



生命旋梯书系

LIFE'S  
OTHER  
SECRET

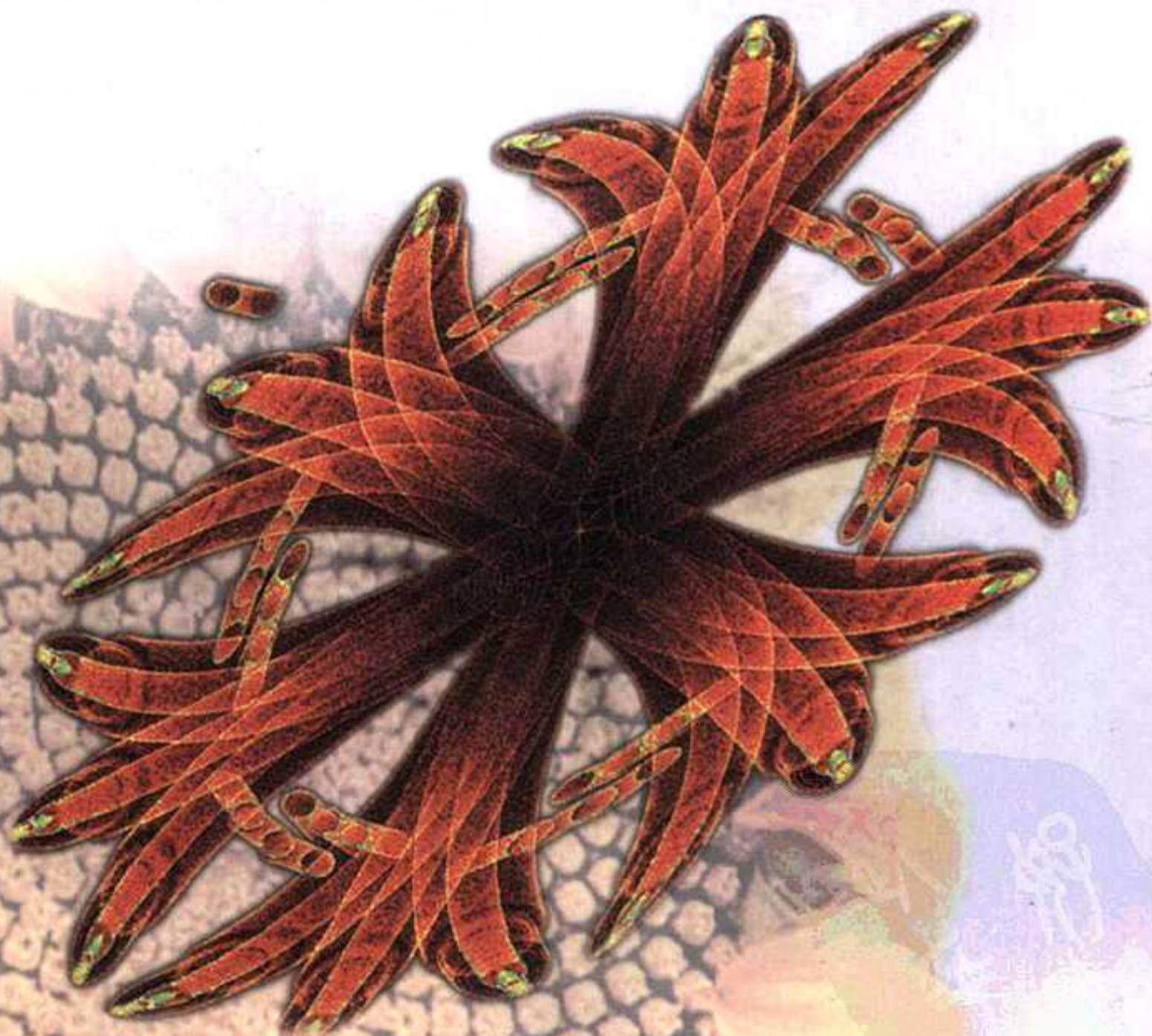
# 第二重奥秘

——生命王国的新数学

*Ian Stewart*

[英] 伊恩·斯图尔特 著

周仲良 周斌成 钟笑 译



上海科学技术出版社



《第二重奥秘》一书的作者伊恩·斯图尔特既是一位数学家，也是一位多次获奖的科普作家。本书展现了数学在解释生命的起源、结构和进化方面所起的重要作用。我们仿佛置身于一座盛大的艺术殿堂，领略着一幅幅神秘的自然画卷。本书指引我们跨入了一个远比DNA更为复杂玄妙的世界，这里是数字和方程的自由王国。最新的理论认为，生命源于规则，而这些规则又决定了生物在进化之初的原始形态。据此，斯图尔特向我们阐明了形成这个世界的根本动力。

“本书引人入胜，它教会我们运用内在的数学规律去解释那些隐藏在生命行为背后的深刻问题。”

——《科学美国人》

“行动迟缓的蜗牛怎会生出如此匀称的螺壳，鸟儿飞翔时何以成群结队，花朵的花瓣数为何总是固定不变……科普作家斯图尔特将生命的诞生解释为基因与普遍数学规律相互作用的产物。”

——《书业新闻》

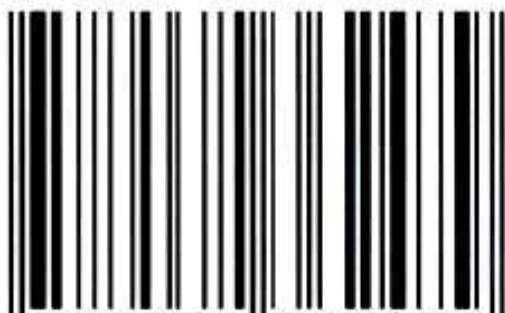
“在长期为物理学服务后，数学开始阐述生命世界的奥妙。”

——《图书馆杂志》

“作者斯图尔特采用了一种通俗易懂的写作风格，从而让更多的普通读者沉醉于他所描绘的这幅迷人画卷。”

——《科库斯评论》

ISBN 7-5323-6247-7



9 787532 362479 >

定价：25.00元



www.sstp.com.cn



**KJ 书屋**  
SHENGMINGXUANTISHUXI  
生命旋梯书系

[英] 伊恩·斯图尔特 著  
周仲良 周斌成 钟 笑 译

# 第二重奥秘

---

生命王国的新数学

上海科学技术出版社

## 图书在版编目(CIP)数据

第二重奥秘：生命王国的新数学 / (英) 斯图尔特著；周仲良，周斌成，钟笑译. —上海：上海科学技术出版社，2002.6  
(生命旋梯书系)

ISBN 7-5323-6247-7

I. 第... II. ①斯... ②周... ③周... ④钟...

III. 生命—科学—普及读物 IV. Q1-0

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2002) 第 024714 号

Life's Other Secret : The New Mathematics of the Living World

Copyright © 1998 by Ian Stewart

Chinese (Simplified Characters) copyright © 2002

by Shanghai Scientific & Technical Publishers

Published through arrangement with Brockman, Inc.

ALL RIGHTS RESERVED

上海科学技术出版社出版、发行

(上海瑞金二路 450 号 邮政编码 200020)

