基酸的排列次序决定之后，蛋白质的二、三级结构就自然而然地决定了。蛋白质再与其他物质相结合就开始表现出生物活性。

(6) 调节机制

(A) 第一阶段：适应酶现象的研究。

最简单的生命单位 RNA 噬菌体，其基因组由三个顺反子组成。一般的 DNA 噬菌体基因组由数十个顺反子组成。而细菌则高达其百倍，并且还在不断地发现新基因。在同环境因素相互作用

下,有的基因起作用,有的则停止活动。由于外部提供某种特定物质(引物)而引起某一酶蛋白的合成,称为“诱导”现象,这种酶称为“诱导酶”。这种现象早在1899-1900年间就为法国工作者所发现,但在第二次大战后这方面的研究变得活跃起来。日本的须田、早石、尾田,美国的斯坦尼尔、斯皮格尔曼,法国巴斯德研究所的莫诺小组以及英国的波洛克等都独立进行了研究。进展最快的是莫诺小组。开始莫诺从事二级增殖的研究。这是这样一种现象,例如大肠杆菌在以葡萄糖和乳糖为碳源培养下,开始它利用葡萄糖进行繁殖,当葡萄糖消耗之后,细菌的增殖停止一下,然后再适应地利用乳糖增殖,结果表现出二级增殖。在这个现象中,实际上包括着葡萄糖分解代谢抑制和乳糖分解酶系诱导两种重要的调节机制。后来由于莫诺小组的努力,乳糖分解酶系诱导的研究取得了显著的发展。

活跃于研究第一阶段即五十年代的人物是以莫诺为中心的科恩和科亨等,他们首先正确地掌握了这一现象。大肠杆菌野生株在加诱导物乳糖(或其诱导体IPTG等半乳糖苷)时,二、三分钟内 β -半乳糖苷酶开始从头合成。可是如果从培养基中除去诱导物则该酶的合成于二、三分钟内即停止。因此,产生 β -半乳糖苷酶的遗传信息其活动通常是被某种调节机制抑制了。只有给予诱导物时,才开始发挥其功能。总之,这个阶段的研究中心是酶的诱导动力学等方面,把握现象是主要的研究题目。

(B)第二阶段:操纵子学说,研究的第二阶段是从五十年代末期开始的。雅各布和莫诺合作进行诱导酶的遗传学研究。他们弄清了大肠杆菌乳糖分解酶系涉及到 β -半乳糖苷酶、透性酶、转乙酰酶等三个酶。给予诱导物时,诱导生成上述三个酶,除去诱导物后,三个酶的合成一律停止。即三个酶具有协同表现。决定着这三个酶蛋白质的结构基因分别为 z 、 y 、 a 。所以如果发生从 $z^+ \rightarrow z^-$ 的突变, β -半乳糖苷酶就不能合成。乳糖分解系除了这三个结

构基因外,还与调节基因“ i ”有关系。发生 $i^+ \rightarrow i^-$ 的突变时,不加诱导物也能合成上述三个酶。这种现象称为结构变异。关于 i^+ 和 i^- 的显隐性关系,帕迪、雅各布、莫诺用有名的 $Hfr(\uparrow i^+z^+) \times F^-(\downarrow i^-z^+)$ 杂交实验以及用带有乳糖发酵基因的大肠杆菌性因子 (F_{lac}) 检查 i^+z^-/Fi^-z^+ 或 i^-y^+/Fi^+y^- 等酶的合成方式,确证了对于 i^- 来说 i^+ 是显性。另外沃尔曼、雅各布对 $izya$ 进行详细的基因分析,结果表明, zya 在大肠杆菌染色体上居于相近的位置。基于这些结果,雅各布和莫诺提出操纵子学说。

染色体上的基因有两种类型,就大肠菌乳糖分解酶系的例子来说,分为 zya 等结构基因和“ i ”调节基因。几个结构基因集拢起来在结构上、机能上形成统一的单位,即操纵子。在操纵子内的各结构基因的展现活动是由位于操纵子一端的操纵基因调节。另外,调节基因 i 在细胞质中产生阻遏物,阻遏物是一种变构蛋白,具有能和调节基因和诱导物作用的两个结合点,所以给予诱导物并与阻遏物结合时,操纵基因“开放”,操纵子中的结构基因开始转录 mRNA。在发生 i^- 突变株中,因不含阻遏物吧,而失活,所以操纵基因仍然“开放”。在不给予诱导物的情况,阻遏物同操纵基因相结合,因而操纵子“关闭”,性状不能展现。根据这一模型来说,操纵基因是阻遏物的接受者部分。可是实际上,当这部分发生突变或发生微小的缺失时同样变为不受抑制的操纵基因-组成株(o^c)。例如 $o^+z^-y^+/Fo^cz^+y^-$ 株只有 β -gal 是组成的而透性酶是可诱导的, o^c 是顺式显性,因此,认为操纵基因是接受器是正确的。最初雅各布等人的设想,操纵基因除起接受器作用外还兼有操纵子转录开始点的作用,后来基于厄尔曼和雅各布(1964),斯凯夫和贝克威思(1968)的工作,发动者‘p’是负责转录开始的作用。细菌中与诱导酶并存的还有抑制酶。有时由于某种代谢物质特异性地抑制酶的产生。甲硫氨酸和色氨酸合成酶的产生分别受甲硫氨酸和色氨酸的特异性抑制。这种现象最初是由莫诺和科恩-巴兹尔(1953)

发现的。本文作者松代爱三(1962)搞清了色氨酸合成系形成操纵子,用操纵子说可以很好地加以说明。

(C) 第三阶段:阻遏物的分离。调节机制的研究现已进入了第三个阶段。这是以吉尔伯特和米勒-希尔的工作为契机的。他们用标记的异丙基硫代半乳糖苷(IPTG)和阻遏物的结合作指标,通过透析平衡方法浓缩阻遏物获得了成功。根据他们的工作,阻遏物只存在于 i^+ 细菌中,而不存在于 i^- 、 i^s 等菌中。阻遏物是沉降常数为 7—8S,分子量 = 150,000—200,000 的蛋白质性物质。另外普塔什涅浓缩到一种 C_1 产物,认为是噬菌体的阻遏物,为 2.7—2.8S(分子量 30,000)的酸性蛋白质。最近由于阻遏物的分离、纯化,对其性质,特别是与调节基因的相互作用,从分子水平上进行阐明成为可能,因而这个领域的工作也迎来了本质性的阶段。

(摘译自日本《新生物学史》一书第四章 孙玉坤译,庚镇域校)

分子生物学的过去和未来

〔日〕近藤宗平^①

〔内容提要〕 本文阐述了近三十年来分子生物学进展的历程。在说明分子生物学怎样产生和它的动力是什么的问题上,作者从唯心史观出发,把它归之于两个“具有欧罗巴精神”的物理学家的睿智。在谈到分子生物学的去向和未来时,作者虽然提出一些具体研究方向,认为生物学最终还是要复归到“生命是什么”的原点上来;认为未来分子生物学的重要使命在于恢复什么“失去了的精神”和“自由的精神”!可见,没落了的资产阶级对科学发展的未来已经丧失信心,提不出什么更为宏伟的目标了。

生命是什么,活着是怎么回事?这是人们在一生中至少都要进行一次自问自答的根本性问题,也是宗教、文学、哲学从来所要处理的最大课题。但是,对生命的科学性探索却意外地少。在西方,这个问题曾长期受到宗教的近乎严禁的对待。生物学起初是作为记述生物多样性的一种学问而诞生的。医学则是以治病为目的而发展起来的。拉马克(1744—1829)和达尔文(1809—1882)的进化论是唯一的综合性理论。位于这一理论的延长线上的遗传学,自从1900年孟德尔的遗传法则在实验上再发现以来,才有了踏实的发展。摩尔根基因论(1926)的要点为:“在生殖物质中,存在着相

^① 作者是日本大阪大学医学系教授。

互独立分配的颗粒性物体,称之为基因。根据杂种分离实验可直接得出其存在的结论。生物体的各部分及其功能是由很多基因造成的。”但是,这个学说对解释从卵到成体的发育现象是完全无能为力的,因而遗传学在长时期里只能被当作生物学中的一个小分支。给予生物学界以革命的契机的是叫做《生命是什么?》的一本小册子。它所起的作用正象《黑奴吁天录》这本书^①成为奴隶解放的南北战争的契机一样。量子力学奠基人、奥地利出生的理论物理学家薛定谔在第二次世界大战末期(1944年)在英国(当时他流亡于此)出版了这本小册子。该书的要点可归纳为:“生物体中所发生的多数现象,不能认为其中包含着用现在的物理学所永远不能解释的东西。构成器官的要素很大,所以它们和普通的物理对象并没有本质的区别。但是,用现在的物理学所不能说明的真正的谜乃是遗传现象。例如在哈布斯布尔格皇族的血统中,特异的口唇遗传了几百年。根据德尔布鲁克的模型,基因是极小的。另一方面,在原子和分子的微观世界中存在着“波动”乃是量子力学的根本原理。这和微观的基因在几百年内也不受“波动”而无错误地被复制出来,并传递给子孙后代的事实是完全矛盾的。遗传物质可能是由基本粒子连接起来的非周期性结晶。有如莫尔斯电码的‘·’和‘—’那样,可取几种不同的状态,象用莫尔斯电码的组合可记述所有语言那样,状态变化的排列顺序大概是表示着生命的密码文。生命的密码文被复制、并象拷贝一样无误地传递给子孙,大概是由魔法的量子力学保卫着的。遗传物质的阐明可能由化学者来完成,但是新的力学的发现,乃是物理学家的任务。”

那种指出根本性矛盾何在的书较之告诉解答的书,有价值得多。很多青年研究者——特别是物理学者——深深地受到这本书的启示而转向于生物学的研究。但是,生物学家除华生以外,则

^① 《黑奴吁天录》为美国女作家斯托夫人所著,1852年出版。——校者

没有太受影响。更为奇异的是，当这本书出版时，基因（该书的主要内容）模型的倡导者德尔布鲁克，在美国开始了噬菌体的实验，并且得到了比该书内容更加新的事实。如果把德尔布鲁克的哲学归纳起来看，可以概述如下（引自《一个物理学者眼中的生物学》）。

“物理学所处理的物质和现象，无论现在和过去，也无无论在地球上或在别的星球上都是不变的东西。从相差悬殊的现象之中抽象出共同点，总结出更为根本更为单纯的法则。与此相反，在生物现象中如探寻统一法则的话，那只有生物进化。生命现象，从根本说来，是一种历史现象。无论在怎样小的生物体内，其中进行着的有机物合成和利用的情况，都是值得瞠目惊视的，都是数十亿年来由祖先经历、蓄积下来的遗产。这样复杂的生命现象自然不能简单地说明。但是可以断定，阐明把历代所获得的性状贮存起来、并无误地传给子孙的遗传机理，乃是打开生命奥秘的一把钥匙。原因是，一旦出现了能自我增殖的系统，就会产生无数变化的生物来，这是容易想象的。况且，生物体有着复杂的微细构造，分布也是多样的。认为这里适用量子力学，并且所有都可用物理学来加以解释这件事，非但实际上，就是在原理上也许是不可能的。其原因在于，生命体内也许有着这样的组分，一把它破坏取出，就必然变成与体内存在时不同的状态。正象为了知道原子的状态而用光照时，原子的状态便与原来的不同了。量子力学便是建立在这种测不准原理上面的。某些生命现象或许只能用生命体自身的语言来加以叙述。如果确是如此，从其根本性矛盾中也许能发现出新的根本原理吧。”

上述哲学是原子模型创立者波尔在1932年所做的《光和生命》讲演中所叙述的“一般化了的互补原理”哲学的推广，德尔布鲁克正是听到这个讲演而决心研究生命问题的。他最初在德国参加了射线照射果蝇引起突变的研究小组。在这里，他大概知道了

在高等生物中所进行的广泛的遗传现象的实验结果和基因学说之间没有任何根本性的矛盾。基因的概念，因为和物理学中能的概念非常相似，所以很容易就被物理学家接受了。德尔布鲁克大概是直感地、毫无怀疑地确信基因概念适用于所有生命体，于是便遵循物理学解决根本原理的通常手段，开始了对作为最简单生命系统的噬菌体的研究。德尔布鲁克与研究噬菌体的先辈们及一般生物学家们把认识噬菌体作为研究目标的态度相反，而将噬菌体用来做为阐明生命的手段。1940年，祖籍德国的德尔布鲁克和生于意大利的卢里亚，以及美国当地的赫尔希相会了。噬菌体的初期研究只限于在这三个人的周围进行的，进展缓慢。从1945年开始，德尔布鲁克每年夏天到离纽约不远的冷泉港去举办噬菌体讲习班，开始向青年研究者灌输分子生物学的精神。每年初夏在该处还要举办生物学讨论会。在这种讨论会上，常常提出分子生物学各发展阶段的题目，有世界各处来的优秀研究者们进行讨论，保证了向下一阶段的飞跃。年青研究者的增加和讨论会(交流研究成果和学术思想，以及严格的相互批评)的相互结合促进了分子生物学的突飞猛进的发展。谈到在冷泉港所造成的学院式的自由讨论的气氛，不能忘记南斯拉夫出生的已故的遗传学者德梅雷茨的功绩。到了1950年德尔布鲁克就清楚地看到了用噬菌体研究生命的工作已走上轨道，在其前途中不会再有根本性的矛盾了，于是对噬菌体的研究便很快地失去了兴趣。这是在华生-克里克的DNA模型提出之前。正在分子生物学发展的兴旺时期，他把自己的注意力转移到研究高等动物的神经方面去了，也许是期待着在那里会存在用物理学所不能解释的矛盾。把基因的微细构造分析到极限的、做出了辉煌成就的本泽也突然地对噬菌体的研究失去了兴趣，在1965年追随着德尔布鲁克而转向了。现在，让我按照我的想法把分子生物学者们的成就接着写下去。

遗传信息

基因的构造——生命第一原理

艾弗里等在 1944 年做出了如下的大发现,但由于他的早逝而成了孤立的成果。肺炎菌在琼脂培养基上产生平滑型 (S) 和粗糙型 (R) 两种菌落。用热杀死 S 型菌, 抽出其 DNA (脱氧核糖核酸), 再和 R 型菌混合起来进行培养, R 型菌便会以很高的比例转变成 S 型的(这叫作‘性状转化’)。赫尔希和蔡斯在 1952 年指出, T_2 噬菌体感染到大肠菌后进行增殖所必要的遗传信息, 不在蛋白质的外壳里, 而是在于内部的 DNA 上。这里使用了把蛋白质中的部分硫和 DNA 中的部分磷分别用放射性同位素 ^{35}S 和 ^{32}P 取代, 再用射线验出器检查这两种放射性同位素是否进入菌体的方法。后来这种同位素标记法成为分子生物学所不可缺少的研究手段。在这稍前一些时候, 芝加哥大学一个攻读动物学的学生华生受到《生命是什么?》的启示, 毕业后来到了卢里亚研究室进行噬菌体的实验, 获得了博士称号。在这里德尔布鲁克初次会见到他, 感到他年青有魄力。华生在 23 岁那年, 到 X 射线衍射分析方面的世界上声誉最高的英国的卡文迪许研究所留学时, 会见了 35 岁的物理学者克里克。他们有幸见到的 DNA 的 X 射线衍射照片是皇家学院的物理学者威尔金斯所拍摄的。图 1 便是有名的华生-克里克的 DNA 模型。由糖(脱氧核糖)、磷酸和碱基构成的单位体叫做核苷酸, 碱基只有四种: A (腺嘌呤)、T (胸腺嘧啶)、G (鸟嘌呤)、C (胞嘧啶)。A 只和 T, G 只和 C 结合。它们是由氢结合起来的, 用一点点能量便可切断, 多核苷酸的二条链可以象拉链那样分成二根。它们再分别成为样板, 根据 A 对 T, G 对 C 的法则, 便复制出下一代 DNA。关于这种半保存复制的预言, 已被证明, 方法是用不同重的同位素分别标记亲代和子代的 DNA, 再用

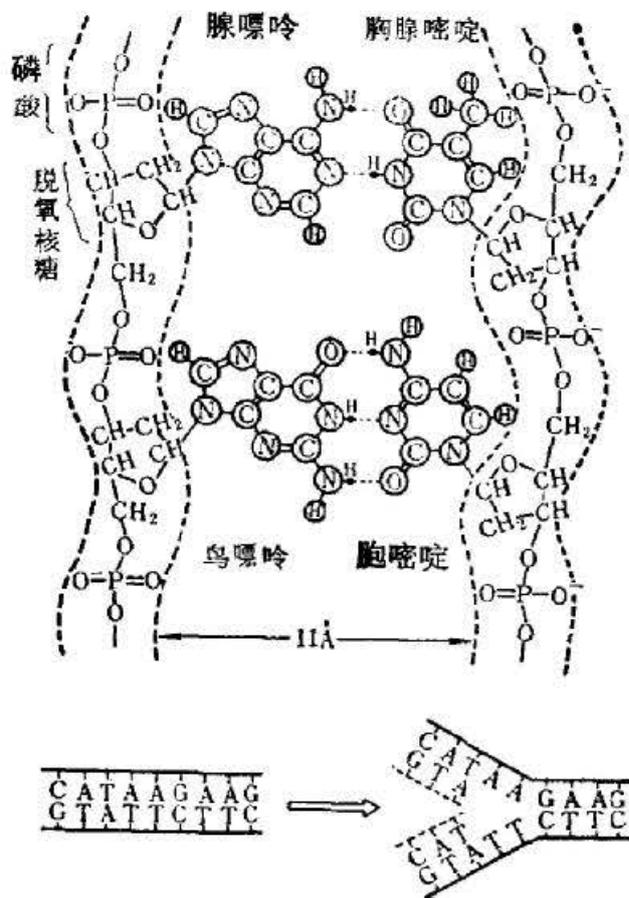


图1 DNA 结构和复制的模式图。为了便于理解,将华生-克里克模型稍作改动。

密度梯度离心法,依比重的微小差异把两者分离开来(梅塞尔桑和斯塔尔,1958)。此外在华生和克里克关于 DNA 模型的论文中,还认为碱基里的氢原子偶尔会发生分子内转移,从而成为发生A

和C、G和T异常配对的突变的原因。

遗传信息的展现——生命的第2原理

在噬菌体小组诞生之前,毕德爾和塔特姆(1941;毕德爾1945)提出了有名的基因的功能是决定酶合成的所谓“一基因一酶说”。这是根据红色面包霉的营养需求突变株的研究而得出的。另一方面,从生物化学的研究知道,蛋白质是由二十种氨基酸连成一串的多肽链构成的,并推想蛋白质的特性大概是由氨基酸的排列顺序决定的。如果这两种假说是正确的话,这就意味着在基因DNA的碱基排列中隐藏着决定氨基酸排列顺序的密码。碱基是四种,若任意三个碱基(三连体说)决定一种氨基酸的话,那么就对应应有 $4^3 (= 64)$ 个氨基酸。可是氨基酸只有二十种,所以提出了各种各样模型。简并三连体说若是正确的话,那么增减一或二个碱基时,其前边的读法就发生错位,而成为无意义的了。若增减三个碱基,便同于野生型了。克里克等(1962)用药物使rII产生了许多碱基的增减性变异(结构置换突变),而证实了这个大胆的假说。

1958年,克里克提出了分子生物学的所谓中心教义:“DNA→RNA→蛋白质”。箭头表示信息传递的方向。但是他只是强调了从蛋白质向核酸(DNA和RNA)的反向传递是不可能的,而不否定其它方向的传递。RNA只是把DNA的糖换成核糖,胸腺嘧啶换成尿嘧啶(U)罢了。DNA→RNA称之为信息的转录。DNA的碱基对应规律也适用于转录(但A:T配对换成A:U配对)也是容易想得到的。克里克推想RNA→蛋白质(称信息翻译)是在核糖体上按如下方式发生的。把写在RNA上的词(称为密码,现在认为密码是由三个核苷酸组成的)逐个译成相对应的氨基酸时,需要有一种转接器分子。若用RNA来做转接器就非常简单了,因为信息RNA上的各个密码大概只能识别出与之相对应的特定的转接器,在其上面有着能与密码顺利地发生氢键结合的碱基排列部位(反码子)。大概还有各种各样特定的酶使特定的氨基酸结合到带

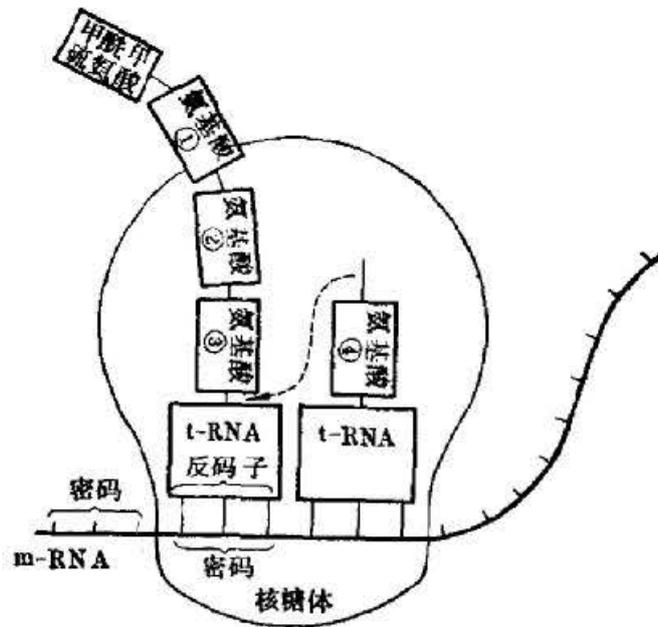


图2 蛋白质合成模式图。从信使 RNA 的密码翻译为多肽的机制。翻译开始是特殊的 N-甲酰甲硫氨酸和 tRNA 的结合体。后来这个 N-甲酰甲硫氨酸再被切掉。

有特定反码子的转接器上。克里克推想，信息 RNA 与特定蛋白质相结合，形成所谓核糖体的小颗粒，上述的翻译便是在这里进行的。在这之后，这个模型与实验不符合的只有一点，被雅各布-莫诺(1961)的模型所修正(参考图2)。单链的信息 RNA (沃尔金-阿斯特拉汉于 1956 年发现)应称为信使 RNA (mRNA)，核糖体是全能的蛋白质制造工厂。mRNA 和核糖体结合起来，在这里翻译成多肽。mRNA 的寿命很短。解放出来的核糖体可再用于其它蛋白分子的合成。用感染了 T₄ 噬菌体的大肠菌很快地就证实了这个模型(布伦纳,雅各布、梅塞尔桑, 1961)。转接器是由约八

十个核苷酸构成的单链 RNA 被称为搬运 RNA (tRNA)。尼伦伯格-马泰(1961)在捣碎大肠菌而制成的无细胞系中,加进人工合成的 RNA,多聚尿嘧啶(UUU……)以代替天然的 mRNA,结果发现只生成由苯丙氨酸构成的多肽。在这之后,人工合成了多种碱基组成的多核糖酸,加到无细胞系中,借助于试管内的实验,遗传密码象薛定谔所预料的那样,真是由生化学者的手,给解明了。试管内实验所得的结果跟 T₄ 噬菌体等活的细胞系中的密码是一致的。1966 年根据冷泉港讨论会所得出的结论制订出遗传密码的最后修订版。密码有简并(一个氨基酸对应一种以上的密码)。UAG、UAA、UGA 称为无意义码,在通常株中,因为无对应的 tRNA,所以在这些密码之前的多肽停止伸长。这些码相当于文章中的句号。

遗传信息展现的控制

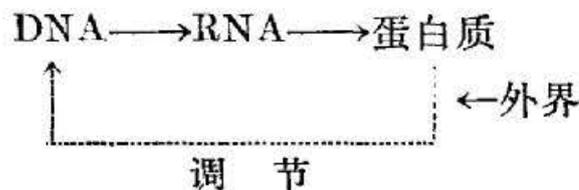
噬菌体的潜伏——溶原化

巴黎巴士德研究所的陆沃夫于 1949 年会见了莫诺,并受到他的启发,于是开始研究他老早就感兴趣的附着在巨大芽孢杆菌上的噬菌体。这种噬菌体颇为奇异,它感染之后并不立刻从宿主出来,而是很多代后才溶化细菌。1930—1938 年间老奥尔曼夫妇就研究过它。对一直在集中研究 T₄ 等毒性噬菌体(侵入宿主后立即增殖,将宿主菌溶解)的德尔布鲁克派来说,这是难以相信的现象。1950 年陆沃夫证明,这个噬菌体在宿主菌内潜伏了起来,继续共存增殖,不时地引起溶菌。处于潜伏状态的噬菌体称为前噬菌体。前噬菌体的溶菌也象毒性噬菌体同样要依靠成熟噬菌体的增殖,这叫作前噬菌体的诱导。用紫外线和各种化学物质处理可显著地增加诱导的几率。在发现这一现象之前,辗转于英国、非洲和诺曼底等地的雅各布于 1950 年提出要到陆沃夫处工作的申请。到

德尔布鲁克处留学两年的爱来·奥尔曼(老奥尔曼之子)便和雅各布一起从事侵染大肠菌的 λ 温和噬菌体(有潜伏能力的噬菌体)的研究。

信息展现的调节-生命第3原理

生命只是靠“DNA \rightarrow RNA \rightarrow 蛋白质”这个中心教义、靠蛋白质的蓄积才成其为生命，不然外界的微小变化也会使生命立刻死亡。实际上大肠菌具有适应于不同培养基养料而经济地调节增殖的能力。



基于对适应酶的许多实验事实，和温和噬菌体的免疫现象的研究，1961年雅各布和莫诺提出了有名的调节模型。这个模型几乎被原封不动地证实了。图3是它的最新版。z位是合成将乳糖分解为葡萄糖(作能源用)和半乳糖的酶的基因。y位是合成将乳糖摄入菌体内的透过酶的基因，a位是合成其它酶的基因。一把乳糖加入到大肠菌培养基中，DNA \rightarrow mRNA的转录就从p位向右侧进行，核糖体附着于mRNA上，一面在它上边滑行一面进行翻译，逐渐形成多肽。由于z位、y位、a位相连并一起转录和翻译，因此把它们看成为一个动作单位，名为操纵子。若乳糖用完了，称之为阻遏物的蛋白质便附着在o位上，制止了mRNA的合成。加进乳糖时，乳糖便和阻遏物相结合(大概是使阻遏蛋白分子的立体结构发生改变，从而离开o位，而解除其阻抑作用，操纵子的活性又重新表现出来。阻遏物是由i位的信息而合成的，由四条多肽链构成的蛋白分子。

图4是表示温和噬菌体潜伏情况的模型图。编入到宿主菌DNA中的 λ 噬菌体的c位被解读，而制造出阻遏物，它附着在二

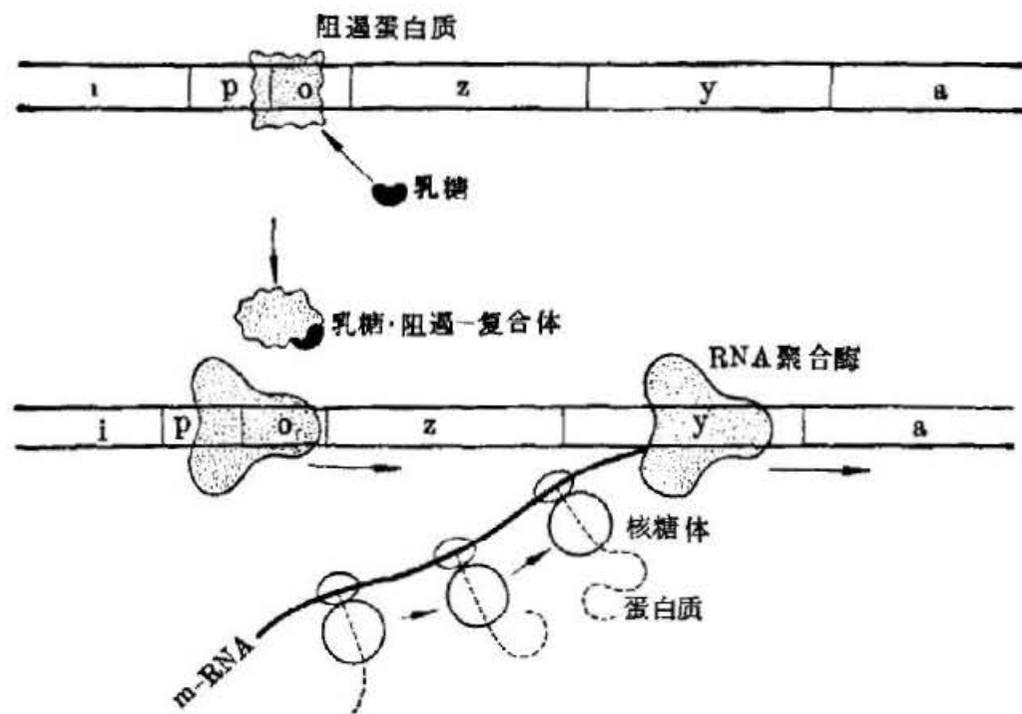


图3 雅各布-莫诺的调节机制的最新模式图。由于阻遏物的作用停止了乳糖操纵子的信息展现。乳糖和阻遏物结合后，抑制被解除，开始合成蛋白质。

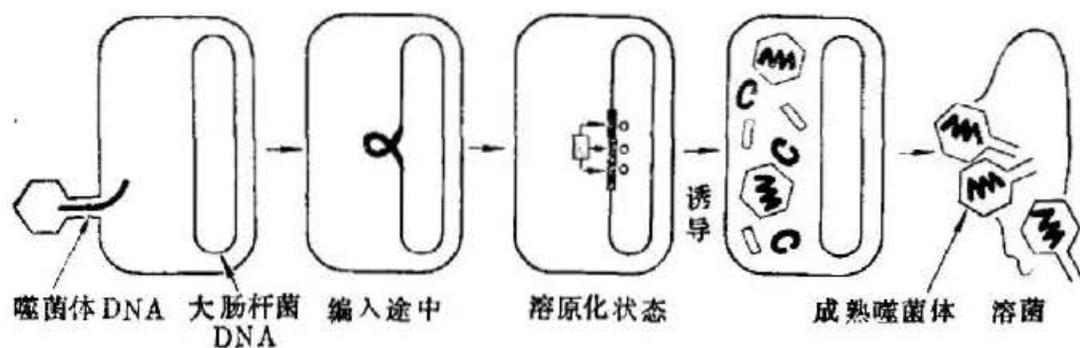


图4 温和噬菌体侵入宿主菌成为潜伏(溶原化)状态的过程, 以及由于诱导噬菌体进行增殖而把宿主菌溶解掉跑出来的过程示意图。根据噬菌体 c 基因的信息制成阻遏物蛋白, 这个蛋白与噬菌体的操纵基因 o 相结合, 将噬菌体的所有其他的遗传信息都抑制住。一旦破坏了阻遏物, 抑制便解除, 噬菌体自行增殖。

个 σ 位(噬菌体开始增殖所必要的基因)上,抑制 σ 位以外的基因的活性。如果将阻遏物失活,抑制便被解除,为噬菌体增殖所必需的信息便有秩序地逐次展现,产生出成熟的噬菌体,而发生溶菌。

图3和4是负反馈即负向调节的例子。在体内也有正向调节。合成mRNA的酶,即RNA聚合酶很容易地被分成两个成分:西格马(σ)因子和余下来的核心酶。西格马因子把与其发生特异性结合的启动基因P活化,这时RNA聚合酶附着于该处,而开始合成mRNA。 T_7 或 T_4 噬菌体侵入宿主之后,便立即用宿主的RNA聚合酶首先合成产生噬菌体专用的西格马因子的mRNA,该西格马因子与宿主的RNA聚合酶的核心酶结合,转换成噬菌体专用的聚合酶,从而使噬菌体的基因逐次展现,到后期无论西格马因子或核心酶都使用噬菌体所特有的。

分子生物学的未来

分子生物学的基础确立了。过去发展延长线上的问题被解决之后,就会找到新的问题和应用面吧。关于分子生物学未来的展望,从1930年代确立了基础的量子物理学的发展而开辟了近代工业的历史这一情况中,可以想像得出吧。

生物素子的结构和功能

光合作用、视觉、肌肉分子收缩的机理的梗概已被阐明。各种重要器官的功能也同样被阐明了。另一方面,构成器官成分的某些最小单元(拟定名为生物素子)被分离出来,并弄清其结构,随后直到人工合成。人工蛋白质、人工核酸就是这方面的最初产品。在这个领域工作着的结构学派大概一边分化为生物化学、生物物理、生物工程学,一边继续发展下去。

高级信息调节

高等动物的个体发育中，既存的遗传信息有秩序地展开的这种高级信息调节乃是自然的杰出创造。这种近代前定论将沿轨道向前发展。基因活化和 RNA 合成的活泼程度成比例的情况已有报道。当然，它的调节机理与大肠杆菌的例子相比较，可能是显著的近乎不同质的高级信息调节。计算机无论在实际方面或在基础理论方面大概都会发挥作用。在微生物中，大概也会发现高级调节。

遗传信息的多样性

一级信息存在于单链 DNA 和 RNA 中的例子在营寄生生活的噬菌体和动物病毒中，可说是一般的现象。双链在防护信息的自然损伤方面，是有用的吧。最近梯明等(1970)发现，在动物病毒中有 RNA→DNA 的信息传递的例子，从而引起了人们的重视。但这当然不是和克里克的中心教义有了矛盾。能否发现具有与现知的遗传密码完全不同的密码类型的生物群呢？似乎还有不展现信息的 DNA 存在？不作为信息载体的 DNA 是否具有生物学功能？DNA 在复制时会在哪个部位发生错误？它是否有助于作为生物进化原动力的突变？错误量又怎样才能得到控制？

非局部性信息

有必要把德尔布鲁克斯所暗示的新互补性原理问题，尽可能地象标题那样归纳一下。膜充满着神秘。DNA 的复制也需要膜。在膜复制所必需的信息中，有没有膜自身所固有的呢？酶粒子附着到膜上时，由于其附着点同周围出现差别，酶活性也许会受到改变……。信息可能不是孤立于膜的线路网及酶粒子而存在的。现代物理化学技术也许不适用于研究在分子水平上确立着社会秩序规则的膜。如果是这样，或许从此产生出新的原理。高级神经功能可能是类似的例子。从表面上看，记忆是外部信息给予我们个体的变化，可以看作是由之而产生的二级信息。但是，实际上，已有证据说明，确定了的神经网的图式是生就了的，随着外部的刺激，

向其中送入正、负电信号，并作为信息贮存起来。也有证据说明，神经细胞的突触的化学变化与记忆和行动有关。但是只进行象这样的分子水平的分析也许是不可能解决记忆机理的。在图式识别中，不了解宏观的非局部性的信息也许是不行的。

分子生物医学

由于免疫问题已走上轨道，作为分子生物医学的课题将得到发展。遗传病成因得到阐明的数目会有增加，对病毒致癌问题的阐明也许会取得明显进展。人的培养细胞尚不能做遗传学分析，这个问题如得到解决，对人的基因的研究会有飞跃发展。

生物进化和宇宙生物学

分子生物学将促进生物进化和宇宙生物学两个学科的显著进展。如在地球外发现生命，会引起人们极大的兴奋。

再回到原点

推进分子生物学诞生的是两个具有欧罗巴精神的物理学家。由于美国生物化学家的力量迎来了人工核酸和人工蛋白质的时代。改造人的意图大概也会成为可能。这点被用来干坏事的可能性乃是极其可怕的。盲目相信技术的日本人，因为生产过剩，如今已遭世人的白眼。到了应该自问科学为什么和生产为什么的时候了。生命科学大概将回到“生命是什么”这个原处。贡献于恢复失掉了的精神、恢复自由的精神不就是未来分子生物学的重要任务吗。生物学本来是研究生命的统一性的。人在这个地球上是和它所有生物共同活过来的，因此人类没有权利出于私心而消灭其它生物。

(摘译自日本《遗传》1971年第1期 季良译，庚镇城校)

分子生物学的第二个发展时期

——关于分子生物学的性质和特点的意见

〔日〕渡边 格^①

〔内容提要〕 分子生物学已经进入它的第二个发展时期。第二个发展时期具有什么样的特点？应该开展那些研究工作？作者受日本分子生物学远景规划委员会的委托，于1971年的一次讨论会上发表了他个人的看法，本文是他的发言要点。作者认为，作为生命科学核心的分子生物学，应该有其新的使命，不是使之消失在物理现象之中，而是应当朝着建设更为综合性的生命科学方向前进。今后分子生物学的特征，可以说在具有以前物理学、化学和生物学之间的新的研究领域的同时，还提出了医学方面的目标。但作者又忧虑今后生命科学技术化时，会出现种种令人担心的事情，分子生物学肆无忌惮地搞技术化是危险的，因此在某种情况下，必须对研究课题加以规定和限制。

分子生物学的第二个发展时期

想结论性地谈三个问题。想谈的第一问题是分子生物学现在已经进入了第二个发展时期。第二，与前个问题有关，是进入新的

^① 作者在日本庆应义塾大学分子生物学教研室工作。

发展时期的分子生物学的方向和性格问题。第三，是地球上生命体的特点。

分子生物学现在已进入了第二个发展时期。它的第一个发展时期，从学术上来说始于1953年华生-克里克发现DNA的双螺旋结构。其具体发展，则是1956年以后的事情。《分子生物学杂志》创刊前后，在各国的大学中都建立起分子生物学研究所或研究机构。第二个发展时期，从学术上来说，1965年以前就有了萌芽，但一般说来有了明确的形式还是这一二年里的事。‘分子生物学已经终结了’的议论，在两、三年前就有了。其实，对分子生物学的第一个发展时期的高潮已经过去看法是一致的，至于对第二个发展时期怎么看，每个人在观点上有很大分歧。有些人认为，分子生物学已不复存在；另些人则认为，真正的分子生物学从现在才开始。

分子生物学的性格和特点

首先是分子生物学的性格问题。在生物物理学会创立前后，曾有过关于重点是放在生物学方面还是放在物理学方面的争论。这个争论，从本质上来说，目标是一致的，但在具体进行研究方面，出现了分歧。照我个人的看法，还是应当朝着生命科学这一新的综合方向前进。作为这门生命科学核心的分子生物学，应该有其新的使命。总之，我认为，绝不是使之消失在物理现象之中，而是应当朝着建设更为综合性的生命科学方向前进，应培养出自然科学和人文、社会科学综合的新苗来。

下面，就来谈谈第二个发展时期的分子生物学的特点和性格。

第一，分子生物学的对象，将不再是细菌和噬菌体，今后的中心课题，将是解释多细胞生物，特别是动物和人类中的生物学现象。从具体的现象来说，可以举出免疫、癌、分化、发育、高级神经

系统等问题。

第二，是跟第一个问题同样重要的根本性问题。通过分子生物学的第一个发展时期，物理、化学等物质科学跟生命科学融合了起来，但还留下了没有解决的根本性问题。例如，对于 DNA→RNA→蛋白质这个分子生物学的中心教义，在 1970 年夏天，像在 RNA 型癌病毒中所探明的那样，在特殊情况下存在有 RNA→DNA 这样新的合成方向。这是一个非常根本性的问题。光把大肠菌或噬菌体作为研究对象，恐怕是发现不出这个问题的。另外，关于核酸的复制，其根本性问题从分子水平上来说，也还没有很好解决。蛋白质合成的分子机制也是如此。例如，从华生-克里克的 DNA 双螺旋结构中，可以看到 AT、GC 的特异碱基对，由于碱基这种特异的配对性，产生出模板核酸链和具有互补性碱基排列的核酸链，从而复制出双螺旋结构的 DNA。可是复制时为什么只能 A 与 T、G 与 C 配对呢？京极博士（东大药理学系）等通过有机溶媒中的红外线的作用看到了 A 跟 T、G 跟 C 所独有的特异性结合，但在水溶液中这种特异性的相互作用也以非常的完正性出现，其理由还不清楚。大概可以认为，AT(AU)、GC 具有共同的结构参数，是由合成酶的蛋白部分决定的。另外，在决定蛋白质氨基酸结合顺序时严密规定着 mRNA 的密码和 tRNA 的反码子发生特异性结合的分子机制，也还有许多不清楚的地方。看来这不是由于两或三个特异碱基对的原因，而是与核糖体的蛋白质有关。可是从结构上来说，还是不清楚的。再有科恩伯格的 DNA 合成酶是单纯的修复酶，真正的 DNA 合成酶还没有找到（后来找到了 DNA 合成酶 II 和合成酶 III、III*。——校者）。

第三，想强调一下，分子生物学第二期的发展，终究只能在第一期发展的基础上，所以不能抛开第一期的成果。分子生物学第一个发展时期的重大成就，是找到了解释生命现象的极为有力的方法论。即以遗传现象为基础，来阐明生命现象。遗传现象，并非

单纯是由亲及子、由子及孙地传递遗传性状的一种现象。生物个体的生命现象也是由于遗传现象导致的，就是说维持个体的生存也是靠基因 DNA 的信息。也就是说，遗传现象不只是产生同样的子孙后代；维持个体存在的生命现象也必须在遗传现象的框架上加以阐明。在控制、调节以至体内情况稳定等问题上，说来说去是要根据决定个体生命现象的遗传信息才能很好理解的。把前面所讲的免疫、癌、分化、发育等问题，全部放到遗传决定的范围中去研究怎样进行表现调节和选择的，将会取得丰硕成果。这一方法论的开创，是分子生物学第一期的最重大成就。

第四，从这样的观点来看，从前被看作跟分子生物学似乎无缘的大脑问题，也可以期待通过分子生物学的研究而打开新的突破口。现在，已经开始朝这个方向进行了种种研究，它们的立足点都是想探明在遗传上是怎样决定脑的活动的。

第五，在形态形成问题上可以说也是一样，需要搞清楚遗传决定，和环境影响两者的作用程度。

好象太絮叨了。如果新的生物学是在分子生物学第一个时期的基础上发展起来的话，那末，遗传上的决定在表现上并不一定是唯一的東西，环境对生物的作用当然也有种种表现形式，因此，分析生物现象，应采取在遗传决定的范围内，研究生物的实际表现在多大程度上是由环境来选择的。而且，把立足于这种方法论的新研究方法试用于复杂的生物，也将是第二期分子生物学的特色。目标是多细胞生物问题，最终目标之一是脑的问题，以解释人类精神上的生命，其方法论则跟研究大肠杆菌、噬菌体取得成功的方法论相同。

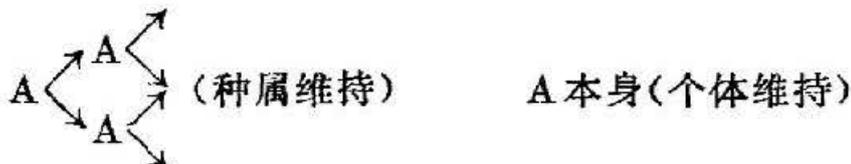
第六，这样探讨下去的话，将是最终的物质基础在哪里的問題，就是核酸、蛋白质的结构和功能的问题。例如随着佩鲁茨等人通过 X 线衍射查明了血红蛋白的三级结构，对变构性的变化也从分子结构方面逐渐搞清楚了。

第七,是生命合成问题。这是今后分子生物学的最大特征。分子生物学是通过把生命分解为基本过程,然后再以整积起来的方式来认识生命现象的,从而,合成生命就有了现实的可能性。如果能够合成生命,那末,首先是根据现存的遗传密码造出具有不同遗传信息的生物。地球上所有生物的遗传密码都是同一的。但从理论上说,也可能有不同形式的遗传密码。因此,接着就要造出有着不同形式的遗传密码的生物。另外,地球上生命体的氨基酸都是L型的;由D型氨基酸组成的生物从物理和化学上来说,也是可能的。如果造出跟现存的由L型氨基酸组成的生命体相对照的生命体,那种生命体在实际上是否能够作为生物而活动呢?再有,基因不是DNA而是RNA、且不包含DNA的生物是否有可能存在呢?这样,就自然而然地提出了制造跟地球上现存类型不同的新生物这样一个重要问题。

总之,分子生物学的研究,必须以物质和能等问题为依据,并且必须把生命现象看作是一种遗传上的信息决定系统又是一种受环境选择的控制系统作为出发点。我认为,在正确认识第一期分子生物学成就之后进入到第二个发展时期才是应有的正确态度。

地球上生物的特色

地球上生物的特征,通过分子生物学的研究正逐步地明确了。归结起来,地球上生物的特征就在于保持同一性。同一性的一个方面,是遗传信息的复制,即A生物产生出A生物来;其另一方面,是某生物既是个体A就保持A的状态,即维持个体生存的机制。



例如,就体内情况稳定而言,自然也是基于遗传信息而成立

的。如果说无需生小孩而从我们身体里拿掉 DNA 的话，个体也就立即瓦解死亡。遗传信息不仅对种属的维持，就是对于个体的维持也是不可缺少的。这是地球型生物——细胞增殖生物的特征。但这不是生物唯一可取的状态，仔细考虑的话，也可能有别种生命存在形式。也许在其他天体上，有着非增殖细胞型的生命形态。

其次，作为地球上生物的重要特征，是遗传密码的单一性。从病毒、细菌、植物、蛞蝓、鱼类、老鼠，直到人类，全部使用着一样的遗传密码。可是遗传密码同一的必然性还不清楚。即使存在着具有各种不同形式密码的生物也不是不可思议的。为什么遗传密码是单一的呢？又为什么生物全由 L 型氨基酸构成的呢？其原因还不明白。但为要说明这种情况，有一种观点认为，地球上的生命起源，只能在某个时候，某个地点，出现那么一次。而这是可能性非常小的现象。或者生命就不是在地球上产生的，而是象阿累尼乌斯所说的那样，大概是从天外飞来的一个细胞。反正不能认为现在地球上的生命是在原始海洋中各个不同的场所发生的。如果是在各个场所发生的，就应当有各种不同形式的遗传密码的生物存在，而事实上，我们地球上的生命体，就起源上说该收缩到一个细胞上。因此可以说，细胞生物的发生，乃是频率极低的偶然性事件，并且当时碰巧是 L 型生命。在别的天体上，发生地球型增殖细胞生物的可能性也是非常之小的。

也许比增殖型细胞生物产生之谜来得小一些的另一个问题，是多细胞生物怎样从那个最原始的细胞发展起来的。作为进化的结果，现在的多细胞生物具有非常合乎目的性的功能，但是它对运筹生命现象是否是真正有效率的物质系统，人们并不清楚。也许是合乎目的性的，但其实也许是充满缺点的生物系统。因此，对多细胞生物的研究，光有物理的和合理的观点也许是不行的，我们必须把生物作为一种客观存在如实地加以分析。

象生命起源或地球型细胞生物以外的生命形态是什么样的，

种种疑问都包含在内，可以说随着以遗传现象为基础的具有新结构的生物学的研究方法的发展，而开始成为具体的研究课题了。我想再重复一次，我们已知道要阐明地球上的细胞生物的生命现象，以遗传信息这一“不变”的东西为基础的分析方法是有效的，因此，这岂不是分子生物学的主要性格吗？