常熟市兴达印刷有限公司印刷

新华书店上海发行所经销

开本 850×1156 1/32 印张 11.25 字数 230 千字

2002 年 6 月第 1 版 2002 年 6 月第 1 次印刷

印数：1-3 000 定价：25.00 元

---

本书如有缺页、错装或坏损等严重质量问题，

请向本社出版科联系调换





彩图1 新罕布什尔州, 新月桧杉带枯萎死后形成的波

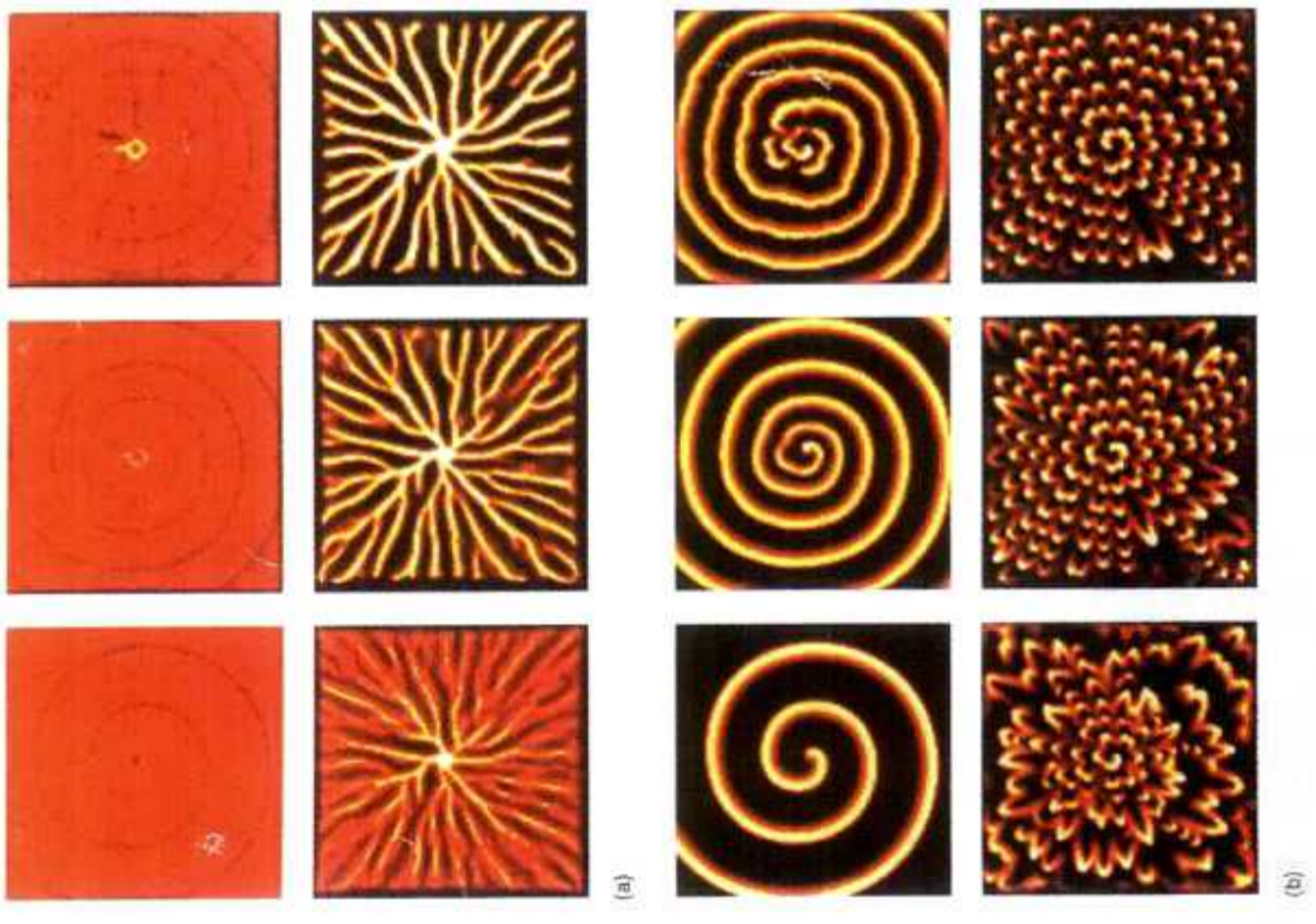


彩图2 BZ反应呈现的模式

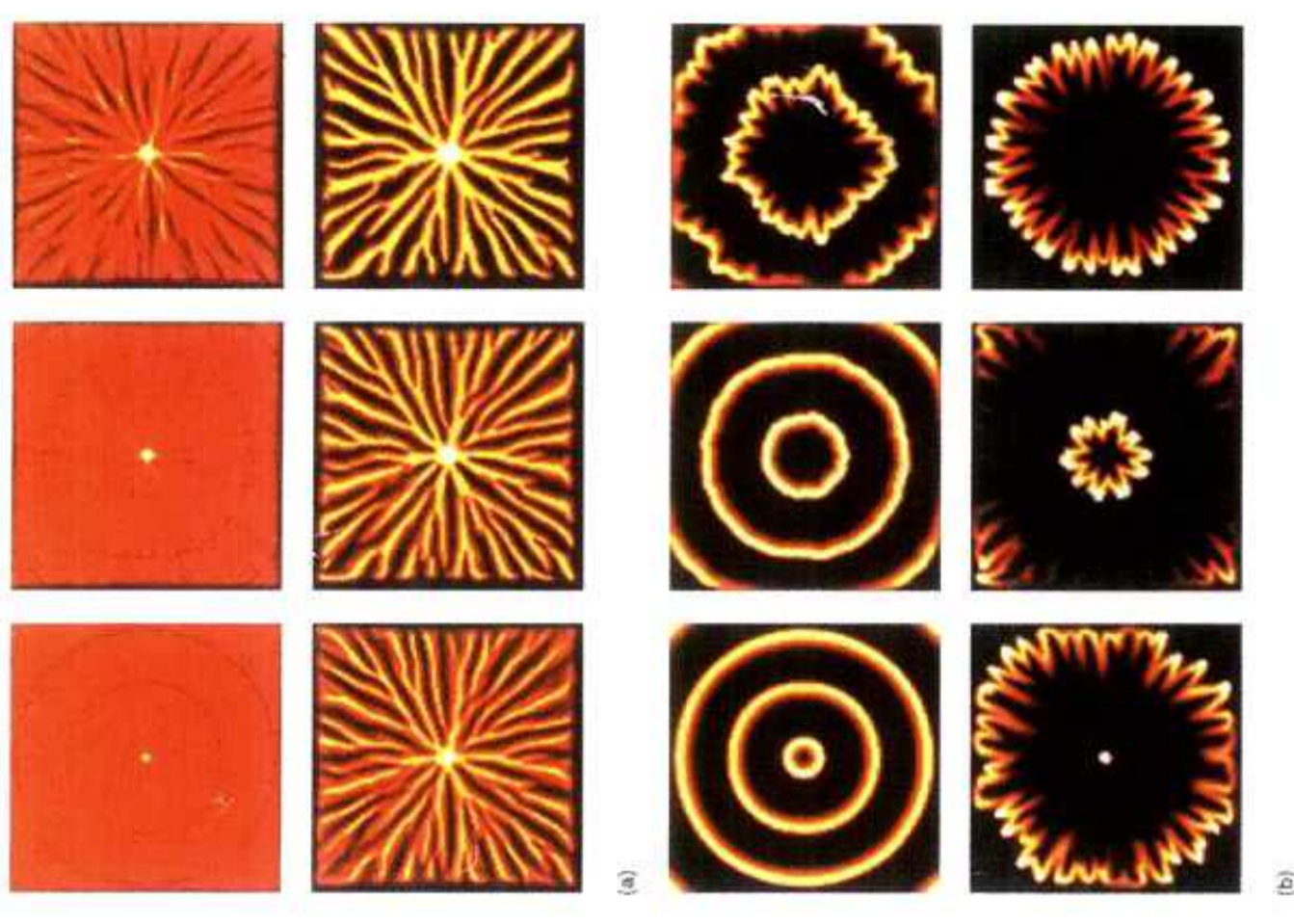


彩图5 虚拟生命 A-沃尔夫





彩图 3 黏菌数学模型显示的螺旋形