分子生物学今后的研究课题

最后，把分子生物学今后的课题，就所想到的列举如下。

第一，是核酸合成酶的实质性研究。探索从 DNA 复制 DNA 的 DNA 合成酶是当前一个重要课题。此外，由 DNA 合成 RNA 的 RNA 聚合酶，由 RNA 复制 RNA 的 RNA 合成酶，还有 1970 年发现的 RNA→DNA 的反向转录酶，这些酶相互有关，应当把这四类酶集中起来作为一个问题进行研究。就是说，需要把核酸复制问题跟 mRNA、rRNA 的合成问题密切联系起来进行研究。重点应当是：核酸合成开始的决定是怎样发动的？决定 AT(AU)、GC 这种特异碱对的酶的分子结构是什么？

第二，是核糖体的结构和功能问题。特别是造成遗传密码和反码子进行特异性结合的分子机制问题，看来该机制大概就藏在核糖体的蛋白结构中，但其原因还需要探明。

第三，是氨基酸 tRNA 问题，用氨基酸活化酶来解释特定的氨基酸跟特定的 tRNA 结合的机制。

第四，是核酸结构的研究。关于 RNA 噬菌体的 RNA 全结构决定的研究，在国际上正稳步而顺利地进行着。但这方面日本完全落后了。关于双螺旋 DNA 的高级结构问题，也因为关系到 DNA 在染色体中的排列和遗传信息的有效整理问题而变得重要起来。此外，DNA 和 RNA 的糖是不同的，两者虽都有一条链和二条链的情况，但剩下的一个差别是 DNA 在实质上成环状，而在 RNA

中没有发现环状的情形。这一点是本质性的差别呢，还是进化上偶然出现的差别，也是一个有待研究的问题。

第五，是蛋白质高级结构及其可变性的研究。在这里成为问题的不是一般的蛋白质，而是决定着跟核酸发生特异性结合或决定核酸跟核酸发生特异性结合的蛋白质，如核酸合成酶、核糖体的蛋白质、氨基酸活化酶以及阻遏物蛋白质等的高级结构和可变性的研究。

第六，可以提出形态形成问题。从病毒或以至核糖体那样的结构，如果提供部件的话，就可以通过自体装配形成粒子，这种自体装配可能达到什么样的水平呢？样板必需成为形态形成时的引物，这一点大概是要研究的。阐明膜的形成机制是特别重要的，它与细胞分裂、DNA 复制的调节、癌及发育等问题都有关系。

以上六个项目，在某种意义上说，也许用微生物就可搞出来的。

第七，是在高等动物研究中极为重要的动物细胞的遗传性解析问题。在目前阶段，这种解析还很困难。原因之一是由于动物细胞几乎都是二倍体细胞。用单倍体细胞作遗传性解析是必要的，但单倍体细胞培养一般不能增殖。最近用蛙的材料单倍体细胞培养成功。这项工作受到重视，就是因为这个原因。开发这种适合于遗传性解析的动物细胞系统是极为重要的。

第八，是抗体生成机制问题。这不仅是医学上的问题。研究动物自身与非自身的识别以及对此的应答反应，在生物学上是重要课题。作为胚胎学的课题，也是饶有趣味的，可是抗体生成机制的遗传学研究，特别是关于出现生成各种抗体的无性繁殖系的遗传学探讨，正迅速地变得重要起来。免疫 RNA 是否实际存在也许是个问题，但基因组成上不同的抗体生成细胞的各种各样的无性繁殖系，又是怎样从单一的受精卵产生出来的呢？这就不单是抗体生成问题，也关系到一般的分化、发育问题。

第九，是游离基因问题。可认为是研究免疫 RNA、癌病毒

或在分化、发育过程中也许起着重要作用的游离基因等问题。以前，游离基因是在细菌和噬菌体系统中进行研究的。而今后在高等动物方面进行研究将变得特别重要。与此有关，发现了RNA→DNA酶，RNA病毒产生出DNA来，该DNA整合到宿主的染色体中。可以说，RNA游离基因的概念已可用于RNA癌病毒。另外对RNA基因存在的研究也重要起来。现在，有许多分子生物学者在从事癌病毒方面的研究。一项研究是用癌病毒使正常细胞转化为癌细胞。细胞转化的原因是什么呢？可以认为，归根结底是膜结构的变化，通过膜结构的改变，使DNA合成或细胞增殖调节发生变化。达尔贝科等人，为了进行生物学分析，正打算取癌病毒的突变型或宿主细胞的突变型作遗传学上的解析。但取得宿主细胞的突变型是困难的。J·D·华生不久前担任了冷泉港研究所所长，那里集中对癌病毒特别是SV40的研究。他用SV40的DNA使之在体外全部翻译成蛋白质，因为其中大概有着引起某种癌的物质，所以正打算依次查明蛋白质的作用。

第十，是干扰素问题。干扰素作为抗病毒剂而受到重视。病毒中的干扰素无特异性，在动物中则有特异性。为预防人的病毒性疾，必须使用人的干扰素。它的生产非常困难，据说实际应用还需要五年到十年。人的干扰素（认为是蛋白质）的结构一旦明瞭了，随后大概就可以用梅里菲尔德方法进行人工合成。更加基本的是，干扰素跟核糖体的研究相关连。把干扰素供给细胞，细胞就合成阻遏蛋白质，由于这种阻遏蛋白质连接到核糖体上，核糖体就跟宿主的mRNA相结合，而不跟病毒的RNA结合，这样，病毒的增殖就受到阻止。这种阻遏蛋白质的作用在分子生物学上也是很有趣味的课题。

第十一，是脑的研究。最近，分子生物学者中的领导人物不断参加到这一领域中去。以前用高等动物进行研究时，已经知道大脑神经元的线路图式是由遗传潜在地决定的。发育到了某个时期，

就出现了这种线路。查明这种神经元线路的遗传决定是通过怎样的过程实现的，以及在发育的某个时期这种线路图式得以实现的原因等，都是重要的问题。雅各布也是在这样意图下开始从事研究的。布伦纳等应用立体电子显微镜和电子计算机，开始对下等动物的种种突变型之间的神经元线路图式的差别进行研究。尼伦伯格等用神经元的肿瘤作有关细胞分化的研究。本泽取果蝇的突变型从遗传的角度进行研究。斯坦特到哈佛大学休贝尔研究室后，听说在用蛭作研究。德尔布鲁克从五十年代以来就在用须霉（一种真菌）进行感觉生理的研究。认为关系到神经元与神经元之间发生特异性结合的认识蛋白的研究，也是不少人感兴趣的。这么多分子生物学家，使用新的材料和新的技术进入到大脑生理学领域进行了研究。

第十二，是合成问题。合成各种各样新的蛋白质、核酸或象病毒一类的生命体，正在成为可能。由此可以预想制造基因 DNA，然后放到人体中去，但实际上，制成具有新基因的病毒（癌病毒），通过感染，把新的基因输入到动物体里的计划刚开始在考虑。

今后分子生物学的特征，可以说在具有以前物理学、化学和生物学之间的新的研究领域的同时，还提出了医学方面的目标。

上面说的是分子生物学的具体的研究课题。但不是说这些课题个个都得搞。从遗传决定和环境选择的立场来说，注视多细胞生物的生命现象应说是极为长远的研究方向。

本文只是从学术上叙述第二时期分子生物学的性格和特点，以及设想到的具体研究课题。但是，今后生命科学技术化时，会出现种种令人担心的事。在某种情况下，也许必须对研究课题加以规定和限制。以分子生物学为核心的生命科学肆无忌惮地搞技术化是危险的，关于这一点我在报刊上曾一再发表了意见，这里就不特意讲了。我只是讲了第二期分子生物学的某一侧面。

（摘译自日本《蛋白质核酸酵素》1971年第4期 得汉译，庚镇城校）

论遗传现象的本质

〔苏〕 H. II. 杜比宁^①

〔内容提要〕 本文作者是苏修遗传学界的“权威”，老摩尔根主义者。过去曾受过严厉批判，但近十多年来，他的文章却连篇累牍地发表在苏修各种刊物上。本文是他对分子遗传学产生、发展和现状的论述，可以清楚看到今日苏修遗传学界占统治地位的观点与西方的见解已毫无差别了。

引 言

基因理论创立之后，为弄清遗传现象的本质提供了科学基础。这发生在1900年孟德尔法则再发现之后。孟德尔在用豌豆做的实验中证明了在生命体中存在着特殊的遗传因子。1909年约翰逊称这种遗传因子为基因。关于遗传性和变异性的科学本身，1905年贝特森称之为遗传学。

在本世纪初，约翰逊和另外一些学者曾否认有研究基因物质本性的必要性。但是，十九世纪末，在遗传和发育的领域中，威尔逊在细胞理论的基础上进行综合之后，与生物化学、生理学和细胞学综合的任务就一直摆在遗传学说的面前。

1910年左右，在摩尔根等人的著作中出现的染色体遗传理论，标志着遗传学研究的长足进步。基因原来是同细胞核里的染

^① 本文作者是苏联科学院普通遗传学研究所所长、院士。

色体的物质结构联系着的。

1929年，卡尔佐夫把全部问题推进到一个新水平。他表达了这样一种想法：遗传性的本质不应简单地在染色体物质中寻找，而应到遗传物质的具体的分子结构中去寻找。卡尔佐夫根据当时盛行的观点认为蛋白质是基因的物质基础。他研制出基因分子自我增倍的样板原则，为现代分子遗传学创立了思想基础。

但是，还在1871年，米歇尔就发现了核酸和蛋白质一样，也是作为必要的成分参加到染色体的组成中。这一发现成了一项导致今日生物学领域中发生革命性变革的质朴的开端。1928年格里菲思指出，有一种肺炎球菌品系，其死细胞中的物质可以使另一种肺炎球菌的遗传特性发生转化。1944年艾弗里等人确定了这种物质是脱氧核糖核酸(DNA)。1952年赫尔希和蔡斯指出，在用噬菌体感染大肠杆菌时，只是DNA纤维穿入到细胞中去，而蛋白质外壳则留在细胞表面。这一切改动了遗传学的基本兴趣的中心。作为遗传性的物质载体不再是蛋白质，而开始认清是核酸分子，首先是出现于人、所有高等生物以及许多细菌、病毒和噬菌体染色体中的脱氧核糖核酸分子(DNA)。

1953年华生和克里克弄清了DNA的物理化学结构及其遗传学意义之后，这个事件成了遗传学史上的转折点。

遗传问题上的核酸垄断主义时期

1953年以后，经历了在分子概念基础上改造全部遗传学理论的急风骤雨般的时期。

二十年来，一个又一个伟大的发现接踵而至。遗传密码、通过由RNA分子实现的转录和翻译过程而完成的依赖于DNA的蛋白质合成、遗传物质的自我复制、基因结构及其突变的分子基础，这些问题的实质都一一探明了。

从各方面讲，都可以把遗传问题上的这个时期描绘成前进在承认 DNA 分子起着垄断作用的旗帜下的时代。事实本身从许多方面都令人相信，遗传信息确实记录在 DNA 分子中，记录在一些个别的携带着特异密码系统的基因当中，而特异的密码系统决定着特异蛋白质分子的合成。

但是在分子遗传学发展的这个阶段，这样一点也是很清楚的：核酸在细胞中的存在、保留、进化和发挥作用不仅是蛋白质合成的源泉，而核酸的存在、保留、进化和发挥作用的本身也有赖于蛋白质和其它细胞生物化学和生理学系统的生命活动。

在 DNA 分子进行自我复制时，是真实的酶促合成。这一发现是极为重要的。1956 年，科恩伯格分离出 DNA 合成酶，它以前一代 DNA 的单链分子为样板，合成互补性的多核苷酸链。在此基础上，科恩伯格(高连，科伦伯格，辛希默)于 1967 年研制出非细胞系统中实验控制合成 DNA 的条件，从而通过人工酶促合成的方式，复制出噬菌体 $\Phi X174$ 的活分子。

中心教义、遗传物质的防护、 与酶系工作联系着的突变过程

证实了遗传信息记录在 DNA 和 RNA 分子中的原则之后，生命现象中的 DNA，RNA 和蛋白质分子之间相互制约的事实，在分子遗传学的整个阶段上都变得显而易见了。但是这种承认并不能看作是遗传现象的内容，而只能看作是生命的结构生物化学和生理学表现的基础。遗传现象仅局限在遗传信息记录在核酸分子中和对特异蛋白质合成的影响的范围内。

这种观念得到了分子生物学的所谓中心教义之称，它是 1958 年由克里克提出来的。根据这一教义，记录在 DNA 分子中的信息被转录到信息 RNA 分子上，然后在核糖体上，根据三体密码编

排氨基酸结合顺序的原则，信息通过翻译决定着特异蛋白质分子的合成。承认信息流的严格方向性，即 DNA→RNA→蛋白质，是中心教义的特征。六十年代分子遗传学的极大成就即在于以细胞内蛋白质合成的实质的最大发现充实了这个学说。但是，在阐明蛋白质合成的遗传决定方面的成就的全部意义现在变得明朗了的时候，中心教义没有注意到细胞中整合的一些最重要的现象，没有查明生命系统所特有的中间环节和中介的复杂联系。

DNA 通过突变而形成新的特性完全取决于细胞代谢条件这一点，已被很好了解了。但是，只是在近些时候才搞清楚，酶一方面保护 DNA 免受前突变的损伤，另一方面在前突变转化为真实突变过程中它又起着作用。1949 年，凯尔纳和杜尔别科分别发现了光反应现象。光反应的内容是：DNA 在紫外线(2537 埃)作用下产生的损伤，随后用可见光(4000 埃)照细胞时，会被消除。这种防护的分子机制如下：紫外线的能量引起 DNA 形成胸腺嘧啶的二聚体。细胞含有能够劈开二聚体的酶系。但是这些酶只是由可见光的能将其激活之后，才会发挥功效。胸腺嘧啶的二聚体是 DNA 的初级损伤，消除这些损伤也就把突变抵销了。

在不用可见光照细胞的情况下，胸腺嘧啶的二聚体也能消失(塞特洛，卡赖尔，1964 年)。这种现象称为暗修复。在这种情况下，修复的分子机制是同从 DNA 链上割出二聚体相联系着的(塞特洛，卡赖尔，1964 年；博伊斯，霍华德-弗兰德斯，1964 年)。割出二聚体是核酸内酶活动的结果。然后由于核酸外酶的作用，扩大缺口，继之根据正常的样板即存在于对面的多核甙酸链，进行建造，最后借助于连接酶的作用，把建造好的片断缝缀成多核甙酸链。

这些发现表明，遗传信息免受发生在 DNA 分子上的初级损伤，是在一系列酶系作用的基础上实现的。而这些酶系本身又是在若干特定的基因的作用下合成的。在获得了一系列不同的暗修

复酶缺陷突变型之后,上述情况是变得很明显了。

在用咖啡因(利布,1961年)或吡啶黄(威特金,1961,1963年)阻抑修复酶的情况下,突变水平得到了提高。

然而,不仅是防护,而且 DNA 通过突变形形成新的化学特性也是与酶的活动有关。自然,在破坏复制的情况下,通过插入不正确的碱基也必定会发生突变。在核酸原有的单链样板上合成新的链是借助于 DNA 合成酶进行的。当规划着合成这个酶的基因发生突变时,这个酶的工作也许受到破坏。斯派尔(1965年)报告,在制约着合成 DNA 合成酶的第 43 号基因发生突变的 T₄ 噬菌体上,其突变率几乎提高了两千倍。在其它情况下,这个基因的突变却改善着 DNA 合成酶的工作并起抗突变剂的作用(斯派尔,罗森堡,1968年)。

当发生于 DNA 一条链上的初级损伤将自己的影响传给第二条链时,显然是酶的活动保证着所谓全突变的出现。但这种现象的本质还不明了。根据杜比宁(1969年)提出的为理解全突变出现过程的假说,认为主要是暗修复系统的工作。

同源染色体的重组现象也是同暗修复酶的作用联系着的,在其作用实现时,就发生突变过程(库谢夫,1971年)。

所有这些材料清楚地表明了,不仅 DNA 分子在细胞中的一般生命活动是处在酶系统的影响之下,就是建立遗传规划的本身也是处在酶系统的影响之下。这些事实导致建立起一种新的关于 DNA, RNA 和蛋白质分子相互作用的本质和深度的见解。但是,在修正分子生物学的中心教义的时代来临之前,新见解的原则性意义并没有在应有的程度上显露出来。

分子生物学中心教义的修正

实际上拒绝承认遗传信息传递中反向联系的可能性就是中心

教义的认真的简化。中心教义所容许的这种简化，不久以前在断定信息 RNA 分子不能把信息反向传递给遗传结构本身的分子即 DNA 分子这一点上受到攻击。从 1949 年开始，许多作者——马尔夏克、卡尔维特(1949 年)、杜涅依和哈斯(1959 年)，特别是斯坦特(1955 年)——就发表了下列意见：在一定条件下，RNA 可能是 DNA 的前驱。1960 年，格尔森尊、科赫等人根据有关鳞翅目幼虫或家蚕蛹的核多角体病毒的实验，认为在 RNA 的样板上可能形成 DNA。

但是，从 1963 年开始，梯明最坚决地捍卫了这个思想：从 RNA 分子到 DNA 分子的反向信息的可能性。起初，他用演绎法论证了信息沿这条途径传递的必要性，后来，在 1970 年就证明了信息反向传递的存在。

梯明的理论推测中，基本的论点在于试图解释为大家所熟知的这个事实：遗传信息包含在 RNA 分子中的肿瘤病毒，把人和动物的正常细胞变为癌细胞，在此以前曾长期作为前噬菌体整合到人的染色体中，保存在其中，并自动增殖着。RNA 噬菌体分子是怎样同宿主细胞的基因组整合起来的呢？要知道在人类的染色体中，遗传信息是由 DNA 分子所代表的！梯明解决了这个矛盾，发表了这样一个想法：病毒的 RNA 首先转录成以 DNA 分子形式存在的前病毒，它作为前噬菌体被整合到宿主染色体的 DNA 中。

在 1970 年夏天以前，一切资料（包括梯明关于从 RNA 到 DNA 的信息转移的全部资料）都具有假设的性质。在《自然》杂志 1970 年 6 月号上发表了梯明和米祖达尼的论文，另外还有巴梯摩尔(1970 年)的论文，他们报道查明了这样事实：在 RNA 肿瘤病毒中，存在着利用病毒 RNA 作为样板合成 DNA 分子的酶。这种酶保证着反向地发送遗传信息，即从 RNA 分子到 DNA 分子的机制。

无疑地,这种酶的发现对整个分子生物学产生着深刻的影响,并且帮助揭示由 RNA 病毒引起恶性生长的机制。

这一点,虽然具有最重要的意义,但毕竟是具体的意义;除此之外,分子生物学中心教义的修正,还具有一般的、深刻的方法论意义。在遗传信息传递中,单向性规则并不是规律。这是这一发现的基本点。非常明显,在遗传信息的传递中,存在着违反原来的中心教义原则的反向联系,这是一切复杂的自我控制体系的特征。克里克(1970年)同意教义作这种修正,但同时指出,由中心教义所规定的信息转移在一切细胞中仍然是基本的传递:

DNA——→DNA

DNA——→RNA

RNA——→蛋白质

必须指出,中心教义的修正除了上述的意义之外,还提出一个重要问题。问题在于,信息的反向传递目的在于从活动在细胞中的分子方面形成染色体中的遗传结构。DNA 基因分子质的特性的这种形成具有充分的定向的特点,同活动在细胞中的分子所具有的特性是完全相符的。保证着从 RNA 分子转录成 DNA 分子的酶,按照模板催化的原则工作着。在这种催化作用下,所有被转录的核甙酸是与 RNA 模板分子互补的。

这对于基因变异途径问题是特别新的、严肃的态度。如果信息 RNA 分子在细胞中工作的时候发生了变化,那末,在反转录时,它的一切新特性将对等地转移到 DNA 分子上,因而造成遗传物质的定向改变。

当信息的反向联系只局限于 DNA——RNA 分子体系,由此机制所保证的定向变异问题还不是非常尖锐的,这是由于信息 RNA 分子的工作是专门化的,只是跟密码翻译,即合成蛋白质分子有联系。另外一个问题是蛋白质。有机体的整个生命和同环境的相互联系都依赖于蛋白质。如果发现了存在着从蛋白质分子对

等地转录为 RNA 分子和 DNA 分子的反向联系，那末，现代分子遗传学和分子生物学的思想基础就要崩溃了。倘出现那种情况，我们就有权提出关于后天获得性状遗传原则的正确性问题。

事实和方法论的分析表明，并不存在从蛋白质开始的对等的反向转录。从蛋白质到蛋白质的对等转录传递之所以不可能，是由于立体化学的原因；而从蛋白质到 RNA 分子和 DNA 分子的对等转录传递之所以不可能，则是由于在蛋白质转录为核酸分子三联体时，按蛋白质的字母顺序来作校对是困难的。同时若出现这种情况，还要求有从蛋白质分子进行反向转录的独立的复杂机制存在。但在细胞中并没有发现这样的机制。有机体遗传自主性的建立、个体发育的稳定以及个体的生物学个性在其生存期间的保持的历史性意义就在于不存在上述机制。自然界由最复杂的蛋白质分子建造起生命的躯体，但在蛋白质从外面获得信息以后，蛋白质信息的字母顺序在生命系统中对于反向的对等转录来说，却是封闭的。自然界利用和加强了这一点，即从蛋白质到 RNA 分子和 DNA 分子的反向的对等转录的困难性，因而产生了生命类形式的个体性和系统性。

虽然从蛋白质分子到 RNA 和 DNA 分子的反向的对等转录是不可能的，但绝不能说缺乏从蛋白质到 RNA 和 DNA 的反向联系。相反的，反向联系在这里强有力地起着作用，并表明在信息传递中“媒介”原则的全部重要性。如果不跟在基因从各方面规划影响下合成起来的蛋白质分子络合物（酶）发生作用，遗传分子 DNA 的存在和自我复制，信息分子 RNA 的展现和发挥作用是不可能的。由此可见，细胞中遗传信息的传递，势必是在从 DNA 分子和 RNA 分子到蛋白质分子之间正向的和反向的联系系统中广泛地相互作用的基础上实现的。这些联系的特点是非常大的。粗略地加以估计，它们可分为两大类：（1）对等地传递遗传信息的联系——正联系（从 DNA 到 RNA 到蛋白质）和反向联系（从

RNA 到 DNA); (2)媒介地转递遗传信息的联系 (从蛋白质到 DNA 到 RNA)。

从信息 RNA 分子转录成 DNA 分子的酶(叫做反向转录酶)的发现,还有一个原则性的方面。这一发现开辟出基因酶促合成的前景。基因的化学合成的成就出现在柯拉纳等人(1968年)的工作中,当时他们合成了丙氨酸的搬运 RNA 的基因(总共包含七十七个核甙酸)。通常基因平均包含一千个核甙酸。读出其中核甙酸的序列并把这些核甙酸联结成基因结构是特别困难的任务。另一项任务是根据需要从细胞中分解出特定的信息 RNA 分子,然后酶促合成所需要的 DNA 分子。这就在原则上替合成某一有机体的任何基因开辟了无所不包的前景。但这里存在着巨大的困难,因为获得个别信息 RNA 分子的方法尚未研制出来。但在第一个例子中已表明,根据个别的信息 RNA 分子,通过转录,合成基因活样板的这种卓越方法是可能的。分离出血红蛋白的信息 RNA (在细胞中由控制血红蛋白合成的基因转录出来)之后,使许多作者借助反向转录酶,以其 RNA 作样板转录出 DNA 的一个片断即合成血红蛋白的基因(罗斯等,1972年;卡西安等,1972年)。

作为最主要的遗传现象之一的调节活动

生命的系统性、过程的整体性是生命的本质方面。细菌的细胞每隔 20—30 分钟就增殖一次。在细胞里面有 10^6 的蛋白质分子。细胞包含 3000 个基因,因而每个基因平均每隔 20 分钟就得制造出 3300 个蛋白质分子。不同类型蛋白质分子的数目波动于 10 到 500,000 之间。整个过程按时展开。这表明细胞中遗传现象的整体性和调节性现象是非常深刻的。今天,遗传现象的调节问题已作为基本问题出现于分子遗传学的舞台上。

在研究染色体中遗传物质的组织时,发现存在着一定的调节

机制。人们发现细菌有着一系列紧密连锁的基因(德美雷等,1955年;霍尔乌、塞尔蒙蒂,1962年;法尔治、霍洛威,1965年;德美雷,1956年;哈特曼,1956年),它们具有分布的顺序,这种顺序同所规划的物质的生物合成中生物化学反应的环节相一致。艾姆斯、加里(1959年)发现,在这些场合最后产品的产量广泛地依赖于生长条件,但是,连锁群内每一个基因合成的酶的活性的相互关系保持稳态。这表明,这种基因群是作为调节单位而行动的。1961年雅各布和莫诺扩大了这一类观察后,创立了作为结构基因群的调节单位的操纵子的思想。操纵子的基因活性的调节,是依靠调节基因和操纵基因而实现的。调节基因规划着合成一种分子,该分子锁住操纵子基因转录信息 RNA 分子的活动。在这两种基因发生突变时,调节过程受到破坏。这些思想在许多实验中得到证实(普塔什涅,1967年;吉尔伯特,缪勒-希尔,1967年)。

在操纵子工作中,发现了完全相反的现象(弗兰克林、卢里亚,1961年;雅各布、莫诺,1961年;贝克威斯,1964年;洛珀等,1964年),这种现象是:操纵基因的突变预先防止一切结构基因的作用,而每个结构基因的突变则预先防止处于右边的基因的作用。雅各布和莫诺发表这个思想:操纵子转录出一个共同的信息 RNA 分子,这一点为后来许多实验所证实。对乳糖操纵子中的缺失和突变的分析,导致雅各布、厄尔曼和莫诺(1964年)发现在操纵子系统中有发动基因,它是操纵子转录的起点。

在细菌中,当几个操纵子(由 DNA 不同区段组成)在其表现上是联系着的时候,还存在着调节子水平的调节。例如,精氨酸的调节子就包括着八个基因,它们分布在染色体上的五个不同区段中。

操纵子的遗传学,除了它的具体意义之外,还在对转录过程与信息 RNA 合成的开始和终了的调节有关从分子水平上进行理解的基础上,以自己的结果深入研究基因机能化的问题。转录需要

DNA、RNA 聚合酶(蛋白质)和 RNA 三种化合物的相互作用。

RNA 聚合酶分子为了开始启动,应该先“识别”出操纵子中的发动基因的结构。基因可能具有多发动的结构。这表明转录水平上的基因机能化是基于特异蛋白质能认出 DNA 的特异区段。

赫辛(1970年)制订的原则对于调节问题的发展具有重大的意义。现已证明,从成熟的 T₂ 噬菌体中离析出来的 DNA 上所能合成的那些信息 RNA 分子,只是从机能为开始感染的基因那里转录下来的。

这就证明了存在着一些蛋白质,它们能够认出 DNA 中核甙酸顺序上的不同。基于这一点,赫辛认为,基因调节的复杂过程在细菌细胞中发挥着巨大作用,这一点同雅各布和莫诺的理论是有原则性区别的。根据赫辛的意见,随着改变了的 DNA 分子的参加按照噬菌体的发育而有所改变的 RNA 聚合酶参与了调节,因为对于改变了的 DNA 分子的转录来说,DNA 的复制是必要的。

既然阻遏物质是蛋白质,于是蛋白质认识 DNA 中核甙酸的特异顺序的能力,就构成两种调节类型的基础。蛋白质的这种新特性(它的机制还不清楚)再一次非常有力地强调指出了分子生物学中产生出来的基本思想:生命现象是以蛋白质、DNA 和 RNA 的相互作用为基础的。

在高等生命类型中,转录水平上的调节机制的基本原则,看来是同细菌和噬菌体的基本原则相似的。靠着高等生物的进化速度,重组突变的选择优势导致在高等生命类型中实行着基本上不跟基因的染色体内部组织发生联系的生物合成。真核类中的这种生物合成的连锁基因看来是分布在遗传材料上。在某些高等生命类型中也发现了操纵子的组分。例如,拿红色面包霉来说,在合成芳香族氨基酸时就发现了操纵子(吉尔斯等,1967年)。据果卢尔等(1967年)认为,人的 α 和 β 多肽就是由操纵子产生的。由此可见高等生命类型中活性基因的调节问题比细菌和病毒的调节问题要

复杂得多。

现已得到很好的证明，个别的蛋白质分子的合成是在一定的结构基因的控制下实现的。但是，生物个体的发育和细胞的生命活动是在超分子结构和复杂过程的水平上实现的。任务在于说明，个别一些基因的影响和由许多基因产物构成的互补结构，怎样决定着细胞的生命和形态形成的和谐的、有明确方向的、完整的过程。

我们要指出，在细胞中，酶是以多聚酶复合体（整个基因系统都参加它的装配）的形式组成的。个别的一些分子或酶分子的整个组合物能够在细胞膜内建立起来。在这些条件下，基因作用的表现取决于同这样酶系的内容和装配有关的许多因素。研究基因在控制噬菌体形态形成时的作用，对揭示基因影响分子上的结构的途径能发挥重大的作用，因为在噬菌体中，遗传-生物化学方面研究得特别深刻。在噬菌体颗粒发育的情况下，研究基因产物对形成超分子结构顺序的直接作用是可能的。

在最初一个受精卵的基础上，出现各种类型的细胞和完整发育过程时，基因活性的调节问题，对于高等生命类型来说是最重要的问题。在这种场合下，对酶活性的控制，可以在三个时期实现：信息 RNA 分子转录时；信息 RNA 分子的信息翻译成蛋白质时；对现成的酶分子活性的直接调节时。在这些现象中，信号、信号的发射器和接收器应该工作。核内的信号从核到细胞质和细胞质内的信号从细胞质到核都是可能发生的。重要的是，在这种场合，活性的调节并不导致遗传物质的稳定的、不可逆的变化。格登的工作（1970年）表明，把蛙肠子的细胞核移植到无核的卵细胞中，而导致蛙的发育。由于异染色质的遗传因素作用的活化，对染色体一定区域或整个染色体基因活性的抑制，成为高等生命类型调节的重要因素。异染色质的这种效应，可能与组蛋白的阻抑影响有关。同细菌和病毒相比较，高等生物（真核类）的染色体的核蛋

白组织之谜底也许就在这里；细菌和病毒的遗传信息记录在仅由 DNA 分子或者 RNA 分子构成的染色体中。

关于基因调节方面的新材料明显地表明，当前关于遗传调节规划的形式和本质的新问题显得突出起来。在细菌和噬菌体中表明，结构基因的机能化要求以调节基因、发动基因和操纵基因为形式的完整的调节系统。高等生物发育的复杂性显然要求调节的遗传机制的规模，等于也可能超过细胞中从事规划蛋白质合成的 DNA 的规模。整体化的实现，要求多方面的、复杂的遗传机构，但其本质，目前我们还不得而知。克里克(1971年)推测说，果蝇唾腺染色体上的横纹部分是由具有调节机能的 DNA 所占据，它的含量是这些细胞的整个 DNA 量的很大部分。迄今为止，关于所谓过剩 DNA (它并不只带有唯一的结构基因) 的令人好奇的事实，被解释为真核类的基因的聚合结构的证据。在某些场合，这一点得到证明。但是，过剩的 DNA 的最大部分，看来就是从事着遗传调节规划的部分，但迄今它还隐瞒着自己的内容和组织形式，不让研究者知道。遗传调节和整体化问题的探讨，对于解决动物、植物和微生物的育种任务的意义是明显的。干预这些过程，看样子将引起有机体类型在产量和特异化方面发生根本变化。

结 语

分子遗传学的新原理的产生，是由于出现了关于酶使遗传结构免受损伤、酶系在突变和重组现象中的作用以及分子生物学中心教义的修正等新材料。这个新原理清楚地证明，应该把遗传信息记录到 DNA 分子结构中的这件事同体现着整个遗传性的复杂过程区分开来。整个的遗传性是细胞生命、个体发育和进化的基础。显然，遗传性是在结构的和调节的遗传信息代代相传的基础上、新陈代谢整体化类型的结构-生物化学的复制过程。这种信息

在个体发育和系统发育的过程中发生改变。

也很清楚，遗传现象比遗传特性发育的可能性记录在物质实体中的概念要广一些。起初，大家接受了这样的错误见解：遗传现象是同蛋白质有关，并且遗传信息记录在其中。然后进入到承认 DNA 分子和 RNA 分子起独断作用的时期。最近十年的最重大发现表明，遗传密码确实是记录在 DNA 分子或 RNA 分子之中，但是遗传现象远非局限于这一点。这样一点业已明了：作为生命现象的遗传性的本质在于蛋白质分子和核酸分子的相互作用。蛋白质是在记录于 DNA 分子片段中的遗传规划的作用下合成的。但是，由于深刻的反向联系，DNA 分子本身的生命，它的自我复制，突变和重组的过程，遗传信息流的转录，一句话，同 DNA 分子联系着的一切遗传现象，没有酶即蛋白质分子的作用，是不可能实现的。还应当加以补充的是，存在着从信息 RNA 分子到 DNA 分子的对等的反向联系，存在着细胞质遗传性和整个细胞的复杂的联系。分子遗传学正在实现着从关于 DNA 起独断作用的思想水平到理解 DNA—RNA—蛋白质在整体化的、历史性创立起来的、开放的生命体系中相互作用和联系的基本意义的思想水平的过渡。这反映出对遗传性、生命和生物个体发育过程的全部问题的新的方法论态度。无疑地，这个总原则使许多人的现代观念发生不少变化。

(译自苏联《普通生物学杂志》1973年第1期 庚镇城、蔡华五译校)

还原论,代替论与分子生物学^①

〔加〕M·E·鲁斯^②

〔内容提要〕 本文细致地分析了分子生物学与经典生物学(即细胞遗传学)之间的联系和区别,同时也与达尔文的自然选择学说作了比较。作者认为,分子生物学和经典生物学之间的关系是“强代替”关系。这就是说,分子生物学不仅在研究的深度和广度上优于经典生物学,而且对同一问题的相互矛盾的解释中,分子生物学的观点总是对的,经典生物学的解释则是错的。作者的这个看法,从一个侧面说明,分子生物学并不就是细胞遗传学,而是后者发展的一个新的阶段。作者认为二者之间“存在一种连贯性”,因而也可以把二者的关系看作是“非正规的还原”关系。

当今生物学中出现的最激动人心的事是,有那么多生物学家正在应用物理科学的方法、观念和理论来说明生物界。在这篇论文里,我想考虑一下这种“分子生物学”的成就,是否也能阐明近来哲学家们议论得很多的题目,即一个新的科学理论和被它代替的旧理论之间的联系属于什么性质的问题。如果根据从某一门学科的某一部门得出的结论就希望推广到整个科学,这未免太武断

① 本文的“还原论”是指把经典遗传学归结为分子遗传学,而不是通常所说的把生物学规律还原为物理化学规律。——编者

② 作者是加拿大安大略圭尔夫大学教授。

了；然而，我仍推测我们将在生物学中发现的东西对于物理科学和社会科学的其他事例来讲有很多类似的地方，但这些讨论，将会超出本题的范围。

这篇文章分成四部分。第一部分，将讨论非分子生物学，为了方便起见，我称之为“经典生物学”。我用这一名词并不包括非分子生物学的每一项成就，而只是包括生物学中近年来已感受到物理学和化学影响的那些领域。第二部分，将转到分子生物学，概述它所依据的基本观念。由于哲学家们不怎么熟悉生物学理论，而我的讨论又需预先相当熟悉这些理论才行，因此如与一篇哲学论文正常所要求的比起来，这两部分就显得过于繁琐。第三部分，我将用我认为正确的方法试图证明建立经典生物学和分子生物学的关系。最后，我将驳斥一种可能提出的反对意见以捍卫我的立场。

1. 经典生物学

我们涉及的非分子生物学的两个领域是遗传学即关于遗传的科学，和细胞学即关于细胞的科学。从这两门科学之间的密切联系来看，分别把它们看作两门学科，多少是有些人为了，然而，为了便于说明起见，我仍将尽可能保持这种虚构的分类。现在先从遗传学开始，再依次论述。

经典遗传学的中心思想是基因概念。如即将看到的，能够用几种方式对基因下定义，但是基因成为真正的中心思想似乎是指它的功能方面——首先，基因被认为是构成有机体体质特征的终极原因。眼，鼻，黑色毛发，棕色毛发，无毛发，枝叶、羽毛和鳍，所有这些都是基因的产物。遗传学理论假定有许多不同类型的基因，但是这些不同的类型可组合成组。相同组的基因称为“等位基因”。机体的不同种类由于其基因来自种种“等位基因”组的不同

配合而相互区别开来。(某些等位基因组是为特定的种类所特有,其他的则不只限于一个种类而为更多种类所共有)。特定的一个有机体有许多基因,然而,这些基因通常是集合成对的,属于同一基因或等位基因。应当注意到,基因概念的一个重要方面就是基因的重复性——一个有机体能具有两个相同的基因,不同的有机体也可能具有相同的基因。这些基因不只是“或多或少的相似”。在这方面,基因正类似于原子物理学的微粒子。如果属于一个有机体的特定的一对基因是相同的,那么对于这些基因所来自的等位基因组说来,这一个有机体就是“纯合的”;如果不同,则是“杂合的”。一些基因比另一些基因“强”,如果一个有机体就这一对等位基因而言是杂合的,那末这对基因的体质总效应就象该有机体是这对杂合基因中的“强”基因的纯合体。较强的基因称之为“显性的”,而较弱的基因称之为“隐性的”。这些术语并不是绝对的:一个基因一次是显性,并非永远都是显性,说得更恰当一点,它与另一个基因相比是显性的,而与第三个基因相比很可能是隐性的。

到此为止,我们大多是从“静态的”观点来考虑基因的。现在让我们来看看性状从上一代到下一代的传递。基因不仅被假定是功能的单位,而且是遗传的单位,也就是说各种体质特征能通过基因而世代相传。在无性繁殖的生物中,一个亲本把全套基因都传给了子代;而有性繁殖的生物,双亲各把半套基因传给每一子代。亲本的半套基因并非从亲本全套基因中随机抽取的,而是必然含有每一对等位基因中的一个。因之,每一个新的生物体都具有全套等位基因对,各来自一个亲本。这一学说的要旨是基因在正常情形下一代到一代能保持等同性。于是不能不再次注意到基因和原子物理学的粒子之间的明显相似性——基因不是经常改变着的,或者不可回复地和其他基因混合。因此,每一子代接受完整而未改变的基因——而不是亲代的杂交基因。在这种意义上,这种遗

传学说是“粒子”论，而不是“混合”论。基因保持等同性，以及每一有机体从每一亲本接受（每一对中）一个基因，我们遵循遗传学之父，称这一事实为孟德尔第一定律，或分离律。（不久我们就要用一种重要的方式来限制基因不变的说法。不过此处应注意的一点是它们很稳定，同时从一代到一代并不发生剧烈的变动）。

孟德尔还有第二定律，现称为独立分配律。这一定律表述，一个有机体每一对的等位基因相对于另一对基因，能完全独立地分配。可惜这一定律也需要加上一些限制，因为某些体质特征并非都是相对于其它特征而独立传递的（虽然大多数特征似乎是独立的）。设若每一基因均独立分配的话（在特定的有机体内），则每一基因都有 50% 被传递的机会；设有两个基因（非等位的），则只有一个基因被传递的机会是 50%。然而，有一些体质特征却几乎永远总是出现，并一同传递，这就说明有关基因通常是一块儿传递的。这一现象可用下述假说来解释。假设一个有机体的基因不仅仅是成对出现的，而且也成群出现的，同时任一特定基因群中的基因排列成一直线或链。于是就得到 $2n$ 条线（有 n 条不同的线，每一条又各有由每对线的另一成分构成的互补的线）。假定发生分离时，各基因群独立地分配（如果只考虑各不同群的基因，孟德尔第二定律就可得到满足），可是正常情形下属于同一群的基因却保持在一起（这些基因称为“连锁”的）。然而，假定互补的线能够交换遗传物质，这些线的一些部分发生“互换”，并参入另一些线（反之亦然）。最后，还可以假定同一条线之间不止发生一次互换。于是就得到这样一种情况，平常紧邻的基因便一块儿分配，而相距很远的基因却由于多重互换，几乎是独立地分配。这样，孟德尔第二定律的一些例外就能够得到解释了。

这里应当问一个问题。上述假说提出来解释为什么一些不同的特征会比根据几率所允许的更为频繁地一块儿传递。这种非随机传递归因于连锁基因。那些永远一块儿传递的特征又是什么

呢？经典遗传学假定这是由于同一基因的缘故，因而我们又得到了确定基因的另一种方式。基因乃是永不被互换打破的小线段——它们是最小的互换单位。

迄今对经典遗传学所作的这种描述是强调了基因的稳定性——当然这是理应如此的，因为区别孟德尔遗传学和大多数其它学说的事实正在于遗传单位是以绝对等同的形式从一生物体传递到另一生物体，然而在有机体种群中确有全新的性状出现——没有理由假定这些性状是从上几代传下来的。于是，就必须假定在极少数情况下，基因能起变化。这种引起体质变化的遗传变化称为“突变”，而改变了的基因，称为“突变”基因。因此经典的基因又获得一个特性，那就是突变。天然突变是自发的，也就是说不存在其直接的明显原因，然而已经发现，辐射和某些化学制品能人工地诱发突变。但是一个有机体的需求是不会引起突变的——在这种意义上来说，突变是“随机的”。最后，应注意到基因可能有“回复突变”，亦即突变到原来的类型。因此，突变部分地是一个可逆过程。

我对经典遗传学想要说的就是这些。对于我试图表述这一学说的方式，应留心一件事——按照实际情况来说，它是颇为抽象的，解释性的，再者只是被一些间接地宏观证据证明是正确的。因此有可能作为一种相当粗略的工具主义的方式来看待这一理论，把它当作一种仅仅被设计来预测遗传事实的计算手段。为什么人生人，蓝眼睛的人有蓝眼睛的孩子，棕眼睛的人能有蓝眼睛的孩子，甚至在家族史中无白化病的一些人也会有白化病，如此等等。过去，尤其是在遗传学和细胞学的密切联系得到证明以前，许多遗传学家连基因存在这样普通的事情都不肯承认，而宁愿认为遗传学至多不过比一些纸面上的符号好一点。然而当我们转到细胞学时，就会立即看到，经典遗传学理论的直接证据并不亚于间接证据。

有机体是由细胞组成的——一些有机体，通常很小，只是一个细胞构成的，其他的有机体，如人，含有许多细胞。前一种类型称为“单细胞”有机体，后者称为“多细胞”有机体。细胞有两个主要的部分，内部较致密的部分称为“细胞核”，外面较不致密的部分称为“细胞质”。细胞核内有成对出现的一些线状体，所谓“染色体”。细胞质内有许多不同的小体，统称为“细胞器”。其中可提到的有“线粒体”，“核糖核蛋白体”，以及绿色植物的“叶绿体”。细胞决不是自然发生的——说得更恰当一点，每一个细胞是用所谓“有丝分裂”过程产生子体。有丝分裂是有严格程式的现象，精细结构保证每一子细胞能获得正常功能活动所需的每一种结构。特别是，分裂的细胞通过一种精巧的常规程序，结果新细胞得到相等的细胞核物质含量。亲代细胞的染色体纵分裂，随有丝分裂的出现，每一染色体的一半(称为染色单体)进入每一个新细胞。应当注意到，虽然每一个新细胞得到和它的姐妹细胞同样的份额，然而它显然只能得到母细胞的半数。因此在细胞分裂间期，细胞内含物必须加倍——细胞尤其需要能够从一条染色体制造出两条染色单体，以及制造出新的线粒体，核糖核蛋白体等等。这些倍增现象发生的精确方式常使经典细胞学家困惑不解——如象染色体只有在分裂期中方能见到(通过染色)。大概它们正在倍增的时间内，染色体却解旋看不见了。

有丝分裂不是细胞分裂唯一的一种形式，至少有性繁殖的生物是如此。由于这些生物体有双亲存在，它们由之发端的初始细胞(叫做“合子”)必定是各来自每一亲本的两个细胞的融合体。显而易见地，如果使细胞内含物不致逐代增倍，就必须存在某种类型的细胞分裂，它不仅使细胞内含物减半一次(如同有丝分裂中发生的一样)，而且还要再减半一次，结果合子所含有的就不多于正常的子细胞。这种细胞分裂类型，产生只有通常一半含量的细胞，故称为“减数分裂”。减数分裂特有的一种现象尤其值得注意，即刚

好在第一次减数分裂以前，每条染色体与其对偶配对排列，并且似乎在沿其长度方向上的不同点贴合在一起。贴合点的数目不等，但长染色体通常比短染色体要多一些。当第一次成熟分裂快要结束时，染色体就在这些点上断开。由于当它们相连的时候，染色体呈十字形，接触点因而叫做“交叉点”。

对细胞出现和形成的一般方式的最简略的描述就是这样。在结束这一部分时，让我们把遗传学和细胞学结合起来，并注意到这一明显的事实，即这两门学科提供了关于细胞互相补充的图象。只要假定染色体是基因所在的场所，并且这一假设的独立的证据是很有分量的，细胞学就会对遗传学假说给予物质的解释（反之，也可以了解为什么细胞要通过如此程式化的分裂方式）。基因位于染色体上证实它们出现在双条线上的假说，互换现象从交叉现象得到其细胞学上的同义语，大基因群的分离和独立分配经证明是减数分裂时染色体分离方式的一种功能，有丝分裂中染色体分裂的精细方式允许基因作为功能单位的作用，如此等等。总之，在这两门学科交汇处，我们获得了关于细胞的完整的（经典的）描述。现在让我们转到新的、分子的描述。

2. 分子生物学

从分子生物学观点看来，大多数细胞似乎是由两类东西构成的。首先，存在着结构蛋白质，这是一些形成细胞的砖瓦，构成细胞壁，细胞膜等等。其次，存在各种酶，它们是一些起催化剂作用的蛋白质。它们使细胞能按有序方式从事分解和合成的化学活动，而且这些活动是在和没有它们存在时所需的温度比起来要低得多的条件下进行的。蛋白质是多肽链，或是这些链的复合物，这些链，不夸张地说，又是由数百个环节按次构成的长链状分子——每一个环节是一个氨基酸。由于蛋白质在细胞内所起的作用，以

及细胞具有的多种成分，因此对细胞的了解要在分子水平上勾画出一个细胞的轮廓来，似乎是人力所不能及的任务。虽然这一任务是艰巨的，但是还存在着一些通向理解的道路。这主要是：虽然存在多种多样的蛋白质，各担负着不同的任务，但是氨基酸砖瓦的种类却限于二十种。因此，蛋白质的任何差异都似乎是氨基酸排列顺序的变化的函数。拿这一事实当作钥匙，就能打开细胞的分子秘密。