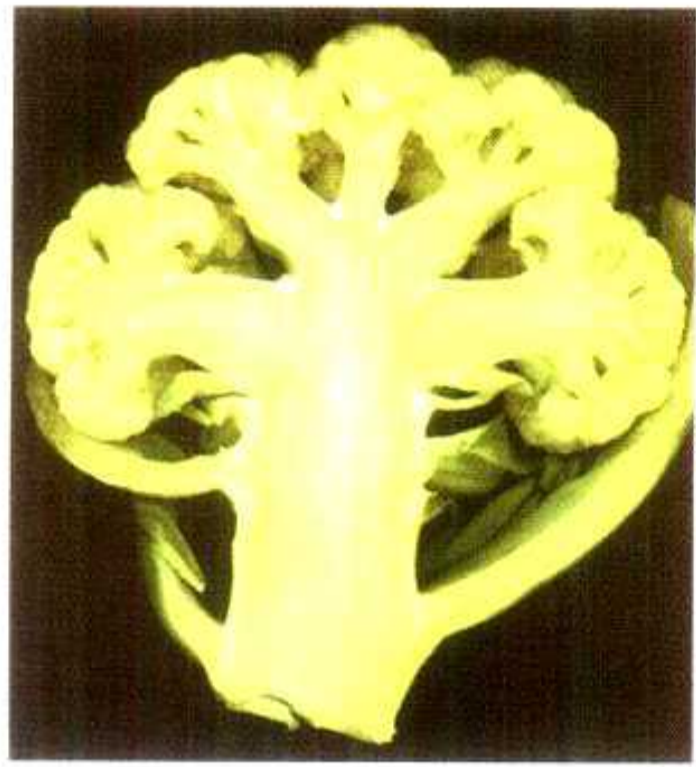


彩图 4 黏菌显示的同心圆





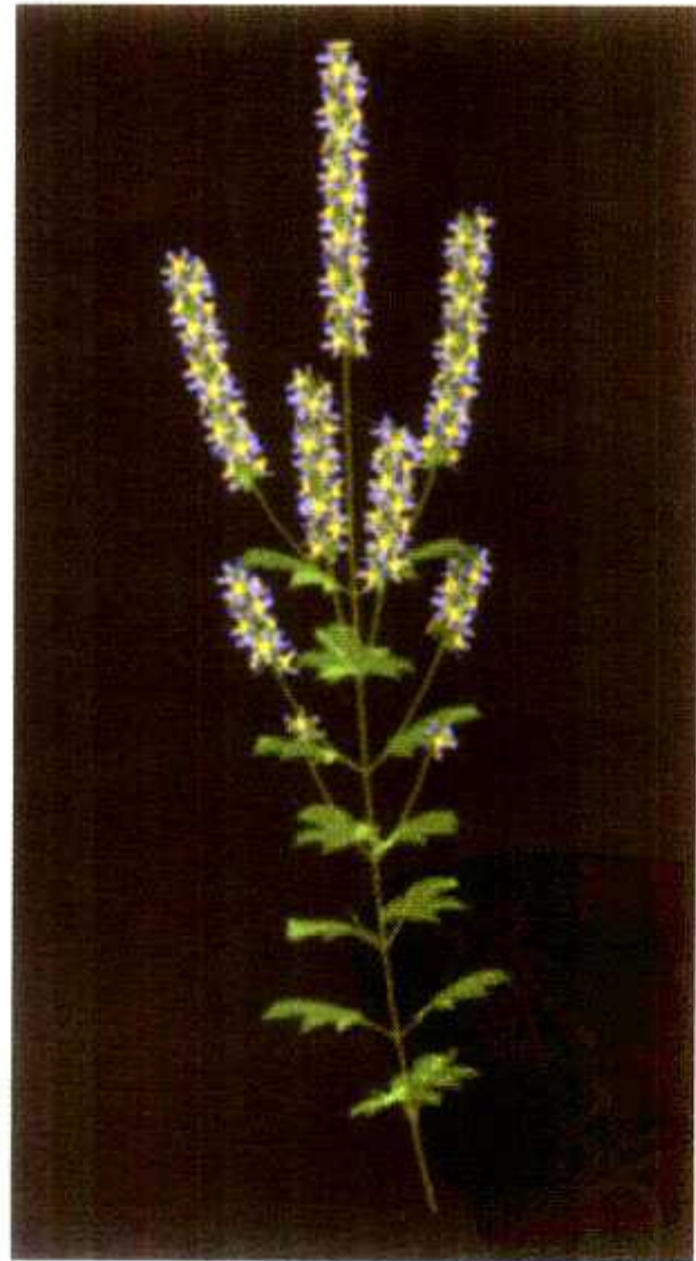
彩图6 向日葵籽盘中的螺旋线



彩图7 花菜的剖面图显示的分形



彩图8 由计算机生成的野生胡萝卜植株



彩图9 由计算机生成的薄荷植株

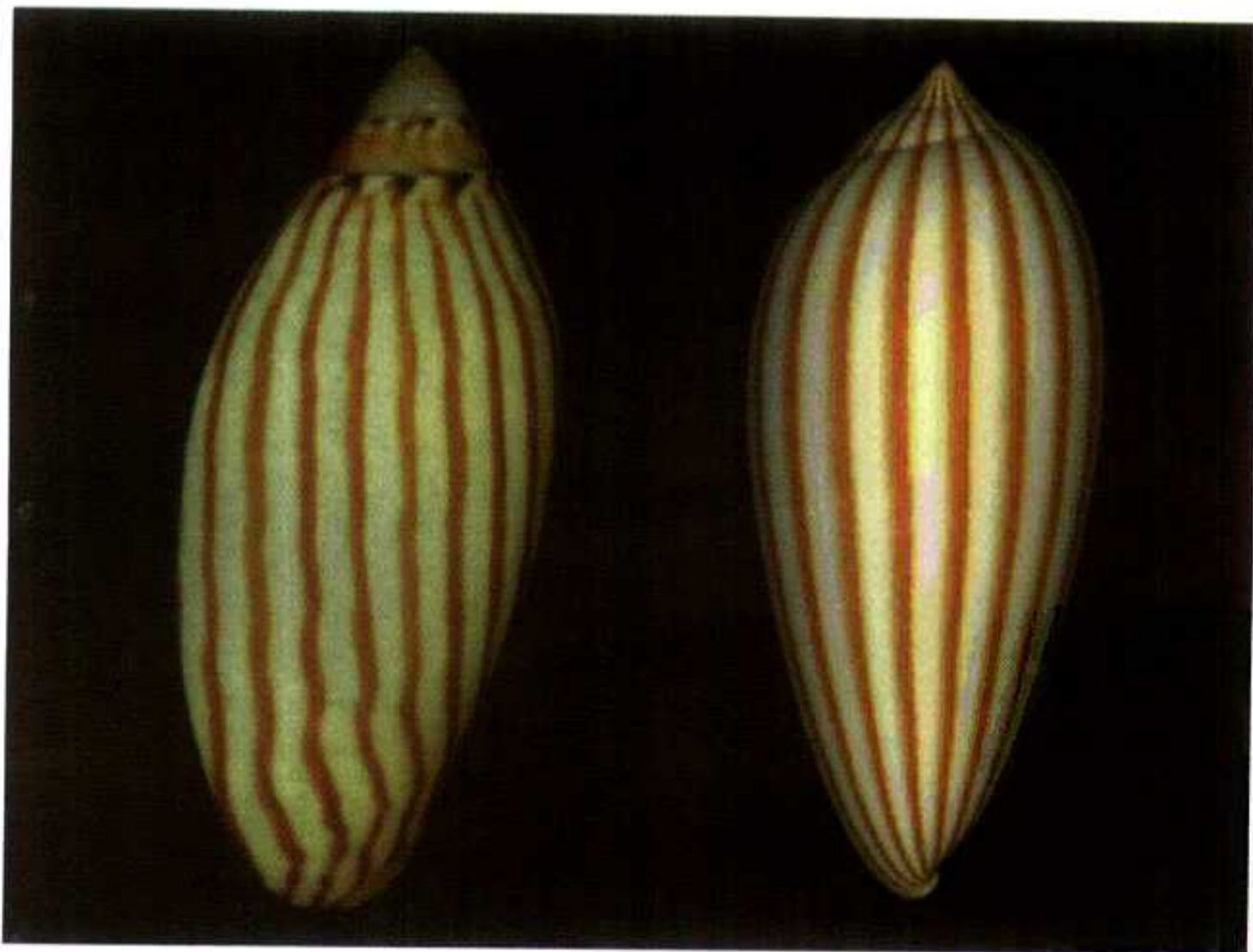




彩图10 栩栩如生的  
虎皮条纹



彩图11 奇特的豹  
皮斑纹



彩图12 左：真实的 *Amoria elhoti* 螺壳；右：计算机模拟图案





彩图 13 由计算机生成的涡螺图案



彩图 14 自然环境中的伞藻集落，即人们熟知的“美人鱼之帽”





彩图 15 半环盖刺鱼



彩图 16 成群的矶鹬贴着海面飞翔



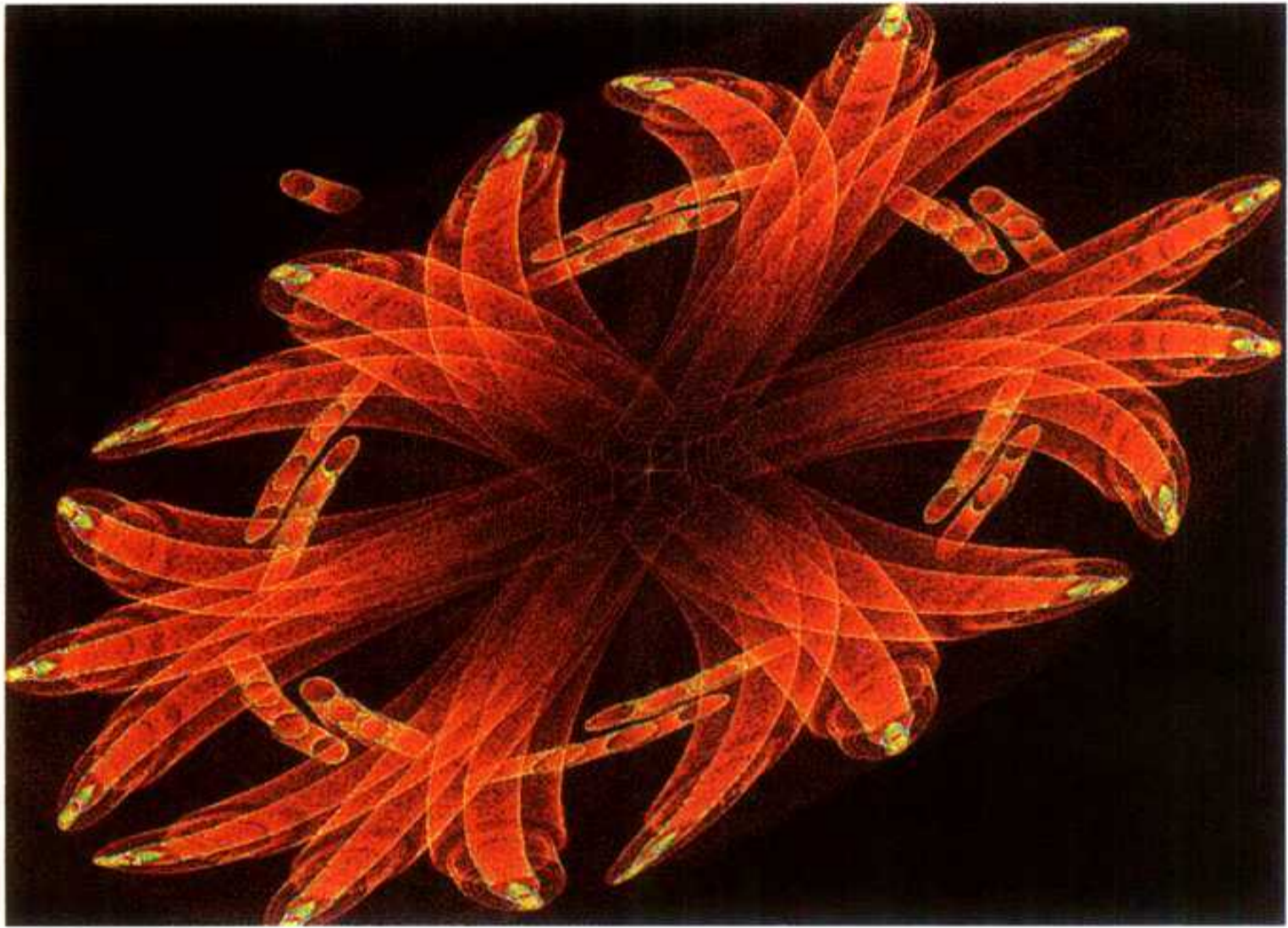


彩图 17 波拉島附近的蝴蝶魚群

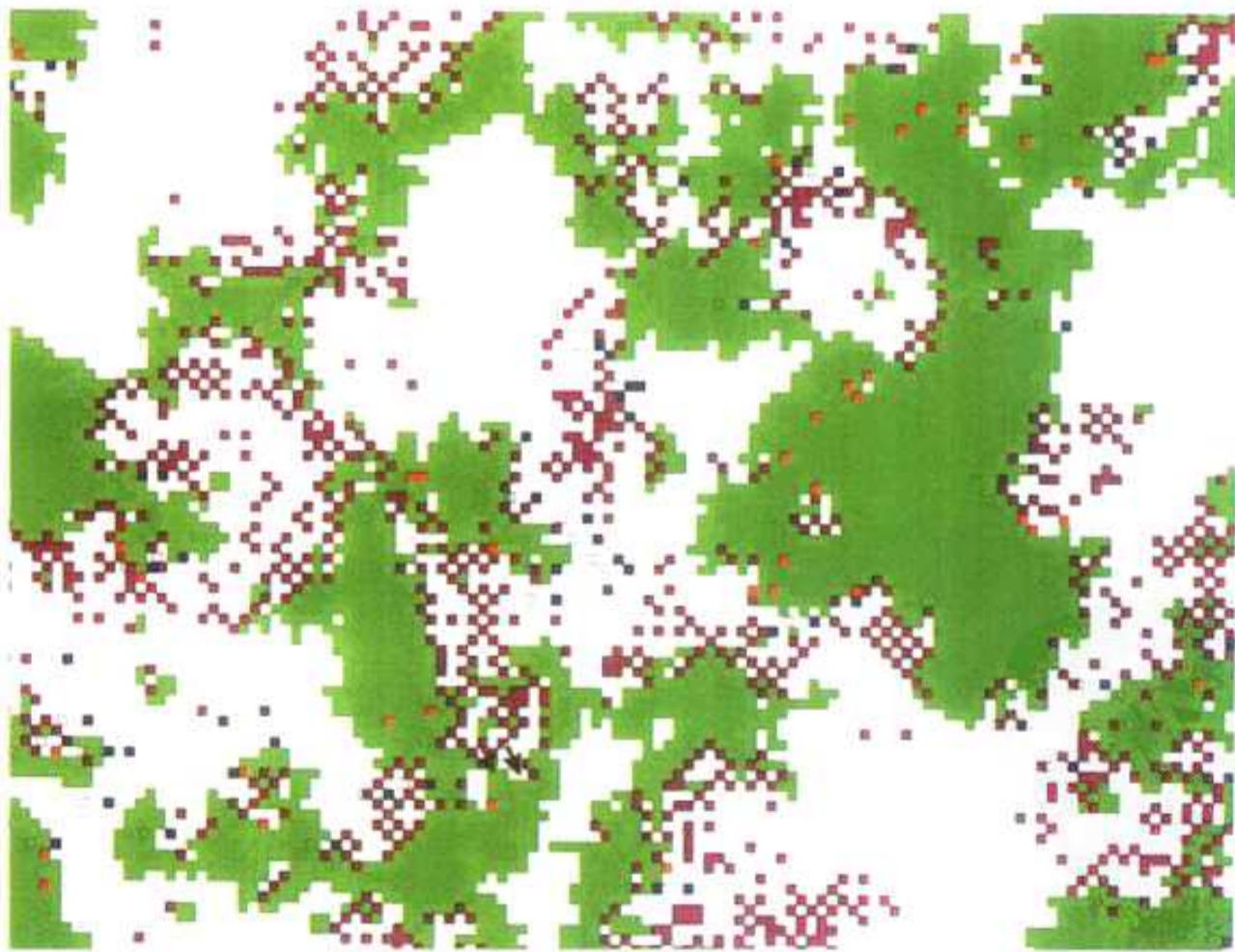


彩图 18 环形蛛网





彩图 19 与人流模式相关的兰花片断



彩图 20 波斯湾局部生态系统的元胞自动机模型。绿色代表海藻，紫色代表海胆，红色代表龙虾，蓝色代表存活4天以上未被吃掉的龙虾，白色代表裸岩



# 内容提要

Neirong Tiyao

虎背上的条纹和蝶翅中美丽的图案里隐藏了什么规律？是否还有未知的生命法则躺在 DNA 的深处？鸟类的集群飞翔和球场看台上的人流是否有相似之处。对于这些问题，本书的答案是“*Yes*”。

本书所论及的与数学有关的生命现象极其广泛。生命的起源、小鸡翅膀的发育、基因密码的出现、DNA 的双螺旋结构、螺线形螺壳、凤梨上的纹路、天使鱼身上的蓝色纹斑、迷人的孔雀尾、动物憨态可掬的步态，以及珊瑚的生长，等等，所有这些生命的律动都和数学有关。

虽然我们现在已经绘出基因的地图，但是，我们还未找到合理的解释，生命在由物质构成的小宇宙中流动，必然受到物理及化学的数学定律控制，而数学是怎样在起作用的，或许就是生命的第二重奥秘。



## 序

XU

生命是什么？它的起源在哪里？生命世界与无机世界为什么会有如此重大的区别？

生命到底有什么特别之处？

诸如此类的问题，从科学曙光初现起，一直困惑着人类——事实上，早在科学概念萌发以前，人们就在不断地追问这样一些问题。千百年来，百家争鸣，莫衷一是，争论的焦点直指生命的本质。生命体无所不能，变化无常，妙不可测；物竞天择，各行其是，顺应环境，游刃有余；尤为甚者，种种生物世代繁衍，绵延不绝。生命界与无机界毕竟存在着天壤之别：生物学和物理学似乎恰好处于正反两个极端。

至少从表面上看，这一切正是我们当前所面临的状况。

哲学家和科学家们追本穷源，试图弄清：我们能不能，哪怕只是在原则上，像理解行星运动和天气变化那样去认识生命现象？曾经有人认为，生物是由一种特殊物质构成的，这类物质与形成大气、海洋、山脉或大陆的物质从根本上说是完全不同