第一个任务就是确定一些不断制造蛋白质的、并能自身复制的样板在细胞内的位置，蛋白质合成所需的信息就是通过这样的样板复制传递到新细胞中去的。结果发现这些样板本身不是蛋白质，而是“核酸”。有两类核酸，即去氧核糖核酸(DNA)和核糖核酸(RNA)，由于前者通常是细胞信息的最终载体，因此需要我们仔细地加以探讨。

在大的生物体中，DNA 存在于染色体上，但是一些小有机体缺少染色体，发现核酸独自存在于有机体的外壳内。核酸是细胞内广泛存在的另一类很长的大分子，是去氧核糖被磷酸链连接起来的聚合物。每一个糖单位，都有一个含氮碱基作为侧链和它相连，碱基有四种，两种嘌呤，腺嘌呤和鸟嘌呤，两种嘧啶，胸腺嘧啶和胞嘧啶。(碱基、糖和磷酸一起，称为“核苷酸”)。正常情形下 DNA 分子是成对的，两个分子互相盘绕成一个螺旋。总是可以见到一个分子上的腺嘌呤和另一分子上的胸腺嘧啶配对，而鸟嘌呤和胞嘧啶配对。大家相信就是从这四种碱基在 DNA 分子上的排列秩序，可以找到形成新蛋白质所需的信息。

于是，DNA 必须担任两项任务。第一项任务是复制，结果使它荷载的信息能传递到新细胞。为了做这件事，DNA 螺旋的两条链开始解旋，然后在一种酶(DNA 聚合酶)的帮助下，把细胞里的游离核苷酸收集起来，使互补的核苷酸排列在解旋的 DNA 单链上。于是核苷酸的精确秩序便传递到一个新 DNA 链上，虽然这条

新链是旧链的互补物，并且在得到一条和第一条链相同的链之前它必须自身增倍。DNA 的第二项任务是制造蛋白质——它不是直接制造，而是通过一种中介物 RNA。RNA 和 DNA 一样是一条长的核苷酸链，但是在 DNA 中的胸腺嘧啶的位置，在 RNA 中是尿嘧啶。似乎有三类 RNA，信使 RNA (m-RNA)，核糖核蛋白体 RNA (r-RNA)，和可溶性或转移 RNA (s-RNA，或 t-RNA)。它们在细胞内部有着不同的功能。所有三类 RNA 都是用和 DNA 本身复制极其相似的方式从 DNA 转抄下来的，除去参与作用的酶 (RNA-聚合酶) 不同以外，显然是尿嘧啶 (而不是胸腺嘧啶) 和腺嘌呤配对。r-RNA 分子，和一些蛋白质一起，形成核糖核蛋白体，后者又是细胞内蛋白质合成地点。m-RNA 携带着合成各种蛋白质所需的各种信息从细胞核转移到核糖核蛋白体上。最后，t-RNA 收集细胞内的游离氨基酸，把它们带到核糖核蛋白体上，在那里它们按照 m-RNA 专有的秩序排列，连接起来，并作为已制成的多肽链脱落下来。于是最重要的蛋白质合成就完成了。

很清楚，上面的叙述不过是 DNA 复制和蛋白质合成的一个大概情况，许多重要的步骤都省略了。必须补充的一点是，由于蛋白质是由二十种氨基酸组成的，而 RNA (和 DNA 一样) 只携带有四种不同的核苷酸。这意味着 m-RNA 的核苷酸与蛋白质的氨基酸之间不可能存在一一对应的关系。有人提出三核苷酸密码相当于一个氨基酸，同时由于可能有 4^3 种不同排列的核苷酸三联体，有人也就提出许多三联体被简并了 (即，充当同一种氨基酸的密码)，其他一些三联体根本无意义 (即不编有任何氨基酸密码)。最近已证明这一意见是正确的，而且实际上，在发现哪种三联体的编码精确地相当于哪种氨基酸方面，分子生物学家已取得很大的进展。

迄今的讨论中，我们假定每件事总是按计划进行的——然而，甚至在分子世界中事情也会弄错的；于是，现在让我们探讨一下天

然蛋白质合成怎么会受到破坏的。那些明显可能开始出岔子的地方是在 DNA 分子上面——如果这里发生什么事的话，不但很容易在当代细胞的蛋白质中反映出来，而且还可能同样传递到新的细胞中去。DNA 信息链似乎可能发生三种变化：链上可能增添一些核苷酸，或者减少一些，或者原有的核苷酸可能被改变。所有这三种变化似乎都可能发生，幸而在所有这三种情形下，总效应并不象我们想象的那样剧烈。细胞活动破坏的程度非常依赖于特定的情况。首先，考虑一下核苷酸的增加或减少。如紧接着上面那一段所说的，核酸密码是按三字一组解读的，因此增加或减少一个或两个核苷酸就很容易是有高度破坏性的，尤其当这种变化发生在一条链的起始点。可是，增加或减少一组三个核苷酸（或三的倍数），仍能使所有或大多数原来的密码保留完整，特别是当三个增加的（或减少的）核苷酸非常靠近时更是如此。如可能预料到的，可发觉到经这种方式改变过的密码常常能产生功能正常的或者能力略有减弱的蛋白质。类似情况也可应用到单个核苷酸改变引起的密码变化。这里同样可能出现几种不同的情况。首先，一个核苷酸的改变可能把它参与其组成的三联体改变成代表同一个氨基酸的三联体密码，在这种情形下，蛋白质可能不改变。其次，它可能把它的三联体改变成代表另一个氨基酸的密码（这称为“错义突变”）——这样就会得到一个和正常蛋白质非常相象的蛋白质，具有一部分或全部正常蛋白质的能力。第三，这种变化可能产生没有对应的氨基酸的三字密码（“无意义突变”）。由于一个无意义的三联体被认为能终止多肽链的合成，因而假定一个无意义突变使蛋白质丧失功能的程度，可能部分地依赖于这种无意义突变发生的位置距肽链末端有多近。

因此，显而易见，DNA 密码的变化可能按照几种方式发生，并有几种影响。它可能使蛋白质合成保持不变，减弱蛋白质的效率，改变其功能，完全停止其合成，或者能把蛋白质变回原来的形

式——应注意在后一情形下，蛋白质变回原来的形式(或者，恢复原有功能)并不意味着核酸排列顺序地回复到原来的形式。

当我们讨论 DNA 秩序的变化时，脑子里立即会闪现出一个问题，是什么原因引起这些改变的。目前正得到一些答案。作为 DNA 螺旋的共同发现者而闻名的 J·D·华生写道：

目前对一些化学诱变剂如何产生遗传密码的变化也有可能作出聪慧的说明了。例如亚硝酸(HNO_2)是一个非常强的诱变剂，因为它直接对核酸起作用，用酮基取代 NH_2 基。于是把一种硷基改变成了另一种，从而直接地改变遗传密码……另一些物质引起突变是由于它们参入 DNA 分子本身的结果。后一类物质是硷基的结构类似物，其结构和 DNA 正常硷基很相似，预计它们参入 DNA 并不会破坏复制能力。然而由于它们的构造不同，常常不能象正常硷基那样精确地形成硷基对，在复制过程中因而引起错误。

除华生对 DNA 变异原因所作的正面提示外，还应当注意到在他所写的这些话里暗示着的反面答案。不引起 DNA 变异的事物，就是生物体本身需要的环境——在这种意义上说来，DNA 的变化是“随机的”。

最后在这一节里，让我们把注意力转到互换现象，这现象的发生不仅在染色体之间，而且在裸露的 DNA 片段之间。虽然其终极原因尚不清楚，但相当多的地方已经被阐明了。主要是在微生物，特别是在大肠杆菌上进行的工作。分子生物学家们已经证明，互换如果不是在 DNA 绝大多数硷基对之间发生，但能够在许多个硷基对之间发生的——如其属实，则互换的最小单位(即单位内不再能互换)或许似乎是单独一个核苷酸对。近来还发现了互换发生的方式。几年前，有两种关于互换的假说：第一种假说主张互换发生在染色体再重覆之后(即四染色单体期)，并且是由于新染色单体的断开和连接的缘故；第二种是“复本选择”假说，其论据

是：互换是由于这一事实，正当染色单体形成时，它们本身最初是以一个亲本染色单体作模板，然后又以另一个作模板。大肠杆菌上的放射性实验证明，前一种假说是对的，即互换确实包括断开和连接。

对我们的目的来说，本文已提到足够多的生物学领域了。现在让我们转入哲学方面的考虑吧。

3. 新旧生物学之间的关系

象在序言里说过的一样，在这一节里，我想比较深入地考虑在第一节里谈到过的经典生物学和在第二节里考虑过的分子生物学之间的关系。基本上将出现下述两种情况之一：或者经典生物学已经还原为分子生物学，这意思就是说，经典生物学的理论和发现以某种形式被吸收或参入分子生物学；或者经典生物学已经被分子生物学所代替，这意思就是说，分子生物学完全取代了经典生物学，后者甚至作为前者的衍生学科，它在现代科学体系中也失去立足之处了。如果证明分子生物学和经典生物学间的关系确是一种代替关系的话，那么似乎又存在着两者必居其一的两种重要情况。其一，分子生物学虽然代替经典生物学，后者的各种发现仍可保持原封不动。这种情形可能是分子生物学正好包含了经典生物学同样的一些经验事实，不过由于前者所包含的更是广阔得多，因而代替了后者。我们称这种情况为“弱”代替。其二，代替可能具有更广义的性质。有可能证明分子生物学的含义不仅比经典生物学范围更广阔，而且在两者涉及的另一领域，它们的解释是矛盾的。继之还可发觉，能作出正确预见的是分子生物学，而经典生物学却是错误的。我们称这种情况为“强”代替。

当然还可能存在其他两者必居其一的情况：即一个学说代替另一学说是由于它更精确，尽管并不是更广泛。此处对这类情况

将略去不论,并且也将很少注意我们或许会遇到的可能性,即T·库恩在他那本有影响的书《科学革命的结构》中想象的那类代替学说。库恩论证道,当一个范例(按照他的用语)代替另一个时,两个范例会得到互相矛盾的结果,这是毫无疑问的,因为从一种范例的观点所见到的世界和从另一种范例的观点所见到的世界是不可还原地属于不同类型的。虽然我想,能够提出很好的论据来证明,经典生物学和分子生物学都能够构成合乎库恩的定义的“范例”,可是实际上两种生物学观察的结果(即从两种生物学能推导出的观察预测),却似乎并非属于基本上不同的类型的。试举棕眼睛的人有时有蓝眼睛的孩子一事为例。无论经典生物学和分子生物学都能解释这一现象,证明某些遗传单位的效应如何可能被其它单位的效应所压倒。如果认真地采取库恩的立场,我们就不得不争辩道,从经典生物学观点见到的棕眼双亲生的蓝眼孩子和从分子生物学观点见到的是一个略有不同的孩子。说句实话,即使你多么喜欢孩子,这也似乎是一个不必要的重复。蓝眼孩子当然不象是库恩引用来支持他的立场的那种成问题的体验对象(即普里斯特利和拉瓦锡所持见解中的氧)。所以,我将设想,库恩不得不说的那些话,对于我们的探讨是无所裨益的。(不久我将举一个两种生物学显然导致互相矛盾结果的例子——至少生物学家们认为是矛盾的结果。设若库恩的论题在这里是适用的话,那就不会如此了)。

当回到我上面列举的两种主要情况时,让我首先从叙述我将得出的结论入手。我想论证的一点是:当我们观察分子生物学和经典生物学的关系时,我们应当得出的结论是它们之间的关系乃是一种强代替。这就是说,我将论证,不仅在具有较广泛的领域,而且在结果的精确性方面,分子生物学都比经典生物学优越。然而,我也将论证,这种纯粹形式上的结论并不能抓住这两门科学关系的全部要旨。我将试图证明分子生物学和经典生物学间具有联系,即使是比较微弱的联系,而这是和假设存在于当一种学说还

原为另一种时,其间存在的那种联系是非常相似的。换句话说,我将从一个非正式的观点,论证把分子生物学和经典生物学间的关系视为还原关系,可能是合理的;并且那些根本否认曾经有过任何学说还原的哲学家们所处的危险就在于忽视了经典生物学和分子生物学关系的某些重要方面。

为了确定第一点,即分子生物学和经典生物学间的关系是一种强代替关系,我将论证三件事。第一,我将要论证凡是经典生物学能解释的任何事情,分子生物学也能解释。这将证明分子生物学至少包含和经典生物学同样广泛的内容;第二,我将要论证经典生物学对某些东西完全讲不出什么所以然,而分子生物学却能给予解释;第三,我将要论证分子生物学和经典生物学有些地方是抵触的,并且我还要论证当有抵触时,唯独经典生物学是错误的。在开始以前,还应附带指出,在论证这几点(特别是第一和第三点)时采用的方法,将不是一系列的演绎步骤,从无可置疑的前提出发再得出结论的。我宁肯靠举例归纳证明我的结果。采用这种论证方法并非由于我的怠惰,而是由于目前无论分子生物学或经典生物学本身都不是统一的演绎科学,其全部公理和推论,大家都是一眼就明白的。虽然经典遗传学的某些部分的确已经具备相当完好的形式,可是我们所见到的,一般说来是相当简略的论述,其中一些假设和推论是明确的,另一些却说不清楚。因此,这里就象经常遇到的情形一样,哲学的论证必须按照科学的衣料来量料裁衣。

让我们首先从第一个任务开始,即证明分子生物学至少包括经典生物学同样的范围。如已见到的,经典遗传学的目的是解释遗传事实——证明为什么一些体质特征能从一代传到下一代,而不致被冲淡,为什么一些性状消失了,为什么一些性状会跨代遗传,为什么品种新性状能够发生,如此等等。另一方面,细胞学寻求解开细胞的奥秘;这样作时也附带地赋予遗传学丰富的内容——

把遗传学概念超脱纯粹推理的领域，并迫使生物学家把它们看作某种真实的东西。整个领域的中心是基因。假定成为体质特征的原因是基因；假定能从一代到下一代不变地传递的是它；假定能发生改变(突变)并引起体质特征的遗传变化的是它；假定表现出亲本具有的性状在子代中如何分配的也是它。其次，正是通过所有这些事情，细胞的功能也得到了阐明，特别是细胞分裂时染色体的古怪行为。假定染色体携带着基因，因此基因为了要完成上述任务，染色体就必须加倍、分裂、形成交叉等等。于是，似乎基因所能解释的一切，DNA也能解释得一样好。人们用什么东西来解释有机体的不同性状？作为蛋白质的终极样板的DNA分子就担负着这种作用。什么东西能够分裂，并传到新的细胞和世代中去？DNA分子就能作到这一点。什么东西它本身能够变异，从而引起含有它的生物体的变异？DNA分子就能作到这一点。什么东西能够互换？DNA分子也能作到这一点。怎样解释染色体的行为？实际上，细胞内所有DNA都在染色体上，并且所有细胞都含有DNA。因此，凡是假定基因能作到的事，看来DNA没有一件不能以这种或那种方式作到的；由此，凡是基因能解释的，没有一件不能用DNA活动的结果来解释(注意，我是说基因能够做到的任何事情DNA也能做到——并不是说基因就等于DNA)。于是，我将论证，由于基因在经典生物学范围内有如此不可抗拒的说服力(这点刚才已经讨论过)，毫无疑问分子生物学通过DNA的作用也能作出同样好的解释。所以我提出分子生物学至少和经典生物学同样有力量(我希望每一位读者记住，全部讨论过程中，“经典生物学”一词并不是指全部非分子生物学——古生物学、系统分类学、胚胎学等。我只是指在第一节中包括的那部分)。

第二点，分子生物学比经典生物学有更大的说服力，这是容易证明的。经典生物学不能回答，而分子生物学能回答的问题，其数量是多得惊人。试看下述问题，分子生物学都能以超出经典生物

学的范围来作出回答的。不同性状差异的原因是什么？经典生物学笼统地回答是“不同的基因”，但这种回答不能提供任何知识；分子生物学却能证明 DNA 链顺序如何改变，从而导致产生不同的蛋白质（经典生物学的回答之所以不能提供知识的原因在于我们对“不同的基因”的解释就是“引起不同性状的基因”）。什么是突变？经典生物学只能说这是基因的变化（又是一种解说）；可是分子生物学却能证明突变如何是 DNA 链的重新排列，还能进一步证明各种重新排列和它们的效应。什么引起突变？经典生物学知道某些事物能引起突变，但不知其所以然；分子生物学已经达到能够似乎合理地声称已找到某些突变的精确原因的阶段。遗传单位如何一次又一次地复制？经典生物学不能回答；但是分子生物学却能确定 DNA 螺旋拆开的精确方式，以及新核苷酸如何排列起来形成一个新 DNA 分子。互换究竟是怎样发生的？经典生物学有两种互争短长的假说，即“断开和连接”假说与“复本选择”假说；而分子生物学则有利于选中前者。核糖核蛋白体的出现和目的是什么？经典生物学无法解释；可是，如已见到的，分子生物学能相当详细地说明它们的起源和目的。核糖核蛋白体的组成是蛋白质和 r-RNA，并且是作为蛋白质合成的场所。我认为所讲过的这些已足够证明分子生物学的说服力远远胜过经典生物学了。

最后，在论证的这一阶段，让我们看一看两种生物学相抵触时，分子生物学确能处理得更好的论断。当我们想起基因某些特性的经典论断时，两种生物学的冲突就立即变得一清二楚了。经典的基因是遗传单位，体质特征的终极原因，不可分的（即不能发生互换的某种东西）和能突变（整个地）的东西。而分子生物学却把这些不同的特性区分开来，主张按照这些性质解说的基因不是单独的一个东西。DNA 是遗传单位，也能互换和突变，但是作为一个功能单位，作为互换最小单位以及作为突变单位，并不一定是同一个东西。精确地说，一条多肽链的密码需要几千个核苷酸，可

是按照分子生物学，不能被互换进一步分割的，或者负责突变的 DNA 的量可能是极微的——实际上或许只包括一个核苷酸。所以，存在着两种生物学冲突的地方——经典生物学主张在功能单位内不能有互换，而分子生物学预言这是可能的。此外，经典生物学主张发生突变的是整个功能单位，而分子生物学预言突变只需涉及这一单位的小区域。

几乎不可能用通常的方法（即在象果蝇那样的生物上作实验）来验证这些对立的假说。其理由是不能直接探讨这个问题（即观察 DNA 的作用），因此必须用间接的方法。例如，如果想要研究互换的性质，必须繁殖具有不同性状的有机体，并且研究这些性状传递到子代的方法和组合。可是染色体上面两个位点相距愈近，互换的机会就愈少。只有当两位点相隔适当距离时，互换机会才会增高。因此为了发现非常靠近的位点之间的互换，就需要增加所研究的有机体的数量。令人遗憾的是，甚至连果蝇一次交配能产生 50,000 后代，也还是嫌不够的。所以为了验证这样一些假说，生物学家们就必须采用其他方法，常常采用以惊人速度增殖的微生物。利用含有或缺少某些营养物质的斑点法，有可能快速地在几百万有机体中找出新的突变种或稀有的重组。利用这些新方法，分子生物学已经无可争辩地证明互换不仅能在功能单位之间发生，而且也能在功能单位之内发生。他们也能证明功能单位突变不只在—一个位点上发生。

为了证明这些结论，可用病毒感染细菌（大肠杆菌）。病毒把携带着它们的遗传信息的段片注射到细菌细胞内，这些物质就在那里进行增殖。这些遗传物质段片之间发生互换，并且注射到同一个细胞内的两种不同病毒的物质之间也能发生互换。如果用带有同一功能单位的不同突变的两种病毒感染一个细胞，于是按照经典遗传学就不应该得到既非这一种，亦非另一种突变型的子代。然而，事实上却发现极小比例的新病毒根本不带这一特定功能单

位的突变。经典遗传学在这一点上显然是不正确的。另一方面，分子遗传学能够容易地解释这一现象——这是由于功能单位内的互换，亲本病毒是在功能单位的不同位点，在互换点的不同侧发生互换的。结果除了得到一些没有突变的子代外，分子生物学预测还应得到一些具有在一个功能单位内两个突变的子代。进一步的研究可以证明这一预测是真实的。所以，在这一例子里，我们看到，当经典生物学和分子生物学有抵触时，后者证明是较为优越的，我以为这点对两种生物学是普遍适用的。

支持我的论点，即经典生物学和分子生物学的关系是一种强代替的理由，无需赘述了。现在我要转到关于两种生物学的关系的论题的第二部分，即经典生物学能够非正规地还原为分子生物学。这里我的意思是说，两种科学虽不合乎学说还原的严格要求，它们之间仍存在近似这种要求的联系，纵使是较微弱的。这就是说，精确的要求几乎满足了。为了看看是否如此，首先就要看看还原理论的精确要求，为此让我们考查一下 E·内格尔在《科学结构》中对还原论所作的非常明确的叙述。

内格尔把科学学说分解为几个部分。我们无需讨论所有这些部分，仅仅选出有特殊重要性的三个部分。首先是理论部分（有时他称之为“理论”），包含该学说的公理，它们常常是关于不可观察的或理论的实体的说明；第二部分包含学说的实验定律——这些是关于可观察的事物的普遍说明，并能从学说的公理推导出来；第三部分，是学说之协调定义——它们把学说内的可观察的和不可观察的实体连接起来，并且使得从公理演绎出定律成为可能。

设若这种学说分析成立，他也承认这种理想情况实际上是罕见的，内格尔断言一种学说（“次级科学”）还原为另一种学说（“初级科学”）的条件是“次级科学的实验定律（如有适当的学说，其学说亦复如此）被证明是初级科学的理论假说（包括协调定义）的逻辑结果”。于是常常有这样的情况（而不是总是这种情况），次级科

学包含着初级科学的理论假说中没有的一些术语。因此，除非作某种处理，还原是不可能的。内格尔写道：

据此，当次级科学的定律含有的术语“A”，为初级科学的理论假说中所缺少时，由前者还原为后者要有两个必要的条件：(1)引入某种假说，以假定“A”所示的无论何种特性与在初级科学中已存在的理论术语所示的特性之间有适当的关系……为了方便起见，可把这一条件叫作“连贯性条件”；(2)借助于这些附加的假说，次级科学的全部定律，包括术语“A”的那些在内，必须合逻辑地从初级学科的理论前提及与其相连的协调定义中推导出来。我们称之为“可推导性条件”。

内格尔承认实际上把连贯性条件和可推导性条件分割开来并非绝对必要的，因为倘若后一条件得到满足时，前一条件必然也应得到满足。他还承认倘若两门科学的术语被双重条件连接起来的话，那么在某种意义上，满足连贯性条件也就能保证可推导性。但是，他仍然把两个条件割裂开来了。这可能是出于这样的历史事实：当科学家们试图把一门科学还原为另一门科学时，他们在试图满足可推导性条件途中迈出的第一步，就是试图满足连贯性条件。我在这篇论文中将遵照他的划分。

在我们回到生物学之前，对于学说还原必须注意到最后一点。显然，连贯性原则不能、至少不应按照任何旧的方式来满足。例如，不能设想把一门科学的甘蓝菜和另一门科学的电子连接起来的理论还原能有多大意义，我们必须认识清楚理论间的联系是正当的(或有理的)。内格尔考查了必须说明的这种联系的三种方法：第一，它们是逻辑的联系；第二，它们是经过审慎认可而创造的论点；第三，它们是持之有故的假说。他拒绝了第一种方法，以为它是不合理的，并断言联系实际上是第二种或第三种可能性，它们究竟具体属于那一种，可能取决于表现还原的方式。为了我们的目的，应注意的要点在于联系必须在某种意义上是“真实的”，或者

至少使人感到接受它们是合理的。

回到生物学，显然由于此处属于强代替而不是还原，内格尔的任何条件都不能确切地得到满足。可是，让我们来看一看，从连贯性条件出发，沿这条路线朝向满足他的条件能够走多远。我的这种论点，条件能够得到近似地满足，是对的吗？为了回答这个问题，我们必须问哪些术语在经典生物学中出现，而不在分子生物学中出现。在分子生物学中还没有遇到过的、最显著的经典概念就是“基因”；因此，我们首要的任务就是寻求基因的最近似的分子同等物。

显而易见，和基因最近似的东西是这些或那些形式的 DNA 分子——确切的问题在于我们将精确地假定多长一段 DNA 正好相当于基因。我假定最确切的量是足够行使功能的 DNA 量，同时应看到，事实上分子生物学家似乎也正是作出类似的推理的。基因已经成为他们的专用名词了。目前其意义是 DNA 正好足够作为某些特定的细胞产物——一条多肽链、核糖体的 RNA 等的终极样板。实际上，更正确地说，“基因”一词使用得比这种定义要广泛一些。已发现 DNA 分子的某些部分不是起细胞产物的样板作用，而是起“开关”作用，调节分子上其他地方 RNA 合成的速度。这些称为“操纵基因”。我还认为“功能”的范围应了解为包含“实际功能”和“潜在功能”两个方面，这可能是合理的。例如，如果一段 DNA 由于突变而无活动，如果一次(或多次)突变能使它回复功能的话，我想仍应叫一个“基因”。往后，我将从这种较为广泛的意义来理解“功能”。

现在让我们看一看，下列方程式在多大程度上是一个合理的论断：

基因(经典意义的) \equiv DNA 功能片段。为此，试列举经典基因的主要特性，并查看 DNA 的一个功能片段在多大程度上也具有这些特性(文中所谓“主要特性”的意思是指一个概念的这样一些

特性,概念的改变就会导致它所从属的学说发生大的变化)。为避免混淆不清,我将把经典基因叫作“c-基因”,DNA 之一个功能段片叫做“m-基因”。

a. c-基因是功能单位。m-基因亦复如此。然而,应注意在这两种情况下,“功能”的含义略有不同。当我们说 c-基因是功能单位时,意思是从根本上说,它是负责体质特征的。当我们说 m-基因是功能单位时,意思是从根本上说,它是负责细胞产物的(或这种产物产生的速度)。当然在大多数情况下,把这些归结起来是同一回事,例如改变细胞蛋白质,也就会改变有机体的体质特征;然而,如已见到的,我们可能改变细胞蛋白质而有机体的体质特征却保留不变(由于 c-基因和 m-基因都是按功能下定义的,把它们的功能方面说成是“性质”,这是有些误解的——因为我想比较这两种概念,也就把功能归入此列中了)。

b. c-基因是遗传单位——正是它(或其复本)从一代传递到下一代。其次,在有性繁殖的有机体,它成对出现并且每一个子体得到每对中的一个。因此,并非所有 c-基因都必然传递下去。m-基因同样如此。

c. c-基因是粒子——在每一世代中它不和其他基因混合。m-基因同样如此,除下述 i 所举的例外。

d. c-基因极为稳定,即它能保持绝对地不变。m-基因亦复如此。

e. 有许多种类的 c-基因,其中一些对于另一些是显性的。有许多种类的 m-基因,并且进而一种 m-基因的产物能胜过另一种的产物,特别是倘若一种 m-基因的遗传密码阻止它实际上发挥功能。

f. 一种特定的 c-基因之实例无需是独一无二的,即可能有绝对相同的复本。m-基因亦如此。

g. c-基因是呈线性的,位于染色体(或其部分)上。m-基因

亦如此。当然这些论断以有机体具有染色体为前提。在缺少染色体的情形下,经典生物学可能假定有裸露的基因链,正如同分子生物学假定有裸露的(即无支持物)的 DNA 分子一样。

h. c-基因能突变。m-基因也能突变;不过这两种“突变”的含义不尽相同。在 c-基因情形下,突变的意思是包括整个 c-基因的某种变化导致体质特征的改变。突变是很迅速的(若非瞬时的)。它们成为其他 c-基因(等位基因),并且常为可逆的。再者,突变是“随机的”,也就是说,虽未假定突变是没有起因的(实际上辐射和化学药品显然能以某种方式引起突变),然而突变并非对有机体的需要的直接反应。于是当我们上文中提到 m-基因“突变”时,它的意义也就是在上文里讲到 c-基因时所指的意义。正是 m-基因的变化,假定这是迅速的(若非瞬时的),可成为更多的 DNA(即 DNA 在突变过程中,例如不会变成 RNA),并常能回复,在和 c-基因突变相同的意义上,它是随机的。不过, c-基因突变和 m-基因突变之间存在着根本的区别。首先,突变不必包括整个 DNA 片段。受到影响的可能少到一个核苷酸。其次,一个 m-基因突变并不必定包括有机体全部体质特征的变化,实际上这样一个突变甚至无需导致 m-基因功能的改变。如果发生了一个突变,遗传密码部分地改变了,那么新的三联体也可能编载着和旧三联体相同氨基酸的密码,即使它们并非如此,新细胞产物也不会影响总的体质特征。最后,当一个 c-基因回复突变时,即突变以这种引起原有类型性状的方式时,经典遗传学家就必须假定 c-基因回复到旧有形式。这一结论对 m-基因是不成立的。DNA 的一个功能片段可能发生两次突变(在不同部位):第一次产生一个新产物;第二次产生一个旧产物。功能是相同的,但正如在前一事例中一样的,我们无权假定 m-基因是相同的。总而言之,我们能见到在某种(非常重要的)意义上, c-基因突变和 m-基因突变是相同的,同时在某种(非常重要的)意义上,它们又是不相同的(显然我刚才

在这里讨论的仅限于起 m-RNA 样板作用的 DNA 的突变。对于其余的 DNA, 似乎也能作出类似的结论)。

i. c-基因能够互换, 但是基因内部不能发生互换。m-基因却能够互换, 而基因内部发生互换, 这表示从两个旧 m-基因能形成一个新的 m-基因。

总之, 各方面的考虑都证实了我关于连贯性条件的主张。c-基因和 m-基因并非精确等同的, 于是在形式上连贯性条件不能得到满足, 因为我们不能总认为接受“c-基因 \equiv m-基因”连接环节(或一个类似的较弱的环节如“m-基因 \supset c-基因”)是合理的。不过, 它们之间的相似性如此远远地超过了它们之间的差异性, 以致我们不能断言新概念象征着与旧概念的联系完全割断。甚至 c-基因和 m-基因之间的区别也只使得特征部分的变更——并非完全改变。因此, 分子生物学丰富了我们关于突变的知识, 并未否定其可能性。所以, 我以为我们能够说某种类似连贯性条件的东西在这种情况下是成立的, 并且还提示在需要连接环节的其他场合也将找到类似的情况。

于是让我们来研究可推导性条件, 看看它在多大程度上能够得到满足, 这样做时, 要记住倘若它要得到精确的满足, 被还原的科学的定律就必须能从还原的科学的理论原则中合逻辑地引申出来。开始着手这一任务的最容易的方法将是取用孟德尔遗传学的一些定律, 用分子生物学观点来查考其地位, 而最明显的候选者就是孟德尔自己的定律, 即分离律和独立分配律。

要记住, 分离律述说道, 存在着遗传单位, 我们称之为 c-基因, 这些 c-基因是粒子, 在有性繁殖的生物体中, 这些 c-基因是成对的, 每对中的一个 c-基因各来自亲本的一方。于是如果我们在整条定律的所有地方都用 m-基因来代替 c-基因, 那就会得出在分子生物学中出现的一种陈述。因而可立即得出结论, 在此情况下有可能满足可推导性条件, 因为倘若假定 c-基因等同于 m-基

因,我们就能从分子定律中推导出经典定律。然而,这一结论如说很接近真理,还嫌为时过早,因为如方才见到的,c-基因并不是和m-基因完全等同的。严格说来,在这点上就不可能满足可推导性条件,因为从分子生物学得到的知识乃是DNA分子的功能段片和c-基因一样适合相同的定律-格式。据我们现在的观点,这还是不太够的,因为DNA分子的功能段片是一个“整包批发”,也就是具有先前列举的全部特性的东西——这些特性包括作为细胞产物的最后原因、能以各种方式突变、能全部或部分互换等等。我们想要推导出的东西是体质特征的最后原因,能突变(整个地)和互换(整个地)等,并符合定律-格式的某种东西。换句话说,分子生物学定律只告诉我们,如果把具有经典定律的概念所假定的一些特性的某种东西代入此定律-格式中,我们将会得到一条真正的定律——它并不能许可我们推论,具有经典概念的全部特性的某种东西能从定律-格式中得出一条真正的定律。然而,在讲过这些话以后,我们能见到从我们的观点看来,情况还不算太坏。对于适合定律-格式(如想从分子生物学推导出一条定律的话)的一个概念,我们能断定的这些特性是DNA分子具有的特性,或者借助其他定律能从这些特性推论出来的特性(即据细胞内含物变化引起体质特征的宏观变化的附加定律,我们能够推论为体质特征最后原因的东西,适合该定律)。由于m-基因具有c-基因的大多数特性,似乎可以说,分子生物学能作出非常类似于孟德尔第一定律的经典生物学的陈述,因此我可以提示在此例中,断言可推导性条件差不多能得到满足,是有理由的。

类似的情况也适用于修改过的独立分配定律。可能还记得,这一定律主张,当考虑位于不同染色体上一对以上的c-基因时,每一对基因不依赖所有其他对基因而独立地分离。分子生物学中可找到类似的定律,具有m-基因而不是c-基因。还是一样的,它不可能精确地推导出相应的经典生物学同等物,但能非常接近。我

以为有足够根据说可推导性条件能非正规地得到满足。可是经典生物学对位于同一条染色体上的 c-基因所加的限制，其情形就不同了。经典生物学主张这些 c-基因是“连锁”的，即它们被束缚在一条线上，c-基因之间只存在不常见的断裂和互换，而这些断裂和互换决不在它们本身之内发生。与前述两种例子不同，相对应的分子生物学定律甚至连同一个定律-格式也不符合——分子生物学虽然宣称 m-基因是连锁和互换的，但也宣称互换能在 m-基因之内发生。因此，应该承认可推导性条件在此处必然远远没有象在前述两个例子中那样得到满足，虽然对于那种认为满足这一条件根本不可能取得任何进展的意见，我也认为是错误的。例如，分子生物学定律并不认为在 m-基因之间不会出现连锁，或者根本不发生互换——它只不过是扩大了互换的范围罢了。因此，我以为即使在这里也能看到新定律和旧定律之间有强的连贯性——这种连贯性使得我们可以非正规地认为可推导性得到满足。

概括这些例子时，我将认为可推导性条件的情况对于连贯性条件也是适用的——从分子生物学能得出非常类似经典遗传学的东西，但不是完全相同的东西。因此，严格说来，可推导性条件并未得到满足，不过是如此接近满足，以致于在一种不严密的、非正规的方式下，我们能够说还原的这种条件是成立的。所以，我将论证原来的论断是确实的——也就是，从严格的正规的观点来考虑，分子生物学和经典生物学之间的关系是一种强代替关系，但是，我们却能够非正规地说两者之间的关系是一种还原的关系。

4. 为“非正规的还原论”辩护

我希望大多数读者会对我作出的结论感到高兴；然而我很怀疑那些乐于对科学作彻底的逻辑分析的人可能感到有些受骗了，因为虽在我已讲的内容中“非正规的还原”概念起着关键作用，但

我并没有介绍衡量这种还原的严格的正规的标准，也没有证明这两种生物学是否确切地符合这些标准。虽然我用了相当长的篇幅讨论为什么我相信它们之间的关系是一种非正规的还原，令人困惑的是，我的讨论的出发点又恰好是两种生物学不符合我提供的还原的唯一衡量标准，即内格尔标准。有鉴于此，有一种批评可能指责我实际上并没有拒绝某些人的立场，他们从根本上完全否认存在还原的可能性，因为我承认，严格说来（即按照正规的标准），我并未能证明一个学说还原的例子。因此，反还原论者引用经典生物学-分子生物学的关系来证明他的立场或许是正当的。

虽然我并不否认这种反对意见，不过我想为我提出有力的辩护仍是可能的。就缺少非正规的还原标准一事而论，我承认没有给出这种标准，进一步还承认，我相信根本不能给出这种标准。坦率地说，我认为科学学说之间非常类似于涉及有如“等同”，“相似”和“不同”等词的状况（实际上，我认为前一状况在很大程度上是后一状况的结果）。如果我们有二个等同的东西，于是问题就解决了——它们是等同的。可是，如果有二个不等同的东西，那么它们是相似呢，还是不同呢？如不了解“对什么相似”或“对什么不相似”，谁能回答这一问题呢？一条母牛和一条公牛对一匹驴比起来，它们是相似的，但对另一条母牛比起来又是不同的（假定这些牛全属于同一品系）。各种学说亦存在类似情况——如果一种学说形式上能还原为另一种学说，那么事情也就完结了。然而，如果不能这样，于是我们就开始进入一个相对领域，并且如已见到的，在判断是否把这种关系叫作“非正规的还原”或干脆叫作“代替”，我们在很大程度上必须取决于“相似”和“不同”这样的术语。所以，我怀疑是否能够提出在每种情形下都能作出判断的任何很好的正规的分析。

然而，在作了这样多的让步以后，我将否定一种意见，即认为任何事物都是纯粹“主观的”——即一个人可强调相似性而另一个

人又可强调不同性，并且可作出关于“代替”或“还原”的答案以适合其一般论题，并且倘若某人的论题正好认为还原是不可能的，他就可爽快地引证如象经典生物学和分子生物学的关系那样的例子来支持它。这样做就如同过份考虑用黑色和白色来解释，而忽略了深浅不同的灰色——把许多种学说之间完全不同类型的关系混在一块了。

为了看看为什么能够谈论“非正规的还原”，介于彻底代替和彻底还原之间的某种关系，让我们暂时又回到牛的例子。尽管毫无疑问地能够指出任何两条母牛的不同之处，但是无需加什么明显的说明说“这两条牛是相似的”，这句话仍然是有意义的。这句话为什么有意义的理由就在于有一个理解，上文中所谓“相似”的意思是“正好相对于你所关心的东西以外的任何东西”而言的。我推想一种有些类似的情况也适合于学说之间的关系——当一位科学家准备谈到一个学说被还原或者可能还原为另一学说时（甚至衡量还原形式的标准不能得到满足），他正试图作的事乃是强调这样的事实，即这两种学说之间存在相似性或连贯性，这些性质把它们与假定和同一题目有关的其他学说区分开来。换句话说，我认为可以说一个学说非正规地还原成另一个，但是这样作时，应该注意第三个（或许早些的）学说或几个学说（我认为第三种学说应当是优秀的科学家们真正主张的学说——并非专心致志于立论的丰富的哲学思维的产物）。如果存在这样的第三种学说或几个学说，那么正象我们能够说两条母牛相似是因为与大多数事物比起来它们彼此更为相似，同样地能够说一个学说非正规地还原（或可能还原）为另一学说，如果确实存在这种情况，即这两种学说相对于其他一个学说或几个学说比较起来，前两者之间更为相似的话。

这一论据对于经典生物学和分子生物学是否也成立呢？我认为成立的，因为经典生物学与分子生物学之间存在着连贯性（即相似特点的从一学说移至另一学说），而经典生物学与它先前的生

物学之间则完全缺乏这种连贯性。或许说明这一点的最好方法是扼要地回顾一下属于经典生物学和分子生物学的一个主题（这一主题基本上是遗传的事实）的早期思想。为此，我将把全副注意力集中到查尔士·达尔文的思想，因为达尔文是一个适合我们的目的的一个完善的例子。首先，无可否认地达尔文是一位优秀的、值得敬佩的生物学家——因此我们能确信他的思想如果不是为当时大多数生物学家主张的话，也是为当时的一些重要的生物学家所熟知的主张。因而在证明经典生物学如何取得进展时，我们无需把它和几乎每一位或者只和一些处于科学界边缘的人物所持的思想和学说相比较（实际上达尔文承认他的大部分思想是从其他生物学家，特别是斯宾塞那里汲取的，并且我们能追溯他的思想先驱者上至几千年前）。其次，在达尔文的著作中，我们能找到（在不同时期）正好被经典生物学打破的每一个概念。其三，达尔文正好是在经典生物学兴起以前的时代从事著述的——因此我们无需把后者和老早就被抛弃的思想作比较。最后，达尔文成为特别合适的研究对象的原因在于这一事实，他是试图把自己的思想编排成一个和谐的和系统的理论，不仅解释遗传的主要事实，而且也解释变态的少数人物之一。

如所周知，《物种起源》（1859年初版）一书中，达尔文不仅论证了有机生命是长期的缓慢进化过程的产物，而且还提出这种进化的机制，即“自然选择”。由于出生的有机体的数量比可能生存的多得多，结果将有较不适应的有机体经常被“淘汰”，这一机制是假定存在着某些遗传事实的。特别它假定某些（若非全部）体质特征能从一代传递到下一代——没有这种传递，选择就将很少成效，因为从一代中得到的将在下一代中失去。它还假定新的变异相当经常地注入有机体种群中，因为若非如此，选择就将迅速耗尽所有的可能性，而进化也将陷于停顿。虽然达尔文明显地信赖这样一些遗传概念，可是很奇怪，他竟很少谈到整个这样的遗传问题。事实

上,在他的早期著作中他竟写道:“控制遗传的定律是完全未知的;没有任何人能够说明为什么同一物种的不同个体以及不同物种的个体的同一特征,有时遗传,有时不遗传……”。他的主张完全凭借一些明显的事实,如性状通常清楚地从一代传递到下一代,育种者通常确实能够在畜群中发现有用的性状,同时他虽然注意到存在着如象性状越过一代或几代遗传的特殊现象,但他对遗传的终极原因仍不置一词。

可是,达尔文虽然在著作中保持沉默,但很清楚,他确有关于遗传原因的一些想法,因为《物种起源》较晚的版本作了许多修订,这主要为了回答 F·金根的批评。金根在对《起源》的批评中,举出了下述一个假说性例子——一个白人船破遇险居住在只有黑人的岛上,在那儿他有了许多妻子和儿女(显然金根的思想不只是在一种意义上是十九世纪的)。金根论辩道,达尔文也同意,决不存在在未来的世代里全岛居民都变成白人的问题——反之,在不出几代中,他的努力事实上将被清除荡尽,居民将仍然是黑色的。金根因而作出结论道,不论一个特定的变异对选择是多么有利,杂种繁殖的影响将过于迅速地加以冲淡,以致不能保持到后代。所以不能有什么进化。

显然,金根在此处是把某种“融合”遗传理论归诿到达尔文头上了(并且由于达尔文认真地对待这一批评,推测起来这种归诿是被认可了)。达尔文似乎假定由于体质特征能融合在一起(即白种父亲和黑种母亲生咖啡色的孩子),这些特征的原因也能融合在一起。由于某种原因,亲代一方的遗传单位(无论是什么)在每一代中都不可回复地与另一方的单位相融合——因此尽管一个有机体的性状可能是多么有利的,这些遗传单位仍旧不可能精确地重现,因为在相继而来的世代中它们将和其他有机体的遗传单位融合。所以,决不能再生出白人。

在回答金根时,达尔文至少朝着正确的(即现代的)方向前进

了一步——他采取了名为“泛生论”的一种遗传粒子论——然而，他的行动似乎算得是为了错误的理由而做对了事的一个经典例子。达尔文不是用粒子论来证明遗传单位何以能够从一代到一代保持不变，因而性状虽然融合，而它们的原因却能被选择保存下来；他反而是用这一学说来支持为法国生物学家拉马克广为传播的一个非常古老的概念，这就是获得性状遗传。然后达尔文争辩道，这种类型的遗传将引起足够多的新变异的汇积，以抵销杂交的淹没作用，自然选择因而也就能够真正有进化的结果。他甚而承认“在我的《物种起源》的前几版中，我或许过分归因于自然选择或最适者生存了”。

经达尔文修改和扩充的学说之要点如下。他假定身体的每一个细胞都抛出小的粒子或“芽球”，并且在有机体全部发育时期都这样发生。这些芽球是潜在的细胞，也就是说，在合适条件下它们能发育成正好和它们所来自的那些细胞相同的细胞。它们沿全身循环，并集成成团，从而继续成形，和其它有机体的芽球一道，形成下一代的一个有机体。一个新有机体内的大多数芽球立即发育成正好和亲代有机体的细胞相似的新细胞，但是一些芽球可以保持几代休眠，从而得到了性状的越代遗传。虽然芽球能以一种不变形式从一代传递到另一代，它们能够被环境影响改变：“……似乎或许所有外界因素，如改变了的营养，增加使用或不用等，这些因素都诱导一个构造发生永久性改变，它们同时或在此之前可能作用于细胞、细胞核，有关构造由之发育的生殖的或造形的物质，从而作用于芽球或抛出的原子。”于是芽球便打开了通向获得性状遗传的途径。

正常情形下似乎每一亲本提供大体相同数目的芽球，但这并不是一条硬性的和牢固的规则。有时一个亲本提供的远远超过了另一个亲本，并且也有可能有机体的全部发育或已完成的性质仅仅是一个亲本的芽球的函数。芽球还似乎不完全是粒子（即决不

会与其他有机体的芽球形成混合物),因为在杂种有机体内(双亲为不同的物种的有机体),细胞似乎联合在一起,它们因而抛出杂交的细胞芽球。最后,能够提一提这个事实,有时候一个有机体将直接从两个以上的亲本接受芽球。这件事发生在母方被两个雄性受精的时候,第一个雄性的芽球被雌性保存下来,并且在该雌性和第二个雄性接合时参入到同一个子体中(这一现象称为“前父影响”)。

叙述了达尔文学说的概要之后,让我们再重新讨论主要论证的线索。我曾主张纵使不能精确地满足正规的标准,为何我们仍然要说,经典生物学和分子生物学之间的关系是一种“还原”关系,这是由于在两种生物学之间存在一种连贯性,而在经典生物学与其先驱理论之间却不能发现这一点的缘故。达尔文的著作能不能支持这种主张呢?我认为它能非常有力地这样做。为了了解这一点起见,让我们准确地对准达尔文思想和经典生物学之间的区别这样的目标,并察看分子生物学是否参入到经典生物学的进展之中,或者它退回到和达尔文相似的立场。

如我们谈过的,达尔文的初期思想中似乎肯定了某种“融合”遗传论,这种学说不但主张体质特征能够融合在一起,而且它们的原因也能融合在一起。后来他放弃了这种看法,转变到或多或少是“粒子”的立场。他仍然相信遗传单位有可能融合,不过这只是在一种情形下才发生,即在不同种的有机体杂交的场合下才发生。经典遗传学完全是粒子的——在任何情形下均不允许遗传单位的融合。分子生物学肯定是站在经典生物学一边,来反对达尔文早期的立场的,因为不存在来自亲本的DNA分子在子代中经常融合的问题;可是或许可以认为分子生物学在某些方面和达尔文修正过的学说要比和经典生物学更为接近,因为分子生物学假定在某些情形下存在遗传单位内部的互换,由此导致由两个旧的单位混合而成的新单位。不过,我以为这是对情况作了相当轻易的判断,