的。另一种观点则认为，生命体也许只是用通常的无机物作为建筑材料，经过特殊的装配而构造出来的。有关生命起源的问题曾经引发过激烈的争论。有些人认为，生命如此特殊，只能是在某些超自然力量干预下形成的产物。另有一些人则主张，只要环境条件具备，又有足够的时间，普通物质也一定会通过某些更加复杂的方式进行重构，最终自发地出现生命。以上种种都是极端化了的论点；还有成百上千种看法介乎其间。

直到20世纪中叶，人们还完全不清楚，生命现象是否建立在无机世界的某种基础之上。DNA（脱氧核糖核酸）作为生命的第一重奥秘，它的发现解开了这个特殊之谜。生命是一种化学形式，但是，它与试管中的任何一种化学反应都不相同，这种化学变化极其复杂。打个比方，如果试管中的化学反应被看作是一个简单农庄，那么生命就是一座宏大的工业城市。地球上每个生物体内（在地球之外我们尚



不知有没有生命存在) 都存在着一种复杂的分子密码, 它是一部《生命指南》, 可以用来描述一切生物的形态、生长、发育和行为。

毫无疑问, 这是迄今为止最为重要的发现之一。它无可辩驳地改变了我们关于生物世界的观点, 为我们揭示了许多但并非全部的生命奥秘, 打开了一扇全新的视窗。

然而, 生命的有些奥秘比遗传密码埋藏得更深。基因对于地球上的生命来说具有根本的意义, 但在决定其形态和行为的过程中, 基因的作用却被夸大了, 新闻媒体在其中起了推波助澜的作用。基因并不是工程的蓝图; 它们更像是烹饪书中的菜谱。这种菜谱可以告诉我们使用哪些原料和调味品, 用量是多少, 采用怎样的投放顺序, 但不会提供一份说明最后结果的完整而精确的方案。每一位厨师都知道, 一份配菜单不等于一桌饭菜: 在厨师和餐桌之间横隔着炉、灶、锅、盆, 还有调味品之类的东西。此外, 让人恼火的是, 原料



的质地也会发生让人觉察不到的变化。上一星期用于烤制面包的配方还非常管用，这一星期烤出来的面包却干瘪得好像煎饼一样。仅仅研究这一配方或者查看烤炉，甚至两者一起考察，是找不出其所以然的；你还得考虑一下有关的物理定律和化学原理，研究一下许许多多别的因素。正是这些定律和原理支配着水、酵母、热空气和黏性面团的性能。

为了弄清生命的本质，人们千方百计地急于查看生命的“菜谱”——DNA 密码序列。DNA 序列安排得井井有条；然而生命体本身却如乱麻一团。几乎只需用一组符号就能把 DNA 表白得一清二楚；而对于其物理特性来说，哪怕是将其陈述一遍，也要涉及到高等的数学知识。此外，我们对遗传学的认识有了意想不到的深化，从而为我们在许多卓有成效的研究领域内开辟了更为广阔的天地。即使要迎合那些最为明显的进展节拍也已经够我们忙上几十年了，哪里还有时间顾及其他呢？



基于这些原因，我们对一个重要事实，即在生命中还有比基因更为紧要的东西，视而不见是危险的。具体地说，生命是在物理世界以及由物理世界背后更加深刻的定律、模式、形态、结构、过程和系统交织起来的统一体中运行的。基因在发挥功能的同时，必然要服从物理学定律。如果说，物理学或化学在无人干预的情况下自身就能完成某一项任务的话，那么基因也完全能够理所当然地介入这一过程。基因促使物质世界在拟定的方向上前进，可以决定采用这一种而不是那一种化学物质，采用这一种而不是那一种发展模式，采用这一种而不是那一种演进过程。但是，成长中的生物体执行遗传指令的方式必然会受到物理学、化学以及数学定律的支配。

支配着有机体成长的数学规律就是生命的另一奥秘，如果你愿意的话，可将其称为生命的第二重奥秘。不懂数学规律，就无法解开生命世界的深层奥秘。要知



道，生命是使基因和数学结缘的一种形式，对于这两个方面的作用我们都要给予适当的关注。对这两个奥秘的认识就像一束光线贯穿着生物科学的整部历史，当然，为之吸引的仅仅是那些喜欢奇思异想的人，而并非处于主流地位的科学家。这类奇思异想者的思考方式与大多数生物学家很不相同，他们在研究生物学的时候，采用了多数物理学家和数学家的思路。这一指导思想上的差异乃是为什么只有他们才会去思考生命深层奥秘的主要原因。

在这些伟大的奇思异想者中，有一位是具有良好的数学素养的动物学家，此人名叫达西·温特沃思·汤普森 (D'Arcy Wentworth Thompson)。汤普森于1860年出生于爱丁堡，一生中大多数时间是在苏格兰度过的。最初，他是邓迪大学的一名生物学教授，后来成为圣安德鲁斯大学自然史学方面的资深教授。1937年被封为爵士，1948年去世时，正是他的经典巨著《生长与形态》(*On Growth and*



*Form*) 第二版问世后的第六个年头。他在这部开创性的著作中指出, 物理科学在认识自然规律的过程中成功地发挥了自已的作用, 并主张对生物学也可采用类似的研究方法。汤普森理论的核心在于有机世界也有很强的数学规律性, 例如贝壳呈现的螺线形态, 植物显示出来的一些奇特的数字, 斑马身上黑白相间的条纹, 海蜇的流体形外表, 等等。他不只是罗列了这一类规律性, 还试图进一步寻找能够解释这些现象的深层物理学原理。

毫无疑问, 汤普森这部著作现在看来是有点古怪和不合时宜了, 至少从表面上看是如此。自从这位异想天开的动物学家第一次将自己的思想公诸于世以来, 80年过去了, 生物学发生了翻天覆地的变化, 整个研究的重心已经转移, 从全部生物体转到了生命界中愈来愈小的实体: 细胞、细胞膜和生物分子。对于现代生物学家来说, 汤普森的论述似乎是非常幼稚的, 完全过时了。因此, 他的中心论点, 即生命

的许多方面是建立在物理学定律的基础上的，认识生命的现象，应当采用数学理论中的模式搜索方案，很容易被人们所忽视。

然而，正是在这样一些老式的物理学和生物学背后，隐藏着深刻的真理。发现DNA，并没有解开汤普森所称的“形态之谜”，它只不过改变了解开这一谜底的背景，答案却仍然没有找到。进一步说，要是科学家不将分子遗传学中已经取得的巨大进步与在认识生命之数学基础的过程中所取得的进步作一番比较的话，那么这个谜团就永远无法解开。就这一点而言，汤普森所强调的观点，在今天看来仍然像过去一样，是富于新意并切实有效的。

DNA并不是生命的谜底。早在40年前，在（英格兰）剑桥的一家老式饭店里，弗朗西斯·克里克\*（Francis Crick）向

---

\* 克里克(Francis Harry Compton Crick, 1916— )，英国分子生物学家。曾与沃森合作，提出了著名的DNA双螺旋学说，并因此获得1962年诺贝尔生理学或医学奖。此外，他还与同事们共同提出了“三联密码”的学说——译者注



众多迷惑不解的客人激动而又过早地宣布了这一点。DNA 是揭示生命奥秘的重要一步，但不是唯一的一步。用数学家的话来说，DNA 是必要条件，但不是充分条件。克里克和沃森将 DNA 推上了舞台中央显目的地位，但汤普森的真知灼见却建筑在更加深刻的基础之上：自然界的基本定律在幕后台下所起的作用，那才是生命奥秘真正的所在。

要想寻觅生命的第二重奥秘，首先要承认，自从汤普森时代以来，生物学并不是发生革命性变化的唯一学科，物理和数学也早已面目全非，变得更加有效，更加普遍和更加灵活，并且距离纷繁复杂的生命现象愈来愈近。这方面的进展，为统一生物学界和数学界的观点提供了一次崭新的机遇，这种观点上的统一已再次成为当务之急。

据我的预测（持这一观点者决非只有我一人），21 世纪的科学中最为激动人心的发展领域之一便是生物数学。在新世纪

中，为了认识生命世界的规律，新的数学概念、新的数学门类将会爆炸性地涌现。这些新思想将以全新的方式与生物学和物理学相互作用，一旦取得成功，将为我们深入理解被称为“生命”的奇特现象提供方便。基于这种理解，宇宙之丰富多采，数学之优雅美妙，将会不可避免地激发出种种潜能，使人赞叹不已。

各门学科间所进行的这种新的融合，其第一缕阳光已清晰可见。数学，这门崭新的、生机勃勃的、富于创新意识的科学，现在已经在多个层面上向我们提供了理解生命现象的信息——从DNA到雨林，从病毒到鸟群，从第一个能自我复制的分子原形到生生不息的伟大的生物演化进程。应当承认，我们当前所掌握的关于生物学的数学知识还只是凤毛麟角，并且其中还不乏争议，但其他新兴学科又何尝不是如此呢？这些知识已经着实让人陶醉，特别是那些想像力丰富的人更是这样，他们能够看到这些知识所预示的前景。我希望你



也能确信这一点。

在此，我应对许多人和机构表示我衷心的感谢。沃维克大学给了我一年的学术假，其中的大部分时间我是在美国、澳大利亚和新西兰度过的。我非常感激我的朋友和同事马蒂·戈卢比茨基 (Marty Golubitsky) 以及休斯敦大学数学系，他们给我以盛情的款待，而且为我提供了一套房子和一辆汽车。约翰 (John) 和维维安·卡斯蒂 (Vivien Casti) 对我和我的妻子阿夫里尔 (Avril) 非常友好，允许我们使用他们在新墨西哥州圣菲的漂亮悠静而宜于休憩的客房；圣菲研究所还想方设法为我们腾出了办公场所。本书责任编辑威利公司的埃米莉·卢斯 (Emily Loose) 显示出体贴入微的耐心和宽容，她为本书搜集相关图片，提供了难以估价的帮助，并且一再宽延交稿期限。她还向我说明此书应当是怎样的书，并始终要求我按照那样的方式写作。拉维·米基丹 (Ravi Mirchandani) 赞成出书的创意，并帮助我将其演绎成可读

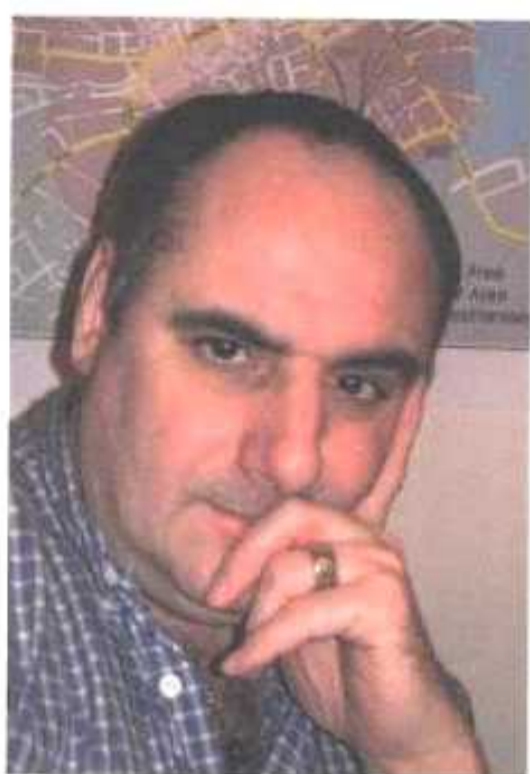
性较强的材料。最后，我还要谢谢杰克·科恩\* (Jack Cohen)，是他向我传授生物学，特别是讲解了一些教科书上读不到的内容。杰克还（在圣诞节假期里）承担了阅读全部手稿的任务，对一些被我简化了的陈述作了大量例外情况的补充。当然，有些地方我仍然采用了简单化的讲法，但那并不说明他有什么错处。有一点是他教会了我，这就是：在实际的生物学中，对于你所说的任何事情，几乎总会有例外。为使全书保持一种易于理解的写作风格，作者可以写真实的一面，却永远无法和盘托出全部真实的画面。

1996年10月至1997年4月

---

\* 科恩 (Jack Cohen)，美国数学家、生殖生物学家，沃维克大学生物学教授。他主要的研究课题是用数学方法研究生态系统，著有100多篇论文和多部论著，其中包括与本书作者伊恩·斯图尔特合作撰写的《混沌的崩塌》(The Collapse of Chaos)。此外，科恩还是一位知名的科幻小说作家——译者注





伊恩·斯图尔特

Ian Stewart

英国沃里克大学数学教授，单独或与他人合作撰写了多部著作，其中包括《上帝投骰子吗？》、《惊人的对称》、《打破无序》和《自然之数》等。此外，他还是《美国数学杂志》数学娱乐版的专栏作家和《新数学家杂志》的数学顾问，并经常为《发现》、《科学》和《新科学家》供稿。1995年，斯图尔特因在科普工作中的杰出贡献，荣获英国皇家科学院颁发的法拉第勋章。



生命旋梯书系

◆ DNA 和命运

——人类行为的天性和教养

[美] 格兰特·斯蒂恩 著

李恭楚 吴希美 译

◆ 眼见为实

——寻找动物的意识

[英] 玛丽安·斯坦普·道金斯 著

蒋志刚 曾 岩 陶彩娥 译

◆ 睡眠之谜

——一个魔幻的世界

[以色列] 佩雷兹·拉维 著

张烈雄 张海阳 冯 寅 译

◆ 人生几何

——人的衰老、防老和永生

[英] 汤姆·柯克伍德 著

谢德秋 江冬妮 谢 荭 译

◆ 第二重奥秘

——生命王国的新数学

[英] 伊恩·斯图尔特 著

周仲良 周斌成 钟笑 译

◆ 情感之源

——关于人类情绪的科学

[美] 维克托·S·约翰斯顿 著

翁思琪 刘 贻 刘华清 译

---

责任编辑 / 应韶荃

封面设计 / 戚永昌

---



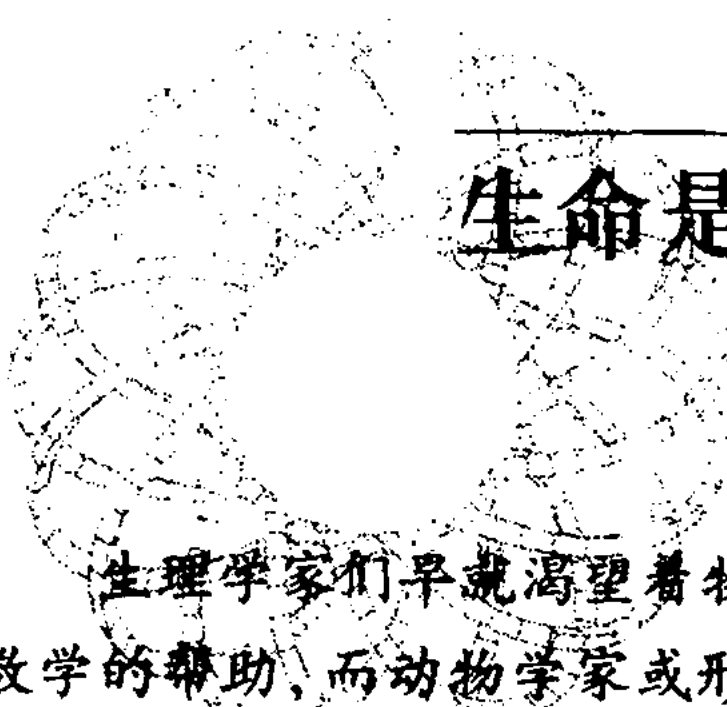
# 目 录

Mu Lu

序		I
第一章	生命是什么	1
第二章	生命出现以前的世界	37
第三章	骤然发生的冻结	61
第四章	来自氧气的威胁	103
第五章	虚拟生命	133
第六章	斐波那契之花	171
第七章	成形素和蒙娜·丽莎	193
第八章	孔雀的故事	223
第九章	动物行进的步法	243
第十章	博弈的荣耀	269
第十一章	珊瑚之战	293
第十二章	探索生命的奥秘	321

## 第一章

# 生命是什么



生理学家们早就渴望着物理学和数学的帮助，而动物学家或形态学家却迟迟不见行动。造成这种差异有着深层的原因……即使在当今，哪怕最简单的生命形态，动物学家们也还没有想到用数学语言为其定义。

汤普森：《生长与形态》，第一章



**就**许多方面来讲，我们居住的这颗行星是非常普通的。天文学家将望远镜对准了宇宙中愈来愈远的地方，于是我们的地球和太阳越发显得平凡。我指的是构成地球的材料，地球绕太阳公转的轨道，地球的大小、形状和色彩，太阳的温度，地球和太阳在银河系中所处的位置，等等。但从某种角度讲，地球是一颗极不平常的星球。地球之所以不平常，仅仅因为我们生活在这颗星球上。这倒不是说我们也可以生活在另一颗行星上，我的意思是，作为人类家园的地球，恰好属于这样一类行星，它们适宜于像我们这样的生物居住。