更仔细地研究证明并不存在分子生物学回复到达尔文式的立场问题。作为其出发点，达尔文似乎认为这种融合在杂种发育的任何时间都能发生，而分子生物学却把它(遗传单位的融合)完全限制在仅仅在生殖细胞形成期中才出现的互换期。在通常体质生长期中，分子生物学是和经典生物学一致的，并且假定遗传单位完全保持粒子性质，不与任何其他单位融合。其次，达尔文的融合仅仅在不同物种的成员之间杂交时才出现。分子生物学假定互换(基因间和基因内的)在所有有机体都能发生，而不是亲本所属的特定物种的功能。在这方面，分子生物学再次与经典生物学相似，因为后者也假定互换(对于经典生物学来说，全属基因间的)在所有类型的有机体均能发生，而不只是在种间杂种内才发生。其三，也许是最重要的，达尔文想象的那种“融合”型和分子生物学假定的那种“融合”型似乎是根本不同的两回事。达尔文的融合似乎是复返他先前的立场——他持有一种体质特征融合的杂交现象，并用这些性状的原因的融合来解释它。对于分子生物学，当由基因内互换形成新DNA时，这种新DNA自动地产生体质特征是没有疑问的，这些特征是互换的DNA分子引起的特征的混合——实际上新DNA分子十分可能是没有功能的，因而不能真正说引起了任何性状。这样，分子生物学在假定所有体质特征它是双亲特征的融合，完全无需凭借原因的融合就都能得到解释时，它是和经典生物学站在一边的。其四，也是最后一点，应当注意到虽然达尔文采取了一种粒子论的立场，然而他并没有充分发挥它，也就是说用它来避免依赖在每一世代大量输入新的变异。经典生物学却用这种方式充分利用了遗传单位的粒子性质，并且分子生物学也效法它的样子。因此，把所有这几点综合起来考虑，就“融合与粒子”之争而言，分子生物学和经典生物学之间要比前者和达尔文提出的任何思想之间更为接近的。

继之，让我们来考虑在遗传单位的产生和传递方面，达尔文和

经典生物学之间的区别。达尔文假定有机体的每一个细胞都抛出一个芽球,这些芽球在体内循环,集合成团,并形成生殖细胞。根据这一点,他论述说,在环境压力下产生的性状能够传递到未来的世代。(公平地说,应该注意到达尔文的确认识到有类似随机的突变出现,虽然还必须补充说,他并不相信这些突变有进化的意义)。经典生物学否认有机体的每一个细胞对生殖细胞都有所贡献,实际上又走向另一极端,主张任何特定的生殖细胞都来自按照一种特殊方式分裂的另一个细胞。绝对不存在获得性状遗传的地位,所有的变异均假定来自突变,后者是与有机体的需要完全无关的一种现象。分子生物学在生殖细胞形成和新变异的起源方面完全同意经典生物学——在分子描述中没有获得性状遗传的位置。

和上述比较起来,或许认为达尔文和经典生物学比较接近的一点就是显、隐性问题。达尔文主张,虽然许多(推测是大多数)芽球发育成充分成长的细胞,但也有一些芽球在一代或数代中仍未发育的(“潜伏的”)。经典生物学主张,基因(即c-基因)能正常地表现其效应,但是有一些基因被掩盖(即隐性的),因此在几代中不能表现出它们的效应。可是,就在这一个例子中,任何相似性都是表面的。在达尔文看来,每一个细胞是一个(杂交除外)也仅仅是一个芽球的产物,并且潜伏的芽球只是在体内飘泊度日。经典生物学假定每个细胞(性细胞除外)都具有全套基因,不论它们的影响是否表现出来。例如,带有一个隐性蓝眼基因的棕眼的人,他的细胞内含有这个蓝眼基因——如达尔文假定的,血流中恰好将不会携带着这个基因。其次,每一个细胞都是许许多多基因的产物,而不只是一个。此处我们又可找到分子生物学和经典生物学等同的、而和达尔文完全相异的立场。

最后,让我们考虑每一个亲本对子体所作出的贡献问题。按照达尔文的主张认为存在着敞开着的范围广泛的可能性——例如父本可能提供几乎全部的芽球,或者几乎一点也不提供。实际上,

两个父本可能共同分担这个任务。另一方面,按照经典生物学,双亲的贡献必然是相等的,或者非常接近于相等。必须承认,有时亲本的一方将提供略微多一点,但是从任何一点看来,经典生物学的要旨在于从一个亲本和从另一个亲本来的基因之间存在一对一的对比关系。此外,也绝对不存在前父影响的地位。我们再一次发现分子生物学是站在经典生物学一边,而不是站在达尔文一边的。

综观所有各点时,我相信我的主张是成立的。虽然达尔文和经典生物学之间甚至达尔文和分子生物学之间,有时存在表面相似之处(也很难设想两个科学学说之间会没有表面的相似性),似乎可以公平地说,把经典生物学和达尔文的思想区别开来的任何方面,分子生物学都继承下来了。实际上,在本文中注意到这一点是很有兴趣的,虽然经典生物学有时称为“孟德尔的”,因为正是孟德尔最先打破了旧的观念,这个名字同样也适合于分子生物学。孟德尔本人对突变和互换还一无所知,这也正好是经典生物学和分子生物学分道扬镳的地方。

所以,在结论中我将提示,尽管它和经典生物学有冲突,分子生物学并没有把经典生物学的成就一扫而光,而是渗透其中,成为一个更有力量 and 更完善的学说,根据这一理由把这两种生物学之间的关系称为“还原”(或“非正规的还原”)是合乎道理的,纵使严格说来两种生物学间的关系是一种代替的关系。^①

(译自瑞士《辩证法杂志》1971年25卷第1期 王亚辉译,章道立校)

^① 和还原非常相近的论题,不过我在本文里故意不提到的一点是两种学说能说是具有共同的术语的程度。我认为对这个问题的回答是和对还原问题的回答相似的,也就是说,虽然一些术语(两学说的)是明显不同的,一些是相同的,一些既非精确地相同,并非完全不同。c-基因和 m-基因便是这种情形的一个例子。正如在还原的情形一样,我认为为什么科学家们强调相似性(尽管有所不同)的理由是为了要证明这些术语之间含义的连贯性,而这种连贯性是这些术语和先前的学说的术语之间所缺少的。c-基因和 m-基因之间肯定存在连贯性,这是汛子和 c-基因之间所没有的;同时,鉴于这样的事实,虽然对 DNA 的不同片段创造了新名词,如“顺反子”,“突变子”和“重组子”,生物学家们似乎已拒绝采用而愿使用“基因”这个旧名词,这说明他们承认了这一点。——作者

分子生物学和形而上学

〔美〕G·S·斯坦特^①

〔内容提要〕 本文作者是近年来较注意自然科学哲学问题的西方自然科学家。在文中,作者认为分子生物学的成就,给西方资产阶级意识形态领域带来了严重影响,直接造成了世界观上的混乱,处在信仰科学与信仰灵魂(上帝)的尖锐矛盾之中。在作者看来,科学的发展,不仅使得一向被西方认为是世界观(形而上学)支柱的柏拉图主义不行了,就是现代实证主义也不行了;已经找不到认识自然的真理标准,科学的发展与“社会道德伦理”观念的冲突,也是无法调和的。为此,作者找到“东方哲学”。于是,孔老二的“中庸之道”、道家的“清静无为”、“恬淡寡欲”,就成了作者理想的精神归宿。这充分反映了腐朽没落的资产阶级,对科学发展和人类前途悲观失望的心理。

“现在华生和克里克公布了关于脱氧核糖核酸的情况,对我来说,这就是上帝存在的确凿证据。”(萨尔瓦多·达利,1964年)

弗朗西斯·克里克在他所作的1966年度纪念约翰·邓士的学术报告《活力论的实质》的序言中,引用了达利的这句话;但在

① 作者在美国加利福尼亚大学分子生物学系工作。

的报告正文中，既没有提到这位超现实主义画家，也没有提到上帝。那末，为什么克里克要引用达利的话呢？读过《双螺旋》一书的人都知道，詹姆斯·华生“从来没有看到克里克有过谦虚的态度”。但是，连华生也不会坚持说，克里克真的相信他们已经为上帝的存在提出了最终的证据。不，我的朋友克里克是把达利的话当作令人捧腹的笑料来看待的；尽管达利的意图肯定是很严肃的，但克里克却是在嘲弄他，把他放在一篇反宗教论文的最显要的贵宾席上。但是，我还是认为达利十分正确地估量了形势，即分子生物学的成就已经为上帝的存在提供了证据。正如我将在本文指出的，这可能是件坏事。

首先，我要请大家注意一个长期以来为哲学家们所重视的事实，即科学是以形而上学为依据的。也就是说，科学解释世界的企图是以一套先验的信念为基础的，至于这些信念本身是否正确，则不能成为科学探讨的课题。曾经风行一时的实证主义哲学（它把形而上学丢进了哲学的垃圾箱），现在既然已经奄奄一息了，再强调这一点似乎也就没有必要了。可是，由于在《偶然性和必然性》这本由一位分子生物学家所撰写的最出名的哲学著作中，作者雅克·莫诺还是死抱住二百多年前已被康德所埋葬了的、认为科学是对自然界毫无主观设想的这一十七世纪的经验主义观念不放，因此重申科学的先验基础也许不是多余的。

柏拉图学说

使科学成为可能的最基本的先验信仰之一是柏拉图关于一个单一原则的一元论学说，这个原则不仅支配着太阳和星体的运行，而且还规定着所有生物的行为准则。这个单一原则就是上帝，或者是无神论中的上帝的同义词“永恒的理性”。艾赛亚·伯林认为，“赋予一切东西和生物以各自的特殊功能，这些功能构成了一个协

调的整体；只有根据这个整体，这些功能才是可以理解的……这个把一切统一起来的一元论模式，成了作为西方文明特色的传统的唯理论的核心，不管这种唯理论是宗教的还是无神论的，形而上学的还是科学的，先验的还是自然主义的。西方的信仰和生活就是建立在这块基石上……”因此，信仰上帝不仅同理性思维不冲突，而且这种信仰是一条形而上学的公理。根据它才能得出结论说，人类理性是能够对世界作出一种解释的。接着，由上帝制订的、支配世界井然有序地运转的自然法则的存在，则为解释世界的可能性创造了条件。这样，科学家就是一个信仰上帝的人，因为如果没有这种信仰而要想去发现上帝的法则，那将是徒劳的。

当代大多数科学家都是否定这一论断的，但我想引用两位伟大的科学家的半真不假的笑话来证实这一论断，因为据弗洛伊德说，笑话是暴露了受抑制的思想。第一，弗朗西斯·克里克在他的纪念邓士的学术报告中指出，虽然蛋白质的三维结构原则上可以从它们的氨基酸组成结构中算出来，但必要的计算却繁重到简直无法完成的地步。可是蛋白质却能找到它们完全相同的构型，因为，“‘自然界’自己的计算机——也就是这个体系本身——的运算快得出奇。‘自然界’对规律的认识也比我们精确。但是我们仍然希望，对于‘自然界’，如果不能胜过它，至少要能理解它。”第二，众所周知，爱因斯坦不愿接受海森堡“测不准原理”的认识论含义的理由是“上帝是不掷骰子的”。通过这些言论，克里克和爱因斯坦暴露了他们是信奉柏拉图学说的。克里克之所以在口头上用拟人观的“自然界”来代替“上帝”，大概只是为了避免给人造成他是一个基督教徒的印象。

当然，柏拉图学说的应用并不限于科学方面。它还为西方的伦理学提供了基础。犹太基督教信徒和西方无神论者共同持有的这些伦理学观念，设想有一些在客观上正确有效的、关于是与非的最终的价值标准，这些价值标准是为了自身的存在而存在的。正

因为我们承认了由上帝制订的(或“自然界的”)这些价值标准,我们才能谈论罪恶,或者对任何一个行动从道德上予以肯定或谴责。但是,如伯林指出的,还存在着另一种伦理学体系。伯林称之为“异教徒的”伦理学体系。它的权威不是上帝所授予的,而是来自人是一种生活在社团里的社会性动物这一明显事实。在异教徒的体系里,不存在最终价值标准,不存在固有的是和非,而只有社团的目的。因此,在这里道德的判断是相对的,而不是绝对的。尽管我们还是坚持柏拉图的理想,但由于不能无视异教徒的现实,因此,在西方的目的和价值标准的总体内部是有矛盾的。伯林把这一事实的发现归功于马基雅弗利,并推崇他证明了“认为在原则上能够发现一个正确的、客观上有效的方法去解决人们应该如何去生活的问题——这个信念本身在原则上是不真实的”。伯林认为,马基雅弗利之所以会遭到西方各种宗教、哲学和政治思想的代表人物的普遍而永久的憎恨,不是因为他的“马基雅弗利式的”权术,而是因为他摧毁了作为西方生活基础的那块柏拉图基石,因为他指出了“天国”是不可能有的。

西方的矛盾

怎样才能解决西方生活中的这个矛盾呢?很清楚,在伦理学领域内,把犹太基督教的崇高的最终价值标准移植到异教徒的世俗的伦理学观念上去,人们有理由怀疑这是否真是一件好事。但是,在科学领域内,自然法则显然是取得了辉煌的成功。特别自伽利略以来,现代科学在表明理性能够解释世界,以及由此而理解到人们能够支配自然界方面,已取得了很大的进展。这样,我们怎能放弃自己的柏拉图的遗产,而回到纯粹的异教徒的思想中去呢?我们必须从这一观点出发来看待克里克和莫诺在他们的论文中所庆祝的分子生物学对活力论的胜利。

克里克抱有“强烈的怀疑，认为从活力论的立场写文章的人是基督教徒，特别是天主教徒；而反对活力论的人则是不可知论者和无神论者”。克里克的这种怀疑也许是对的，但是，我看不出在基督教和活力论之间有什么哲学上的或神学上的联系。相反，如果把活力论归结为彻底解释生命是超越了人类智慧的能力这一命题，那末，活力论就破坏了柏拉图学说。由于活力论怀疑理性能够解释世界，所以它也就怀疑了作为自然法则制订者的上帝的存在。因此，耶稣会会士泰拉尔·德·夏尔丹的著作成为后来许多活力论者思想启示的源泉，但他的耶稣会中的上级却视之为异端邪说而加以禁止。这样，只要薛定谔提出的“生命是什么”这个问题得不到回答，只要科学还不能说明区分生命物质和非生命物质的基本过程，那末生命终究不是上帝的杰作这一论点看来还有立足的余地。但是，正如达利所承认的，现在分子生物学已经表明了可以用普通物理学和化学的原理来解释生命，这样就有了进一步的证据，证明正是上帝设计了这个世界，并保证他的计划能为人类理解。换句话说，由于华生和克里克对一元论学说的正确性作出了贡献，从而西方人更难摆脱他的柏拉图基石了。

现代生物学的成就有助于揭露西方伦理学体系中内在的道德上的矛盾。为了体会这些矛盾的实质，我们就一定要考虑这个体系的核心概念，即灵魂的概念。相信有灵魂，对西方伦理学来说，一直是绝对必要的；这就象相信有自然法则对于西方科学一直是绝对必要的一样。大家知道，现代关于灵魂问题的系统阐述起始于笛卡儿。他提出了一个卓有成效的观念，即可以把人类和动物的躯体看成是机器，从而为生理学并进而为分子生物学奠定了哲学基础。但是，由于道德原则显然不适用于机器，但确实适用于人类，因此，人类一定不仅是一种具有人形的自动机器。使人类不仅是自动机器的那一点额外的东西就是灵魂。人正是从他的无形体的灵魂中获得行动的自由，并对行动承担责任。不相信这一点就没

有道德可言。为了处理道德和人类生物学交叉点的问题，迄今还没有能够取代笛卡儿的肉体—灵魂二元论的学说。无可否认，正如克里克指出的，“很多科学家相信，灵魂是想出来的，我们所谓的心灵只不过是我们的脑的功能的另一种说法。”这些科学家不承认自己相信灵魂，但他们还是道德的生物，就这一点来说，他们只不过象莫利哀笔下的儒丹先生，自己说的话就是散文，而自己却还不知道。必须注意到，莫诺并不属于这一类科学家，因为他把《偶然性和必然性》一书的大部分篇幅，用来说明他所谓的“现代的灵魂”究竟为什么正处在苦难之中。

精 神 病 症

考虑一下当前在生物学和道德之间发生冲突的两个实例就可以看出，这种冲突起因于无法去解决肉体—灵魂二元论。对于疯人的医疗措施的激烈批评——其实是对疯狂这个概念本身的激烈批评——为我们提供了第一个实例。托马斯·S·沙士本人是个精神病学教授，但在一篇题为《精神病作为一种隐喻》的论文中，他争辩说，精神病不是真正的疾病，精神病学也不是一门真实的医学专业。沙士提出两个论据来支持他的这种说法。其中一个论据是，只有自愿充当病员角色的人才是个医学上的病员，而得到病员同意对他进行治疗的人才是个医生。因为沙士认为，接受精神病治疗的多半是非自愿的，所以疯人并不是真正有病的，精神病医生也不是真正的医生。这样，精神病医疗业务所维护的不是健康，而是法律和秩序，而且它的治疗方式同一个自由、公正的社会的理想是不相容的。沙士的另一个主要论据是，疯狂不能归因于“肉体的变态或失调……严格地说……疾病只能影响肉体。因此，不可能有什么精神病这种疾病，‘精神病’这个名词是个比喻。”这样，就同克里克所说的相信“我们所谓的心灵只不过是我们的脑的功能的另

一种说法”的“许多科学家”相反，沙士承认了克里克所说的那种信念的无法接受的道德后果。这种信念是一项“系统化的策略……使人的个性遭到玷污和沦丧。”很明显，沙士是知道这一观念的，即“真正”的人，自由的、负责任的行为主体，并不是肉体而是无形体的灵魂。因此，依照沙士的意见，把疯人当作是生了病似的对他进行治疗，就是把医学和道德混为一谈了。换句话说，把灵魂看作是生物学上的物质，从而割裂了笛卡儿的二元论，这是同维持西方伦理学观念背道而驰的。

遗传学工程

当前在生物学和道德之间发生冲突的第二个实例，是由“遗传学工程”的应用范围即将扩大到人类所提供的。有些人倡导有意识地审慎地改进人类的基因型，显然他们是真心诚意地为了增进人类的幸福，可是这种主张的前景，不仅遭到那些所谓科学的“社会责任”的正义监护人的厌弃，而且大家都普遍地对它表示极端的憎恶。一种明显地出自仁慈意图的生物学研究成果的应用，既无意于杀害没有防御能力的平民，又无意剥削受奴役的民族，也无意于掠夺我们生活于其上的地球；尽管如此，为什么竟然会惹得斯特兰奇洛夫博士那样地忧心忡忡呢？为了穷究这个问题的底蕴，我们可以考虑一下遗传学工程的异想天开的一个侧面。这个侧面虽然看来好象是直接来自阿尔道斯·赫胥黎所著的《英勇的新世界》一书中学来的，但在不久的将来却有可能成为实际的现实。这就是无性生殖，也就是把一个男人或女人的双倍体的体细胞核移植到一个去除了核的卵里而产生的人类无性繁殖系。从这样的一些卵里可以培育出一大群在遗传上完全相同的个体，他们的遗传组成同提供细胞核的个体一模一样。这项技术将很快地丢掉过时的有性生殖的遗传轮盘赌，开始使经过精心选择的、合乎理想的基因型的完

全相同的复制品成为地球上的居民。据我所知，尽管从优生学的观点来看，这样做有远大的前途，但至今还没有一个人真正站出来鼓吹制订这样的计划。很明显，人类的无性繁殖在道德方面和审美方面都是完全不可接受的。一方面，在你的街坊中有康德、贝多芬、伊莎多拉·邓肯、爱因斯坦、克拉克·加布尔、玛丽琳·门罗等人，那将是十分有趣的；可是另一方面，一想到在城镇里充斥着成千上百个这些人物的复制品，却又象是一场恶梦。这是为什么？感到恐怖的原因就在于大家都相信灵魂的独一无二性。尽管灵魂是无形体的，但是人们认为它还是同肉体配套的。因此，不可能想象，一个独一无二的灵魂竟能分别栖身在几千个完全相同的肉体里。换言之，组成人类无性繁殖系的不会是真正的人，而只是具有人形的笛卡儿的自动机器。

不过，反对人类无性繁殖系就是背叛了西方人的“天国”之梦。所有的乌托邦幻想家们，想的都是十全十美的社会，其中的居民不是人而是天使，这些天使如同毫无瑕疵的美玉般地具有人类的一切最优良的品质。可是由于有性生殖的狂妄行为，要产生这些天使般的居民实际上是毫无可能的，因此这看来只象是一个可以相信的梦想，一种未来的希望。但是，在分子生物学和发育生物学的进展使得按照天使的特点而选出的纯一的人群的无性世代成为实际可能的今天，我们突然看清了它原来并不是我们所希望的那个十全十美的社会。我们希望的那个十全十美的社会是不可能达到的。一个十全十美的社会是由不完美的、独特的灵魂，以及社会的赘疣等等大杂烩所组成的。

中国人的另一些想法

在西方传统的范围内，这些冲突是不大可能得到解决的。要在西方生活中消除这些冲突，就要抛弃对上帝、对上帝的终极价值标

准和上帝的自然法则的信仰。但是，有没有可能在纯粹的异教徒的形而上学的基础上发展出一个文明社会呢？肯定是可以的。因为，中国人这另外一个伟大的文明，几千年来就是在那个基础上安排他们生活的。中国人的生活不是建立在被马基雅弗利劈开的那块柏拉图的基石之上的。从中国的传统来看，西方的科学无神论只不过是装在新瓶里的旧酒。正当柏拉图学说在希腊形成的前后，中国发展出道家和儒家两个相辅相成的哲学——伦理学体系。从那时起，它们支配着中国的生活一直到现在。儒家的箴言所依据的前提是，人是一种社会化动物，因此在和谐的社会关系中存在着美德。要使社会关系和谐一致，不是靠奉行普遍有效的抽象道德原则，而是靠严格遵守所规定的礼仪。道家是一种先验的道德哲学，跟它主要有关的不是社会关系，而是内心生活。它的箴言所依据的信念是，人是（非人格化的）自然界的组成部分，因此人的生活必然遵循自然事件的道路，也就是遵循“道”。遵循着“道”的人，就必须清静无为，不信任理智，以试图尽可能地达到恬淡寡欲和摆脱感官经验的境界。儒家也好，道家也好，都不乞灵于上帝或永恒的理智作为它的权威的根据。这两家也都不认为有自然法则或终极价值标准的存在。确切地说，这两种体系是设法使人同他的周围环境协调一致。

我认为，中国人的这些态度目前正在对西方产生日益增长的影响，这是有非常重要的意义的。最近主要在中产阶级中间对于“生态学”感到兴趣，这是跟支配自然界这一古老的西方的目标完全背道而驰的。它简直就是道家推翻了在十九世纪被视为神圣的对于进步的信仰。同样，美苏这两个超级大国最近的和解，以及历时已达四分之一世纪的冷战的结束，在两国内部都没有任何深刻的政治变化的情况下，双方都突然放弃了自以为正义的圣战进军——一方是反对“基督徒”，另一方是反对“人类的敌人”。这倒象是儒家推翻了把国家作为真实信仰的保护人这一西方的浪漫主义

的伦理学观念,从而在国际关系中把和谐协调置于意识形态之上。

西方的中国化过程的另一个重要后果是,十六世纪弗朗西斯·培根所指的科学发现会改善人类生活状况的信条已在失去信任,这是大多数老派的科学家所不能理解的。越来越多的人接受了另一种信念,即为了拯救世界所要做的事情不是去造一只更巧妙的捕鼠器,而是要去理解人。但事物发展到这一步就使我们达到了生物学的极限。因为,生物学方法显然能够对人类心理学作出满意的说明,但人类心理学看来是不能用被伽利略所发现的程序来解决的。这个结论是“行为主义”研究人类行为的方法比“结构主义”越来越占优势的必然结果。行为主义的工作方法大体上是现代科学的那套方法,因此它的命题是得到确认的。到现在为止,行为主义的研究结果大都是很寻常的。另一方面,以弗洛伊德为先驱的结构主义提出了一些深邃的见识。但是,结构主义的方法论和主要的理论原理,使得这些见识几乎不可能得到科学的确认。因为结构主义的主要理论原理是,支配表面行为的因果关系出现于隐蔽的“内心深处的”精神事件之间,而这些事件的存在只能间接地加以推论。

这样看来,现代生物学的形而上学的含义就不大像我的朋友们所理解的那样。并不是分子生物学战胜了活力论,从而不需要再信仰上帝。它的含义倒不如说是,科学研究对人的心灵显然是无能为力的,而我们充其量只能进行精神分析(克里克把它看作是“精神放血”),也只有精神分析的前景还有抛开上帝的一线希望,而且也许也只有这样才是使人们不致于贸然得出必须抛弃上帝的结论的最好办法。因此,并不是因为“华生和克里克公布了关于脱氧核糖核酸的情况”,而是尽管“华生和克里克公布了关于脱氧核糖核酸的情况”,西方还是有自由从它的那块柏拉图基石上走下来,并同东方一道加入一个异教徒的“统一的世界”。

(译自英国《自然》1974年第5451期 王毅人译,赵寿元校)

分子生物学的哲学观^①

〔美〕D·伯林斯基

〔内容提要〕 本文评述了西方运用信息论等数学方法研究分子生物学的各种论点，作者本人倾向于认为“对称性”可能是核苷酸顺序(遗传信息)共同规律的观点，这就可能用数学方法“偶然发现一些遗传结构的一般原理”。作者还认为“一门正确的和成熟的生物学唯物主义，可能会证明一个嘲弄已有说法的学说”。其实，从作者的“生物学根本就是化学”的观点出发，这种唯物主义，也只能是形而上学的机械唯物论。

自从华生和克里克发现脱氧核糖核酸(DNA)是由一对对通过氢键结合的碱基对轻拉在一道而形成的双螺旋以来，已有近二十年了^②。1951年左右开始的这项开创性工作所激起的一阵惊人的震动，现在已近尾声。华生在写下面一段话时，恰如其分地表达了这种来之不易的满意感。他写道：

基本上所有的生物化学家现在都已确认生物体的特性都可以从小分子和大分子之间协调的相互作用来理解。我们已经了解了很多足以使我们确信，进一步的研究最终将能使人

① 作者于1971年用了一部分时间在哥伦比亚大学生物系当研究助理，是已有博士学位的研究员。在这段时间里，作者与纽约大学的G·毕兹尼克合作，原定有篇题为《分子生物学的形式观》的文章，后因故未曾讨论发表。本文是哲学部分的非正式引论，技术部分将另行发表。——原注

② 华生和克里克关于DNA结构的论文，发表于1953年，见本书第124—127页。——译者

类对构成生命的那些本质特征作出完整的描述^①。

对生物化学的威力所作的这样一些概括，已得到相当普遍的承认：自从韦勒用氰酸铅和氨合成脲素以来，就迫使生物学家把研究课题深入到物理学或化学中去。但只有当生物学发展到分子水平时，这种说法才不至成为吹牛。莱宁格教授在他那本出色的生物化学教科书上，开宗明义地断言，生物学根本就是化学，只不过这是一门极端复杂和特别综合的化学而已。^②

迄今为止，所做的工作大部分是针对大肠杆菌的。在这里，生物学家处理的系统含有大约五千种有机化合物，其中包括三千种左右蛋白质和一千多种核酸。它们大都是极其复杂的，以致没有一个人指望能最后把它们完全搞清楚。关于大肠杆菌的代谢反应，目前也只了解其中的五分之一到三分之一。第二代分子生物学家正开始把用于研究噬菌体和细菌的技术推广到哺乳动物系统。很可能将会证明，这些系统有如大象之与小鼠相比，大体相同，只是更大一些。有些生物学家相信这个观点，另一些生物学家的想法则更悲观些，但也许更现实些。他们认为高等生物同细菌相比，将表现出一种有质的区别的更高级的复杂性。例如一个人有五百多万种不同的蛋白质，但没有一种是同大肠杆菌中发现的完全相同的。一个细胞受精后不久便开始了神秘的分化过程，就由此而发展建立起一个细胞王国，各个细胞都安置在能够实现奇妙的生化功能的组织之中。在控制和信息储存过程方面还有很多没有弄清楚；信息在细胞之间流通并由识别机制加以组织，而识别机制的生物化学性质大半还是未知的。^③

所有这一切，可能使人对分子生物学的更大的发展前景产生一种沮丧的感觉；但是对大肠杆菌所作的研究已给生物化学家们

① J·D·华生《基因的分子生物学》纽约，1970年版，第67页。——作者

② A·L·莱宁格《生物化学》纽约，1970年版第3—13页。——作者

③ 见G·昂加尔《记忆和学习的分子机制》纽约，1970年版。——作者

某些宽慰,因为这种总的图式一定是比细菌更复杂的系统中的、那些无穷尽的尚未征服的细节的基础。

(一)

几乎所有的生命体都要周期性地缩小为单个细胞,然后把自己重新装配成一个维妙维肖的发育完备的有机体。一代又一代地变化着,但从整体来看,缩小与扩展的无尽头的循环,使惊人数量的生物学信息传递下去。这种“成就”之高,在数量和质量上确是物理世界中独一无二的。

在生殖过程中,生命集中到单个细胞,这一事实表明在细胞中含有使其自身在以后发育成一个完整有机体的物质。当然,可以想象这完全是一种物理学的机制,即每个生物都带有它自己的后代的微型译本。我们即使根据合理性、精美性和简明性这些理由来看,最有可能的还是以下的假说,即细胞中含有欧文·薛定谔所说的一种密码原本:一种细胞的记录员,着手记录着亲代细胞的宏观的和微观的结构,并把这样得到的信息传递给细胞后代的。^①

总之,这是把繁殖看成一个纯概念问题时可能得出的一种观点。不能因为这样形成的研究途径的抽象性而加以轻视;把生物学从生物化学的不幸中拯救出来的主要是四十年代中期和后期由物理学家开创的理论工作。薛定谔所预期的密码原本,结果弄清楚是脱氧核糖核酸,这是一种由单核苷酸联接构成的很大的大分子。单核苷酸是由一个嘌呤或一个嘧啶碱基,一个2-脱氧-D-核糖分子和一个磷酸分子所构成的。不同的核苷酸只在于它们的碱基不同:腺嘌呤,鸟嘌呤,胸腺嘧啶和胞嘧啶(A,G,T,C)。在细胞内,DNA通常是一条双螺旋,一股链与另一股链通过互补的碱

^① 《生命是什么?》纽约,1945年版。——作者

基对而配对。A对T，C对G。氢键成为把这些碱基对拉到一起的分子胶。

由于四种碱基沿DNA链交替排列，而使DNA分子得以储存信息。这并非是一个稀有的系统。一个分子量为1,000,000的DNA分子将成为含有4,000个核苷酸的一条长链。指定某一特定碱基需要 $\log_2 4$ 或2比特信息；因此，这条链的信息总含量为8000比特。同样的推理表明，一个简单的细菌细胞含有 10^{12} 比特信息。用核苷酸序列可以表达大约 4^{1500} 个消息。这又是一个十分保险的巨大数字。

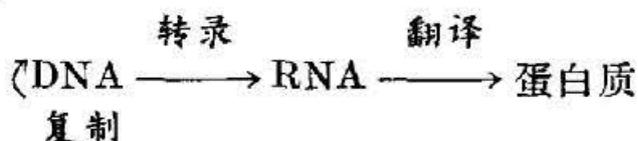
当然，细菌细胞比一撮核酸要更复杂些。由大约二十种氨基酸构成的球状大分子蛋白质，占了细菌细胞里绝大部分的有机物空间；碳水化合物和脂类占了其余部分而建立起平衡。举一个典型的情况来说，一个完整的蛋白质是含有大约250氨基酸残基的一条链，这条链是通过二肽键联结成一个装配好的分子。人同小鼠之间的全部差别就在于残基排列顺序的可能性上。因此，使得一个细菌细胞之所以成为一个细菌细胞的遗传同一性的意义，一定设法印记在氨基酸的各种序列上。要做到这一点的信息，是包含在核苷酸之中^①，而在蛋白质上表达出来。

我们现在知道，这四种核苷酸按三体密码组成64个密码子。于是一串核苷酸就是由三个字母组成的字交替排列而构成的。不同的氨基酸对应于不同的密码子。这时，有些氨基酸残基有几个密码子，有些密码子则留作标点符号。在遗传信息的转录和翻译过程中，以核苷酸的线性顺序为基础，先引出对应的信使RNA(mRNA)的线性顺序，然后是氨基酸的线性顺序。氨基酸的序列性排列又转而决定一个完整蛋白质的最终的立体化学的空间构型；细菌细胞也不过是利用那些能够使氨基酸同相匹配的密码子

① 应是“包含在核苷酸的顺序之中”。——译者

平行排列的物质来管理操纵着几乎是无限宽广和无比复杂的通信渠道。

生物学家通常把上述这些步骤称为中心法则，可用下列图式来表示：^①



这是某种力的一个法则和图解。若在图解外面画上一个圆圈代表细胞壁，你就可以得到一幅生命状态所包含的极基本的过程的清晰图景。蛋白质的结构是分子翻译的结果；而细菌细胞的调节作用简单说来就是安排特定的蛋白质正好在特定的时间出现的顺序。

当然，信息并不是原封不动地由一代传给另一代，它会产生突变。但根据这一无关紧要的观察来看，中心法则应该适应物种形成的一种解释。目前有两种解释在争论：一些人认为变异率是很高的，并坚持选择的中性原则；另一些人则反对新达尔文主义的标准观点^②。其实放眼来看，这种争论只是一种模棱两可的双关语，因为双方基本上都同意生物的变化以及生命以各种形式展现出的巨大全景只不过是这样一个系统，这个系统随机地或规律性地发生些故障，然后，设法捕捉住其中有用的错误。所以放大的中心法则或“变化表”——我按照库恩的概念使用这一名词——就包含了细胞储存、表达、复制和改变信息的能力的意义。这些都是生命的基本特性。一个图表若能对这些特性作出一点有意义的说明，也一定要联系到中心法则。

^① 华生《基因的分子生物学》第331页。——作者

^② 见M·凯穆拉等著《人类遗传学的理论观》普林斯顿，1971年。——作者

(二)

批评家们时常以挑剔的眼光浏览分子生物学的材料。欧根·维格纳已写了自复制机制的不可能性——所根据的是量子力学的理由^①；又比如说，在数学家中间有乔·凯塞，他在亚细胞生物学的明显的递归功能中，看到了一个不可能起因于非递归行为的系统^②。生物学家也同样曾有过怀疑。麦克法兰·伯内特曾认为象免疫防御系统这类机制的奥秘，可能就是因为过于复杂了所以很难追溯到分子水平。^③

哲学家们一般还得保持着原来的纯洁，没有受到精通现代生物化学之类事情的干扰；他们还可以从维特根斯坦的《研究》的最后章节中，找到他们所需要的观念。在那里，维特根斯坦指出了实验的方法和概念的混乱，两者似乎是不可分离地结合在一起的。

当生物学家根据中心法则来描述细胞时，很容易得出密码、信息、语言、控制、调节和翻译等概念的。这些显然是理论性的概念。有些研究者具有可钦佩的雄心大志，要把生物学实体处于可以抽象描述和分析的关系之中。这样处理将给细菌细胞提供一些形式模型；给出某个有趣的理论，在适当的但无疑是十分有效的理想条件下，人们可以指望发现大肠杆菌，至少在某些方面是和它的模型同构的。但是要想出正确的理论并不是件容易的事情，它要略去很多生物学概念的自然色彩。

DNA 实质上是一种码，这种想法可能驱使生物学家为形式编码理论的力量而感到欢欣鼓舞。半群代数学自然而然地会在这里起作用：一个群是一个集合，这个集合包含逆元素和么元素，在满

① 见《人类知识的逻辑》；波拉尼七十岁生日纪念文集 1961 年。——作者

② 见《B·罗素，本世纪哲学》波士顿，1967 年。——作者

③ 《免疫监视》纽约，1970 年第 236—244 页。——作者

足结合律的二元素运算下是封闭的,而一个半群(或单项)是没有逆元素的,根据串联是满足结合律的假设,由任意字母编成的所有有限序列的集合就成为一个单项。若给定了分别由字母集 Σ 和字母集 Υ 中的字母所构成的两个串联半群(单项),则码可以定义为 Σ 中的字母链到 Υ 中的字母链的注入 g ,于是,若 $v_i, v_j \in \Sigma$,则 $g(\widehat{v_i v_j}) = g(\widehat{v_i})g(\widehat{v_j})$ 。 g 就是在 Σ 中的字母链和 Υ 字母链的一个子集之间的一个同构。这样拼缀的同构就为其字母分别位于 Σ 中和 Υ 中的二单项得以相互来回往返提供了一个完善的装置^①。

在这个框架内可以描述很多种不同的码:树型码,自动同步码,字谜码等等。有一种把 DNA 看作是一个形式编码理论的研究对象。四个核苷酸可以构成一个基本字汇 X 的单元; 4^8 个密码子用字汇 X 的单元形成了一个扩充了的字汇 X^* 。于是 DNA 的单项 \mathcal{G} 被定义为用 X^* 中的单元所组成的所有序列的集,其中也包括长度为 1 的序。连结就是群理论上的运算,零级序列作为么元。于是首先是由 \mathcal{G} 传递到 mRNA,然后再传到氨基酸的信息传递是可以按编码理论的术语来定义的,只要让 X^* 起到 Σ 的作用,让由 20 个残基作为基本字汇而构成的氨基酸链起到 Υ 的作用。

我们可以从编码学说了解到不少东西。乔治·皮兹尼克认为核酸可具体化为一种自动同步码:通常是标明一条核酸链终点的密码子同时又会出现在很多序列的起点,在那里,这些密码子可能会带来一个作为停止的错误消息。我认为这是一个惊人的结果,它表明存在某些十分精巧的遗传结构。可是编码理论是包含了一个易受破坏的对象的。莫尔斯密码就是一个很有说服力的例子,它能使点和划的字汇同全部英文字母之间有效地相互变换。从密码理论的观点来看,任何一串点和划都可以用于这种交换;但是在实际使用密码时,人们当然先要对句子的状态有某种概念,因此只

^① 见 R·D·卢斯等编《数理心理学手册》纽约,1963年版第2卷。——作者

是有意义的哪一串点和划才是码的真正对象。在这里，码的代数性质是没什么用处的；莫尔斯码很容易排列成一种双方都是无意义的变换。遗传密码大概也是这种情况。在这一方面，密码学说无法对核酸中很明显的组织有所说明：每串密码子都构成了一个可编码的对象。这对于为了处理信息通过一个信道时所发生的问题而设想的理论来说，也算不了什么缺点。但是醉心于代数学的感情使生物学家把注意力转向消耗大量信息的中间体；待遭到了失败，于是将需要密码理论所无法表达的一些概念。

信息论曾有过某种有用之处：在信息大分子——核苷酸和蛋白质——和其他细胞组成之间有一种有用的差别。但我猜想自动机理论可能是细菌细胞最逼真的模型的来源，这类机器的理论对计算采取纯理论的姿态，因此可以说是递归函数理论的一个分枝。

自动机理论以最一般的形式处理从输入到输出的变换，中间通过一个可以容纳不同状态的装置。这种变换发生在离散的和组合的项目之间：数字、单字、句子、书信。细菌细胞看来是非常适用于这种处理的：核苷酸的序列类似于句子；密码子类似于单字。控制和组织的极其复杂的过程就需要有各种类型的计算机。

另一些研究者，特别是那些读过冯·纽曼关于自复制自动机著作^①的研究者，看中了这个想法。生物学家对于在经典生化技术不能触及的领域中应用自动机理论的概念也是很有兴趣的，于是他们已试验了诸如细胞分化和发育这类奥秘的模型。在这类研究中，理想化的细胞就象是一台具有某种复杂程度的自动机，设计了有关的程序，通过略带生物学味道的操纵过程去推动机器。这种机器通常显示出很强的计算能力。细胞就是一台机器的想法，至今还是很有吸引力的；它可以用一些熟悉的客体作为细胞模型，同时显然也是证实了一个很老的哲学观点。这个命题的吸引力甚

^① 约翰·冯·纽曼《自复制自动机的理论》伊利诺斯大学出版，1966年。——作者

至导致 J·莫诺发表这样的见解^①，即正是由于发现了细胞具有机器般的本性，所以现代生物学才取得了最辉煌的胜利。

在哲学上，人们喜欢看到，细菌细胞同作为较通用的装置的、未约束成特殊装置的自动机之间的相似性。在这方面，有从图灵机到状态有限的自动机的一系列机器。图灵机能产生可以递归计算的所有的组；因此，如果细胞的一切活动都有理由被称为是计算的话，那么，这些细胞模型就不可能比图灵机更有效。我们没有特殊的理由可以假定细菌细胞具有无限的计算能力；但是对我们目前的要求来讲，完全限定的机器无疑是太不能说明问题了。我猜想，最天然的自动机理论的模型也许将从潜力无限的机器；各种类型的叠式存储自动机中引出来。

一台状态有限的机器本质上就是一个装在两条带子之间的读头。第一条带子包含机器的程序或输入；第二条是机器的输出。在任何一个指定时间，机器只能在数目有限的内部状态中占有其中的一种状态。在输入带上给定符号集中的某个或某组符号之后，机器的功能就能算出输出带上的一个相应的入口，然后使机器转变到另一状态。因此状态有限的自动机可以作为由三个集和两种功能组成的五重体。叠式存储自动机就是存储器或叠式存储器的容量大大提高了的状态有限的机器。存储是在先入后出的基础上完成的，但叠式存储器本身可以从随便那一个方向上读起，并且对于取读符号或记录符号都是有用的。通常把叠式存储自动机规定为接受或拒绝一串输入的一类机器：当机器在叠式存储器空了的时候阅读到它，那么，它将被接受。但是发生器和接受器之间的区别多少是说法上的：所有各种叠式存储自动机同没有上下文关系的发生文法可等量齐观，这是大家都知道的。于是一台叠式存储自动机可以定义为一个“六重体” $(X, S, \Delta, \delta, \xi, S_0)$ 其中 (i) X 为输

① 《基因的分子生物学》第四章参照。——作者

入符号的一个有限集合；(ii) S 为输入状态的一个有限集合；(iii) $\Delta \supset X$ 为输入符号集合加上为进入叠式存储器所需的一组辅助符号；(iv) δ 为 $X \times S \times \Delta \rightarrow S \times \Delta$ 的函数；(v) $\xi \in \Delta$ (ξ 标明存储器的终端)；(vi) $s_0 \in S$ (s_0 为起始态)。^①

潜无限长度的储存空间使叠式存储自动机能表明某些复杂行为的特征。这类系统不一定受刚好由它前面的状态组和符号组所支配，所以它们才能适合于反映包括反馈环路、各类控制、延迟等精巧的细胞过程。把细菌细胞当作一台叠式存储自动机时，当然要经过理想化的处理：细菌系统显然一定在完全限定的时空间范围内完成它们的计算过程，在任何情况下，大肠杆菌的标本都不可能由它们自由处理的无限多的记忆。要装配出一台能够进行类似生命活动的自动机，那是十分困难。冯·纽曼的模型是巨大的，而且结果还具有图灵机的能力。但是这种模型的梗概可以试验性地简单勾画出来。生物学的叠式存储自动机中包含着将密码子转换成核苷酸链的算法。它们就是这样通过控制蛋白质的序列和合成的先后次序来控制蛋白质的性质。因此细菌细胞的状态就可以等同于一台叠式存储自动机的状态；由核苷酸字母组成的全套密码子等同它的一套输入符号。这样就决定了 X, S ，而且 Δ 稍马虎一点也被决定了。 ξ 和 S_0 可以任意地规定。当机器在面临空的存储器时所接受的序列集合就构成了完整的核苷酸链；一种简单的密码翻译把核苷酸链变换为蛋白质；所以就一切实际的目的来看，一台生物学的叠式存储自动机的输出集合可等同于机器所计算出的起功能作用的蛋白质集合。 δ 也许有能力去特化无限种类的对象——一台机器若把自己简缩为一张目录，那是一点意思也没有的——但其他大量细节的不确定性使得这样来提出模型十分人为造作。如果我们关于过渡状态的作用没有更完整的信息，我们

^① G·比尔克霍夫等《近代应用代数学》纽约，1970年，第419页。——作者

只能得到这一类机器，它们有确定的性能与范围，但没有特定的计算能力。但是这样形成的自动机理论研究的方法满足了我们关于细胞的某些算法的直觉：认为细胞机构的生长与调节基本上是一种递归过程，在这个过程中，有限的元素集合被强制进入了一个复杂的结构之中。

自动机的引入也带来了概念的局限性；当它的任务汇总时，这个模型就不那么令人满意了。形式的系统需要有规律，而规律又需要表达。这里涉及到一个牵强附会的注释。更重要的问题是，如何使假想的交换信息的随机过程——这是按照中心法则而来的——同形式化了的对象又不受随机骚动的干扰相互协调起来。可以设计出一种包含概率特征的机器：他们的过渡状态起作用把自动机推移到有不同概率的状态；而所得的机器不是决定的。但是中心法则提出了完全不同的东西：在一个系统中，基本字汇的单元的改变是随机的，并由此形成了输出序列，这个系统跟装备来进行计算的机器是毫无相似之处的。叠式存储自动机和图灵机很相近，一台图灵机可以描述为一台真实的数字计算机的程序。一台计算机的程序若是乱七八糟地随机的，那就简直动弹不得了。

由此可能引出一种比较稳妥的思想，即生物学的叠式存储自动机可以用输出序列中的各种可能序列来促成一种计算上无差别的状态。但是这样一个计划在概念上还不太完整。自动机是算法，而所有算法都体现为世界上的运算能力的一部分。计算能力使我们想到的大半是机械的步骤；但它也造成了对输入变换为输出中所包含的可能性的一些约束。细菌细胞有它十分奇妙而精确的生物化学机制，很难说是受一个生来就容易形成胡言乱语的客体所控制的。

因此必须放弃中心法则——至少部分地放弃。取代它的也许是这样一个原理，它可以在自动机理论的方法范围内使生物信息发生交换。生物学的叠式存储自动机的模型化，例如细菌细胞可

以作为一台机器出现，这台机器只调动遗传装置的宝库中有限的一部分。这类装置可以产生一种算法，它可以把适于某种生物的多核苷酸链预先固定下来；把核苷酸序列的移动或改变记录下来的自动机，互相之间好象语言中的方言。在这种机器里要保存中心法则的细小碎片是没有困难的；突变可以继续包含一组机率相等的事件，只要这些事件被固定在合适的密码子串中的界限之内。有些变化将造成一些不能产生的链，这些变化就干脆不发生；或者是发生了这类变化，也不会产生有效的遗传表现。