倘若地球是我们知道的唯一行星，那么凭借想像，我们也许会认为，生命在宇宙中是非常普遍的，因为在我们居住的这颗行星上，几乎到处都能发现生命的踪迹。事实上，地球上很难找到没有生命的地方。在条件极其恶劣的大漠深处，在死亡谷和荒野里，在深海的海床上，在富含硫黄的火山口中，我们都可以看到生命的迹象。就在最近，科学家们在我们脚下数千米以下的地层深处发现了非常原始的生命形态——细菌。看来，这些细菌生活在那里已有几十亿年了，它们生长、繁殖和死亡……细菌也许是我们这颗星球最先出现的生命形态。当然，最早出现生命的地方也可能在深海，在海底火山口周围的

炽热海水中。在那里，地壳喷发的熔岩形成了一座座崎岖嶙峋的尖峰，冒出缕缕浓密的黑烟。

这些地方尽管有点令人讨厌，但对于生命的起源，似乎是十分理想的场所。如今，在地球表面较为舒适的地方，我们每移动一步，都会碰到形形色色、错综复杂的生命形态——植物、昆虫、软体动物、蠕虫、蜘蛛、鸟类、鱼虾、哺乳动物，等等。

然而，当我们透过望远镜窥视外太空时，几乎没有任何迹象表明，现在或过去那里曾经有过生命出现。太阳系的其他8颗行星以及我们所知道的在近太空中运行的十几颗恒星，它们与我们的地球相比，有的较大，有的较小，有的更热，有的更冷。据我们所知，其中没有一颗星球能支持生命存在（也许与我们相邻的火星是一个例外，有关这一点尚有争议）。水星和金星太热，不适于地球生命的生存，而木星和更外层的行星又太冷了。其他我们所知的行星，对于生命而言，其环境条件甚至更为恶劣。

我们已经知道，地球是一颗颇为特殊的星球，于是，生命的本质也就成了一门重大的课题。地球究竟有何特殊之处？生命可能在别的地方出现吗？生命到底是什么？在人类历史上，针对诸如此类的问题曾经有过许许多多多种回答。有人认为生命是从尘土和水中自发出现的；有人则声称，生命是奇特的天外来客；也有人认为生命是上帝的创造。如今，有许多人将生命看作分子计算机冗长程序的运行结果，这种程序是用基因语言编制的。在此，我希望读者能够相信，基因尽管美妙无比，但要回答有关生命的所有问题，谈何容易。更为重要的是，我还



要设法让读者认识到，要完全理解生命的本质，必须依靠数学的帮助。无论在哪一个层面上——从分子结构中，从生态系统中，从千姿百态的生命现象中，我们都能找到各种数学规律。让数学和生物学紧密结合的时代来到了。

自然界本身已经这样做了。有生命存在的行星与无生命存在的行星是根本不同的，两者之间的区别要比我们通常想像的大得多。这种区别往往是数学过程和生物学过程联合作用的结果。举例来说，生命以各种方式给地球打上了不可磨灭的烙印。在如水星那样的星球上，到处是崎岖不平的地表，没有任何生命的迹象，与地球上亚马孙河流域的雨林相比，真可谓天壤之别。在水星上行走，你所能观察到的主要地貌是岩石、火山和山丘（图1）。在水星两极的几个火山口内，你可以找到水的踪迹，但数量极为有限。水星表面确实是死一般的沉寂，这不但说明水星上“没有生命”，而且也说明那里根本就没有令人感兴趣的事情发生。另一方面，在亚马孙的雨林中，让我们感兴趣的事物却层出不穷。昆虫在花丛中翩翩起舞；蚂蚁将树叶咬碎，列队将其护送至巢穴，这些树叶碎片或被用作筑巢材料，或被当作食物；树木为了争夺阳光，艰难地伸展至丛林的顶部；藤本植物则缠绕着这些树木向上攀升，渐渐地将树干紧紧箍住，合为一体；在离地面30米的树枝分叉处，在雨水积聚的小坑内游动着一只只形体微小状如宝石的树蛙；密林深处的地面上，被覆皮毛的动物四处游荡，寻觅昆虫、蚯蚓或植物种子充饥；蛇类在腐叶堆里穿行，随时准备伏击敌人。

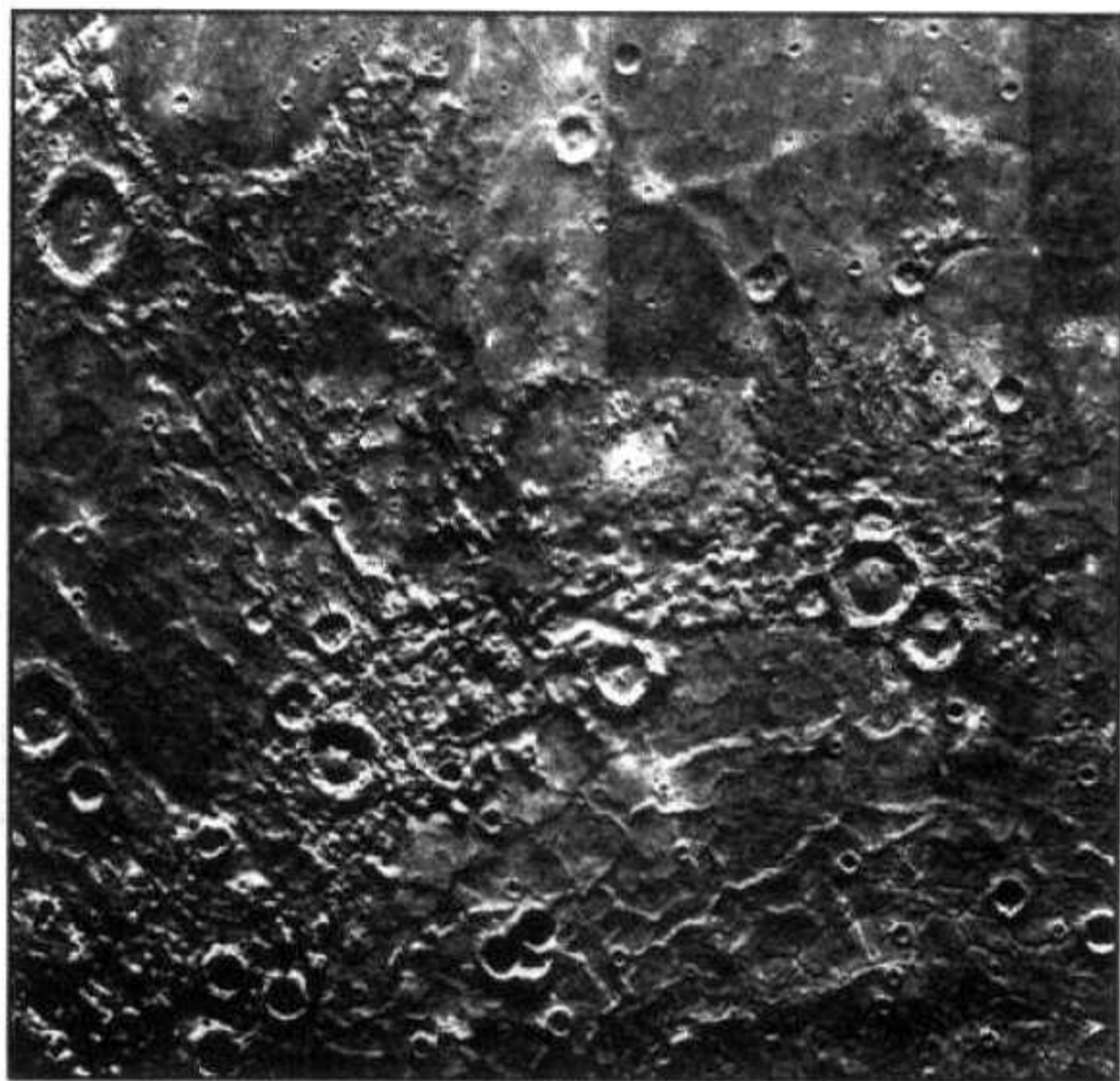


图1 水星上的火山地貌

一条蛇所干的事比一块岩石发生的变化有趣多了，况且，这些还只是表面上的差别。有生命存在的星球与没有生命的星球之间的差别远不止这些，这是千真万确的事实。在海平面以下10公里的海底，生物尸体不断沉积，经年累月，逐渐堆积成一层层厚厚的腐泥，这一过程持续了数十亿年。有几层腐泥变成了岩石。海床在火山喷发的强大冲击力下开始抬升，在海平面以上形成了一座座巍峨的山脉（图2）。今天，在耸入云霄的峰顶岩石中，我们还可以找到许多贝壳的化石。这一证据表明，形成这些山峰的物质一度沉睡于海底。