如此复杂精巧的一台自动机将是一台令人神往的机器——在各种蛋白质中间完成鉴别挑选的算法，可以给生命本身下一个定义。不幸的是新达尔文主义的进化理论——按它现在的内容——很少提出这些机器的起源的有用解释。弱小的自动机不能突然之间获得很大的计算能力。与之对立的假说认为，生命开始于一组细胞，这组细胞恰好把有活力的蛋白质都集于一身，这种假说没有什么可取之处。考虑到最初的细胞起源问题时也会产生同样的问题。在前生物的环境中，各类化学物质可能把自己转变为氨基酸；但要想象一堆氨基酸是怎样组织起来、集聚成一个有功能的细胞，这就困难得多了。

由于引入了自动机而产生的一般反响，对于阐明中心法则并未造成什么妨碍。广泛提出批评，无疑会鼓励生物学家从怀疑走向不妥协的行列。人们可以预料，不止一个学科的认识论的格言是“稳妥第一！”但是随同向自动机求助而出现的矛盾是很难消除的，它们可以出现在完全是另一种形式的争论之中。

(三)

虽然地球上充满了各种奇妙构造的生物，参与构造的蛋白质通过各种不同的组合搭配起来，这只要蛋白质库中的很小一部分

就够了^①。二十种氨基酸排列成有 250 个残基长度的序列时所形成的蛋白质种类可以达 20^{250} 。这个数字远远超过了宇宙数字；从地球上生命起源以来所合成的蛋白质的种类还没有超过 10^{50} 。

那些集中在一个正在工作的细胞里的蛋白质，都具有有用功能。它们以这种或那种方式参与细胞内部的经济活动。我们可以说，只有在这种情况下，一个蛋白质才是有活力的。就蛋白质对于细胞存活所起的作用来说，活力是不起什么作用的；大多数蛋白质从太古时代进入 10^{50} 种蛋白质的序列的大库以来都是有活力的，但其中几千种蛋白质一定在细胞所出现的灾难中起过作用。例如，调节人的免疫防御系统的细胞发生癌变时，在血清蛋白中随同发生了灾难性的变化。多发性骨髓瘤常出现班-琼氏蛋白尿的症状，已发生病变的免疫防御系统释放出大量的班-琼氏蛋白，而不产生完整的免疫球蛋白分子。随之出现肾损伤，通常造成肾功能衰竭以致死亡。但是对班-琼氏蛋白来说，还是有活力的，至少具有我所准备讨论的那种意义上的活力。

活力是现有蛋白质中间很明显的一种属性；对于活力在多肽的整个空间的分布，不管有什么样的奇谈怪论，我们目前所了解的大多数蛋白质在某个系统或某个细胞里，都无可争辩地有着功能上的一种用途。于是，它们的结构应该告诉我们是什么东西使有活力的蛋白之所以成为有活力的。根据这条思路看来有可能从拓扑学去考虑所有蛋白质的空间，以及依据蛋白质的同调所规定的蛋白质链之间的一种有关的度量 $\mathcal{D}(p_i, p_j)$ 。两个蛋白质只有当它们由相同的残基排成相同的顺序时才是完全同调的。这时 $\mathcal{D}(p_i, p_j) = 0$ 。不是同调的一对对蛋白质可以安排在一个任意的距离上，就很容易定义 \mathcal{D} 来表示处在两端蛋白质的距离。这样得到的拓扑学空间也许是退化的，因为物理学上若不同的蛋白质彼此间没

^① 见 P·S·穆尔黑德等编《向新达尔文进化论的数学挑战》费城，1967 年版第 7 页。——作者

有什么距离,就一定会被看作是等同的。或许可能更自然的是,把一切可能的蛋白质的空间变为一个由许多等价类组成的稍许抽象的空间,这些等价类是在完全同调的关系下形成的。同调性本身若被用来作为蛋白质度量的基础,可以证明这是过于严峻的一个想法;多肽的一些尚未阐明的性质可能同细胞活力有更密切的联系。无疑,弄错方向的可能性是很大的。但是有一种想法是很自然的,那就是细胞功能的秘密是同某个东西密切有关的,就象氨基酸是如何排列的方法那么简单。

于是,凡是接触到这个尚未解决的领域的人都会碰到一个很明显的问题:现存的蛋白质——迄今已经看到的在细胞内形成着序列的大批蛋白质中的一个子集——是否是所有可能的蛋白质的空间的一个随机样本。如果是这样的,那就很难拒绝这样一个结论,即实际上任何蛋白质都是具有功能用途的;核酸在生命力中起更大的作用,只是由于有活力的蛋白质用尽了多肽的空间。另一方面,现存的蛋白质可能只占蛋白质空间的一部分,这些蛋白质彼此之间比同其他可能有的蛋白质之间更相近些。活力将不得不是很少几种多肽的属性:蛋白质空间中的巨大区域对于生命是关闭的。

穆雷·艾登等曾提出,现有蛋白质从全体来看相互之间相接近的程度,超过了他们根据种种理由应该出现的相似程度。以人的血红蛋白A的 α 链和 β 链为例,它们分别含有140个和146个残基;当按最大同调性来排列时,可以看出两者之间相同的有61处,不同的有76处,并留下9个空档。一条链也许是从另一条链衍生而来,或者是两者来自一个共同的前体。使血红蛋白 α 链变为 β 链的点突变似乎发生在112个残基邻近。可是

“……如果我们看一下残基的分布,它们是极其相似的,每种氨基酸的平均差异为 $1\frac{1}{2}$,……谁也没有想到只出现在 α 链中而不出现在 β 链中的氨基酸的分布,竟同只出现在 β 链

中而不出现在 α 链中的氨基酸的分布是极为相似的”(见上页注解该书第7页)。

有些统计结果指出了另一条路。1956年,加莫夫、里奇和伊加斯对一小批蛋白质作了长期的研究,在和电子计算机打了些交道以后,他们得出结论说,残基的分布是随机的:氨基酸实际上只是服从简单的帕阿松分布而已。^①

以后,在索姆和基尔的一篇文章中,根据同样的证据,但得出正好相反的结论^②。他们报道说,由于同调蛋白质的数目,细胞色素C中明显地偏离随机性,血红蛋白 α 链上第78到85个残基这一段多肽序列的重复出现,厌氧光合菌*Chromatium*(D株)的铁卟啉蛋白中有奇妙对称的基因序列等,给了他们以深刻的印象。最近,福克斯和中岛报告了关于前生物多聚体模型中存在意料不到有序的证据。^③

因此这个证据就有某些难于说清的模棱两可之处。部分是由于数据基础不足。只有大约15种蛋白质的序列已完全弄清楚,进行了序列分析的一共还不到1000种^④。因此就存在这种可能性——前面已经提到过——蛋白质内包含了一种奇妙的结构安排。而且还有很多论据表明蛋白质库是很小的,而且相互很靠近;整个巨大的多肽空间并没有被对生命有用的蛋白质所充满。当然,这表明活力是蛋白质中间比较少有的一种属性。氨基酸的序列仅仅是核苷酸链的编码的映象;因此,在核酸方面也可以得出同样的观点,有活力的核苷酸序列可以简单地解释为是给有活力的蛋白

① 见G·盖莫等著《从核酸到蛋白质的信息传递问题》一文,载于《生物物理和医学物理进展》4/23/56。——作者

② 见F·索姆等著《蛋白质初结构的规律性》一文,载于《蛋白质化学进展》XV II,167(1962)。——作者

③ 见《基因的分子生物学》第123页。——作者

④ 详细内容载于M·O·戴伊霍夫编《蛋白质序列和结构图表集》(巴尔的摩,马里兰:全国生物医学研究基金会,1969年)。——作者

质编码的那些序列。有活力的多肽分布之少，正是反映了一种筛选已经作用于可能的遗传消息。因此打算发生遗传改变的细菌细胞，就必须有一段有可能进行组合的核苷酸链；对于分子消息数目的限制支配着在一个很窄的范围内改变生物信息的过程。

可是，人们根据中心法则可能会认为对这种有序的限制是不存在的。新的蛋白质可以通过核酸中间的随机变化而产生的。这种说法没有指出抨击活力的原因。如果没有物理学的偏见，以不是偏爱有序的眼光对蛋白质从新作一番考察的话，引起改变的主要的物理因素——辐射，异常的化学活性等等——就通过一种途径作用于核酸，这种途径是不能说明遗传结构的各种可能性的。

“……在两个极端上——核苷酸和蛋白质——甚至还还不是一种混乱，即人们认为从中可以出现某种规律性的混乱……而是两个具有结构的系统，这些结构并非生来就是一致多于冲突的”。^①

人们可能会说，这是大大不利于中心法则的。如果生命的可能性只占一个很小的空间，那么，利用空余容量作为遗传差错一定在出现生物学变化中起作用的设想，总比一无所知好些。考虑到第二节的内容，这确实是一个气味相投的结论，我就是硬使自己平静地接受了中心法则的破绽。至今尚未被重视的这种对编码的限制，无疑地是五花八门的。有些将是纯物理的机制。蛋白质的某些线性序列也许不能折迭成细胞能够利用的球状构型。另外一些可能就是密码理论性的了。大部分蛋白质反映了密码的退化，密码可以是自同步的。

但是这些限制不能说明可以用来控制那些容许存在的核苷酸链的一般原理。最初求助于把自动机作为细菌细胞的模型，是以它作为一种工具来体现的一种思想，就是认为生物自动机不仅能

^① 见《基因的分子生物学》第74页。——作者

安排细胞内事务，而且还能在递归的形式中把一种计算的能力固定下来，这种能力足以把有活力的蛋白质同无活力的蛋白质区别开来。这曾是生物学家想象中的立足点；仅仅为了给自动机开路而修改中心法则之举，看来完全是一种过份热心的安排。但是我们现在是在争论是否有约束密码的机制——这是对纯生物学方面争论的一个答复。限制产生了算法和算法自动机；现在没有理由不欣赏这样一个假说，那就是生物机器对容许存在的序列安下了纯粹造句法的限制。

(四)

为了实现这种热情的愿望，就需要有某个系统来洞察细菌细胞所采用的特异化详细情况。生物自动机必然有某种办法来确保来自一个物种的生命的多样性，与此同时，一定拒不接受不可能的选择。语言学家在为一种自然语言设计一种有创造力的文法时，一定也要虚构出符合这些要求的机器。乔治·皮兹尼克和笔者所开创的一个研究方向，讲到了一个假说，即在核苷酸顺序中普遍存在着某种对称性^①。例如，在 R_{17} 噬菌体内，人们可以看到下面这种正读和反读都相同的语句。

| | | | | |
|-----|--------|-----|--------|----------|
| 蛋白质 | ASN | SER | ARG | SER |
| 密码子 | AAC | UCG | CGC | UCA |
| | | | ↑ | |
| | _____ | | _____ | |
| | ϕ | | χ | ϕ^* |

很清楚，它们的一般形式是 $\phi\chi\phi^*$ ，其中 ϕ 和 ϕ^* 互为镜像，而 χ 是一个对称点。在蛋白质和核酸这些信息高分子中，这种结构的出现有一定的规律性。实际上，叠式存储自动机能无限多地

^① G·毕兹尼克《遗传密码对蛋白质和核苷酸序列的限制》纽约大学哲学博士论文，1972年。——作者

产生出这类链；如果所产生的只是这种链，那么这些链的集合就是不规则的，人们至少要用一台叠式存储自动机去计算这个集合的所有链。理想的细胞也许以趋向于一种简单类型的对称性为其基础，但是现实的细菌细胞则反映出核苷酸顺序的混乱和任意性，这是纯物理的空间上的限制或立体化学构型上的限制所造成的。认为各种对称基因是把一些特殊的转化联结起来的想法看来也是很自然的。进展很可能就是把一组无关紧要的代数结果综合起来，希望偶然发现一些遗传结构的一般原理。

当然，所有这一切都是纯理论的，甚至是夸张其词的。实验证据是很贫乏的；看来也还不会有很多生物学家愿意冲向正统的技术将是无济于事的领域。总之，如果核酸确实存在对称性，那么我们对此看来也很难提出一个很自然的生物化学的解释。虽然生物学实体的递归属性都有一种共同的特点，但是不能保证它们是反映了在细胞化学方面令人感兴趣的事情。蕴藏在遗传密码中的有序也许不是化学的有序。一门正确的和成熟的生物学唯物主义，可能会证明一个嘲弄已有说法的学说。

(摘译自美国《哲学杂志》1972年第69卷12期 李载平译，赵家庆校)

核酸的分子结构

——脱氧核糖核酸的一个结构模型

〔美〕J·D·华生 〔英〕F·H·C·克里克^①

〔编者按〕 1953年，华生和克里克根据X光衍射资料，提出了脱氧核糖核酸(DNA)双螺旋结构模型。这个模型“立即展现出遗传物质可能有的复制机制”，为科学地说明遗传物质的连续性、可变性提供了基础。从而推动了分子生物学的发展。

西方生物学界，认为这篇文章的发表，标志着“分子生物学时代的到来”。现将译文附后，供读者参考。

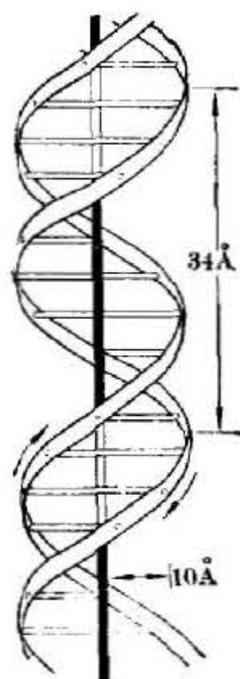
我们想给脱氧核糖核酸盐提出一个结构模型。这个结构具有新的特色，这些特色包含着相当大的生物学意义。

波林和科里曾给核酸提出过一个结构。在发表之前，他们曾善意地将原稿给我们看过。他们的模型是由三条缠绕的链组成的，链上的磷酸盐位置在中轴旁边，而碱基则在外侧。照我们看来，这个结构是不能令人满意的。理由有二：一、根据X光衍射图，我们相信它是盐类，而非游离酸。没有酸性的氢原子就很难理解什么力量会把这个结构结合到一起，特别是靠近中轴的带负电荷的磷酸盐将相互排斥；二、有些范德瓦耳斯距离似乎是太小了。

^① 华生现任美国冷泉港研究所所长；克里克在英国剑桥医学研究会分子生物学实验室工作。

另一个三链结构是由弗雷泽提出的。在弗雷泽的模型中，磷酸盐在外侧，碱基在里边，由氢键结合在一起。所描述的这个结构更不明确，因而，我们将不作评论。

我们想给脱氧核糖核酸盐提出一个根本上不同的结构。这个结构有着两条螺旋链，每条链都围着同一个中轴盘绕(见图)。我们接受一般的化学假定，即每条链是由磷酸双酯基团和 β -D-脱氧呋喃核糖残基组成的， β -D-脱氧呋喃核糖残基在其 3', 5' 位置



这个图纯粹是图解式的。两条带状物代表两条磷酸盐-糖链，而水平杆代表把两条链连接到一起的碱基对。垂直线标明中轴。

上与磷酸双酯基团连接。这两条链(但非它们的碱基)由垂直于中轴的两价基团结合起来。双链都朝右旋转,但由于两价基团,两条链中的原子序列的走向是相反的。每条链有点象弗伯格的一号模型,就是说,碱基在螺旋线的内侧,磷酸盐在外侧。糖及邻近原子的构型则近似于弗伯格的“标准构型”,糖差不多垂直于相连的碱

基。各条链在 Z-方向上每隔 3.4\AA 有一个残基。我们已假定,同一条链上相邻的残基之间成 36° 角,所以在 34\AA 之后,即各条链上出现十个残基之后,结构发生重复。磷原子离中轴的距离为 10\AA 。磷酸盐在外侧,阳离子易于接近它们。

这个结构是一个开放结构,并且它的含水量略高。在含水量较低时,我们可以预期碱基将倾斜,因而结构变得更为紧密。

这个结构的新特色就在于两条链是由嘌呤和嘧啶碱基结合到一起的这种方式。碱基的平面垂直于中轴。它们结合成对。一条链上的一个碱基同另一条链上的一个碱基由氢键结合起来,因而两条链在同一纵坐标上并列。为结成碱基对,碱基对的一方必须是嘌呤,而另一方必须是嘧啶。氢键按下列方式结合:嘌呤位置 1 对嘧啶位置 1;嘌呤位置 6 对嘧啶位置 6。

如果假定碱基只能以最可能出现的互变异构形式存在于这个结构中(就是说,有着烯醇构型,而不是酮构型),于是发现,只能结成特异的碱基对。这些碱基对是:腺嘌呤(嘌呤)跟胸腺嘧啶(嘧啶)配对,鸟嘌呤(嘌呤)跟胞嘧啶(嘧啶)配对。

换言之,如果腺嘌呤成为碱基对的一方,随便在哪条链上,根据上述假定,碱基对的另一方一定是胸腺嘧啶;同样,鸟嘌呤只能跟胞嘧啶配对。一条单链上的碱基序列似乎不受任何规律所限制,但是如果只能形成特异的碱基对,那么将出现这种情况:倘一条链上的碱基序列已经确定,则另一条链上的碱基序列也就自动地决定了。

通过实验已发现,脱氧核糖核酸中的腺嘌呤总数同胸腺嘧啶总数的比例,以及鸟嘌呤同胞嘧啶的比例总是很接近于一的。

用核糖代替脱氧核糖来建造这个结构大概是不行的,因为额外的氧原子将使范德瓦耳斯接触太紧密。

以前发表的关于脱氧核糖核酸的 X 光衍射的数据,对于严格检验我们的结构模型是不足的。就我们所知,这个模型跟实验数

据是大体上符合的,但在未作更精确的结果检验之前,必须把它看做是没有被证明的。当我们设计我们的结构时,我们并不知道那里提出的结果的细节。我们主要是根据已发表的实验数据和立体化学的论证,但并非完全根据它们。

我们未曾忽略,我们提出来的碱基特异性配对的原则立即展示出遗传物质可能有的复制机制。

这个结构的全部细节,包括为建立这个结构所想象的条件连同原子的一组坐标,将于别处发表。

(译自英国《自然》杂志 1974 年第 5451 期转载同杂志 1953 年第 4356 期文章 庚镇城译,刘祖洞校)



(上接第 154 页)

用的形式与非形式结构之间的区别,这可能有助于避免混淆。今天,形式与非形式宇宙之间的鸿沟常常被轻视,疏忽,放过。形式思维被用在需要非形式理解的关系上,而形式结构是用很草率地不适当的和使人产生误解的自然语言来描述的。

读者是否接受这个想法,这无关紧要。也许这个想法是讲得通的话,那也是在遥远的未来。然而我希望读者因此引起对何种哲学能促进信息处理的问题予以更多的注意。不赞成我的种种意见,但对它们有兴趣,这就是我的希望。

(摘译自齐玛纳克主编的论文集:《信息处理概貌》阿姆斯特丹—伦敦 1972 年版第 93—140 页 方锦城译,徐孝通校)

关于计算机的议论

信息处理的一些哲学问题

〔奥〕H·齐玛纳克

【内容提要】 作者曾任国际信息处理协会主席。本文较全面地论述了电子计算机信息处理的一些基本理论问题。一方面认为电子计算机是当代技术的顶峰，对人的未来有至高无上的影响。另一方面又坚持了人对计算机的主导地位，强调“计算机代替不了人”。这说明作者反对目前在西方和苏修泛滥的“机器胜过人”、“人要变成机器的玩物”等种种谬论。

文章首先强调，电子计算机的万能主要在于它的信息处理，即符号加工的能力。这是电子计算机与以往一切发明的不同之处。作者着重论述了符号加工在人类思维中的作用，认为没有任何不具有符号加工的智力活动，认为任何形式化系统都是符号代换，因此都是计算机程序。

接着讨论了形式系统的语言。作者认为，任何一个简单的符号集合都可以称为是一个语言。研究了语言理论的三个级别：句法学、语义学、语用学。讨论了在电子计算机信息处理中这三个语言级别的情况和存在的问题。作者指出，自然语言是不精确不完备的，强调形式语言的重要性。计算机成为万能的信息处理机，就在于形式化的威力。

文章最后讨论信息处理的哲学问题。批判了维特根斯坦逻辑经验主义哲学的错误，认为维特根斯坦的哲学是不完备

的，指出逻辑学的永恒真理和现实世界不等同，自然世界和用逻辑构造的世界之间有一道任何算法都不能逾越的鸿沟。正如工程师的图纸与车间生产的产品不是一回事。现实世界和自然语言总要超出任何形式系统。“人类心灵”是无限的，“人类心灵和人类教育永远不能由计算机组织的算法系统来取代”。“人远远不止是一架符号代换的自动机”。同时指出，“计算机不会使人成为多余的”，计算机比以往任何机器都更加依赖于人的监督管理。这些看法有正确性的一面。

但是，作者不懂得辩证唯物主义，文中包含了很多错误观点。例如，宣扬“人是宇宙的中心”，“计算机实现了维特根斯坦的哲学”，以及对哲学与科学的关系的看法，都有错误。尽管如此，文章仍值得一读。

引 言

现在仍然有人以为伽利略消除了人和地球是宇宙中心的思想。他们的论据是：我们不过是空间中一个不重要的，与其他角落无法区别的角落里的一粒砂子而已；而且人仅仅代表了漫长的发展过程中的一个阶段，经过许多代动物之后的一种超动物，再经过若干代以后，他们将进化到一种超人。

我以为计算机提供了许多论据来反驳这种观点，而信息处理胜过一切地将使我们确信：人和地球仍然是宇宙的中心——不仅因为我们的行星代表了单位体积客观上最大的信息量，而且因为计算机的存在和使用所引起的思想光芒，将影响到未来几十年的哲学和一般的人类思维。

个体与客观世界之间的关系应重新考虑。把人从宇宙中心挪开的极端客观化的观点，忽视了人所感到的东西对他来说是最重要的——绝大多数事实是以距离平方速度丧失其意义的。结合到

整个人类时，这个主观判断得出了一个客观事实：我们正是从地球上观察空间和原子的，而人体是一切观察的度量单位，因为人类感觉器官在任何观察装置中都是最终接收者。否认我们是宇宙的中心，这并不是科学的客观和谦虚；这是对我们的活动中信息处理这个方面的一种误解。本文的意图在于说明，信息处理在发展成客观与主观领域之间的一座桥梁和二者之间的差距，以及信息处理能够从哲学中获得多么大的支持和促进。我们的技艺经常落入某些陷阱，这可以通过认真研究(特别是最近几十年的)哲学思想而予以避免。

本文中对思潮和哲学的选择，以及对他们著作的解释，完全是个人的，随意的想法。欢迎读者提出不同的看法，拒绝或提出严厉批评。我的意图并非要使每个人都确信本文的内容，而是为了引起读者对总的想法的注意。

这样说了之后，我就可以进而说一句非常大胆的话：

计算机的发明是技术发展的顶峰。是已经作出的最重要的发明。计算机对于人的最近的将来和遥远的将来，具有并且将会具有至高无上的影响。

确实，这种口气有点象那种连相邻学科的重要性都视而不见的带偏见的专门家常用的浮夸辞藻。然而只要对人的活动与具有或不具有计算机的科学技术成就作一对比，就可以看出直到计算机出现之前，大脑活动是没有匹敌的。信息处理自动机正是在下述意义下堪称为一个电脑：它将成为绝大多数技术结构的中枢信息和开关单元(见表)。

大脑是协调和思索的器件，它使人体成为一个整体；而计算机能够使科学思想和技术器件协调。它给古典机器所处理的物质和能量过程，增添了信息的过程。技术结构利用信息处理自动机能组成封闭的系统。人们还能更多地指望技术完成些什么呢？

| | | | |
|------------|---|----------------------------------|--------------------------------|
| 人 | | | |
| 想算 | 听讲 | 读写 | 体力工作 |
| 没有计算机的科学技术 | | | |
| | 电信 测量 话筒 扩音器 照相机 放映机 银幕 | 印刷 录音 报纸, 书 杂志 影片, 带 | 工业过程 自动化 仪器化 反馈控制 |
| 具有计算机的科学技术 | | | |
| 上述所有各项再加上 | | | |
| 中央处理器 | 源 阱 | 内存储器 | 过程控制 |

人与具有和不具有计算机的科学技术的比较

在计算机发展了二十几年后, 我们知道这种协调已不是一个梦想: 今天, 信息处理不仅包括从前技术过程的片断工作, 有一些非常大的系统已经在计算机的监督下运行着。

当然, 计算机不是大脑。车轮不是腿, 挖土机不是手, 扩音器不是嘴——为什么计算机就应当是一个大脑呢? 技术解决办法总比自然原型强一些, 但一般性要差一些; 它们放大了一个特殊的机能。而且, 纯粹思维, 象逻辑推导这样按照严格规则而进行的思维, 在历史发展初期是一种豪华的活动; 中间插入的调节和补偿活动, 甚至在今天仍然是大脑的首要任务(不仅原始人喜欢为了一顿美餐或一个漂亮的姑娘而避开纯粹的思维工作)。然而, 逻辑思维从某种诡辩开始却变成了一种必需品。

计算机既不是大脑，也不是一个完全的白痴，人们有时可能会听到这种说法。我宁可用另一种比较。有人把人分成三个范畴：无教养者，他们看到的只是杂乱无章；半教养者，他们看到并遵守规则；有教养者，他们看到并赏识例外现象。计算机显然属于半教养者的范畴。迅速并准确地遵守规则，这正是计算机比人要筹高一着的特点。半教养者的另一个性质，即排斥例外现象，是计算机气氛特有的，这一点可能会有扩大的危险。强有力的工具是倾向于加强次等水平的。我担心，支持这种说法的根据在增加。

虽说单单数值能力就已足以使计算机的发明是革命性的，然而并不是数学能力使它成为智力协调的器件的。恰恰是一般符号加工能力，才使计算机与以前的任何发明有所不同。从思维、说话、书写开始，没有任何智力活动离得了符号加工。与计算机比起来，印刷书刊只是一种复制工具，然而这一工具相当可观地成倍地加速了信息的传播，并使任何人都能拥有一个称之为图书馆的私人信息储备和一个称之为报纸的在每天的任何时刻都能提供的廉价的个人新闻来源。谷登堡的发明的社会与精神后果确实是巨大的。计算机完成得还要多；它能以光速和用所有种类的现代电信工具来控制信息的传播；它的存储器即将凌驾于图书馆之上；公共计算机网络和私人操作台即将超过书籍和报纸的社会影响——预言其巨大的心理和精神后果，丝毫不必有任何顾忌。而且与只能复制信息的书刊印刷恰成明显对照的是计算机可以用于信息的选择和归并；它甚至能定义成一个有效的消除无用信息的工具，只要程序总是在这种意义下工作就行（然而，确实与书籍不同，即使最小的操作台，你都不能拿上床，而且还有许多传统工具的好处，计算机可能永远不会有）。

计算机不仅仅是象书籍这样的消极性信息源；它还是一个积极的控制器件。各种不同技术过程的计算机控制和汇集，造成广义的自动化，成为一种扩大了的人体，具有一切手艺，然而在能力，

速度,精度和可靠性方面却放大了,达到当前技术窍门所达到的限度。看来似乎我们是在使人成为不必要的了,或者是把他从历史中赶出去,或者让他每周工作零小时(其实这是一回事)。本文应当说明为什么这是不正确的。

没有任何不具有符号加工的智力活动,而从遗传密码可以得出:没有任何不具有符号加工的生命。这个主题普遍到任何一个主题所能达到的普遍程度。

1. 计 算 机

一种符号存储与代换的自动机

计算机远远不只是一个进行计算的机器,因为电子工程师为数学家所建造的东西,结果竟是一般的符号代换和符号存储二者兼而有之的一种机器。

人类大脑进行的计算并非许多人所想象的那种创造性思维过程。其中大部分是小学里学过的自动的符号代换规则。当我们看到 6×7 时,我们并没有思考。我们甚至都不足以去发动一个思考过程,因为在那样的自动过程中我们会一次又一次地陷入失败。我们是完全自动地产生出结果 42 或者 2 进 4 的。一旦体会了这一点,你就会发现,我们通常归之于积极思维的许多东西,其实不过是自动符号代换而已,其规则是我们以前学过的,而它并不是必然要求助于积极思维过程的。一般的思维处于创造性活动与自动过程之间。创造性思维的出现远比我们自以为是的场合少得多。

有许多代换规则,不仅是算术和代数中的

$$6 \times 7 = 42$$

$$6 \times 7 = 2, \text{进 } 4$$

$$(a + b)^2 = a^2 + 2ab + b^2$$

$$Dx^n = n \cdot x^{n-1},$$

几乎到处都有：

H_2O = 水

NYC = 纽约市

IFIP = 国际信息处理协会

10017 = 纽约市 RCA(美国广播公司)大楼邮政局(ZIP码)。

尽管所举的例子是些简单的规则,但在任何形式系统(有时甚至只在部分形式化的系统)中,也都有非常复杂的规则。凡是结构或过程能用规则(处方,指导手册,法则或章程细则)表达出来的地方都可以找到它们,它们实际上完全是些计算机程序。在被编成计算机程序时,科学计算和簿记过程,都是相当小的问题,因为在计算机发明以前,它们就已经被当作符号代换的机械工作来处理了。我们即将发现如何运用类似的机械工作来处理其它领域和问题。看来,为了控制好某些问题,似乎还需要一定的时间。然而,我们不仅满怀希望,我们还相信,我们知道我们的工具是万能的。

计算机所具备的那种特殊的万能性的基础在于它的逻辑结构,而那些构造第一批计算机的数学家和电学工程师一定没有意识到他们正在创造的是多么基本而万能的装置(或许冯·诺意曼意识到了,但他没有认识到程序设计语言的重要性)。只是到了十九世纪,数学书才对逻辑基础有了积极的兴趣。布尔致力于将逻辑投射于数学上。弗雷格和后来的作者,逻辑地分析了数学。然而,计算机建造者(出自技术的而非哲学的考虑),从一开始就把他们的设计放在基本逻辑函数如否定,合取,析取和单元延迟等之上了。所以,所有各种逻辑和数学就都建立在和计算机硬设备一样的基础上,而一切程序设计也是这样。寇斯特勒一度曾称科学家为梦游者,而人们在考虑到计算机是怎样产生的以及怎样变成如此万能时,确实会想起这幅图景。

从外表看来,符号代换采用什么代码和什么技术是无所谓的。二进制代码和电子技术最适宜,这是工程方面的事,而与哲学思想

不相干。甚至硬设备和软设备高度地可以相互交换，这对于一般的研究也是无所谓的，对于用户也是无所谓的，然而，这却引起了制造方面的本质问题。硬设备用软设备代替实际上意味着一个产品可以用其上面的一个形式来代替，这种荒谬的违反常识的等价性尚未来得及为科学和工业所消化。甚至连主管专利的当局都还未能真正地决定如何处理这个等价性。一个巨大的领域等待着开拓。

从外表看来，在计算机周围什么也没有，只有些符号链的输入和符号链的输出（图象仅仅是这类链的翻版）。在里面，有关的活动可以被描述为符号链的存储以及根据内在的程序化的规则（再次表现为符号链），进行符号代换。由于符号链总是可以认为是形成一种语言，对语言的哲学研究就是首先应当采取的正确步骤了。在第二步真正研究信息处理的哲学之前，我想先提出几个信息处理问题，这些问题必须用语言理论的术语来描述。

2. 记 号 学

自然语言和构造性语言的理论

哲学家们总是在一定程度上自觉地把他们的语言作为表达思想的工具。然而，只是到了十九世纪，语言本身才变成哲学研究的一个对象。推动力来了，因为在记号起重要作用的地方，研究工作发生了效用。而正是从这里得出这样的见解：语言没有下限，甚至最简单的符号集合都配称为语言，差别只在于程度而不是本质。由此可知，在信息处理中采用语言一词是合法的适当的。

语言理论或记号学基本上划分为所谓句法学、语义学和语用学的三种级别的研究。

句法学是句法级别，与语法（支配各种不同符号之间的关系的规则的集合）概念密切相关。语义学是意义级别；它描述符号与它

所表征的对象之间的关系。而语用学是包括其他一切研究的总级别：语言的应用，用户，历史和所有其他方面。由于我们要经常提到这些级别，值得较详细地定义一下。

句法学 根据莫里斯定义，句法学研究记号的组合，而不考虑它们的特定意义或它们与它们出现在其中的行为的关系。符号组合成词，词组合成句子，任意种类的元素组合成某种模式，这些组合的规则，在理想场合下是清楚的没有例外的。例如，一个形式的文本，句法上正确与否，可以十分容易地甚至自动地检查出来。给出了规则和某种选择标准（或者用象意义这样比较高级的控制，或者只是随机选择），形式文本可以由这一组规则产生出来，而得出的形式文本则可以由自动的机械来进行句法剖析（分离成句法元素）。

语义学 根据莫里斯定义，语义学研究记号在一切表示方式中的意义。检查符号或词所表达的关系与所描述的世界中那些关系是否一致的验证规则，一般来说是一个相当大的问题（我们以后将再回到这个问题上来）；在理想的场合这只能是一种构造性的语言，可以有如何确定一个文本的意义的一组规则。语义学的全部研究只能以客观意义为目标，因为它的定义排除了主观的成分。

语用学 根据莫里斯的定义，语用学在记号所出现的行为范围内研究记号的来源、应用和功能。在自然语言中，这是任何研究都不得不从此开始的地方。例如，找出用户是如何使用该语言的，然后再进一步看看，找出它的语法。对于构造性语言，吸引人的是从玩弄几组句法规则开始，但是比较好的办法还是从语用学出发：想要什么样的功能？要达到哪些目标？在上述两种场合，语用学都是语言研究的一部分，这一部分最不适合于系统化处理。

显然这三个定义是有层次的，后一个定义都包含着前一个；这三个级别之间的交界线并非总是充分确定和明白可见的，但是作

为一个原则和思维的工具来说，记号学被证明是非常方便和有效的。

为了使句法和语义完全清楚起见，下面这个表格说明了句法和语义上正确与不正确的代数表达式，其中语义是关于立方体的容积：

| | 正 确 | 不 正 确 |
|-------------|---------------|--------------|
| 句 法 上 | $a - (b + c)$ | $a) - bc) +$ |
| 语义上(在立方体场合) | $V = a^3$ | $V = a^5$ |

记号学有着进一步的分类原则。人们能区别开自然语言和构造性语言，以及对被描述对象产生前和产生后的描述，我们以后将回到这些差别上来。

记号学的另一种重要分类涉及描述的级别。谈论语言就需要一种语言。尽管自然语言适用于任何级别(如戈恩所述，它不是有层次的)，如果不指出级别，在描述中就会出现混乱。如果我们说，记号学由三个字组成，那么我们实际上指的是记号学这个词，而不是这个学科；在这种场合下很容易看出，这个语句是谈论语言的元语言语句，但最好还是使用另外的字母表或给该词加上引号(“记号学”)。谈到元语言时，需要一种元元语言，如此等等……，这个序列没有尽头。至于最终的元语言是否仍然是自然语言，或者一个构造性语言是否能成功地无二义性地定义其本身，这个问题也许有一天会得到解决。

3. 形式 和 内 容

五 种 信 息

数字计算机的一个基本特性是，任何被处理的信息都被编码

成同一种字位的序列；二进制数字或判定——类似人体，其中信息主要是以脉冲频率调制形式传播的（然而后者是一种模拟形式）。

同一形式并不蕴涵着同一内容。从句法上来说，几个字位的同一序列，根据其位置不同，可能表示不同的符号，为了得到真实和正确的翻译，必需要有恰当的时间和空间构架。然而重要的区别并不是在句法级别上，而是在语义级别上。在同一位置上的几个字位的同一序列，可能有不同的语义解释，而且根据什么来作解释并非总是一定的。在所有的机构都整顿好时，意义不变就是信息处理的主要问题了。有五种不同的信息将说明这个难点。

(1) 数值信息 纯逻辑和数值信息是最容易的情况。从对应于基底（一般系统常常是 2, 8, 10, 16）的字母表中取出一行数字，组成一个词，由数字在行中的位置定出解释。对于逻辑和数值信息，所有的处理规则在句法上的定义都很完善。

可能很难确定一个数学记号的正确意义，然而，根据定义，在原则上，任何语义问题都可以归结为基本的算术和逻辑规则。因此，说数学的所有语义都可以归结为句法是不错的。

(2) 物理信息 任何物理量都可理解为一个数值与一个量纲或单位的乘积；在一个安排良好的单位制内，在指定以单位或者联系以量纲之间没有任何本质的区别。

物理学家懂得如何从他的计算中去掉语义问题。一旦一个现象和它的度量问题弄清楚后，任何规则的物理方程所引起的所有的语义问题就都为量纲取而代之。从而物理学就可以用纯粹数学来处理，只和逻辑上极其清楚的一个量纲系统有关。因此，只要科学是物理学或象物理学那样进行的话，在所需要的信息处理中就没有任何语义问题，只有些简单的计算。这就说明了为什么数学和物理学问题用计算机求解是如此容易办到。公式化在以前就有悠久历史，而且在其计算中又没有任何语义疑问会出现。

(3) 格式化信息 在计算机硬设备中已经有一些可称为格

式化信息的東西。

應用格式也是商業信息處理中大量使用的方法。簿記書中有形式，該形式或格式中區組的意義是預先並多半是在該書之外確定的。簿記書是一個“計算器”，是一個機械裝置（即使是人的話，也必須象機器一樣固守着規則）。簿記沒有錯誤，與任何語義問題無關。這就說明了為什麼會這樣容易地給出商業信息，並把它加工到計算機中。理所當然，我們是傾向於使所有種類的信息處理都能同樣容易地進到計算機中，但這是不切實際的想法。

不知道格式化信息中格式的區組的語義定義，那末符號鏈的意義仍然是不明的。

我需要補充其它例子來說明格式化信息的語義的實際含義。這個例子來自典型統計局所處理的進出口統計量的一個實際問題。在這些數據中有許多明顯的和隱涵的關係，今天它們被饋送到計算機里，程序就利用這些關係自動地組合各種不同統計量的信息。但是存在着為程序员不一定意識到的語義上的分歧。

什麼是牛犊？你會說你是知道的，幼年的乳牛。完全正確，任何人都能理解這一點而不會把它看成是語義問題。關於參數化，人們也許會概括為這只有年齡需要考慮。一旦所有地方對小牛犊轉變為乳牛的年齡都一致了，則比較小牛犊統計量的統計問題就會解決了。不幸，事情並非如此。實際上恰當的問題是，什麼是小牛肉？因為在小牛犊問題中，經濟學主要興趣在於作為小牛肉的來源。如果你現在把小牛肉看成小牛犊的肉，那你就錯了。小牛肉是對它喂以牛乳而不是青草的小牛犊的肉。因此，年齡的參數對於這個目的來講是不滿足的。我不準備再用討論小牝牛和小閹牛，或提問是否需要小牛犊割下來的任何肉塊，對小牛肉進行分類，從而搞得更複雜化了。小牛肉和小牛犊的語義，在歐洲或世界統計學中可以作為一篇博士論文的主題，而關於小牛犊和小牛肉

的统计数字的加工,显然不可能确保意思不变。

任何句法检查方法或倍精度方法都不能改进这种状况。一旦在信息处理中确定了物理科学的牢固基础,这就是典型的,被加工的格式化信息只不过是定义事项的语义,以及这个定义是着眼于输入好呢,还是在加工输出时或者在解释结果时为好。

(4) 自然文本 当然,非格式化信息(自然语言就是这种文本),还要更成问题。确实,许多专业语言都有着大量的形式字符——配方和药单的思想。然而,从形式表达式再伸展开去,还有关于自然语言的各种性质的注释,而且对于自然语言来说,语义问题是完全没有解决的。

对于自然语言的所有实验表明:语义远非是一个可用规则控制的系统;它要求有完全的教育,并避免计算机的程序设计。从非常初级的程序设计发展中来的、避免了绝大多数语义问题的计算机缝制方法就是形式语言。这里只有一种办法使语义问题能得以控制:构造一个人工语言,并完全限制在该构造的范围中——应用形式文本代替自然文本。

(5) 形式文本 众所周知的构造性语言的一些很好的例子是代数以及逻辑代数和程序设计语言。构造性语言要有完善的句法和无二义性的含意;在其它东西之间,如何正确地构造它们并适当地描述它们是应用语言的更高级的事情,即句法和语义的形式定义,下一章将讨论到这个问题。

概括地谈一下五种信息,可以说数学,物理和传统簿记信息已经正式被形式地处理了几个世纪了,在计算机发明之前,就知道如何避免语义问题和如何使常规的加工机械化了。然而当计算机超出古典机械信息处理的可能性实现了的时候,就确立了可靠的基础,许多地方着手处理自然文本了。与一般想象相反,对于这类文本,意义不变在信息处理中是不能得到保证的。花费了大量财力的自然语言翻译的失败,是完全意料不到的。巴希勒的例子和论

断并没有得到足够认真的重视，验证规则并没有组成一个可程序化的系统。

哲学已经认识到这个事实，但计算机界人士并没有利用，也不愿采纳哲学为他们的行业所提供的东西。本文的总的思想就是为了改变这种看法。

在我着手较为一般地叙述某些有关的哲学思想之前，我想再谈谈形式定义，我认为它是解决许多计算机问题的关键。

4. 形式定义

本质的精确写照

信息处理就是符号加工，程序就是以某种形式语言书写的文本，而为了保证计算机确切地实现程序员所期望的东西，并保持意思不变，必须最精确地描述出程序设计语言的句法和语义。这种语言的描述，需要有一个元语言，而在这一级别上，再次出现了自然或形式语言的问题；程序设计语言应当形式地抑或非形式地进行描述和定义？从这个问题可以推广到所有的信息处理结构（硬设备和软设备）的描述问题，非形式地讨论这些东西是否已经够了？

关于这个问题，在形式处理与非形式处理之间的一长串的会战中，还有一个大会战在进行着。事实上很难搞清楚，为什么自然语言这一出色的工具要被抛弃？人人都掌握它，而新结构的创建也只能在自然语言中产生。我们以后将再回到这个问题，这里我想援引几个关于形式与非形式之间冲突的例子。当字母系统取代了象形文字的时候，肯定发生过一次战役。这是一个典型的重大的抽象步骤，可能而且必然提出了许多反对的论据。然而抽象化的成功挫败了所有这些论据。第二次战役发生在中世纪当数学形式化的时候。最成功的书是阿拉伯数学家阿尔·花刺子米在公元

820 年左右写的，1200 年左右译成拉丁文。代数这个词就是这本书的标题，后来传入欧洲语言的，而算法词则来源于作者的诞生地：花刺子米就是现在的乌兹别克苏维埃社会主义共和国的花刺子模地区的基发。阿尔·花刺子米在非形式化代数向形式化代数过渡时是很活跃的。在他的第一本书中，他大部分是用例子和自然语言描述了一个有着许多具有不同法律地位的妻子和儿女的穆斯林富翁的继承权问题。在后来的一本书中，就是一般地形式化地来论述代数的，并有着包括继承权问题在内的许多领域中的例子。

反对形式代数的一个论据当然就是代数的形式记号法使文本比起用自然语言描述时的复杂性要混乱和神秘得多。今天我们知道，这只不过是一个教育的问题：学习形式记号肯定需要作出一定的努力，但所得到的则是明白、可靠、比较简短的文本，更有效的思维和普遍的应用，以及可以不依赖于作者和读者的自然母语来进行理解。而这在非形式讨论中是不行的。

人们应当意识到，几何和技术制图也具有形式语言的特性。它们包含有类似的元素，然而精确的论述应当依靠代数。我无需再谈论解析几何，在二十世纪初就有一个很接近信息处理的例子。西班牙的计算仪器和自动机的发明家托雷斯·克维多于 1907 年在一次各科学院的代表的会议上提出了复杂的技术制图的形式定义。他的例子就是在一年前所发表的复数乘法的一个机械化的数学机器。托雷斯·克维多提出了一种形式描述语言，很象用计算机控制机床的程序设计语言。用这种记号法，乘法的设计可以用 31 行形式地表达出来，而具体装配也包含在该描述中。托雷斯·克维多的建议并没有为科学院所采纳，甚至科学家们有时也不一定看清方法论上的价值。

自然语言的描述永远不会是精确的、完备的或无矛盾的。它的术语所引起的内涵和联想，超出作者所能控制的范围。而当描述

一个实际上很大的结构时，象用自然语言书写结构时所必需的那样同时记住所有特性是不可能的。因此，计算机从计算工具发展为一个万能的信息处理的装置，将取决于在思维，设计和信息处理的应用中所引入的形式定义技术的速度，这是对代数的计算记号法和托雷斯·克维多的硬设备记号法的一种模拟，只是取代了它们并且扩张了。

形式定义技术的一个主要特点就是表达式的经济。尽管总是讲的很精确，必须把很多细节留给用户。换句话说，人们必须甚至能对于模糊的或明确的对象都讲得很精确，而细节则在后面或设计的其它级别里再来定义之；人们必须对于要实行的任务和要遇到的要点，给出一个确切的描写，摆脱细节而又不失去清晰性和精确性。必须可以用性质（例如用所需要的性质）而不用任意的初始元素来构造，而语义应当在句法之前就定下来，免得在意义构造之前就已作出设计，这种设计必然要成为任意句法假定的牺牲品——正如当设计不是从形式定义方法出发时，常会发生的那样。形式定义是一个计划和管理工具。

形式定义的方法能走多远呢？是否将来我们不仅能够就格式化文本的范围来进行形式的定义，使它没有任何二义性，而且也能形式地定义自然语言的句法和语义呢？为了给我们的问题得出一个答案，我们要回到哲学上来，然而现在我们将不限于考虑语言的理论，我们想通过若干很一般的问题来作一些引伸。

5. 哲 学

理解世界的尝试

哲学，与其说是自信的产物，还不如说是怀疑的产物。在一个既定的系统内，无论是心悦诚服的信仰或是自信的行动都不会需要哲学研究；哲学研究的动力在于对看来似乎显然的东西或者以

为是稳妥地确定了的东西发生了猜疑。然而，一旦唤起了好奇心，哲学家就试图利用某种原则或是利用某种在一定程度上能自动地解释宇宙的机理，来理解世界（这里我们不打算过多地考察不这样描述的哲学）。因此，哲学家就是信息处理器，他的企图与科学相类似，只不过采用不同的方法罢了。

科学与哲学之间的关系不是件容易事情。这两种对世界的看法相互补充，任何一方没有另一方实在都不行。同时，粗率地将精神、方法和结果从一方转到另一方也许是很坏的。事实上，二者的目标有着本质的差别：科学目的在于求解，可是哲学关心的是问题。科学是建立在科学家的共同看法上的，然而一个哲学家提出来作为结果的东西不但会被其他哲学家怀疑，而且往往会遭到驳斥。因此，科学家常常对于哲学十分怀疑，把它视为不安全的根据。这也许是对的，然而，人们应当决不放过一个进行学习、增长见识的机会。信息处理与哲学世界的关系要比科学的其它分支来得更为密切，因而最能从哲学见解中获得好处。从信息处理到哲学也会有相当大量的反馈；很可能计算机将有助于开创人类思想的新纪元。

早期的哲学是探索基本原理的，但对于确定的东西研究得不多。如果希望得到确定的东西，则与其说是出自思维的努力不如说是出自宗教信仰。基本上在十七世纪，作为文艺复兴的一个结果，哲学才开始试图以确定性和完善性为目标了。

象笛卡儿、莱布尼茨和斯宾诺莎之类唯理论者希望通过对人心的探索，获得清晰明白的观念，希望从分析人类的思维中得出组成世界的不可归约的基本元素，从而以这些元素为基础的组合，可以按适当的推理进行构造，这样来理解世界和较好的生活环境。莱布尼茨在1680年把他的希望表述如下：

因此，在遇有争议时，两个哲学家不会比两个计算家有更多的辩论，他们只要摆上书写工具和算盘，各自向对方说（如果他们愿

意的话,用友好的语调):让我们来算一下吧!

象洛克、贝克莱和休谟之类的经验主义者没有探索人心内部;他们希望从外部、从直接感觉得出不可归约的东西。他们的计划不仅接近科学,而且的确也为科学时代的思维作了准备,最重要的是,当代的哲学将这种企图推到了极端——推到了否定的极端。我打算分几步来说明这一点。

经验主义者说,在人心中是由记忆和联想来作出分析的,从外部看来,这和在一部机器中出现的一样。推到极端来说,这种哲学想在某些感觉输入中看到原子,而我们的全部知识就是根据联想的机理从这些原子建立起来的。莱布尼茨是把计算机作为讨论的一种辅助手段来谈论的,而经验主义者则更多地把人的思维设想为具有输入、加工器、存贮器和输出的信息处理。在拉美特利的《人是机器》一书中,很少注意人体中的信息处理结构,他的主要兴趣在于机械的以及化学的过程;在他生活的时代,关于电和神经系统知道得太少了。然而,哲学不需要知道这些东西,很早就已经对人类思维的信息处理方面研究得很多了。

特别,联想的机理是研究的一个主要课题,对此这里也应当写几句。

在一本哲学和心理学辞典中找到下述关于联想的条目:

(观念的)联想在一定程度上完全是一种联合,这种联合是根据内心对两个或两个以上具有不同内容的意识的处置中的经验并在这种经验中形成的,它具有这样一种特性:当一个内容出现时,另一个内容就趋向于以某种样式或以某种程度出现。

这听起来好象是很不可靠的机械论,但显然,人的创造力很多是与此有关的,看来创造性和可靠性的乘积似乎是有一个上限,超过上限,创造性增长意味着可靠性减小,反之亦然。这包括人工智能和联想记忆,这里我不能详细研究了。

关于联想问题的早期作者是亚里士多德。在他的《论记忆和

回忆》一文中，他区别了相似的联想，对比的联想和接近的联想。洛克第一次使用了观念的联系这个讲法，休谟增加了原因和结果的联想。后来，一个联想主义流派发展了起来，它试图确证，人类的所有知识都是以分开的、简单的和特殊的经验建立起来的。因此，所有的知识都可以分解成为这类经验，其余就没有什么东西了。知识的建成是由重复和联想产生的。这听起来难道不正象在叙述一个有雄心的联想系统的程序设计者的希望或者一个在人工智能领域中的乐观的研究者的希望吗？

在十九世纪末和二十世纪初出现了一个反对联想主义的强烈反应。联想主义的基本论点遭到排斥，并提出了非机械的原则。然而，在此同时，出现了一个新的对联想主义思想的支持，这来自生物学。越来越多地研究了神经联系的过程和生理学。人们发现这是神经生物学的基础，而且从某种意义上来说，联想的重要性远远超过了哲学家所曾想到的程度。俄国的巴甫洛夫在他所谓的联想研究中强调使用客观的方法，终于使一切行为完全脱离所有的原始(无条件)反射和条件反射。美国的华生把心理学定义为通过客观方法研究行为，并使行为主义成为一个一般原则，成为一种哲学。行为主义者以新的词汇表述了联想主义的主张(包括某些新东西)；虽然提出了新的反对意见，例如维尔茨堡学派和格式塔心理学，但在本世纪开头的三分之一年代中，大脑机能原子论观点仍占据着统治地位。

故而，在第一次世界大战前不久，对于一种逻辑学的和原子论的哲学来说，对于逻辑、数学、语言学、物理学、化学和心理学的一种共同的观点来说，一切要素都已具备了。一个年青人意识到了这种状况，设想了这样一种哲学，即关于自然界和心灵的世界的形式定义。如果说有一位计算机哲学家的话，那就是他，我们在本文其余部分将论述他的想法。

6. 完善的哲学

维特根斯坦 I 和计算机

这个年青人就是维也纳的维特根斯坦,他生于1889年,受的是工程师教育。他有着很广泛的兴趣,他的研究遍及许多领域。凡是他要做的事,他都是以令人难以置信的劲头去做。他曾是牛津的罗素和维也纳心理学家比累尔的学生。他把《数学原理》对于逻辑学和数学的贡献,原子和量子的观念对于物理学和化学的贡献,联想主义打算为心理学所作的贡献,概括为一个总的哲学体系。在1921年他第一次出版了《逻辑哲学论》一书,其主要判据是:

1) 世界就是所发生的一切东西; 2) 那发生的东西,即事实,就是事态的存在; 3) 事实的逻辑形象就是思想; 4) 思想是有意义的命题; 5) 命题是基本命题的真值函项; 6) 真值函项的一般形式是 $[\bar{p}, \bar{\xi}, N(\bar{\xi})]$; 7) 一个人对于不能谈的事情就应当沉默。

逻辑哲学论实际上是命题演算理论和把语句作为现实的一种形象的理论二者的综合。维特根斯坦的基本假设之一就是存在基本的语句,类似原子的陈述句,他把它们称为基本命题,这些基本命题在逻辑上及在事实上或为真,或为假。一个命题就是基本命题的逻辑组合。故而,在一种科学的语言中,关于现实的合式的形象的句法就是所有的基本命题的合式的逻辑组合的集合。而它的语义就是构成事实的那些组合的子集合。要寻找所有的基本命题,并检查它们的所有的逻辑组合事实上是真还是假,可能是十分复杂的,然而,对于由事实所构成的世界的完善形象的构造来说,这个方法是一个完善的算法。一旦接受了这个算法,这个格式中的任何东西就变成自明的或是同义反复的了,而人们不能用科学的或哲学的语言来谈论在此之外的任何东西。在这个格式的背后可能会出现或被指明某些神秘的东西(例如,世界全然是存在的),

可是按规矩应该默然地放过这些东西。

维特根斯坦思想的最极端的追随者则更向前走了一步，他们否认在象《逻辑哲学论》所说的构造之外任何东西的存在，根本不存在任何形而上学。尤其是维也纳小组力图搞出一个在《逻辑哲学论》意义下关于世界的完整结构，舍弃了维特根斯坦的神秘主义。这个学派一般称为逻辑经验主义，它的中心除了维也纳之外，还有牛津、芝加哥、柏林、哥本哈根、赫尔辛基和巴黎。他们研究了语言的理论，包括元语言和语义逻辑的研究。维特根斯坦的基本命题被称为记录语句（例如“1932年7月15日中午阿姆斯特丹的气温是摄氏15度”），并设想了统一的科学语言。

在计算机的时代再来看看这些思想，人们可得出一个重要的意见：维特根斯坦所试图构造的东西就是今天在计算机中已实现的宇宙，其中任何东西都归结为对于真与假之间的一种记录判定，归结为计算机的一个字位。而任何比较复杂的東西都是这种字位的一个真值逻辑组合。计算机事实上实现了维特根斯坦的哲学，计算机所讲的是很清楚的，而计算机不能谈论的，就必须默默地放过去（然而必须当心：对于周围的人来说，这不一定正确！）。计算机运行的世界是一个字位的宇宙。

人们可能希望，有些人的确在希望，控制论和信息处理将使四百年来的唯理论的努力达到顶点，即执行维特根斯坦的算法，将产生科学对现实的一个完善的描述和理解。然而，这个希望是一种妄想。

7. 语义问题

不完善对完善或维特根斯坦Ⅱ对维特根斯坦Ⅰ

维特根斯坦不单是一个把完善的哲学推至极端的哲学家。他还是唯一的一个不但认识到自己的错误，而且还创立了第二个新

的哲学的哲学家，故而，最谨慎地说来，《逻辑哲学论》是维特根斯坦 I 写的，而在他死后以标题《哲学研究》出版的新著是维特根斯坦 II 写的。

在其余生，他写出了哲学 II，其中一个词的语义取决于使用这个词的语言策略。关于自然语言和周围事物中语义的形式定义的想法完全失败了。

过失并非在于《逻辑哲学论》的逻辑，而是在于它某种程度上隐含的假定；如果它们是完全正确的，那么《逻辑哲学论》实际上就结束了哲学。

第一个错误假定就是在现实、语言和哲学中存在象原子之类的元素。一个简单的单元（那不勒斯人的手势是无数例子中的一个）经过更深入的研究，证明其本身就是宇宙，就象物理学中的原子一样。所有的记录语句都有这个性质。无须分解就很清楚的是否的判断，是人造的和构造性的世界所特有的，是逻辑的和形式的定义所特有的。在自然的世界和构造性世界之间有一道鸿沟，没有那种算法可以作为桥梁。

有一个简单的例子可以说明。工程师通过逻辑图象（例如用制图）来规定结构，因而也只有在纸面上或在计算机存储器中，这个图象才可能是理想的。一旦被送到车间里去实现，真实的产品就不再有理想的线、面、圆等等，而只是在符合于形式定义的某个公差范围内。否则，工程师有权将产品退回车间，并要求合乎规格地实现它。

生物学家则处于一个十分不同的地位。当他写一本关于狗的书时，仔细地考虑了所有关于狗的生物学知识和分类法，而以后当他看到一只狗不符合书中的描述，那么对的是狗，而错的是生物学家；他必须改写他的书。显然，人类心灵比狗还要更加属于非工程技术方面。

在构造之前的形式的描述（仅有的例外是，未知的技术装置需

要在研究后描述)和对一个生命体的结构的非形式的描述的差别,并不只是上例中包含的差别;其他诸如关于系统的基本原理,成分的基本原理,存储和发展等方面都有差别,读者还可以找到更多差别。

《逻辑哲学论》的另一个隐含的而且也是错误的假定,是把逻辑的永恒正确性应用于现实世界的逻辑图象。然而,我们对于现实世界的知识却包含着大量的有时间性的真理。实际上信息一词就包括时间性在内:人们在接收信息时就知道得更多一些。信息处理意味着在我们知识图象中的问题所涉及的部分发生着某种连续变化。然而,《逻辑哲学论》没有任何与时间有关的逻辑,它假定了可以作出现实世界的一个静态图象。

然而,就是在象公理系统这样的静态结构内,《逻辑哲学论》所期望的完备的秩序,也是不可能达到的,正如维特根斯坦的朋友,维也纳小组成员,数学家哥德尔于1931年所证明的:即便在仅包含整数的简单公理体系内,也存在有不可判定的命题。

不存在自然世界的任何完备的逻辑图象,为了理解人和宇宙,完备性的哲学并不是解决办法。哲学,正如它向来就如此的那样,总是有悬而未决的问题的。

最大的问题是语义问题。星座与模式、组合与逻辑次序通常可以通过形式定义,通过一个几乎完善的描述来补偿(我们至少可以发现在什么地方有不可判定问题,这就可以逃避完善的次序的需要)。甚至自然语言的句法也很接近于一个生产规则系统,只要这个系统设计得足够精致(而且只要例外现象是容许的)。可是现实和自然语言的含义总是而且本质上是超出任何形式系统之外的。《哲学研究》论述了这个难题。第3节中巴希勒尔的例子不仅对于自然语言的机械翻译是典型的,它也指出了由语词的不可确定的含义所反映出来的人类心灵的不可数维数。有一次巴希勒尔给了我另一个例子说明维特根斯坦 I 和维特根斯坦 II 之间的差

别；在《逻辑哲学论》的哲学中，一部交响乐和它的总谱是等同的，可是总谱的演奏却不是一个算法的实施，所有演出参加者的不可确定的人类知识都进入了演奏之中，因而就造成了一场演出与下一场演出之间的所有差别。在任何自然信息中，甚至在用非形式语言的科学陈述中，也有这种情况。

我们已经把语义定义为记号与其所指的客体间的关系。语义的真理性须经过证实。问题就在于证实上；维特根斯坦的另一个假定是，证实是可能的，因而特别地，对于现实的完备图象中所必需的一般陈述是如此。可是，与维也纳小组有关但不是成员的另一个维也纳哲学家，卡尔·坡培尔爵士业已证明，一般的证实是不可能的。

他的原理是，既然我们不能证实我们的假定，我们至少就得努力否定它们，并且只采纳那些假定，在这些假定下反证的尝试是不成功的。我们只是暂时地采纳这些假定，因为在以后某个时刻可能会证实这是错误的。最近的哲学研究似乎表明，即便是这种反证原理，也还有成问题的方面。

在非构造性场合，不存在任何普遍证实的算法：人类心灵和人类教育永远不能由计算机组织的算法系统来取代。人类和不受程序设计制约的语义学没有任何希望到达完备化。400年来哲学所曾希望的以及《逻辑哲学论》试图为它提供算法的世界的逻辑图象，我们是永远达不到的。但对于实现了《逻辑哲学论》的理想的计算机来说，这意味着什么呢？

8. 结 论

计算机、语言和社会

计算机(无论是硬设备还是软设备)是一种与现实的、活生生的世界相交往的被构造的装置。我们从哲学研究中得出的主要结

论是，在整个未来中存在着匹配的问题。当前关于获得数据和解释数据的实际困难似乎正如记号学理论所预告和阐明的那样，并且是更一般的问题的一部分：信息处理中的意义保存问题。

安全性和可靠性只能以形式定义的方式在构造性范围内达到。自动机的实质性功能的实现不仅依赖于可靠的硬设备；它也依赖于电子机器内外的程序和数据的清晰性及无二义性。通过整个系统的信息流需要关于硬设备和软设备、程序设计语言、程序及数据的形式定义。然而即使这些也还不够。假定电子系统将完全取代人们原先所做的工作以及计算机是一个特别可靠的不知疲倦的机器人同事(正如一本德文书标题所说的那样),把一个计算机系统引入一家公司、研究所或一个机关中,这很可能是不行的。计算机代替不了人,人虽然不那么有条不紊,但远远不止是一架符号代换自动机。人具有难以置信的学习能力(除了非常简单的例子外,人工智能尚不知道如何来模拟它),与计算机相反,人能注意他正在做的事情的含义,而在大多数场合下,他确实这样做。机器则只是遵循规则而已。问题在于寻找被构造的与自然的信息处理结构之间无论按细节还是按总的路线来说都是最经济的组合。

值得特别注意的是,从自然信息向构造的信息的转化,即形式结构和它的活生生的环境的联系点。这未必都是电子系统的输入、输出。我们指出了在一个在数据和现实世界之间的被称为模型的级别,这个模型不一定限于数字机器,它可以扩大到活的世界。人能够担任计算者,有理性的遵守规则的计算者和符号代换者,即莱布尼茨意义下的计算家。现在,数据和程序的实质性准备工作恰好已经是这样一种活动了,我们可以期望,这类工作的重要性将会增加,并成为信息处理的一个基本部分。

在将来,若不研究计算机对其环境带来的影响以及它的功能如何影响着公司,研究所和机关的话,就将不会使用它。很可能,在能看出并可以确定人的作用和自动机系统的作用的地方,一个

关于信息流的形式模型将要被建立起来。从哲学观点看来，很明白，计算机不会使人成为多余的。相反地，任何机器都不及计算机那样更依赖于适当的优良的监督管理。下述任务将永远是要人做的：

1) 构思形式结构；2) 以硬设备和软设备使它们实现；3) 使它们运行；4) 使它们真正地与活的世界联系起来；5) 监视和重新考虑成果。

在自然的和构造的实体之间的鸿沟，需要谨慎考虑，信息处理中意义的保存将要求越来越精确地使用术语。计算机内外所用的语言将成为今后许多年的一个中心问题。发展越来越灵巧多变的程序设计语言并不一定能解决这个问题，相反地，越来越多的受过一点教育的人却将需要并不得不使用信息处理公用装置。他们不能学习极端复杂的形式系统。有人据此得出结论说，只有以自然语言所进行的程序设计才是解决办法。我们的研究并不支持这个结论。没有人会想从代数倒退到自然语言，以自然语言来描述构造出来的关系和数字程序是很不自然的，从某一个错综复杂之点开始会造成可悲的后果。

已经有了一些这样的后果，我们为此而遭受损失；一方面我们的工程技术的精神太多了，而另一方面则太少了。我们有时把个人与社会当作仿佛是构造物那样来予以对待，但同时我们又无计划无控制地让技术滋长到自然环境中去。明晰地区别开人工的领域和构造的领域是有必要的。

信息处理可以有助于这种区别，因为它与控制是那么有关系而且甚至与语言有关系。尽管我不打算预言信息处理的未来，我还是想用一个当我考虑种种哲学研究成果的后果时浮现的想法来结束这次研究：即将来到的社会可能会需要三种语言，在未来的某个时期，任何人都要学习和掌握它们。

第一种语言就是人们在其中成长起来的，自然语言，它具有地

方的特点,并将用于会话和诗歌、电视报纸以及其它许多领域。

第二种语言也是一种自然语言,在一般问题以及科学和专业性的问题上,并且就并不想用形式语言来表达思想而言,这种语言可以当作一种国际联系纽带。当前的例子就是英语这个用于信息处理、航空和许多其它领域的国际语言。

| 类 型 | 语 言 | 目 的 | 例 子 |
|-------|---------|-----------------------|---------|
| 自 然 的 | 地 方 性 的 | 会 话 报 纸 诗 歌 等 等 | 荷 兰 语 |
| 自 然 的 | 国 际 性 的 | 专 业 性 通 信 | 英 语 |
| 构 造 的 | 标 准 化 的 | 模 型 描 述 程 序 设 计 | ISO-FOL |

第三种语言是构造性的,它更象是一个语族,而不是单种语言。它应该适用于描述和定义,计算和操作,包括所有种类的程序设计,并且涉及逻辑学、数学、物理和科学、技术和正式管理部门的所有领域。将会有一个人人都学习的,看来似乎很象是第二自然语言的一般性部分,然而它的术语有着一种为国际标准组织(ISO)所审定和注册过的形式定义,因而这种语言的名称可以是ISO-FOL(国际标准组织形式语言,ISO-FOrmal Language)。它有一个涉及逻辑代数、和数学代数的特殊部分,也许是继承ALGOL和其它传统的,它还有用于知识和技术的各个不同部门的若干族专业性语言;这种特殊部分和专业性形式语言将只是为研究相应课题或学习相应专业的人们所学习。

我可以设想出这种语言三部曲的更多的细节,读者一定也可以设想出来。让我只谈一谈为了描述和表达问题已经在语言中使

(下转第 127 页)

海底的矿物资源

〔编者按〕浩瀚的海洋占地球总面积的72%，共计36,200万平方公里，约等于陆地面积的2.5倍。海水中和海洋底下蕴藏着丰富的生物资源和矿物资源，因而被称为“蓝色的宝库”。

十九世纪以来，随着工业生产和科学技术的迅速发展，人类认识海洋和开发海洋的技术和工具也有了很大发展。因而，人类对海洋地质和海洋资源的认识，也取得了重大进展，一门综合性的海洋学新学科已经形成。现在，海洋科学技术已经成为许多国家科学技术工作的一个重要组成部分，它在军事上和经济上的重要价值，引起了广泛的重视。

海洋资源中当前最引人注意的是大陆架底下蕴藏极为丰富的石油和天然气。目前，世界上已有八十多个国家在进行海底石油勘探，其中有三十多个国家已经在开采，年产量约占世界石油总产量的20%。预计到1980年，来自大陆架地区的石油和天然气所占的比重，将提高到35%左右。

近岸海底表层也有大量重要矿物资源。浅海区可开发的矿物资源，已经在开发的就有二十多种。例如，印度尼西亚海底的锡、西南非洲海底的金刚石、阿拉斯加海底的金等。特别是澳大利亚海底的金红石（主要成份为二氧化钛，是制造火箭用固体燃料的原料）、锆英石（含锆、钍、铀等放射性元素，是原子能工业必需的原料）、独居石（含铈、钽等稀有金属，是研制新材料所必需的原料），都是军工生产和尖端科学研究所不可缺少的重要矿物资源，已成为超级大国掠夺的重要对象。

海水中也有大量矿物资源。现在，人们在海水中已经找

到了八十多种元素。有些元素的含量，比大陆上的储藏量丰富得多。例如，铀在每吨海水中含有三毫克，总含量达二百亿吨，比大陆上铀储藏量多上万倍。

现代科学技术是阶级斗争的工具。海洋科学技术掌握在帝国主义和社会帝国主义手里，就成为它们掠夺海洋资源，争夺海洋霸权的利器。现在争霸海洋已经成为超级大国争霸世界的一个重要方面。利用所谓科学技术优势，在海上横行霸道，恣意掠夺，从来就是帝国主义的一个重要特点。近年来，苏修社会帝国主义拚命抓海军和海洋科学技术，打着“公海自由”、“航行自由”的旗号，不断派遣舰队或核潜艇到世界各大洋乱窜，借以炫耀实力，千方百计地向别国谋取海军基地或港口使用权；它还打着“捕鱼自由”、“科学研究自由”的旗号，经常派出大量渔船和“研究船”到别国海域，大肆掠夺海洋渔业资源和窃取海洋科技情报，严重地损害了许多国家特别是第三世界国家的主权和经济利益。第三世界国家为维护本国海洋权和海洋资源，正进一步团结起来，同超级大国的海上霸权主义进行着斗争。

我国有漫长的海岸线，有平坦宽阔的大陆架。大陆架下面蕴藏着极为丰富的石油和天然气。在大陆架表层砂矿中，已经发现有丰富的金红石、锆英石、独居石、钛铁矿等重要的矿物资源。我国海洋研究和海洋开发工作已经开始了，它必将为高速度地发展我国社会主义建设事业提供雄厚的资源。

这里选译了几篇论述海底资源的文章，供读者参考。

海底地理区划及其含矿远景

〔美〕V·E·麦凯尔维 G·E·斯托尔茨 J·G·维德

〔内容提要〕 本文在对比大陆与洋盆的基础上，阐述了海洋地理形态和地质结构，并从其历史形成的角度，说明其中蕴藏的矿物资源的差别。作者认为大洋盆地可能包含的矿物种类，大约不会比大陆地壳丰富。

其次，本文根据现有的地质理论，结合海洋地区各种地理单元的地质特征，论述了含矿远景。海床洋底的矿物资源，如石油、砂矿等，主要分布在大陆为海水淹没的部分（陆架与陆坡）以及具有岩屑堆积的陆基与小洋盆，而深海大洋地区虽有丰富的锰结核，但其开采目前还受到技术和工艺的限制。

大洋及其毗连海域覆盖着 36,200 万平方公里的地区，约占地球表面面积的 72%。在此广大区域内，海底的地质组成及其资源远景都不是单一的，而其地理情况，包括海底和陆海交界处的形态，也极其复杂。

大陆和海洋盆地

假如把地球表面的水全部排光，而看成是干涸的，则地球的表面由两种主要的地理形态组成：大陆和洋盆。这两种形态之间的分界很明显：大陆地块平均高出洋盆盆底约 4300—5800 米，而极大高度为 6200—13000 米。它反映出下伏地壳在地质上的巨大差

异。与大洋地壳相比,大陆地壳的密度较轻,厚度较大,含硅、铝较富而含铁、镁较贫。大陆地壳和大洋地壳的成分有时分别用花岗岩和玄武岩来描述,因为作为其特征的一般火成岩都覆盖在比玄武岩壳更富含镁而贫含铝的地幔之上。大陆地壳平均约35公里厚,而大洋地壳约有5公里厚。大陆高出大洋盆地,和部分露出的冰山一样,是因为大陆地壳的密度较小,从而它们与大洋地壳在垫伏的地幔之上成漂浮平衡。

当然,大洋盆地并不是干涸的,而是充满了水的。事实上,它们不但填满了水,而且各处的海水远越过大陆边缘,淹没了几公里到几百公里的距离。大陆边缘的表面,在很多地方已受波浪的冲蚀作用而变得平坦起来,或受海洋沉积物的沉积作用而逐渐延伸,以致在世界的大部分地区都形成了接近平坦或缓慢倾斜的陆架。陆架向海一面的边缘在现今的海平面以下50—550米处。在陆架之外,大陆边缘的表面以更大的坡度折向洋盆的底部。然而,在许多地方陆坡的边缘隐伏在沉积裙的表面之下。沉积裙是由从邻近大陆侵蚀下来的岩屑组成,其表面即通常所说的陆基。

世界的海平面及其局部的位置在过去的年代里都不是一成不变的。例如,冰帽的融化自其鼎盛的更新世时期起已逐渐将世界海平面升高135—160米。沿岸的侵蚀作用、沉积作用以及地壳的构造运动,也是导致海岸线位置变动的因素。作为海岸线变动的结果,过去许多年代里海洋所覆盖的大陆要比现在大得多。事实上,在过去的某些时期里,大陆的所有部分都曾经长期沉没过,从而使海洋沉积岩广泛地分布在大陆上。

大陆和洋盆不但在外观上互不相同,其地理和地质也显示着很大的差异和变化。例如,大陆可用三类地质区来描述:

1. 山链,由经过剧烈褶皱和断裂而厚达几万呎的沉积岩以及侵入岩和喷发火成岩所组成;太平洋洋盆北部和西部边缘的岛弧就是这种山链的延续。

2. 地盾区,其下是古老的和通常经过剧烈形变的沉积岩和火成岩。

3. 古盆地、地槽和地台,其中从分布在古老地盾上的陆缘海积聚了几千呎到几万呎的沉积;现在一般是平坦的或缓慢倾斜的沉积岩低洼地区。

这些地区反映出复杂的地质历史。在地质史中,陆地的风化作用、地壳运动、光合作用和其它生物活动、浅海环境中的沉积作用,以及岩石在深部受热、受压和熔化,都导致了物质的分异,从而,大陆地壳开始分成许多种岩石和矿物类型。这样,石油、煤、硫、磷酸盐岩、灰岩、钾盐以及很多其它矿物便因生物和沉积作用而集聚于沉积岩内。铜、铅、锌、金、银、汞、萤石、铍、钨、锡和其它许多金属与非金属矿物也因大陆地壳内部发生的部分火成作用及有关的热液作用而富集起来。铁、铝、锰、金、锡和其它矿物的矿化富集则由于风化作用的结果而形成。尽管有几种矿物已经可以从海床中开采,但值得注意的是,人们现今生产并利用的全部 130 种左右矿物和燃料都在大陆上有商业性的矿源,而且根据我们现有的知识来看,只有陆地包括其沉没的边缘才有这些矿物和燃料的许多矿源。

大陆边缘和陆基之外的巨大洋盆,在地理情况上虽然变化不一,但主要有下列几种类型:

1. 洋脊和洋隆,通常称作大洋中脊和中隆,虽然它们并不总是发生在大洋的中部。洋脊和洋隆主要是世界规模的山链,它们具有很多分支,全长约 75000 哩。沿中脊顶部有狭长的断谷,是它们在许多地方表现的主要特征,就象火山和火山群那样,其中许多是冰岛一样的岛屿。

2. 洋脊两侧深海的平原和丘陵,是由于洋脊和洋隆地区受到破裂带和断层的切割,以致许多地方出现极其崎岖的地形。

3. 单个的火山或复合的火山脊,是由散布在洋盆内但时常集

合成岛群或海山群的火山。

4. 海沟和伴生的海脊,通常紧靠着洋盆边缘的岛弧或年青山链而出现的。

在某些地方,小洋盆处在两块大陆之间,或处于大陆和邻近的岛弧之间。它们的特点是有 2000 米深度以下的深海平原,而且有些在沿着边缘岛弧的一侧还有海沟。在地质上,其中许多与大陆的联系要比与洋盆的联系更为密切。

这些地理形态也有其地质基础,主要是洋底的火山成因和洋底的扩张作用。玄武火成岩沿着在地幔中巨大对流体的汇聚处的洋脊被带到地表,就如同两根连接在一起但朝着相反方向运动的传送带那样。当传送带似的对流体的载着整个洋底以每年几厘米的速度离开洋脊时,新的大洋地壳就沿着洋脊形成;老的洋壳在洋脊之内发生褶皱或沿着对流体的汇聚处被强行挤到海沟之下。这个过程的情况和历史还有许多尚待了解之处,但似乎大陆已沿着现代大西洋和印度洋的中脊裂开,并彼此相对地漂移开;而在加利福尼亚湾和红海内以及沿着非洲断谷系统,似乎大陆块正处在这种分离的过程之中。

与大陆地壳相反,大洋地壳较薄而且成分也相对的均一。在洋脊和洋隆的许多地方,玄武岩岩床就处在表面或其附近,尽管沉积物朝着洋盆的边缘方向增厚,但除了在某些小洋盆和海沟内,沉积的厚度大约都不会超过几百米。虽然有些证据提出几种金属矿床也可能发生于洋脊,但在大陆地壳中分异岩石和矿物的某些过程在深洋处受到许多限制。因此,根据现有的认识,大洋盆地不可能象大陆地壳那样出现广泛种类的矿物。事实上,锰结核是许多大型洋盆中仅有的潜在资源,尽管石油也可能在一些巨厚沉积的地区内发生,正如下文中指出的,海沟和小洋盆具有某种较好的远景。

海洋底的地理、地质和资源远景

陆架和陆坡

陆架和陆坡合称为大陆阶地，是大多数地方都在陆基之下延伸到超过陆坡麓一定距离的大陆边缘部分。这样，大陆边缘为一个地质区，而陆架和陆坡是在此地质区里的地理区，并由其表面形态来定义。虽然陆架是大陆的一部分，但在地文学意义上，陆架也可以由于波浪的切割和沉积作用而发生在大洋岛屿的周围，不过这样的陆架一般是狭窄的，充其量有几哩的宽度。作为部分大陆阶地所包括的有部分或几乎全部受陆地包围的许多大海海底，例如，北海、波罗的海、爱尔兰海、亚得里亚海、巴伦支海、喀拉海、楚科奇海、哈德森湾、黄海、东中国海、爪哇海、帝汶海、阿拉弗拉海、卡彭略里亚湾、暹罗湾和波斯湾。大陆阶地还包括分隔大多数近海岛屿与大陆的海峡和水道之下的海床，如巴士海峡、圣巴巴拉海峡和英吉利海峡。

虽然大陆架这个名称意味着它在很多地方是近于平坦或有缓慢倾斜的表面，但在邻近海岸的海底某些地方是不规则的，并由海槽或盆地分隔的脊或滩所构成，很象与很多海岸相邻的丘陵或山脉地带。这种地区有时称为边缘地。在另一些地区内，深水道可以将浅滩和大陆分隔开。沿着相对浅的北海挪威海岸有深达 800 米的狭窄海沟就是一个实例。该处有一个典型的陆架，其表面在很多地方是不平坦的。标志着陆架缘的斜坡并没有明显地变陡，而可能出现在小于 1 公里或大于 10 公里的距离内；局部地区可能有两个以上分割开的陡倾带。虽然通常认为陆架在平均水深 200 米处，其水深范围可以从 50 米到 550 米以上。海底峡谷在轮廓上与陆地峡谷相类似，局部地切割了陆架边缘和边缘地，从而增加了地形的不规则性。陆架在宽度上也是变化的，虽然认为其宽度

平均约 100 公里,但其范围从小于 1 公里到 1300 公里以上。

陆坡的界限,无论是上限,还是下限,都是变化的和难以确定的。为方便起见,有时规定陆坡终止于梯度降低到 1:40 以下的地方。如果这个规定成立,则陆坡的宽度通常在 15—30 公里之间,其下界的深度于 1000 至 4000 米以上的范围内。

大陆阶地在地质上垫伏的是大陆地壳,其中包括古老的沉积岩和火成岩,以及甚至某些地区如沿着受到波浪运动或冰蚀作用削平了的新英格兰海岸的地质。然而,大陆阶地通常包含有现在发现的相同阶地环境中沉积的一厚串年青沉积岩,并反映出大陆向海增长。由断块、礁、泥或盐的侵入体形成的砂坝造成圈闭,对沉积在某些阶地上的积聚起着重要的作用。

已经在许多地区证明,大陆阶地下面的这些沉积积聚都富含石油,它们还产生硫和盐;砂矿如金、锡、金刚石、金红石、钛铁矿和磁铁矿;以及砂、砾石、灰泥和贝壳。磷灰石也在表层沉积和基岩中发生,虽然还没有从阶地上开采。已从井口设在人工岛或毗邻陆地上的地下矿坑中开采陆架下古老岩石中的煤、锡、铜和其它矿物。目前从远离陆地的基岩中采矿并不合适,但毫无疑问,大陆阶地的岩石是当前陆地上出产的几乎全部矿物的潜在矿源,而且在海底各种地区中,这里也具有最大潜在的矿产价值。

陆基

陆基是从陆坡麓向深海平原的缓慢倾斜面。它在向海一面的边界也是不确定的,有时随意地将其规定在坡度小于 1:1000 的地方。按此定义,它可能出现在 1000 至 5000 米的深度范围内。其宽度可达 1000 公里,但在某些地区却又极其狭窄,甚至全部缺失,尤其是在有海沟的地方。和大陆阶地一样,陆基的一些延伸部分处于部分为几个沿海国家所包围的海湾或海洋之中,例如阿拉伯海和孟加拉湾的大型陆基区。

陆基是一种沉积形态,由底流、重力蠕动和混浊流从大陆搬运

到海底峡谷的沉积所覆盖。在很多地区内,陆基的沉积达 3000 米厚,从而成为地球上最大的沉积厚度。因此,其石油远景或许比大陆阶地还要大,虽然由于较大的水深,其开采需要比现有水平先进得多的工艺。

小洋盆

在大陆之间或几乎为大陆所环绕的小洋盆如地中海和墨西哥湾,或受岛弧围绕的小洋盆如加勒比海和鄂霍茨克海,都拥有深于 2000 米的广大地区。其它的实例包括白令海、日本海、南中国海、苏禄海、苏拉威西海、班达海、安达曼海、黑海和红海中的盆地。那些接受来自大陆区水系的盆地,可以包含厚达 10000 米以上的沉积岩。除开处于封闭盆地中的情况以外,一些小洋盆的沉积类似于陆基,而从总的地质情况来看,许多这种盆地是大陆型的而不是大洋型的。

由于小洋盆的巨大沉积体积,其石油资源潜力很大,可能接近于陆基,而大大超过深海平原和丘陵,以及洋脊和洋隆。硫和大量的其它矿物,也很象是其中的潜在资源。最近在红海约 2000 米的深度上发现含金属软泥,其中有少量的铜和锌。由于水深过大,目前还不能开采小洋盆的这些资源,但它们的潜在价值在将来会是很大的。

海沟和伴生脊

深洋海沟以及在某些地方与之相伴生的低脊和滩槽,位置邻近岛弧的凸侧,或沿着构造活动的沿岸山脉。大多数海沟处在环绕太平洋的边缘地带,但也有少数位于大西洋和印度洋的边缘,如波多黎各海沟和巽他海沟。海沟包括海底的最深部分,通常在大于 6000 米的深度上。海沟两壁的坡度一般在 4° — 16° 之间,虽然局部有更陡的坡度。一些海沟中可以包含巨厚的沉积,从而它们有些石油潜力,也可能比邻近的深海平原含有更多种类的其它矿物。然而,除开在一些海沟进入岛弧的浅水地区外,在今后几十年

内似乎不可能开采这些矿物。

深海平原和丘陵

深海平原和丘陵位于约 3000—5500 米的深度上,平均深度约为 5000 米。它们由相对平坦的、波状的和丘陵状的平原构成,并有大多为火山成因的海山分布。在有些地区内,由于广泛的破碎带和断层而使其表面成为崎岖不平的。未固结的沉积盖层在厚度上通常小于 1 公里;由于此地区是广大的,以致在某些有利于圈捕混浊流从大陆阶地搬运来沉积的局部地区内也可能发现略厚的堆积。下垫的岩石主要由玄武岩组成。

在深海平原和丘陵的许多地区内都富含锰结核,其中平均有锰 24%,铁 14%,镍 1%,铜 0.5%,还含有略小于 0.5%的钴。在适当地开采这种矿床之前,必须改善采矿和处理技术,而由于不久的将来仍能得到这些金属的陆地资源的供应,所以,今后几十年内很可能并不需要开采这些结核。最近,深海探险公司虽宣称它已经开始勘探,制订研究计划,并相信会导致在五年内生产金属的结果。如果能在采矿和萃取工艺上打开局面,则开采结核的前景将会改观。不管怎样,结核内富集的金属总量是如此巨大,以致它们将成为将来的一项重要资源。

除开沉积厚度超过 1 公里的局部地区之外,大部分深海平原和丘陵的石油含量都不大,而且由于其巨大的深度,以及从其它地方又能获取石油,所以,似乎在很多年内都不会开采此处的石油。在深海平原和丘陵区内,除开在近期内无勘探价值的硅质和钙质软泥以及红粘土矿床外,其它矿物资源即使不是完全没有,也是极其稀少的。虽然这个结论不仅得到海底样品和已掌握的其它资料的支持,而且从大洋地壳的特征和上面所发生的各种作用得到了广泛论据的支持,但在此海底勘探的早期阶段,对未知的和可能蕴藏的奇迹必须留有一定的余地。洋底是巨大的地方,而矿床只不过占很小的面积(例如,巨型斑岩铜矿床一般所占的面积不到 1 平

方公里),其中大多数又都是地质变动所致,所以,有些矿床可能在意想不到的地方发生。然而,即使如此,现在尚未发现,就只能认为大洋盆地的深海平原和丘陵的资源远景远不及大陆阶地、陆基和小洋盆。

洋脊和洋隆

高出毗邻深海平原 1000 到 3000 米以上的大洋山脊和坡隆,在一些地方接近于火山岛屿的表面。在脊顶通常有断谷存在,两侧有沿着切割毗邻斜坡的许多横向断裂或断层的水平错断高脊。尽管大多数洋脊和洋隆垫覆着有裸露的岩石和巨大的玄武岩,但在一些地区内还存在有薄层沉积如红粘土或软泥,而且在沿洋隆侧翼处也存在着薄层的较老沉积岩。

洋脊和洋隆上存在石油的可能性是极小的,但也不能完全排除。洋脊上可能存在铬、铂、铜和有关的金属。在洋脊的几个地方已经发现与这些矿物伴生的一些岩石。红海的含金属软泥是在一个年青的断裂带内形成的,尽管软泥和伴生的卤水表现出大陆的影响(詹姆斯,1968),在洋脊断裂带的一些封闭的盆地中可能发现类似的矿床。锰结核还发生在洋隆上,虽然并不象深海平原那么丰富。在不远的将来,比任何这些金属更能作为矿物生产源的是,如已在冰岛开采的贝壳矿床和能提供大量石灰的珊瑚。石灰是大多数洋脊火山岛屿所缺乏的。

火山和火山脊

岛屿、浅滩、山脊、平顶山和火山成因的玄武岩海山是大洋盆地中常见的。其实,大洋盆地中的大多数岛屿都是火山成因的。仅在太平洋内就已知有 1400 个以上的海山。一些海山顶是产生锰结核或石灰矿床的平坦台地,而珊瑚礁时常环绕着一些火山岛屿。在这些岛屿上发现从珊瑚礁上剥落下来的鸟粪石和磷酸盐岩,而在赤道地带的海山上还发现有海底磷酸盐。某些海山的深度较浅,如果它们有适当的富集,则可以在近期开采这种矿床。在此环境

中不象会发生其它种类的矿物。

结 论

在海洋底各种地区中，陆架、陆坡、陆基和小洋盆具有最大潜在的矿物价值。其中主要的是石油，但也还有许多其它矿物，有些在近岸处开采，有些要随着技术和经济条件的成熟才能开采。海床其它地区（接近总面积的80%）的资源远景主要是锰结核，其中含有锰、铜、镍和其它金属。这些结核中的金属总吨位十分巨大，足以引起研究突破采矿和萃取工艺的兴趣，但在几年之内将不会开采深海锰结核。在大洋盆中的一些地方也可能存在红海型金属软泥和石油，但其开采前景并不明朗。因此，根据现有的认识，在不久的将来，海床可采矿物主要限于大陆的被淹没部分和陆基与小洋盆内的岩屑堆积。正如詹姆斯(1968)所指出的：“深洋资源远景的估定，几乎完全是以现有知识和理论为基础而导出的结论，尽管这些推论似乎是合理的，但必须记住，大洋地区是巨大的，而关于其垫伏岩石的专门资料还很少”。

（译自联合国和平利用国家管辖范围以外海床海底委员会经济技术分会的非正式报告(1969年) 王少明译，刘光鼎校）

海底矿物资源

〔西德〕W·肖特^①

〔内容提要〕 本文概述了海底矿物资源的成因与产出，其中富集在海底表层中的有：近岸地区的砂矿和深水地区的磷灰石结核、锰结核和含金属软泥；蕴藏在海底表层以下的有：近海大陆架地区的石油和天然气以及煤、硫和其它金属矿产。

文中还指出海底矿物资源的经济意义：仅澳大利亚近岸砂矿中，每年就生产占世界总产量约95%的金红石、25%的钛铁矿、87%的锆英石和50%的独居石。作为世界上锡石主要产地的印度尼西亚，每年从陆架区开采一半以上的锡石。目前每年从海底开采的石油和天然气约占世界产量的20%，估计到1980年将上升到35%。深海矿物资源虽然还没有开始工业性开采和利用，但其经济价值颇值得引起注意。

几十年来，人们都用陆地上的矿产来满足自己的需要，而许多矿物原料在漫长的地质年代里却贮存在海床之中，如海相沉积铁矿，磷酸盐和锰的富集，以及油气田均属此列。因此也就不难理解，为什么在现代海洋的底部沉积物和基岩中也发现了矿物原料。

^① 作者在西德汉诺威土壤研究所工作。

海底表面的矿物原料

拍岸浪对海岸的破坏力和大气对陆地及岛屿上岩体的风化作用造成了大量的碎屑物质，这些碎屑物质主要通过河流搬运到海洋，并在海流和海水的化学作用下经历了一次大规模的分选，然后再作为沉积物落到海底。通过这些机械的和化学的作用，有时再加上生物、火山或热液的影响，不仅可以形成砂和石灰等，还可以形成具有较大经济意义的沉积矿床。

在海底表面和表层的矿物原料，或者由其周围局部特别富集的矿物组成(砂矿)，或者由再生的矿物组成。尤其是在陆架上和近岸区，陆源碎屑不断地受到冲刷，再经过拍岸浪和海流的机械分选，就形成了单一成分的砾石矿床和砂矿床，它们均可用作建筑材料。被破碎的陆地岩石中往往也含有重矿物，其比重在 2.89 克/厘米³ 以上，明显地重于石英，这些重矿物颗粒由于流动海水的机械分离作用而局部富集。我们可以在许多滨岸地区或近岸的陆架上找到这种层状的富集，这就是所谓的砂矿。有经济意义的重矿物有钛铁矿、金红石、锆英石、独居石、锡石、金和铂等，金刚石也在此列。

通过化学富集在海底重新生成的矿物建造，从矿物原料的意义上来说，首推磷灰石结核、锰结核和含金属软泥。磷灰石呈较大的结核或砂，主要产出于陆架外缘和陆坡上部水深约达 400 米处，有时也出现在大洋中孤立的海底火山锥上。磷灰石形成的条件是在海水中海底上要有较多的有机质，所以磷灰石主要产出在碎屑沉积物输入量较小的海区。在这种海区内，在特定的海岸条件下(低温，食料充沛因此植物和动物也都很丰富)，深层水上升到了海洋表面，因此磷灰石的化学析出与生物因素也有很密切的关系。有名的磷灰石矿床位于南非近海的阿古尔哈斯滩和美国加利福尼亚南部岸外。磷灰石结核也可能含少量的铈、钍、铀、钍和稀土元素。

和磷灰石一样,锰的沉淀析出物往往也呈直径达 25 厘米的结核、砂状颗粒和厚达 15 厘米的结壳。较大规模的锰结核富集主要分布在三大洋的深水区(水深 4000 米以上),但锰壳也可见于浅水区和内湖中(如密执安湖)。锰结核的主要物质成分是锰铁氧化物,此外还有不少镍、铜、钴、钼、锌和稀土元素。这些伴生元素含量的多少决定于海底的深度,并且根据新近的调查,显然也与粘土状深海沉积物的地区性发育有关。含镍、铜和钴值较高的结核主要出现在硅质沉积物中。据迄今为止的调查结果,在印度洋和大西洋结核中这些金属的含量普遍较低。

锰结核主要产出在深海底的表面,但在表层的沉积物中也曾有所发见。它们在海底的分布非常不规则,有的紧紧地挨在一起,有的则星散分布。这种不规则分布的原因尚不清楚。锰结核的矿物建造形式是同心层状的,其核心是生物残骸的化石,火山玻璃或其它固体物质。在太平洋中,至少是在太平洋的局部地区,它们在第三纪时就已经开始形成,因为人们在结核中找到了一种在第三纪时就已灭绝的鲨鱼的牙齿。迄今所能确定的结核生长率平均为每百万年几毫米。

尽管作了大量的详细调查,还没有能确切地弄清锰结核是如何在大洋的深水区中形成的,对其成因目前众说纷纭。可以肯定的一点是,结核中的锰是从陆地运移入海洋的和因海底火山活动而生成的。同时,微生物作用可能也有一定的关系。

在地质上最有意义的矿物再生建造是约在 10 年前于红海发现的含金属软泥。它们产出于与沙特阿拉伯的港口城市吉达同纬度的现代海底上的几个海渊中,水深为 2000 米以上,上覆有一层高温(达 60.1°C)和高盐度(含盐量达 326.5%)的底层海水。金属软泥中含有金属氧化物、碳酸盐和硫化物。这些金属析出物的平均含量是:铁 29%、锌 3.4%、铜 1.3%、铅 0.1%,以及 54 克/吨的银和大约 0.5 克/吨的金。这些含量在层状产出的金属软泥中是有

变动的。在有些层中锌的富集度可高达 8.9%，而铜可达 3.6%。

含金属软泥矿床位于地球上最大的一条大地构造断裂带中。年青的含金属的沉积物(晚更新世——全新世)主要是热液成因的并与红海地堑的近代火山活动有关。底层水和金属软泥的孔隙水中有高的含盐度，是因为广布在红海海底下面的中新世盐类受到强烈的浸滤作用。

海底表层以下的矿物原料

根据大量的地质-地球物理调查，特别是在第二次世界大战以后，已经知道大陆边缘地区的海底地质构造与毗连的大陆是一样的或是非常相似的。因此和在相邻的陆地上一样，可在具有同样的或相似的地质构造条件的陆架海底基岩中找到多种矿物原料，如金属矿石、石盐、硫、煤和更为重要的碳氢化合物即石油和天然气。欧洲西北部的碳氢化合物勘探活动就是一个很好的例子。

从三十年代初开始的德国西北地区的石油勘探工作清楚地表明德国西北部的沉积盆地一直向西北延伸到北海海底。从 1957 年起，德国对北海大陆架南部和中部的广大地区进行了地球物理调查。在发现一些大气田、特别是荷兰的格罗宁根陆地气田之后，于六十年代中期在北海的德国、荷兰、英国、丹麦和挪威水域开始了系统的碳氢化合物调查，结果发现了许多油气田。成串排列的气田从北海英国水域的南部经过荷兰、西德一直分布到西里西亚，它们与一个在古生代末期距今约 2 亿 5 千万年前形成的大型沉积盆地有关。第三纪时，海水淹没了丹麦、德国北部、荷兰、比利时和英国的一部分，在北海的中部和北部形成了一个沉积厚度达 3000 米以上的盆地，大型油气藏就在这里产出。英国不仅在其本土，而且也在其岸外的北海大陆架下面开采煤，这更加证明了可以根据陆地的地质情况来推断陆架区的地质情况。智利和日本海底煤田的

开采以及纽芬兰岸外铁矿砂的开采也说明了同样的问题。

海底矿物原料的经济意义

第二次世界大战以后,地球人口的剧增和各国的经济繁荣,造成了对矿物原料需要的不断增长。例如,今天人们只有在开采陆地矿藏的同时也开采陆架下面的矿藏,才能满足对石油和天然气的需要。海底下面尚未为人们所利用的原料将来也要获得经济意义。

各种海底矿物资源是通过海洋基础研究才得以发现的。例如,英国的“挑战者号”考察船在1872年—1876年间就在各大洋中用拖网捞上了第一批锰结核。磷灰石结核也同样在约100年前就被发现了。相反,最早的油田,气田和煤田是通过从陆地开始的系统调查才得以开发的。北海、加利福尼亚南部沿岸和墨西哥湾的德克萨斯与路易斯安那近海的石油勘探工作就清楚地表明了这一点。在路易斯安那近海,早在1938年就在离岸1.5公里处钻到了第一个油田。五十年代在墨西哥湾的第一批勘探工作投资并不低,而且是用陆上油田的盈利来支付的,当时尚不清楚,这种近海事业在经济上是否合算。但成功的结果表明,尽管投资很高,但在陆架上进行勘探是可行的。因此开始了一场大规模的勘探活动,并且至今已席卷了各大洋的许多大陆架。

新近发现的,最有成功希望的地区有北海和澳大利亚西北大陆架,那里不久前发现了大型气藏。北海海底的石油储量估计为12—15亿吨,天然气约为17000—20000亿立方米。北海有6个石油储量在17000万吨以上的油藏,可算世界上巨型一级的油田。目前有25%的油气储量估计分布在陆架区,世界油气年产量中约20%是来自近海油田,估计到1980年将增至35%,要达到这一点,就必须向更深的水域推进。现在在北海北部已在165米的水深中钻探,在澳大利亚西北大陆架则在365米的水深中钻井;最近,

西非的加蓬岸外的的工作水深甚至已达 600 米。因此，当前用 280 台移动式近海钻机所进行的海底油气勘探已成为一个经济上十分重要的壮举。

一些由于碎屑物质的机械分选而在浅水区形成的矿物原料目前已得到经济性开采。在北美的大西洋海岸外和北海的英国水域正在开采砂和砾石以用作建筑材料。在印度尼西亚，主要在邦加岛和勿里洞岛地区水深 60 米的近海中，正在卓有成效地开采锡石。印度尼西亚的锡产量（1970 年为 19090 吨）有一半以上来自陆架区。在有些地区，在滨岸砂中对钛矿物（金红石、钛铁矿）和锆英石的开采已延伸到浅水区；而在西南非洲，人们从沉溺在水下的滨岸砂中开采金刚石。1971 年，在澳大利亚沿岸采出了占世界产量约 95% 的金红石，25% 的钛铁矿，87% 的锆英石和约 50% 的独居石。通过化学富集而形成的矿物再生建造如磷灰石结核、锰结核和热液金属软泥目前尚未获得利用。但随着需求的增长，它们在可预见的未来将至少是部分地发挥重要作用。由此，一些工业化国家，多年来一直从经济角度出发来研究海底原料。锰结核也许可满足铜、镍和钴的长期供应，但其海洋开采暂时尚无必要。只有在所产生的大量的锰同时能获得利用的情况下，从 5000 多米深的海底开采锰结核才在经济上是合算的。在深海中对锰结核的勘查已得到了相当有意义的成果。为了要使开采经济合理化，必须大大改进从深于 5000 米的海底开采锰结核和处理这些结核的技术。金属软泥的经济利用也面临着同样的问题。在这些方面已经作了并正在进行着各种研究工作，其中有些已见成效。

人们探寻磷灰石并非仅仅因为其所含的磷可用作肥料，而是化学工业和医学工业也需要磷。但是由于大陆上广泛分布着磷矿藏，沿海国家在其大陆架上开采磷灰石在经济上是否合算，那就要因地制宜视具体条件而定了。

（摘译自西德《自然科学》杂志 1974 年 61 卷第 5 期 朱文煥译，刘光鼎校）

大 陆 架

〔美〕K·O·埃默里^①

〔内容提要〕 本文从历史演变角度论述了大陆架的特征及其规律，指出：(1)开发大陆架问题的提出是由于航海、捕鱼、石油和军事等多种需要；(2)大陆架具有平缓的坡度，一般应以坡度显著增大处作为它的界限，习惯上定为水深200米处；(3)大陆架地质的基本内容应包括地形、沉积物、岩石和地质构造等几个方面，否则难以揭示大陆架的发育历史。上述各种资料中以地质构造资料最难获取，大多以地球物理方法(磁力、重力、地震)作为主要手段，用钻探或采样作补充；(4)大陆架具有重大的经济意义，目前能提供：90%的世界海洋食物资源；20%世界油气产量；廉价的砂和砾石作建筑材料；以及重砂矿物如钛铁矿、金红石、锆英石、锡、独居石等。所有这些大陆架资源的寻找和开发，都必须建立在对大陆架地质历史及其规律的了解与认识之上。

大陆架是最先为人们所研究的那部分海底，当时主要是为了导航和捕鱼。关于大陆架的最早的记载可能是由希罗多德^②在大约公元前450年作出的。“埃及这个土地的特点是这样的，”他写道，“当一艘船向它驶进而离岸还有一天航程的时候，如果一个人要试图测量水深的话，那末甚至在11呎深度的地方，会带上淤泥

① 作者是美国伊利诺斯大学哲学博士，现在伍兹霍尔海洋研究所工作。

② 希罗多德(Herodotus)古希腊历史学家。——译者

来”。较近的例子可见于十九世纪一个水手的日记：“一次，老船长吩咐我在清晨四点把测深锤抛进海里。当时我们正从波罗的海驶往哈尔。早餐前，他登上了甲板并要看一看铅锤上的附着物，这无非是一些砂和小石子。我吃惊地看见他拣起一颗小石子放到嘴里，并试着用牙齿把它咬碎。我十分好奇地问他这是干什么，他回答说：这些小石子叫做“约克郡之豆”，如果你能把它咬碎，那末我们现在就正是在驶向道格滩的西部，如果不能把它咬碎，那末我们就是驶向其东部。”

捕鱼的成功与否往往取决于对特定鱼类所聚栖的海底特点的认识和能否避开岩石出露的海底，因为这样的海底会钩住并撕破渔网。因此，政府机构通常都编制海底地形和底质图，以帮助渔业界。但是，经常满载而归的渔民一般都自有一大套补充的经验。同样，过去二十多年来大陆架上石油和天然气的生产，也促使各国政府和国际机构对大陆架进行广泛的地质调查，这些调查有助于石油工业界找到具有最大经济远景的地区。

鉴于大陆架的经济远景近年来往往被渲染夸大，关于海洋权的政治意义也颇受重视。因此，人们现在提出了许多给大陆架重下定义的建议，旨在给大陆架在海中的延伸范围定下必要的距离和深度概念，以使一个国家能够及于推测中出产于陆架上或陆架下的资源。1953年，当这个世界尚未对海洋食物资源和矿物资源抱有象现在这样大的贪欲的时候，一个国际委员会对大陆架，陆架外缘和大陆边缘地下了如下定义：“大陆架，陆架外缘和大陆边缘地，从低潮线延至坡度向更大深度显著增大的大陆周围地带。在坡度增大的地方，宜采用陆架外缘这个术语。习惯上其外缘是取在100呎或200米处。据了解，也有坡度增加出现在大于200呎和小于60呎处的情况。当低潮线以下的地带地形极端复杂，且深度又大大超过典型陆架深度时，宜采用大陆边缘地这个术语”。

大部分地质学教科书上都采用了与上述多少相似但更为简短

的解释。在标出深度界限的地方,一般水深为 100 呎,这是从海图上只有 10、100 和 1000 呎三种等深线的时代沿袭下来的。从全球观点来看,陆架外缘的深度可为 20—550 米,平均为 133 米;陆架宽度可为 0—1500 公里,平均为 78 公里。

大陆架仅占整个海洋面积的 7.5%,但却相当于地球陆地面积的 18%。要了解这一大片地区的地质情况,需要对其地形、沉积物、岩石和地质构造有所认识。对于几乎全世界的陆架,目前多少有一些地形方面的资料,而对于约四分之一的陆架,人们对其表面沉积物略有所知,但其岩石和构造为人们知道的,还不到 10%。至于能深入细致了解的,那就更少了。了解最多的大片地区是美国、加拿大东部、西欧和日本的大陆架。为人们了解的较小片的地区是石油公司做过工作的地区(如南美洲北部的部分地区、澳大利亚的部分地区和波斯湾)和海洋研究机构反复调查过的地区(阿拉斯加西北部、加利福尼亚湾、西北非、阿根廷大陆架、红海和黄海)。

最难获取、代价也最昂贵的是关于大陆架下伏岩石和构造地质的资料。这些资料对于了解陆架的成因和历史却是最基本的。比较容易到手的海底地形和表层沉积物的资料,仅能揭示大陆架晚期的历史。

人们曾经从许多大陆架的表面,主要是从突起的小海丘和从切割大陆架的海底峡谷的坡壁和端部,用挖取法获得了一些基岩样品。此外,还有一些岩样来自毗邻的大陆坡的顶部。必须谨慎地确定这些岩样是来自露头,还是由古海流或古冰川搬运而来的碎屑沉积,还是被冰、海草、海洋动物或人类携带到目前的位置上的。通常,可根据碎屑的大小、是否有新鲜断口、某一给定的取样地区内或相邻的取样地区之间岩石类型的相似性和挖泥器缆索伸张的长度来确定。海底照相对此也很有效,可以揭露取样地区的岩石露头。此外,还可以用取心法来收集岩样,即通过自由下落或外力冲压将一根加重取心管插入海底。这种方法可以显示海底的

倾角，并在沉积物较薄的地方或首先通过水力喷射将沉积物冲开而取得被沉积物所覆盖的岩石样品。另一个更好、但也更昂贵的取岩样方法是钻井。在一些构造上引人感兴趣的陆架区曾钻了许多井，以获取地质资料，这些井提供了关于地层层序和深度，即关于原始沉积作用和地质构造的宝贵资料。在大陆架上，另外还打了几千口石油钻井，但其中大部分是打在诸如盐丘和褶皱之类的特殊地质构造上的。

地球物理方法提供了虽然是非直接的、但却是极其出色的资料。根据这些资料可以绘制地质剖面图。这种方法包括地震反射、地震折射以及磁力和重力测量，运用最成功的首推地震反射法。这种方法效率很高，并能取得海底以下几公里深处的资料，从而得以绘制地质剖面图。再用取样或钻井资料补充解释，就可以得到最佳的关于大陆架构造的资料。

如果把现有的地质和地球物理资料按全世界的范围综合起来，就可根据不同的组成将大陆架分为两种主要类型：一种是下伏有沉积层的，一种是下伏有火成岩和变质岩的。世界大部分的大陆架都以具有绵延的、巨厚的沉积层系为其顶部。许多沉积层系都因被狭长的断裂地块所阻隔而与大陆相接。几乎整个环太平洋地带都是如此，那里，构造活动也造成了与大陆坡基部平行的深海沟。在有些地区，如美国西海岸，已知有一条数千公里长的地质上的单堤。在局部地区，部分的堤出露海平面，形成了紧靠旧金山岸外的法拉隆群岛。这些岩石的年代约为1亿年，但它们仅在约2500万年前才上升成堤。另外，在亚洲的黄海中，也有数条这样的断裂堤或褶皱堤，它们在距今约5亿年的时候上升了起来，并依次拦挡来自陆地的沉积物。在距今2.7亿—0.6亿年以前，在美国整个东岸外有一条相似的堤，后来，海沟靠陆地的一侧填满了沉积物并终于溢出了过去的堤而形成了大陆坡，而该陆坡仅由于沉积物的休止角才未逾出原位。穿过大陆坡和大陆基的地震剖面

所记录到的大量崩塌和侵蚀形态说明休止角是不稳定的。

美国墨西哥湾西岸外的大陆架则受到盐丘堤的控制。这条堤形成于1.5亿年以前，是由于盐从几公里深的地层向上运动而造成的。地震剖面和挖取的岩样表明，在墨西哥东部和美国东南岸外还有另一种堤。这是一种形成于1.3亿年以前的海藻礁，它于0.25亿年前的某个时期在佛罗里达近海接上一条珊瑚礁，甚至直至今日，佛罗里达角仍与一条活的珊瑚礁相连。在世界其它地方，同样的构造堤和生物堤也在地质历史中捕留了大量的沉积物。

下伏有火成岩和变质岩的陆架区，可见于构造堤的顶部。然而，在缅因州岸外，冰蚀作用剥去了一度曾覆盖在这种堤上的沉积岩。据了解，还有一些陆架下面伏有火成岩和变质岩，但它们大部分都是出现在冰蚀作用强烈的高纬度地区。尽管如此，即使在高纬度地区，大部分陆架下面也是沉积岩。在某种意义上，我们可以认为那些主要是因冰蚀作用或波蚀作用而改观的陆架是年青的陆架（或返老还童的陆架），而那些主要是沉积而成的，在火成岩和变质岩顶部有巨厚的沉积层的陆架，可认为是成年的陆架。在大陆边缘发生沉降的同时，沉积物又使陆架抬升。实际上更重要的是，这些沉积物使大陆不断地扩展。在河流从陆地带来大量沉积物的地方，以及构造堤和其它的堤有效地阻止了沉积物逸入大洋盆，大陆可藉此增宽达800公里。这些被拦挡的沉积物，以及单纯是因休止角而固定下来的沉积物，估计平均厚度约为2公里，大陆架下面的沉积物总量可达约5000万立方公里。

大陆架历史中可能是最重要的一段时期乃是历时100万年的更新世，在这段时期中，海平面随着大陆冰川的盛衰而发生了变化。在冰川的极盛时期，它们以冰的形式贮存了大量的水，以致使当时的海平面比现在的约低150米。四次主要的冰期造成了海平面的四次下降，其间还夹杂着因气候和冰量的小规模波动而引起的小幅度下降。曾用专门的地震设备在美国东海岸外进行了一些

局部调查，结果表明在接近陆架沉积物顶部处有四到五个不太规则的声波反射面。这些反射面也许可用低海平面时期各阶段中的侵蚀作用和砂的沉积作用来加以解释。从这些地层中取出的岩心可提供许多关于更新世气候和更新世年代的资料。然而在目前，我们所掌握的关于冰川对大陆架的影响的资料大部分局限在表层沉积物和地形上。

约 50 年前，大多数地质学教科书都声称沉积物的结构离岸越远就越细：在滨岸处为砾面和砂，在陆架区就从粗砂过渡到细砂，最后到了陆架外缘就成了粉砂和粘土。但是，第二次世界大战期间编制的海底沉积物图却表明上述简单的模式是极为罕见的，而且沉积物的粒度与离岸的距离并无关系。实际样品的鉴定表明，大部分陆架上都布满着生了铁锈的、并含有软体动物空壳的粗砂，这些软体动物仅能生存在近岸浅水处。在碎屑沉积物比较难于到达的陆架外缘和小海丘上，破碎的贝壳或贝壳砂特别丰富。有些这样的地区含有海绿石和磷灰石，这是两种从海水中沉淀下来的矿物，但其沉淀速度极慢，故在有碎屑矿物存在的地方，它们往往因被掩蔽和混杂而无法辨认。唯有在从海岸起到 10 米或 20 米水深之间的地带，即波浪能起作用的浅水区，粒度是向海的方向递减的。在水深较大处，沉积物因太深而使新来的砂无法达到。同生的粉砂和粘土也往往呈悬浮状越过陆架的这些部分而逸散到更深或更平静的水域中去。

世界 70% 大陆架地区的沉积物是在最末一次冰期时海平面下降以后的 15000 年中沉积下来的。其余的陆架（在大型河流的河口处，在堤坝后面平静的水域和陆架上的盆地中）则布满了粉砂，现代贝壳的碎片和化学沉积的矿物。这说明，当海平面处于低位时，整个陆架都是出露水面的，而河流则将砂沉积在当时比较宽广的海岸平原上，并将其所挟带的粉砂和粘土搬运到大洋。当时，可能由于没有陆架来减小波高，所以那时近岸处波浪的高度可能

大大超过今天,其结果是使岸边的沉积物可能更粗一些。大面积的低地有利于池沼和湿地的形成,这些池沼和湿地充满了来自从内陆一直绵延不断地穿过如今已是海底地区的森林和草地的碎片。在美国东海岸外十个站位上和在岸上的许多点上通过取样获得了淹没在海里的淡水泥碳;在欧洲、日本等地近海也发现了相似的泥碳。

花粉分析显示了约 12000 年以前从苔藓到北方云杉和松树的植物系列,接下来便是约 8500 年以前的橡树和其它温带落叶树木,这些树木生长很茂盛,直到这个地方被淹没为止。今天许多鱼儿遨游的地方,过去却曾有鸟儿在树枝间翱翔。

当年,苍郁竞茂的植物吸引来了许多动物,但只有它们的较重的遗骨才能保存至今或较易挖地挖掘到。在美国东海岸外,人们搜集到近 50 枚猛犸象和乳齿象的牙齿,同时还采集到麝香牛、巨麋、马、獾和大树獾的骨头。据报道,在欧洲和日本近海也有类似的发现。

对取自美国东岸大陆架的 50 多个浅水样品用碳¹⁴法进行了年龄测定。这些物质包括盐渍湿地泥碳、鲕状岩(同心层状的钙质碳酸盐小球粒,一般形成于温暖、低浅而受到扰动的海水中)以及牡蛎和其它软体动物的贝壳,(这些软体动物仅能生存在几米深的水中,但其贝壳却发现在深于 130 米处)。根据年龄和深度可画出一条表示古代海平面变化的曲线。

显然,在距今约 35000 年时,海平面的位置是与现在相差无几的,但在距今约 30000 年时却开始了海退。到距今 15000 年时,海平面下降了 130 米或更多一些,然后又在距今 5000 年时以更快的速度回升至离现代海平面约 5 米处。对现代盐渍湿地下面的泥碳所做的约一百次碳¹⁴法绝对年龄测定,证明在过去的 5000 年中海平面曾发生过较缓慢的上升。对来自世界其它地区的类似样品所做的不太完全的测定也得出了与美国东岸相似的海平面变化曲

线。唯有墨西哥湾西部陆架样品的曲线有所不同，该曲线表明墨西哥湾大陆架的这一部分在过去的 10000 年中上升了约 40 米。

在距今 12000 年左右的时候，在北美大陆上出现了早期克洛维斯文化的人类，当时海平面仍非常低。毫无疑问，可以推测那时他们居住在森林密布的低地区，因为那里有丰富的猎物、鱼和牡蛎，但是，这些低地区如今已变成了陆架区。那时，他们哪里知道又何尝想到过，几千年之后这片地区就要被海水侵入并淹成泽国的呢？而现在的纽约人又哪里知道并何尝想到过，一旦剩下的冰川消融，上涨的海水将一直淹到摩天大厦的第 20 层楼呢！早先，人们曾在切萨皮克湾中的一个过去的浅滩上饱餐了一顿牡蛎，而这个地方现在已处在海平面以下 43 米。伍兹霍尔海洋研究所的调查潜艇“阿尔文号”在那里发现了当时吃剩下的残壳余贝，运到大陆架上去追索克洛维斯人踪迹的工作就是由此开始的。今后十年内可能还将有许多类似的发现。

水下砂坝在大陆架上是很常见的，但它们易于和由强大的海流所造成的砂波混淆。水下海蚀崖和水下阶地规模更大并各有其成因，它们标志着海平面的各个相对静止状态。经过研究，大部分陆架都具有 4—6 个这样的水下阶地，但这些阶地的辨认则取决于它们的宽度是否够大，轮廓是否鲜明。在坡度平缓的陆架上，水下阶地几乎难以觉察；在坡度陡的陆架上它们很窄或完全缺失；在承受了大量沉积物的陆架上，它们则是被掩埋着的。陆架的深度变化也就是这些阶地的深度变化，陆架外缘也就是最明显的阶地。有许多水道穿过水下阶地，这些水道为在低海平面时流经陆架的河流所切割。它们大部分被沉积物充填，只有用地震剖面法和在河谷口的岸上钻井方能辨认出来。穿过美国大陆架的水道可能有几百条，但现在只有十几条为人们所知。在纽约外被哈德逊河所切割的那条水道是如此巨大，以至它至今尚未被沉积物填满。

在陆架外缘附近，水道的末端与海底峡谷的首端相连，海底峡

谷顺着大陆坡直落几公里深的海底，其延续深度大大超过海平面可能的最低限度。这说明海底峡谷的形成必定是受到了某种海面以下的作用。虽然对这个问题迄今尚有争论，但大多数证据都支持了一种观点，即海底峡谷是由浊流开凿而成的。浊流就是沉积物沿斜坡向下滑动并与上覆海水混合，密度加大，并往往以高速继续顺坡而下。当前，美国东海岸外的大陆架仅受到海底峡谷的轻微改变，只是有一些海底峡谷的首端把陆架外缘切割成锯齿状。海平面处于最低位时，海底峡谷可能是影响沉积作用的重要因素。美国西海岸外的大陆架很窄，因此许多海底峡谷的首端已经几乎到达岸上。在那些地区，海底峡谷对在风成波及其伴生海流的影响下，在沿岸运动的流砂起了捕留和改向的作用。其结果是，被河流和海崖的侵蚀作用送到岸上的砂，只是暂时地逗留在海滩上。最终，它们将以低速砂流或高速浊流的形式通过海底峡谷向海中迁移。

大陆架上的海水因很浅且又靠近陆地，故其组分和运动是很复杂的。大型河流注入的大量淡水对海洋起了一种稀释作用，但它们也给局部海区增添了钙、磷酸盐、硅酸盐和硝酸盐，这些元素和成分在世界各地的海洋中经过与海洋植物和动物的结合而被还原成轻度富集。远离河口的大陆架上的水有时比远海的水含盐度还要高，因为前者的蒸发率很高。盐度（因而还有密度）的局部变化控制着陆架上潮流的方向。例如，河口处的低盐度说明了远岸处的海平面要高于远处陆架上的海平面，这就造成了海流的向右运动（从北半球面向海来看）。

然而在紧贴海岸处，沿岸流主要受波浪与海滩的交会角的控制，该角度又是风向的函数。结果是，浪蚀区的海流可能是向北的，陆架内侧的海流可能是向南的，而在外大陆架上的海流又是向北的（如在有象墨西哥湾流这样的洋流经过的陆架外缘）。在河流将大量的水注入大洋的地方，表层一定有一股流向大洋的分流，这又

造成了向海底的回流。因此，海底沉积物可能向陆地方向发生移动，并往往可进入河口。这表明河口完全是一种既从河流、又从陆架接受沉积物的短暂的形态。

陆地的温度带主要是纬度的函数，但又受到风的次要影响，而风向则是因季节而异或受到地形的控制。同样，大洋的海水在高纬度地区被冷却而在低纬度地区被加热。然而，在此同时，远海中的海流模式在北半球是以顺时针方向来置换气候带，而在南半球是以逆时针方向来置换气候带的。这种置换造成了中纬度地区陆架上覆海水的西部要比东部高。在高纬度地区，北极的水使陆架西侧的温度低于东侧。结果是，动物种类与陆架纬度的对比反映了大洋相对两侧的置换。此外，温度带在西侧被压缩而在东侧被扩展。海流、波浪和潮汐在陆架上的运动纷繁复杂，因此其研究的程度远远低于大洋，尚有待于大量的野外调查研究。

当前，勘探世界大陆架的兴趣主要集中在开发其经济潜力上。约 90% 的世界海洋食物资源（年产值为 80 亿美元）系来自大陆架及毗连海湾。大部分是供人食用和用作饲料的鱼类，剩下的大多用作肥料。

经济意义占第二位的是大陆架上的石油和天然气，目前年产值已达 40 亿美元，约相当于世界油气总产值的五分之一。可以断言，未来世界大陆架的油气生产将以高于陆地的速度不断地增长。

目前年产量和未来潜力占第三位的海洋资源是廉价的砂和砾石。现在每年开采价值约有 2 亿美元的砂和砾石，在美国是将其用于填平土地和修筑道路，在英国则是用于制造混凝土构件，在世界其他地方也不外乎这两种用途。由于城市继续扩大并热衷于向海岸地区发展，而且较易开采的河床已经采空或被房屋建筑占去，可以预料，砂和砾石近海生产将有一番很大的增长。

关于海底有价值的重矿物，即钛铁矿、金红石、锆英石、锡、独居石、铁、金和金刚石的经济开采可能性已广为报道过。从海底开

采这些矿物的年总产值目前尚不到 5000 万美元。今后的产量可能有所增长,特别是锡,但是铁的产量可能要下降。金的开采远景不是很大,金刚石的海洋开采则更少。根本问题是含锡和金的经济砂矿床仅产出在离火成岩的母矿几公里的范围内,而大陆架上很少具有含金属的火成岩体。同样,钛铁矿、金红石、锆英石和独居石要在有高能量波浪的浅滩上才能成矿,只有在这样的条件下,它们才能发生足够的富集并大到足以开采。如果古代浅滩上的矿床现今已被淹没,即使尚未被无价值的沉积物所覆盖或尚未与沉积物混杂在一起,它们的开采成本也是非常高的。将来,它们可能来不及等到在经济上可与岸上矿床匹敌,就要投入开采。出现这种局面的原因或者可能是因陆上探明矿床的减少而造成的市场供应不足,或者是由于发展出更有效的海上采矿技术和分离方法。

磷灰石大量产出于加利福尼亚南部、秘鲁、非洲东南、非洲东北和佛罗里达的大陆架上。对大量需要肥料的地方,磷灰石矿床的开采可能还是合算的。

有志于海洋开发的人们应该切记纽芬兰渔船船长的话:“从大海中我们并非是一无所获,但我们应该谨慎从事并不宜恋战”。尽管如此,如果我们对大陆架进行细致的调查,它们将可大大增加我们对地球历史的认识,并成为越来越重要的食物和原料来源。

(摘译自美国《科学的美国人》杂志 1969 年 221 卷第 3 期
朱文焕译,刘光鼎校)

苏修科技动态

——关于“气质学说”

评苏修的气质学说

施 辛

“气质学说”是苏修贩卖生理决定论货摊上的又一件陈货。“气质”是什么？据说，它是人的个性的“重要特征”之一。它既是人的性格的“天赋基础”，又施影响于人的能力；它不但制约情绪生活，而且制约思维和意志“进行的性质”；总之，它使人的“一切行为和活动”都染上气质“色彩”。作用可谓大矣！气质是哪里来的？他们说，主要取决于各人的“高级神经活动类型”。“类型”又从何而来？它由神经系统的“强度”、“灵活性”、“平衡性”三种特性的不同搭配而成，这些特性既然是“天赋”的，当然就来自娘胎了。这就是说，先天的某种神经系统机能特点，决定着人的性格、能力、情绪、思维、意志及其它。可见，剥开气质学说那一大套令人目眩的科学术语的伪装，便现出了它那生理决定论的原形。

个性的生理决定论，古已有之，而且历来不曾断种。因为一切没落的剥削阶级，总要想方设法抹煞或歪曲人的社会性和阶级性，竭力宣扬形形色色的生理决定论。气质说早在两千多年前就由古希腊奴隶主阶级代言人希波克拉特提出过。以后，又有种种奇谈怪论相继出笼。有根据人的头骨的形状大小判定其能力和性格的颅相学；有根据人的血型解释性格差异的血型说；有从人体高矮胖瘦说明个性的体型人格论。实在是五花八门，品目繁多。可惜，所有这些玩意，毕竟太拙劣、太荒唐，大多是短命的。如今，苏修贩卖生

理决定论，但又拿不出什么新货色，只好在神经类型理论基础上，发展得更加符合苏修叛徒集团的需要，并利用新的科学技术条件广作实验“论证”，给“气质学说”装上一付现代科学的面貌来骗人。

气质学说是作为个性差异理论出现的。人们之间有没有个性差异？当然有的。但是，所谓个性，是指人的意识、心理面貌的个人特点，它不过是人的社会性的特殊表现。这个共同本质，“并不是单个人所固有的抽象物。在其现实性上，它是一切社会关系的总和”。共同的社会条件和社会实践决定着人们意识的一般特点，而个人具体的社会接触和实践活动就使他思想意识活动带有一定程度的个别特征。在阶级社会中，“个性是受非常具体的阶级关系所制约和决定的”。决没有脱离了阶级本性的抽象的个性。作为人的个性的一个侧面，气质也是如此，它实际上是阶级的共同本质和个人独特风格的统一。是阶级性的集中表现。苏修一面把个性和共性加以割裂，孤立地夸大个性，以个别代替一般；一面又把个性差异归之于纯生理现象，否定人的社会性和阶级性。例如，被苏修的专家们作为气质的典型表现的“意志消沉”、“萎靡不振”，就根本不是什么神经生理特性，这种精神状态，是由一个人的世界观决定的，是人的社会阶级性的反映。当然它和人的生理基础有关，这个关系正象有头脑才能思维一样，以人的神经系统为物质基础。作为基础的神经系统的“强度”、“灵活性”、“平衡性”之类，也不是天赋的产物。堕地之初的婴儿，几乎处于目不能视、耳不会听的情况，连某些大脑解剖结构都尚未发育完全。可见，神经系统功能也是在人的生活实践和社会实践中逐步完善的。

气质论者有时似乎也承认后天生活条件对个性的影响，但那是什么影响呢？据说是对先天类型特点的“掩盖”作用。“掩盖”者，是以被掩盖物的存在为前提的。不打自招，这恰恰表明他们是生理因素决定论者，对个性起决定作用的仍然是那个先天“类型”。何况，他们指的后天生活条件，只是“没有阶级”的“发达的社会主

义”，因此那一点点“掩盖”性的“影响”也是“超阶级”的。可见，“掩盖”论倒正是暴露了气质学说的生理决定论本质的。

为了用这套货色迷惑欺骗更多的人，他们还精心杜撰了一个“气质公式”，向人们推销，说每个人可据以计算出自己属于何种气质，从而取得“气质身份证”。有理论、又有数量描述，看起来真够“科学”的了！其实，这就象当年神灵论者一样，自称发现了鬼魂，并提出了对鬼魂摄影的照象术，鬼魂既属乌有，所谓替鬼魂摄影便只能是一场无耻的骗局。然而，苏修专家们正是用这种“科学”的把戏，达到转移人们视线的政治目的，让人们一头钻进各自的神经中去揣摩“气质身份”，从而忘掉自己的社会地位、阶级身份，让人们睁眼只见人与人之间的气质差别，从而不见人与人的阶级对立，看不见苏修社会中愈演愈烈的阶级分化和阶级压迫的黑暗现实。

适应苏修经济的资本主义化，气质学说也在“职业选择”、“职业指导”之类活动上大显身手。什么样的神经特性，什么样的气质类型适合于从事什么活动，做什么工作，专家们都有“研究”。据说，粘液质的人“能严格地恪守既定的生活秩序和工作制度”，他们是“实际劳动者”；弱型的人做单调工作效果最好，这些人理应从事简单的操作；强型的、灵活型的人善于“社交”，是天生的“组织者”，他们是做头头、当领袖的好料子。你只配从事简单的劳动，那是因为你的神经类型天生如此；他能担任复杂的工作，集财富与权势于一身，那是因为他的神经类型长得特别灵，这有什么办法呢。乖乖地听天由命吧。

更有甚者，气质论者还公然宣称：“富于侵略性”是胆汁质的人的天性表现。一个“胆汁质”的人去看戏，虽然迟到了，却不顾剧场只准幕间入场的规定，横冲直撞往里闯。明知自己迟到，还反咬一口，硬说别人的钟走快了。对这种蛮不讲理的流氓无赖行径，专家们却如获至宝，成了气质论的证明材料。看戏原是小事，堂堂大学教科书何以要为之辩护？“醉翁之意不在酒”。御用学者其实在借

此宣扬一种“蛮横有理”、“强权乃天性”的谬论：上帝既造就了神经系统“强型”的人，则他们横行霸道，恃强凌弱，损人利己，你就奈何他不得，别人无可非议，他自己也难负什么责任。这样，苏修叛徒集团依仗其超级大国的军事优势，到处伸手，对弱小国家进行侵略、干涉、控制和颠覆也就有理了。有侵略者，还得有被侵略者。于是，专家们又声称，有的人神经系统是“弱型”，这种人的天赋特点是“消极防御”，生性“顺从和恭顺”。上帝真是全知全能，考虑周到，不但创造了吃羊的狼，而且创造了供狼吃的羊。不过，这个上帝不是别人，就是替苏修头子担负牧师职务而专以编造谎言为能事的帮闲文人自己。这样的学者专家，这样的气质学说，怎能不叫新沙皇疼爱不迭呢！

当年纳粹头子希特勒梦想鲸吞全球，曾何等疯狂地鼓吹种族主义和优生学，叫嚣：“强者必须统治弱者，不能与弱者混杂，从而影响了自己的伟大，”“要求劣者和弱者按照支配宇宙上一切事物的永恒意志服从优者和强者”，为他的法西斯主义制造根据；今天，苏修勃列日涅夫集团妄图称霸世界，利用气质学说，宣扬什么“强型”者“富于侵略性”，“弱型”者善于“顺从”，替其推行霸权主义制造舆论。两者这样惊人的相似绝非因为他们有一样的“气质”，而是由他们共同的阶级本质决定的。他们之间也有一些“个性”差异，如希特勒以更加赤裸裸的狂暴闻名，勃列日涅夫则以狡狴的欺骗著称。但是这些个性差异不过是其共同本性的不同表现而已。

从来不存在超政治的纯科学，一切学说都是它所属阶级的阶级利益和政治要求的理论表现。荒谬的气质学说，反映了苏修这个凶恶的社会帝国主义的政治需要，是为它的侵略和称霸世界的总目标服务的。

气 质

〔苏〕A·Γ·科瓦列夫^①

〔内容提要〕 本文是苏联1973年出版的《普通心理学》教科书中的一章，里面大肆宣扬先天决定论、生理决定论。作者认为气质是一个人行为的“天赋特点”，它使“个体的全部心理表现染上一种色彩”。神经过程的基本属性以及由这些基本属性组合而成的神经活动类型是气质的天赋自然基础。作者把人的神经活动分成四种基本类型，每一种类型都有相应的个性特征，连“富于侵略性”、“乐天达观”、“因循守旧”、“在面临危险情势时感到极度恐惧”等等也都是神经类型的表现，完全抹杀了人的社会性和阶级性。

气质的概念

气质应理解为行为的天赋特点，它对于某一个人是典型的，并表现于对生活影响的反应动力、紧张度和均衡性之中。

行为不仅依赖于社会条件，而且依赖于个体的自然组织的特点，气质正是受个体生物组织所制约，因此它很早就清楚地表现在儿童的游戏、作业和交往活动中。

气质使个体的全部心理表现染上一种色彩，它影响情绪、思维、意志行为进行的性质，影响言语的速度和节奏。同时应指出，

^① 作者是苏联心理学教授。

无论兴趣、热情、社会观点和个性的道德修养,都不依赖于气质。

揭示了高级神经活动特点的 И·П·巴甫洛夫有伟大的科学功绩。他指出,这些特点的先天结合,也就象征着那被称之为气质的东西。巴甫洛夫同他的先驱者不同,他不是象德国精神病学家克雷奇默尔那样,从身体的外部结构作研究,也不象 И·Ф·列斯加夫特那样从脉管结构作研究,而是把机体作为一个整体,并从中把大脑区分出来。首先,大脑调节着全部器官和组织的活动;其次,它把各个不同部分的活动统一和协调为一个系统;第三,它感受全部器官的活动,并在它们发出的冲动的影晌下,在功能上得到改造,同时保证维持着器官和组织的生命;第四,在直接意义上,它是有机体同外部生活条件联系的器官,保证着对这些条件的反映。

高级神经活动——气质的自然基础的类型

巴甫洛夫利用条件反射方法揭示了高级神经活动的规律性和神经过程——兴奋和抑制的基本属性。神经过程的基本属性有三:1.强度,2.均衡,3.灵活性。

神经过程的强度是神经细胞和整个神经系统工作性能的指标。强的神经系统能承受繁重的、长时间的工作任务,而弱的神经系统在这些条件下要被“毁坏”。

均衡性——此乃兴奋和抑制两种神经过程之间的某种平衡。这两种过程可能是彼此均衡的,也可能是不均衡的——一种或许要比另一种强。

灵活性——这是两种过程更迭的速率。它保证能适应情况的意外急剧的变化。

这些属性的独特的组合表征了神经活动的特定类型。

最常见的有四种类型。巴甫洛夫将其中三种归于强型,一种归为弱型。强型本身又分成均衡的和不平衡的,而均衡的又分成

灵活的(不稳定的)和安静的(惰性的)。

因此,可以划分出如下的神经系统类型:

1. 强、不均衡的(不可遏止的)神经活动类型的特征为强的兴奋过程和次强的抑制过程。

2. 强、均衡的(兴奋过程与抑制过程相平衡)、灵活的。

3. 强、均衡的、惰性的(外表比较安静、“稳重”)。

4. 弱型的特征为兴奋和抑制过程弱,神经过程的灵活性低(惰性)。

这些神经活动类型对于动物和人类是共同的。

Б·М·捷普洛夫认为“除了表征整个神经系统的一般分类学属性外,还有一些表征皮层个别部位(譬如,听觉部位、视觉部位、运动部位)和工作的部份性的(局部的——作者)分类学属性。如果说一般的分类学属性决定了人的气质,那末,部分性的属性在研究专门的能力时就十分有意义”。

气质的类型及其心理特征

巴甫洛夫把神经活动的类型跟气质混为一谈。后来的研究指出,神经活动的类型并不总是与气质的类型相吻合的。显然,影响到气质的不仅有神经系统的属性,而且还有整个个体的身体组织。神经活动的类型应作为气质的天赋来研究。譬如,已经确定了的,在其它条件相同的情况下,消极防御性的行为多半在弱型神经系统的动物身上观察到,而侵略行为则为强不均衡型个体所有。

以往许多心理学家把气质的表现归结于情感的范围。事实上,气质不仅表现在情感方面,而且也表现在思维和意志过程中,在说到人的气质时,所指的并非是孤立的心理过程的动力学,而是指整个个体行为的全部动力特点的总合(系统)。

所以,气质不外是人的行为的冲动-动力方面的最一般的特

征,它主要是表现了神经活动的属性。

现在来研究四种气质类型的特征。

胆汁质 这种类型的代表以较高的兴奋程度为特点,因而在行为上表现出不均衡性。胆汁质的人,态度暴躁,富有侵略性,率直,活动起来精力旺盛。工作上带循环性是这种人的特征。他们对于所投身的事业报以全部热情。他们准备去克服、并且实际上正在克服在通向目标的道路上的重重困难和障碍。然而,在精力消耗殆尽时,他们便失去对自己能力的信心,情绪顿时转为沮丧,而一事无成。这种循环性乃是他们神经活动不均衡性的结果之一。

多血质 巴甫洛夫把这种气质类型的代表描述为热忱和有显著工作效能的活动家,不过只是当他对于某个事业感兴趣,亦即保持持久的兴奋时是如此。当没有这种事业时,他便变得无所用心,萎靡不振。

多血质的人一般都有高的灵活性,容易适应生活条件的改变。他与人们交往迅即亲近,善于交际,在新的环境里不感到拘束。在集体里,多血质的人逗人喜爱,乐天达观,愿意从事合乎实际的事业,能心向往之。可是,如果事业不投所好,如果要求煞费苦心,持之以恒,以开展坚持不懈的活动时,他的热情霎时间冰消瓦解,就象醉心于事业时一般迅速。

多血质的人容易动感情,反复无常。这正是他之能迅速地摆脱抑郁情绪的条件之一。倘若境遇足以使他兴奋并醉心于某项事业的话,他甚至能经常保持乐观的精神状态。

多血质的人形成和改变新的暂时联系的轻易性以及高度的灵活性说明了智慧的灵敏。多血质的人大半聪明伶俐,对新事物敏感,注意力善变。他们善搞颇费周折、样式纷繁的工作,成绩卓著。要求反应敏捷并均衡的工作对他们最为合适。

粘液质 根据巴甫洛夫的描述,安静、均衡型的恬静的人始终

是平稳的、坚定的和顽强的实际劳动者。神经过程的均衡性和一定的惰性使得恬静的人能够在任何条件下容易地保持心平气和。在处于跟兴奋过程相均衡的强抑制时，他不难克制自己的冲动和勃发，严格地恪守既定的生活秩序和工作制度，不为无谓的动因所引诱。粘液质的人能够完成要求平稳地使用力量和长时间地、有条不紊地保持紧张状态(勤勉、不懈的注意和忍耐)的事情。

粘液质人的稳重，他不白白耗费自己的精力；他在对自己的力量作好估计后，就把事情一干到底。他态度平和，交际适度，不爱作空泛的清谈。

粘液质人的不足之处是他的惰性和不高的灵活性。为要诉诸行动，为要把注意力集中起来和转移到另一个目标上去，凡此种种，他都要假以时日。惰性甚至使他因循守旧，革新维艰，以致于他性格的固定性有余，而灵敏性不足。然而，这种品质——惰性也有积极的一面：它带来了沉着和踏实的品性，以及性格的一贯性和确定性。那些要求有条理的、冷静的和持久的工作能力的工作，对于粘液质的人最为合适。

忧郁质 这种类型的代表的特征是具有高度的情绪易感性，因此也比较悲观。忧郁的人有些孤僻，特别是遇到陌生人时，在困难的局面下优柔寡断。他们在面临危险情势时感到极度恐惧。

兴奋和抑制过程处于不均衡(抑制占优势)状况的弱性，致使任何强烈的作用都会遏止忧郁质的人的活动，在他身上出现了一种异乎寻常的抑制情状。即便弱的刺激作用于忧郁的人，他在主观上也是作为强的作用来感受的。所以忧郁质的人往往为无谓的动因而动感情。心理学家们将此视为忧郁的人的强烈感受能力。

在普通情况下，尤其是在好的、友爱的集体里，忧郁质的人可能交际裕如，能胜任所付托的事情，表现出坚定性，能克服困难。

四种基本气质类型的代表在同一情形里会有各不相同的表现。有这四种鲜明气质特征的朋友结伴去戏院迟到了，在这种情

形下他们各人的表现如何呢？

胆汁质的人与检票员争执起来，企图进入座池到自己的座位上去。他分辩说，戏院的时钟走快了，他不会影响任何人，打算推开检票员径直跑到自己的座位上。

多血质的人立刻明白，不能进到座池里去了，但上楼厅比较便当，就跑到楼梯上去了。

粘液质的人看到正厅是不能进去了，就想：“第一场终归不太精彩的。我还是暂且去小卖部待一会，等到幕间休息吧”。

忧郁质的人说：“我老是不走运。偶尔来一次戏院，就那样倒霉”。接着就返回家去了。（根据 A·H·达威多沃亚的材料）。

所以，气质要影响到主动性（工作能力、交际活力或社会交往）、适应变化着的条件的灵敏性以及行为的均衡性。

尽管同一个人的行为方式因所处的状况不同而异，但在对他作分析时仍必需考虑到人的类型特点，因为就是所发生的状况也表征着一定的神经系统类型。比如，胆汁质的人的典型状况是热忱或者性情激动、暴躁。粘液质的人——安详的矜持，忧郁质的人——犹豫不决，等等。因此，这种状况乃是人的类型特点的象征。当一个人对作用作出的反应异乎典型时，必须看一下作用本身的特点，然后就会明白，这种非典型反应原来也不外乎典型。比如粘液质的人仅仅在受到多次的、前后相继的作用时才发生感情激怒，可是胆汁质的人，只要有一次触犯自己的作用时即可发生。

这里举两个取自生活的带普遍意义的事例。胆汁质的人当受到刺耳的非议时，特别当自尊心受到损伤时，每每要动怒。相反地，粘液质的人冷静地听取每一个批评，倘如这种批评（甚或跟他开玩笑）重复多次，经过一天，二天，三天，那末这种作用方始招致动怒，其程度与胆汁质的人相仿。

可以认为，胆汁质的人具有能量迅速直接松弛的特点，而粘液质的人则积累、储聚起来，等到“储聚起来”的兴奋过程开始超越强

力的抑制时才松弛下来。

关于意志消沉和犹豫不决的状况亦复如此。发生这种状况，在胆汁质的人是由于长时间的紧张活动之后极度疲惫所致，可是在忧郁质的人则是由于短时间的紧张或者生活或交际境况发生根本性变化。

为了明了人的气质特点，所有这些都得通晓和考虑到。

童年期的气质表现 我们在童年期上可以看到最单纯、最自然的气质表现。孩子越大，他与世界的相互关系就越趋复杂、因而他也越经受到这个世界的影响。变化着的气质特点似乎被掩盖了起来。

在较高发展水平上区分气质的困难还由于气质的属性系与性格品质有机地交织在一起，并表现于新的态度形式之中。因此，气质的表现往往被充作性格特征（自然而然地），而反过来，性格特征被充作气质的特点的表现。

经研究证实，神经活动和气质的类型在相当早的时候就可以被发现（H·И·克拉斯诺高尔斯基）。比如，E·П·耶烈斯对三年级小学生（年龄 9—10 岁）的气质作了研究，在他们中间发现了全部所述的气质类型。И·В·斯特拉霍夫的材料也表明这一点。在三十九名作为研究对象的小学生中，有三十三名明显地表现出所述的气质特征，六名属中间类型。其中，纯粹多血质类型的有九名，胆汁质的十名，粘液质的九名，忧郁质的六名。这些指标说明，大多数小学生表现出典型气质特征的确定性、鲜明性和表现性。

（摘译自苏联《普通心理学》第十七章 周昌忠 魏庆安译，晓村校）

气质公式

〔苏〕A·贝洛夫^①

〔内容提要〕 本文作者自称“创造”了一种“简便的方法”，即计算气质的公式，说是每个人都可以根据这个公式，对照所列的“日常生活指标”，计算出自己的气质属于什么类型。这样，大家就能够“在生活中有自知之明”，不至于去做违反自己“本性”的事。其实，这不过是妄图要苏联劳动人民逆来顺受，老老实实地当新沙皇的臣民。

巴甫洛夫指出：“气质乃是每个人的最一般的特征，也是每个人的神经系统最基本的特征，而后者会给个人的一切活动打上这样或那样的烙印。”因此，知道个人心理“身份证”的各项主要指标是何等重要。但是怎样才能认清自己的气质呢？

各种复杂的实验研究方法就是为了这个目的，实验方法能相当准确地确定气质类型。但是，这种确定气质的方法，第一，不大众化；第二，太复杂。能否设想一种很简便的方法呢？我们经过思考，认为是能够用简便方法提出相当可靠指标的。

病史法就是这样一种方法。它根据“日常生活指标”，即行为的基本特点来确定气质类型，这种方法比起实验室方法来，甚至更具有某些优越性：用这种方法就可以分析人在自然环境中的行为及其心理功能，而无需研究人员的任何“导演”。虽然保持住了被

^① 作者是苏联图拉城的工程师。

试者自己的个性,但它不能不影响到结果,这也只能听其自然了。

有关个性类型特征的许多“日常生活指标”,在心理学的教科书中都提到了。我们只是把它们系统地整理一下,这就是气质的心理“身份证”,它可以自我诊断和填写。

要注意一点,在填写“身份证”时,应该回答你通常情况下的举止,而不是在万不得已时的举止。因为本世纪初,伟大心理学家冯德已证明,同一个人在不同时期可以表现出气质的所有四种类型。

现在,请你对自己、对自己的朋友和熟人作一个小小的家庭实验。你对气质“身份证”上的一些指标,如能肯定地回答的,就划上一个(十)的记号。如果在某种气质类型的“身份证”上,肯定回答数有16—20项,这就意味着,你明显地具有这种气质类型的特征。假如肯定回答数有11—15项,这就意味着,你在相当大的程度上属于这种气质类型。如果肯定回答数只有6—10项,那么你就不大明显属于该类气质的人。

现在列出如下气质公式:

$$\phi_T = X\left(\frac{A_X}{A} \cdot 100\%\right) + C\left(\frac{A_C}{A} \cdot 100\%\right) + \phi\left(\frac{A_\phi}{A} \cdot 100\%\right) + M\left(\frac{A_M}{A} \cdot 100\%\right)$$

式中 ϕ_T —气质公式; X —胆汁质; C —多血质; ϕ —粘液质; M —忧郁质; A —所有类型肯定回答的总数; A_X —胆汁质“身份证”上的肯定答数; A_C —多血质“身份证”上的肯定答数; A_ϕ —粘液质“身份证”上的肯定答数; A_M —忧郁质“身份证”上的肯定答数。

假如气质公式最后得出这样的结果:

$$\phi_T = 35\%X + 30\%C + 14\%\phi + 21\%M。$$

这就意味着,这人气质中,胆汁质占35%,多血质占30%,粘液质占14%,忧郁质占21%。

如果对某类型肯定回答数目的相对结果达到 40% 或更多, 这就意味着这种气质类型在你身上占优势。如果相对结果达到 30—39%, 那么这种气质类型的特征, 显示得十分明显。如果结果是 20—29%, 那么这种气质类型的特征就显得一般。在结果是 10—19% 时, 可以断定, 这种气质类型特征显示程度较低。

那种气质更好?

这样, 你们求得了自己的气质公式。看来, 现在你们遇到了一个问题: 它对生活到底有多大用处。古人说, 四种气质绝对均匀地混合在一起是理想的气质, 但是这种理想的气质实际上是达不到的。至于哪种气质优越, 这方面早就提出过每种气质类型的价值问题, 但是意见纷云, 自相矛盾。

现代科学不喜欢回答这样的问题, 即究竟哪一种气质最完美。每种气质都有它肯定的和否定的方面。没有头等和次等的气质。任何神经系统类型的人都能达到最高的成就。所需的只是选择对你的气质最合适的活动形式。做得到的方法之一是职业选择, 使其完全符合天赋的气质。第二个较复杂的方法是改造和培养自己适应于职业的要求。这种方法适用于精神坚强的人、适用于那些决定从事不完全符合自己“性格”特点的职业的人。他们多多少少可以克服自己的一些性格和弱点。因此, 知道自己的气质类型是必要的, 知道它就可以帮助您在生活中有自知之明。

(摘译自苏联《知识即力量》1971 年第 9 期 杨治良译 德厚校)

关于气质问题的两个具体研究^①

〔内容提要〕 这里选刊的是苏修近年发表的两篇关于气质的研究报告。《同某些个体类型特征相联系的中学高年级学生社交积极性的表现》一文，认为神经系统兴奋过程的强度与人的社交积极性有关。说强型学生是“别人倾向于他们”，较多地被选为“组织者”，而弱型学生是“倾向于别人”。不难看出，作者是企图以神经特性掩盖苏修现今尖锐的阶级矛盾。《神经系统强度和积极性水平对单调工作效果的影响》一文，认为神经系统弱型的人适合于做“单调的”工作，为他们大搞所谓“职业选择”提供依据，实际上是为加强对劳动人民的剥削制造舆论。

同某些个体类型特征相联系的中学 高年级学生社交积极性的表现

〔苏〕B·C·伊万诺娃^②

现在心理学从各个不同的方面来研究个性的积极性，其中之一就是研究社交的积极性。在我们来看，这是同人的心理的社会本质密切相联的积极性问题的重要方面之一（人的社交决定着个性品质的形成及其表现、协同活动的成效和心理一致性等等）。

① 此题是译者加的。

② 作者在苏联国立鄂木斯克体育学院工作。

许多文献都研究了同人的个性特征相联系的人们的社交活动。而且，近来人们对作为人的交往同个体类型特征之间的一种关系手段的社交问题增加了兴趣。

对同人的个体类型特征表现相联系的社交问题感到兴趣是可以理解的，因为神经系统的特征能给人的社交特征打上一定的烙印。

根据这个假设研究了神经系统强度(兴奋过程)不同的中学高年级学生的社交积极性。这个总任务可具体化为以下三部分：

1. 在各种类型的个人与个人相互联系间，比较“强型”和“弱型”学生在社交活动中所测定的地位；
2. 比较小组里“强型”和“弱型”学生的“情感扩张”；
3. 比较小组里“强型”和“弱型”学生相互选择的次数。

分析个人间接触和神经系统强度间的关系有如下几点结果：

第一，神经系统强的学生当选的平均次数是每人6.33次，神经系统强度中等的学生每人5.08次，而神经系统弱的学生每人只当选3.33次。但是，如果分别地看一看当选为组织者、博学者和朋友的次数，那么便会发现“强型学生”当选次数较多主要是靠“组织者”(原文为“朋友”，似为“组织者”之误——译者)型的选择来保证的。在选“博学者”型时“强型学生”跟“弱型学生”的次数相等，在选第三类时，“强型学生”远远不如“弱型学生”。

第二，“强型学生”和“弱型学生”在当选次数与自己选择别人的次数之间的对比关系上是不同的。“强型学生”当选的次数(社交倾向于他们)较多，“弱型学生”选择别人的次数(他们倾向于别人)较多。

由此可见，如果对社交积极性这种个性的复杂表现不是笼统地、而是分别地加以考察的话，那么便可发现神经系统强度(与兴奋过程有关)这种类型特征对个人之间的社交各个方面会产生不同的影响。

神经系统强度和积极性水平 对单调工作效果的影响

〔苏〕B·И·罗日杰斯特凡斯卡娅^①

首先应该相信,在我们的条件下,积极性水平和活动效果性之间存在着曲线关系。

在简单的单调活动条件下,同样也可能发现积极性水平和错误数量之间存在着曲线关系。同时,应该指出,形成这种关系曲线的第一种趋向(即活动随着积极性水平由低向中提高而得到改进)表现得十分明显;而第二种趋向(即积极性水平超过了某种最佳水平,活动就随着变坏)仅仅是预计的。因此,积极性因素对单调活动的结果是会产生影响的。

现在,转而谈谈第二个问题,即积极性因素同神经系统强度因素的相互作用对单调活动效果的影响问题。这个问题可以从两方面来探讨:(1)活动效果关系曲线的表现程度,是否与不同神经系统强度的积极性水平有关;(2)在单调的条件下,活动的效果性是否取决于根据各种积极性原始水平的神经系统的强度。

很清楚,按神经系统强度来区分被试验者,就会发现活动效果与积极性水平的关系曲线上存在着重大的差别:如果神经系统弱的人的曲线突出得比一般选定的更为明显的话,那么神经系统强的人,其曲线的突出形状就完全不显示出来。

一组强的神经系统人,则出现另一种情况。根据我们对神经系统强的人的实验,活动效果与积极性水平的关系,简直可以说是线性关系曲线;积极性水平愈高,工作效果愈好。

^① 作者是苏联教育科学院普通和教育心理研究所研究人员。

总之,表现在关系曲线的普遍规律中的根本区别,是在于最佳水平有着高低的差别。在单调活动条件下,对于神经系统弱的人来讲,最佳的积极性水平乃是比较低的;而对于神经系统强的人,最佳的积极性水平就比较高。

我们从另一方面来探讨积极性水平和神经系统强度两种因素的相互作用:积极性原始水平的高低,如何影响到以神经系统的强度来决定单调工作效果的。我们早已指出,神经系统较弱的人,在完成简单的单调工作时,通常要比神经系统较强的人错误犯得少。可是,在积极性水平不同的情况下,“强型”和“弱型”被试者之间错误数量的差数大小总是不固定的。在具有中等积极性水平被试者身上,这些差数表现得尤为突出。在积极性水平较高的情况下,“强型”和“弱型”被试者之间错误数量的差数就减少了。这是一方面由于“弱型”的工作质量下降,另一方面由于“强型”的工作质量却提高了。在积极性水平最高时,神经系统强的被试者则占优势。

结 论

1. 所得材料使我们能划分出在完成简单的单调活动时会影响工作能力水平的两个因素:与兴奋有关的神经系统的强度和积极性的原始水平。其中,每一种因素都会限制另一种的活动范围。

2. 在简单的单调活动条件下,神经系统弱的人,工作较有成效,可是他们在积极性水平高时,就失去了优势。

3. 在简单的单调活动条件下,只有神经系统弱的人表现出行为效果与积极性水平的U型关系曲线。

4. 在简单的单调活动条件下,神经系统弱的人和中等积极性水平相结合是完成工作最佳的(犯错误数量最少)。

(摘译自苏联《心理学问题》1974年第5期及1973年第5期
范秀、杨治良译,德厚校)

外国自然科学家的哲学观

〔编者按〕 薛定谔(1887—1961),奥地利人,现代物理学家。他的主要工作是创立了量子论的波动力学,并首先提出把量子力学运用于生物学领域,对现代物理学和生物学的发展有一定影响。同时,他又是比较注意探讨哲学问题的西方现代自然科学家之一。这里选载的,是译自他的哲学著作《我的宇宙观》一书中的部份章节。

薛定谔重视哲学,把哲学看作是认识的基础。用他自己的话来说就是:“形而上学是普遍知识和特殊知识的必不可少的基础”,是“在知识道路上前进的大军”中的“先锋队”。这里的“形而上学”指的就是哲学或“宇宙观”。但是,他寻找到的最完善的哲学却是吠檀多。

什么是吠檀多?吠檀多是古代印度的一种宗教唯心主义哲学。传下来的代表著作是吠檀多经,又称“梵经”,大约出现于公元二世纪,据说是跋陀罗衍那所著。它阐述和发挥了古印度宗教哲学文献《奥义书》的基本思想,形成一套严整的一元论唯心主义哲学体系。“梵我同一”是这个哲学的基本信条。“梵”(Brahma),即宇宙精神,永恒的、不变的唯一实在;“我”(Athman),即自我精神,或个人精神。二者之间的关系,就象有许多面的晶体与晶体显示出的许多小图象的关系;“梵”是唯一的实在,它显示的许多“我”,并没有真正把“梵”变成多。因此,在这个意义上说,“我”本身也就是“梵”,多即是一。这实际上是颠倒了个别与一般的关系,以“梵”为绝对精神的客观唯心主义。

这种客观唯心主义理论在近代传到了西方,曾被西方资

产阶级唯心主义哲学流派所利用。唯意志论的代表叔本华(1788—1860)就支持这种理论。薛定谔正是通过叔本华的哲学著作发现吠檀多哲学的。尽管薛定谔也认识到,吠檀多哲学是形而上学的、超验的和神秘主义的,要靠逻辑推理来掌握这种理论是根本做不到的。但是,他仍然吹捧吠檀多哲学的“梵我同一”论是“最伟大的思想”,“代表了对世上事件的最深刻的洞察的精髓”,是“终极的”和“永恒的”真理。

一个有成就的自然科学家,竟然如此醉心于宗教唯心主义理论,原因何在呢?读一读薛定谔的这份哲学自述是很能说明问题的。薛定谔生活在帝国主义时代,一生经历了两次世界大战,垂死的、腐朽的资本主义制度眼看就要进坟墓了。资产阶级不可避免要灭亡的社会现实,反映在西方社会的精神生活中,是伦理道德的彻底破产和悲观主义思潮的泛滥。现在,在西方,大多数人都“没有什么信仰可言”,“没有什么导师可以遵循”。结果是极端的、放荡的利己主义猖獗。因此,薛定谔感到,西方社会迫切需要树立新的伦理和新的信仰,而西方的时髦哲学和传统哲学都已经不能胜任,需要花样翻新,另谋出路。他在哲学领域中探索的结果,找到了印度的吠檀多哲学。他觉得,吠檀多哲学的“梵我同一”论,可以为人们在短暂的生命中提供“无与伦比的更高尚的伦理内容和极深刻的宗教慰藉。”为了充实西方资产阶级空虚的精神生活,只能求助于古印度封建主的精神鸦片烟,在麻醉中求解脱了。资产阶级早期那种生气勃勃的、向宗教唯心主义开炮的精神,完全没有了。现在,不得不求救于宗教唯心主义了。这也是历史的辩证法。

薛定谔象马赫、罗素一样,是一个自然科学家出身的资产阶级哲学家。他从青年时代起,就准备专门研究哲学。1918年,薛定谔三十一岁前后,曾埋头攻读斯宾诺莎、叔本华、马赫

和阿芬那留斯的哲学著作，受到了唯心主义哲学的深刻影响，成了唯心主义阵营的一员。他的这份哲学自述，完全是以职业哲学家的身份在谈论哲学问题。

值得注意的是，在这份哲学自述中，薛定谔对量子力学的哲学问题，如因果性、互补性、测不准关系等等，竟然一字不提。为什么？薛定谔自己的回答是，这些问题同他的哲学思想没有多大关系。在这些问题上，他的观点是同普朗克一致的，即持自然科学唯物主义者的观点。但是，在生命问题上，他的观点就同他的哲学思想紧密地交织在一起了。他从吠檀多哲学的“梵我同一”论出发，提出了“所有意识在本质上都是同一的”这个神秘主义的命题。他所说的意识，不仅是自我的意识，而且包括低等生物如水螅、蜗虫等的记忆、本能等等。薛定谔不得不承认，这个命题是有点儿神秘意味的，不能指望用逻辑来证明的。因此，他只能借重五光十色的唯心主义哲学谬论，从马赫的“世界要素”和阿芬那留斯的“原则同格”，到舒佩的反动透顶的内在哲学等等，说他们都“接近了吠檀多派《奥义书》的真理。”其实，抬出这些早已为伟大导师列宁在《唯物主义和经验批判主义》这部不朽名著中批臭了的哲学糟粕，只能证明：薛定谔的哲学思想也不过是信仰主义的一种精巧圆滑的形态而已，它的客观作用只能是为信仰主义扫清道路，替宗教神学招魂罢了。

途径的探索

〔奥〕E·薛定谔

泛论形而上学^①

象康德那样把整个形而上学一扫而光，是比较容易的。轻轻一口气就可以把它吹倒，而且并不需要强大的肺活量去鼓起一阵狂风，只要一股强大的勇气，就能推翻这个年代久远、受人敬重的纸牌塔成的大厦。

但不要以为这样一来实际上就把形而上学从人类知识的经验内容中排除出去了。事实上，如果我们真的排除了一切形而上学，那我们就很难对任何科学领域中哪怕是最明确规定的专业部分，作出什么明白的阐述，我们会发现这样做要难得多，说实在话，也许完全不可能。举一个很粗浅的例子来说，形而上学包括不加可否地接受放在我们面前这样一本白纸上密密麻麻印上许多黑字的书中的超物质的——亦即超验的——意义。

更深入一层说，试想人们第一次听到基尔霍夫和马赫把物理学的（也是一般科学的）任务，说成是“用最大的全面性和最经济的思想来描述事实”时，他们都会感到纳闷，感到这未免把问题说得太干巴巴、太空洞了。这种空洞感是我们克服不了的，尽管在理论上我们不得不加以肯定，甚至以热情的态度接受基尔霍夫和马赫

^① 在这篇论文中，“形而上学”一词是指西方旧哲学中探讨所谓宇宙根本原理的部分，它一般分为“本体论”（对存在的所谓“本原”和性质的研究）和“宇宙论”（对宇宙作为一个整体的“起源”和结构的研究）这两个部门。——译者

的这种提法。但是事实上(让我们老老实实在地检查一下自己),如果把这个提法看成我们的唯一目标,我们就无法在任何科学领域中推动研究工作前进。因为真正把形而上学排斥出去,等于使艺术和科学双双丧失灵魂,把它们变成毫无发展可能的枯骨。

但思辨的形而上学确已被排斥出去了。康德对它的死刑的判决是推翻不了的。康德以后的哲学,或许直到现代,都显示给我们形而上学断气前的长期痛苦挣扎。

作为一个科学家,我认为象我们这些生在康德之后的人,要能一方面在我们各个领域里逐步树立起一些障碍来限制形而上学对我们阐述真正事实的影响,另一方面又把形而上学作为普遍知识和特殊知识的必不可少的基础保存下来,这是个特别困难的任务。这个明显的矛盾就是问题之所在。我们可以形象地说,当我们在知识道路上前进的时候,我们必须让形而上学的无形的手从迷雾中伸出来指引我们,但同时又得保持警惕,以防形而上学温柔的诱惑把我们拉离大路而坠入深渊。也可用另一种形象的比较:在知识道路上前进的大军中,形而上学无疑是先锋队,它在我们不熟悉的敌境内布下一些前哨;我们不能没有这些前哨,但我们也知道这些前哨最容易遭受狙击。再换一种形象来说,形而上学并不是知识大厦的一部分,而只是脚手架,但没有这些脚手架,房子就造不下去。我们甚至可以说,形而上学在其发展过程中,可以转变为“形而下学”亦即物理科学——但这当然不是说象在康德以前有可能出现的那种转变。也就是说,决不是把原来不确定的意见逐渐建立起来,而始终是通过哲学的观点的澄清和改变来实现的。

我们怎样正确对待形而上学已经寿终正寝这一声明呢?当我们离开纯粹知识的领域而去考虑整个文化(包括伦理学问题在内)的时候,这对我们说来就是一个更加严重而且困难的问题。没有人比康德对这个问题更加敏感的了;正因为如此,所以他写了一部《实践理性批判》来解决这个问题。

近一百年,在一个方向上,西方世界取得很大的进展。这就是说,对时空事件(物理学和化学)的内容已有了彻底的知识,并在此基础上建立起一大堆光怪陆离的极广义的“机制”用来扩大人类意志(技术)的影响。谈到这里,我有必要公开声明一下,我并不认为自然科学和技术的进步(特别是后者)是欧洲这一时期具有最重大意义的事情。人们一般都欢喜自称我们这个时代为技术时代,但照我看来,在稍后一个时期人们将会按照它的最光辉和最阴暗的部分,分别称之为进化思想的时代和艺术衰落的时代。不过我只是顺便提一下,我现在要谈的是目前发挥最大作用的力量是什么。

这种局部的“象皮病”意味着在西方精神生活中,或者不管我们称它做什么,文化和知识的许多方面都被忽略了,甚至比起以前来更加衰落了。这就好象是单一器官的巨大发展对别的器官的发展产生了直接的阻碍和危害似的。许多世纪以来,自然科学受到教会的可耻奴役,但如今它已站起来了,意识到它的神圣权利和尊严使命,挟住仇恨和愤怒向它以往的迫害者猛烈攻击起来;而忘掉教会虽有许多缺陷和溺职之处,但仍旧是我们最神圣遗产的唯一指定保护者。当年古印度智慧的火花,和被约旦河边传道的那位先师重新燃起的火焰,逐渐地、几乎不为人觉察地熄灭了,在古希腊重新升起的太阳——它的光线使我们的文明开花结果——现在也黯淡下来了。这一切人们几乎一点儿也不知道了。现在大多数人都没有什么信仰可言,没有什么导师可以遵循。他们不相信上帝或诸神;在他们看来,教会现在只是一个政党,道德只不过是烦重的清规戒律;它长期以来依为支柱的那些鬼怪已经不再信得过了,因此它本身也就失掉了任何根据。结果出现了一种返祖现象;西方人类有回到他们早期发展水平(事实上并没有真正超过那个水平)的危险;极端的放荡的利己主义已抬了头,咧着大嘴在笑,它凭着人类原始习惯获得的粗暴力量,正伸手去捞我们这条船上无

人执掌的船舵。

吠檀多哲学的崇高意境

那么对哲学来说，真正的困难在于观察和思考的个人在时间和空间上的众多性。如果所有事件都发生在一个意识里，整个情况就变得十分简单。如果那样，就会有某种给定的东西，就会有一个简单数据，而这个不管结构怎样不一样，决不会给我们带来象我们手中实际有的那样大的困难。

我认为这样的困难不能在我们的理智范围里，运用无矛盾的思想来逻辑地克服。但是解决的办法很容易用语言来表达，那就是：我们所知觉的众多性只是一种现象，而并非实在。这也就是古印度吠檀多哲学学派的主要教义。吠檀多派用了许多譬喻来说明它，其中最吸引人的譬喻是把实在比作一粒有许多刻面的晶体；这粒晶体虽把一件东西表现为几百个小图象，但并不真正把这东西由一变为多。我们这些现代知识分子不习惯于把一个形象化的比拟当作哲学洞见；我们坚持要有逻辑推演。但对这种要求，逻辑思维也许能够至少向我们揭示这么多：要通过逻辑思维来掌握现象的基础，很可能根本做不到，因为逻辑思维本身就是现象的一个部分，和现象完全牵连在一起。既然如此，我们也就不妨问，我们是否仅仅因为一个形象化的比拟不能被严格证明，就逼得不能够运用它呢？在相当多的情况下，逻辑思维引导我们达到某一点之后，就丢下我们不管我们的死活了。所以，当我们面临的一个领域是这些思想路线直接打不进去，但又仿佛是它们所指引的方向时，我们就可以设法这样地充实这个领域，即使这些思想路线不是随便消失或中断，而是聚集到这一领域某一中心点上；这样做的结果无异于使我们有了一幅极其可贵的世界图景全貌，其价值是不能以我们开始时的那种严格的绝对不许含糊的标准来衡量的。科学运

用这种程序的例子有几百种之多，而且长久以来就被认为这样做是正确的。

稍后我们将试行举例来为吠檀多的基本真理意境辩护，主要是指出现代科学一些具体思想路线都聚集到吠檀多哲学上面来。首先让我们形象化地描绘一下可能引导我们达到这种见解的经验。下面所述的开头的那种具体情形换上一个别的也同样合式。我只是用来提醒读者，这种意境必须通过经验才能体会到，不能单靠在概念上认可一下就算数的。

试想你在高山上，坐在山路旁边一张长凳上，周围都是有岩石错落其间的草坡；山谷对面斜坡上乱石纵横，长了些矮桤木；山谷两边林木森森，沿着陡峻的山坡一直升到山上那片树木不生的牧羊场，就在你面前，从山谷最下面矗立起一座冰川覆顶的高峰，它的光滑的雪原和嶙峋的石面在这傍晚时分，正被落日的余辉点染上一层柔和的淡红色；所有这一切被明朗蔚蓝的天空一衬，显得异常清晰。

根据一般的看法，你现在看见的这一切，除了些微的变化而外，在你以前就已存在了千千万万年。不多年以后你就不存在了，但是森林岩石天空还会继续存在千千万万年不会发生什么变化。

是什么使你忽然从无到有来暂时欣赏一下这片始终对你漠不相关的景色呢？你的存在的条件和岩石一样悠久。几千年来，人类已在奋斗，已在生儿育女。一百年前也许有另一个人坐在这地方，和你一样凝望着冰川上的夕照，心中感到敬畏和向往。这个人和你一样也是父母所生；和你一样感到痛苦和短暂的快乐。难道他是另一个人吗？难道不就是你自己吗？你这个自我又是什么呢？是什么使这次怀孕的是你，而且刚好是你而不是别的人，这里的必要条件是什么呢？这个“别的人”能真正有什么明白易晓的科学意义可言呢？如果你的母亲没有嫁给你的父亲，而你的父亲没有娶你的母亲，你还会有么？还是说，你早就活于你父母里面，而

且活在你父亲的父亲里面……，几千年来就已如此呢？但就是这样，为什么你不是你的兄弟，为什么你的兄弟不是你，为什么你不是你的一个远房堂兄弟？根据什么理由硬要找出这种不同——你和别人的不同，然而客观地说，一切存在都是同一的，为什么呢？

这样思索下去，你会忽然间悟出吠檀多学派的基本信念是非常有道理的。你叫做属于你自己的这种知识、情感和意志的统一，会在不久前某一时刻忽然从无到有，这是不可能的。毋宁说，这种知识、情感和意志本质上是永恒和不变的，在所有的人中（事实上在有感觉的万物中）在数量上都是一。但这不是说，你是永恒无限的实在的一个部分，或一个片断，或者是它的一个方面或变形，象斯宾诺莎的泛神论中讲的那样。因为那样说，我们将会碰到同样令人困惑的问题：这里哪一部分，哪一方面是你呢？客观上使你和其他部分区别开来的又是什么？不能这样说。你是一切的一切，而且所有其他有意识的东西也是如此，尽管从一般理智看来这似乎是不可想象的。因此你现在生活着的这个生命并不仅仅是整个存在的一个片段，而是在某种意义上就是全部；只是这个全部的构成并不是一目就了然的。以我们所知，这也正是婆罗门先哲们所常讲的那个神圣而且神秘然而实际上又很简单明了的箴言“彼即汝”（*Tat tvam asi*）的意义。或者用另外的话来说，“我在东也在西，在下也在上，我是这整个世界”。

因此，你可以平躺在地上伸直身体睡在你的母亲大地身上，确信你和她、她和你是一体。你和她一样牢固和不受侵害，事实上你比她还要牢固，还要不受侵害到一千倍。明天她肯定会把你吞没掉，但同样肯定地还会使你重生，重新争斗，重新受苦。而且不仅是“某一天”，而是现在，今天，和天天日日在生你出来；不是生一次，而是千千万万次，就象天天日日吞没掉你千万次那样。因为永恒而长久存在的，只有现在；一个唯一的同样的现在；只有它才是无穷无尽的。

这个真理的意境是一切具有道德价值的活动的基础。它使一个高尚的人为一个他认为或信为善良的目的，不但去冒生命的危险，甚至在少数没有指望拯救自己的情况下，能从容就义。还有，可能是更难得的，它会引导那行善的人，在没有希望获得未来报酬的情况下，不惜牺牲自己的幸福来拯救一个陌生人的苦难。

科学思想泛论

我们方才讨论过的那个基本的真理意境含有一个观念，虽则表达得不完全而且一般化，却比较容易为现代科学思想所吸收；那就是，一系列由遗传连接起来的个体，从一个到另一个的繁殖行为，实际上并不是肉体和精神生命的中断，而只是其紧缩的表现。正由于此，所以当我们谈到我的意识和我祖先的意识的同一性时，这同我说我在熟睡以前和熟睡以后的意识是同一个意识的意义大致是一样的。通常不承认这一事实的理由，是后一例中有记忆存在，而前一例中却显然一点没有。但是今天大多数人们不得不承认至少在许多动物的本能中，我们所看到的恰恰就是这种超个体的记忆。熟悉的例子包括以下这些：鸟类筑巢，而巢总是和这一类鸟儿产蛋的多少和大小相适应的，然而这不可能是鸟儿的个别经验得来的；又如狗在临睡前“铺床”，即使在波斯地毯上也会用脚去踏，就象在草原上把草踏踏平那样。还有，猫要把自己的粪便埋掉，即使在木板的或石板地上也企图这样做，这只能说明是防止被敌人或被追捕的动物去闻到它们的臭味。

要在人类中发现同样的现象是比较困难的，因为人的内心总是意识到自己的行动，同时人们还坚信（在我看是错误的）只有完全不经过思想、完全不加考虑的行为才是本能的行为。因此，人们对强调事物主观一面的描述，诸如物种记忆的存在，表示强烈的怀疑，并否认这一大堆现象对我们讲的意识连续性有任何证明

价值。虽然如此,在人类和动物中一样,确实有一种带有强烈感情色彩的情结^①,并且毫不含糊地具有超个人记忆的痕迹:这就是两性情感的初萌,两性之间的亲力或拒力,对性的好奇心和羞耻心,等等。在恋爱时的那种无法形容的又苦又甜的心情,特别是那种严格选择对象的倾向,这一切最明显地表明有一种只存在于个人意识内而不普遍存在于物种中的特殊记忆痕迹。

再举个例子:这种人类亘古递传下来印象(西门称为 Engram)的“回忆”(西门称为 Ekphoria),还可在人们日常生活中一些“吵架”现象上看出来。有人侵犯到我们的权利(不管是事实,还是我们觉得),我们立刻就感到非得狠狠对付一下不可,要责备,辱骂,等等。我们“发火”了,脉息加速,头脑充血,肌肉紧张,发抖好象触电那样,而且往往不由自主地要采取行动。一句话,整个机体已经看得出准备去作我们千百万祖先在类似情况下真正作出过的行动;打击侵犯者并保卫自身,这对我们祖先说来,这样做是完全对的和必要的。但对我们来说,这往往不必要。虽说如此,这类情况我们还是控制不住。即使一个人完全明白要他真的动手,他是决计不会干的,或者知道这样会对自己不利,因此他连脑筋都不会认真动一下;特别是,当他的头脑正在自觉地和全神贯注地考虑最好还是动口而不动手时,因为(我要说)只有用口能保护他不吃大亏,就如同他的祖先们在他们的情况下用拳头一样;尽管如此,一个有这种倾向的人有时还是不免诉诸武力。这说明,他的整个返祖机制严重地妨碍了他采用自己的办法保卫自己。我们的祖先在同样情况下只知道“上呀!上呀!”由于潜在于我们心中的物种记忆在作怪,所以控制自己时,我们就感到很苦痛。有时我们还是不听理性呼声,而只一味盲目行动,结果就造成大错,后悔莫及。

在这些特殊的事例里,我们特别看得出,我们祖先经历的侵

^① 情结:原文是 *Complex*,作者加了重点,表示他是从变态心理学借用了这个名词。——译者

入，看得出我们生命中有一层不是在我们自己个人生活中形成的更早的存在，并起着明显的作用。这样类似的例子还可举出很多；诸如“同情心”、“憎恶心”；对某些无害动物的厌恶；到了某些地方觉得很安逸，等等。但不仅是这些例子可以证明人的意识的连续性或同一性；即使没有上述的这些例子，我们还是可以肯定这是真理。

我的有意识生命视我的机体组织，尤其是我的中枢神经系统的特殊结构和作用方式而定。但是这些结构和作用方式在因果关系上和遗传关系上又视我之前就已存在的机体组织的结构和作用方式而定，这些全都和有意识的精神生活相联系，而且这一连串的生理事件并没有任何中断的地方；相反，每一个这样的机体都是下一个机体的蓝图，也是其制造者和材料，从而使它的一个部分长成为它本身的一个复本。请问在这一系列事件中，我们该把新意识的开端放在哪里呢？

但是我脑子的特殊结构和形成的习惯，我的个人经验，事实上，一切我真正叫做我的人格的一——这些肯定不是由我祖先的遭遇老早决定了的！如果后面这句话是指我个人的一系列祖先而言，那当然不是如此。说到这里，我们就必须慎重考虑一下在这一节开头时讲的那个不完全的陈述包括哪些范围。因为，我称之为我的较高级的精神自我的结构，在本质上确实是从我祖先的经历那里得来的，但这不是说它完全或主要地限制在我自己祖先这一范围里。如果我下面所要说的不仅仅是玩弄辞藻的话，那么读者就必须弄清楚一点，即决定一个人的发展过程的是两种因素：(a) 他的基因的特殊安排，和(b)作用于他的特殊环境格局。读者还必须知道，这两种因素的性质完全相同，因为基因的特殊安排，以及它所包含的一切发展的可能性，都是在更早的环境影响下并主要依靠这些环境而发展起来的。现在你看，精神人格的涌现，多么和环境的影响整个儿密切联系着，而这些影响又是同类成员(有的活

着，有的死了)的精神人格直接造成的。而且要始终记住，我们这些科学家可以而且必须把所有这些“精神的”影响看作是别人的机体组织对我们自己的机体组织(就是说，我们的脑神经系统)直接限制和修正，因而这些影响在原则上和我们自己历代祖先们在我身上引起的影响，并没有什么不同。

没有什么自我是独立的。在每个自我的背后都拖着一条由肉体事件和作为整体的一个特殊部分的精神事件形成的长链，而自我就是这条长链的反应者和延续者。随时通过自我的机体、特别是它的脑神经系统的情况，同时通过教育、传统，并由于语言、文字、文献、习俗、生活方式、新形成的环境……一句话，通过千言万语也讲不完的事物，通过这一切，自我不仅仅和它的祖先的遭遇连起来，自我不仅仅是这一切的产物，而毋宁说，在最严格的意义上，它和这一切就是同一个东西：是这一切的严格的、直接的继续，正如五十岁的我是四十岁的我的继续那样。

值得注意的是，虽然西方哲学家们几乎普遍承认，个人的死亡并不意味着生命本质的终结；但除了柏拉图和叔本华而外，几乎没有什么哲学家考虑到和以上见解逻辑上密切相关的另一个更深刻、更亲切和令人鼓舞的见解：那就是，个人的诞生也同样如此，它并不表明我第一次被创造了出来，而只表明我好象是从酣睡中慢慢醒过来那样。这样一来，我就能看到，我的希望和努力，我的忧虑和恐惧，是同生活在我之前的千百万人们的希望和努力，忧虑和恐惧一样的，而我也可以希望千百年后我在千百年前的渴望得以实现。思想的种籽只有作为我的某些祖先思想的继续，才能在我里面发芽；也不是什么新的种籽，而是古老的神圣生命之树上的一个蓓蕾，早已注定了在这时开放的。

我很清楚，虽然有了叔本华的哲学和吠檀多的经典《奥义书》，但大多数读者虽则会认为我提出的是一个可喜的和恰当的比喻，但不会同意所有意识在本质上都是同一的这个命题，有什么真正

的实际价值。甚至有人会对一家人的意识是同一的这个论点提出异议说,一般说来父母两个生几个儿女,而父母继续活下去,所以是多而不是一。此外,一个人童年记忆的完全消失,好象也表明意识不是连续的。但在我看来,这种从谱系上引起的逻辑和算术的矛盾,倒是一个正面的证明,因为我觉得这恰恰就是意识同一性的主张实际上为科学(如遗传学)所证实了的地方,因此这种矛盾和整个吠檀多论点联系起来看,也就变得无力了,起码可以说明,把算术运用到这些事情上是极端不可靠的。至于记忆的彻底丧失(这肯定在许多人的内心深处,是这种生理的虚幻不朽性的最可疑的地方!),即使不从什么形而上学的角度看它,也可以认为,为了形成这样东西,这块可以用来模塑的蜡一遍又一遍地搓平,是多么地会适应的呵!而这样东西即使象叔本华所设想的那样,不想被形成,但事实上仍旧在被形成之中。

再论非众多性

根据佛旺的实验,如果把淡水中的褐水螅切成两半,即使你切得很不均匀,弄得所有触角都在这一半上,而另一半上一根也没有,但是这两个部分都会发展成小型的但是很完整的水螅,而且这个实验还可以重复下去。处在这样阶段上的机体,并不只有水螅才是这样;理查·西门对蜗虫就作过同样的实验,结果也如此。西门对此特别有兴趣,因为他看到,这些丧失部分的再生和较高级的记忆中的联想重现极其相似,而他这样看是不无道理的。西门同样看到高级动植物从胚胎阶段起的整个进化过程的经常重演,和人背一首读熟的诗的现象相似。这不仅仅是一种比喻,而是说这两种现象都真正可以纳入西门称之为物种“记忆”那个更高级的概念之内。由于这些看法和理由都可在西门的著作中读到,所以我在这儿不准备多说,只想指出,虽然这种说法对于西门的眼光狭隘的

同行专家们没有多大吸引力，但却受到 A·佛勒尔无比热情的赞扬，而佛勒尔既是有名的精神病学家，又是有名的动物学家，所以是少数最有资格对西门提出的比拟作出判断的人。

我之所以在这里介绍这种切割实验，其理由如下。我要读者能设想自己处于水螅的地位。我们没法不承认我们这些处于生命阶梯上的远亲，具有某种意识，姑且不管这种意识是多么地模糊和笼统。而这种意识在切开的两半上，将显得和水螅未切开时的意识一样，是未分割意识的继续。这一点不能用逻辑来证明，但我们觉得任何其他看法都是无意义可寻的。所谓把意识分开或增加，这句话本身就毫无意义。在整个世界上，没有一个范围内可以找到复数的意识；只是因为个人在时一空上可以有复数，所以我们就想到意识也可以有复数，但这完全是虚构。正由于这是虚构，所以整个哲学就无力从下面所说的矛盾中挣扎出来；这种矛盾的造成是由于一方面从理论上说，贝克莱的唯心论是避免不了的而且是必须接受的，但另一方面这种哲学对实在世界的了解却完全无用。要解决这个矛盾，对我们来说，只有向《奥义书》的古代智慧中去找，除此没有别的现成办法。

如果意识不是一个形而上学的 (*singulare tantum*)^①，就很难理解，便是在人的单独意识的范围内为什么不会表现出众多性来；因为把我们的机体组织，甚至把我们的神经系统，描述为单独的个体，是大有问题的。我们的机体组织是一个细胞和器官的“城”，其中有些成员如血球、精子以及意义稍有不同的脊椎个别神经结，都有相当高度的独立性。看一下生物界的其他部分还告诉我们，组成一个“城”的不同成员的单独生存能力在程度上是不同的，各种可设想的中间状态都有，形成一个连续的顺序。我们还发现高级动植物的各个部分完全是相互依存的，只不过动物和植物

^① *singulare tantum* 拉丁语法名词，意为“只有单数”；作者借用这个词表明意识之没有单数并不仅仅是语言习惯造成的。——译者

之间有这样一个区别：动物身体的各个部分所完成的分化类型，使它被切开相当一部分后，肯定会导致这一部分的死亡，有时甚至是这一部分和另外那个部分的同时死亡；但植物却不同，只要条件合适，切开来的两个部分都可以继续活下去。处在另一极端的是一些由空间上各自分开的个体所组成的动物“国家”，它的成员都有相当高度的独立性——诸如蚂蚁、白蚁、蜜蜂和人类。但在这两个极端之间，我们已经讲过，有许许多多处于中间状态的成员；所以把“城”和“国家”等字眼用于这些事例上看成纯粹的比喻或比拟，那就大错特错了。一个人或一个蚂蚁真正脱离了（生物的）统一体的国家而只靠自己，他或它就不能生活下去，其原因和脱离了统一机体的细胞或高等动物的器官根本不能存在下去的原因一样。因为分化或特化过了头，分开来的部分和机体的其他部分失去了接触，它所需要的环境条件也就被剥夺了。但是如果给它提供这些环境条件，那么就是一个脱离了整个机体组织的器官也能继续活下去，就象医学上的移植实验所证明了的那样。

拿处于中间状态的生物形式来讲，有可分割的机体如水螅和蜗虫等，以及以分裂为其通常繁殖方法的低级生物。佛旺就举过一个特别有趣的例子。属于腔肠动物的管水母，身上有许多较明显地分化或特化的器官，有的是作移动之用的，有的是作进食之用的，有的是为了繁殖，有的是为了保卫自己。但这些器官在一定程度上仍然独立存在，如游泳钟就能脱离亲体而作为水母型结构物而独立活下去。

为了进行比较，这样看一下生物界，使我们懂得自己在机体组织上真正是什么一种情况：我们只是在很有限的意义上是一个统一的，有界限的不可分割的“细胞国家”。我的经验使我对我的自我统一性极端有把握，但是如果我抱着这种流行的占优势的见解不放，企图从一个机体组织个体的表面和相对的同一体性中，去得出我的自我的同一性来，那么我就不免要碰上一大堆问题，但每一问

题看来显然都是一个假问题。譬如说,为什么恰好是在一连串统一体(细胞、器官、人体、国家,事实上它们之成为统一体是我们外加的)等级的中间阶段上——也就是说,为什么恰好是在我的身体这一统一体阶段上,才有统一性的自我意识,而在细胞和器官阶段尚不存在自我意识,但在国家阶段自我意识也不再存在呢?或者说,如果不是这样,那么我的自我又是怎样由我的脑细胞的个别自我组成的呢?是否还有一个同样由我的意识和我的同类的意识所组成的更高级的自我,同样并直接地意识到自己是一个统一体呢?换言之,有没有一个国家以及整个人类的自我呢?有一些非常杰出的人(如泰奥多尔·费希纳^①)就感到这样的奇想有迫切的必要。只要人们逐渐看到机体组织的统一性是相对的并且是有问题的,但仍把自我的统一性看作是建立在机体组织的统一性上面,这样的奇想就避免不了。但是导致自我这个假设的根源是直接经验到的统一性,而一旦人们把这种直接经验到的统一性转为形而上学的统一性,即意识普遍具有一种独一无二性质,那么这类问题也就化为乌有了。这一来,数、整体、部分等范畴,就根本不能用在意识上面。关于这种情况的最适当的,虽然也带有一点神秘意味的表达方式是:个体成员的自我意识在数目上是彼此相同的,也和它们在更高阶段上所形成的大我是相同的;因此每个成员在某种意义上都有理由说“朕即国家”^②。

要克服我们对这一观念的抵触,一个最好的办法就是不断提醒自己这一观念确是建立在直接经验上面的,因为事实上我们在任何时候都感觉不到有所谓复数的意识,而始终只感到单数的意识,不论在什么时候或什么场合都是如此。这是一条完全可靠的知识,而且是唯一的一条。贝克莱唯心论之所以是前后一贯的,正

^① 泰奥多尔·费希纳(Theodor Fechner, 1801—1887),德国唯心主义哲学家,心理物理学的创始人。

^② 借用法国路易十四的话。——译者

由于他始终坚持了这一点。要突破这一点只有通过下列的观察：就是有许多身体和我的身体在结构上完全相似；它们和它们的环境，彼此之间以及和我的身体之间的相互作用是一样的；还有就是通过与这项观察有关的假设：即这些类似的肉体事件可以和这些事件影响我自己身体时所产生的同样感觉联系起来。“有一个象你一样的人坐在那里，他也在思维着，感受着”。由此出发，也就有两种可能的说法。我们可以说，“在那里的也就是我，就是‘自我’，那也就是我自己”。我们也可以说，“那里是和我自己一样的一个自我，也就是第二个自我”。以上两句话的不同，就在于后者有“一个”的字样，从而也就把“自我”贬低为一个普通名词。就是这个“一个”导致了和唯心论不可弥补的决裂，给世界装满了幽灵，并把我们的不可救药地赶到了有灵论的怀抱中去。

诚然，当我的朋友某甲告诉我，他这时感受着、知觉着或思维着什么时，这些都不是我的意识的直接内容。但同样地，我也不直接意识到一个小时或一年以前我所感受的、知觉的或思维的东西。关于这些，我只能找到或多或少的清楚痕迹，和我的朋友某甲告诉我他的感受在我心上留下的痕迹本质上并没有什么不同。还会碰到这种情况：如果注意力经常替换地集中于两个各不相同的观念领域，那么就会在同一头脑中同时并存着两个差不多相互没有接触的观念链条。但它们一旦发生接触（这种接触常会导致重要的新洞察），这时的情况就同两个人热烈交换意见时的情况非常近似。反过来，两个人在智力活动上的密切合作往往在很大程度上会使他们的不同意识汇合成一个经验的统一体。

为了反驳个人意识的等同性，人们不妨利用一下下述的简单思想实验。我出二十个不同的算术题，每一道题目都非常乏味，以致一个聪明的学童只要一个钟头不到就可以解答出来。然后，我叫二十个这样的儿童在某一天到某一教室中去演算这些算术题（每人做一道题），并规定他们必须在早上十点钟到十一点钟之间

缴卷。在那天早上十点钟以前，他们还不知道自己的题目是什么，但到了十一点钟，他们全都缴了卷。很明显，单是一个意识是做不了这项工作的，这就证明了意识在数目上的众多性。

但是针对这种情况，我认为必须指出这“二十个意识的能力”肯定不能简单地加在一道成为“二十倍的能力”，象二十架发电机所能做到的那样。二十个学童的意识不能一个一个地“串连”在一起。即使他们的能力完全相等，但串连在一起也不会比其中任何一个能单独完成更多的工作，譬如说能解答一个复杂得多的题目，除非是通过共同讨论、商量、探索，使他们的智力有了某种程度的发展，但那样的话每个人的发展将会是相等的。这一来，二十人中的每一个人就都会有能力解答全部二十个题目，虽则花的时间要比一个钟点长些。

同样，我们也不能说，在一次战役之后二十个或一千个丧失了儿子的母亲的哀痛，比一个丧失了儿子的母亲的哀痛是二十倍或一千倍。二十对或一千对恋爱的男女在一起时的喜悦，也并不会比一对恋爱男女的喜悦大二十倍或一千倍。然而必须指出，这种意识是完全可以提高或增加的，譬如同时死了两个儿子的母亲的苦痛心情就是如此。

最后，如果我们回顾一下我们先前讲到的马赫，阿芬那留斯，和“内在哲学”的创始者舒佩的心物都是基本“要素的复合”，“心物同格”等等说法，我们就会对这些说法恍然大悟，看到了它们虽不是用同样语言表达出来的，但却尽它们的可能接近了吠檀多派的《奥义书》的真理。外界和意识是同一个东西，因为它们都由同样的基本“要素”组成的。但是那样的话，不管我们说只存在一个外界或只存在一个意识，我们用来说明个体中这些“要素”在本质上的共同性所采取的公式都简直没有什么差别。

(摘译自薛定谔《我的宇宙观》1964年英国剑桥大学版
全增嘏译，周煦良校)