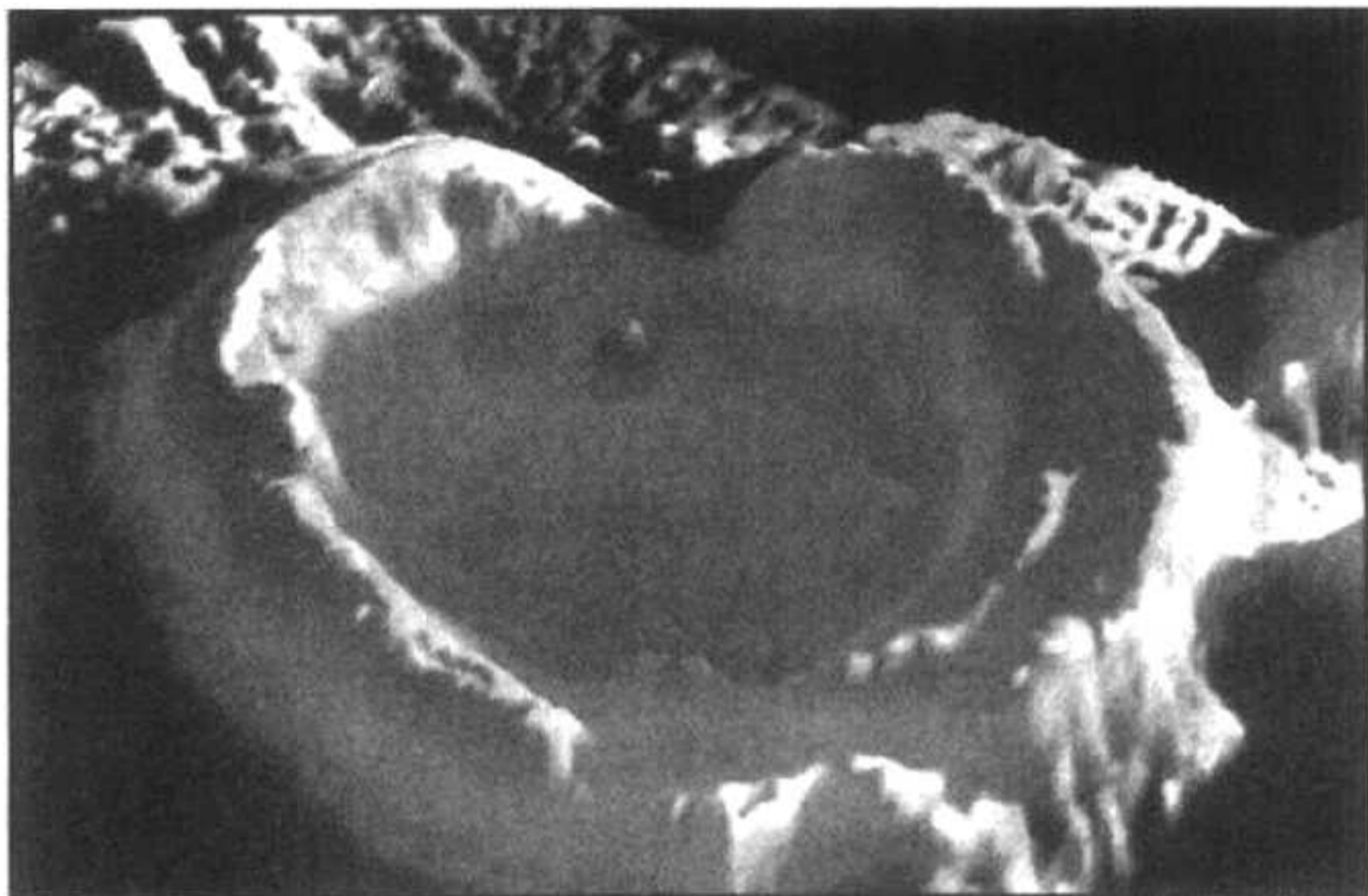


图2 计算机生成的海底火山图形

地球曾经是一颗不安定的行星，生命现象既是其结果，也是原因。从太空中观望，地球的奇特之处主要因其色彩所致：蓝色间点缀着朵朵千姿百态的白云，其间还映衬着一片片形状固定的棕色斑块——陆地。不过，要是你能观测地球几十亿年，并将你所见制作成一部录像短片，那么你就会发现地质学家们几十年前才了解到的情况：这些棕色斑块在运动。这种运动被称为“大陆漂移”。地球的表面是由一些相对较薄的板块构成的，它们是漂移在内部熔岩表面的岩体，彼此相互挤压。有些板块彼此分开，这时又有新的物质从缝隙下方冒出，板结成块。有些板块在另一些板块下面滑动，将后者的边缘部分抬起，形成山脉。如果你深谙表面运动的物理原理的话，你一定会对这些板块的运动速度困惑不解。相对于人的一生来说，这类运动是极其缓慢的，简直难以察觉；但在行星史的水平上，

大陆漂移的速度要比你想像的那种无机世界中的常规地质运动快得多。看来，其中的原因就在于，来自于生命的有机物质对地球板块的运动起到了润滑作用，这与机油对门铰链所起的润滑作用是一样的。

生命对地球的进化过程还有其他方面的重要影响。地球大气层中多数氧气可能都是早期细菌及其沉积物产生的（我之所以说“可能”，是因为还有一种理论认为，岩石中的无机化学反应才是生成氧气的真正原因。尽管这种理论的支持者寥寥，但也不妨作为一家之言参与争鸣）。那时细菌还是地球上的最高级生命形态。在地球上，生命不只是一种点缀，而是形成这个世界的重要因素之一。据我们所知，除地球以外，还没有哪颗行星有这样的情况。

其实，宇宙的大部分空间都是空荡荡的，即没有生命存在的真空地带。余下部分则主要由恒星占据，其温度之高、压力之大，以至原子都只能处于分裂状态——天狗在天狗星上根本无法生存。我们当然可以设想，地球是宇宙中孕育生命的唯一场所。

但是宇宙浩如烟海，我们的知识却少得可怜。完全有这样的可能：在宇宙的某个遥远角落，存在着某些有组织的物质系统，它们在某种意义上可以称为“生命”。不过就当前的科学水平而言，这类有组织的系统是否与我们这里的生命有机体类同，抑或存在着根本差异，那就不得而知了。

生命是什么？是一种事物，还是某种过程？生命是怎样起源的？生命的存在、形态、类型和行为是否受到某些规则的支配？如果是，那又是一些怎样的规则呢？

直到1953年，生物学家才为生命作出了明确界定。他们利用几种简单特性，将多数（也许不是全部）生命体从无机世界中区分出来。在这些特性中，其一是作用于环境的能力，再则是繁殖再生的能力。1953年以后，生物学家们赞同的答案已经比以前更加具体和明确。如今，生命被看作为特殊化学物质所具有的一种性质，这些物质是围绕着神奇的DNA（在少数情况下，是其近亲RNA，即核糖核酸）分子构筑起来的。

DNA，即脱氧核糖核酸，它就像一根长长的绳索，由两股带子扭结而成，犹如藤本植物缠绕树干一般。这两股带子串起了四类特殊分子。这些分子就像字母表中的一个字母，代表着生物体的遗传密码。RNA的结构与之类似。1953年为什么非常重要？因为就是在这一年，克里克和詹姆斯·沃森\*（James Watson）两人根据罗莎琳德·富兰克林\*\*（Rosalind Franklin）和莫里斯·威尔金斯\*\*\*（Maurice Wilkins）的实验结果，揭示了DNA的分子结构——著名的双螺旋结构（图3）。此后，人们仅用了几年时间就得知，DNA能够贮藏有关生物体发育的信息。只要借助于另外一组更为复杂或更为简单的分子就能使这种生物体再生。进一步说，在我们居住的这个

---

\* 沃森（James Watson, 1928 - ），美国分子生物学家。1951 - 1953年在英国期间，与英国分子生物学家克里克合作，提出了DNA双螺旋结构学说，并因此获得了1962年诺贝尔生理学或医学奖——译者注

\*\* 富兰克林（Rosalind Franklin, 1920 - 1958），美国女生物学家。最早通过X射线结晶学方法发现了DNA的螺旋结构，并对植物病毒以及小儿麻痹症病毒的结构深有研究，但因种种原因而未能获得诺贝尔奖。1958年死于卵巢癌——译者注

\*\*\* 威尔金斯（Maurice Wilkins, 1916 - ），英国生物学家。在富兰克林的帮助下，发现了DNA的螺旋结构，并因此与克里克以及沃森共同获得了1962年的诺贝尔生理学或医学奖——译者注



世界上，所有生命体之所以能够存在，都是由DNA和RNA的这种特性所致。

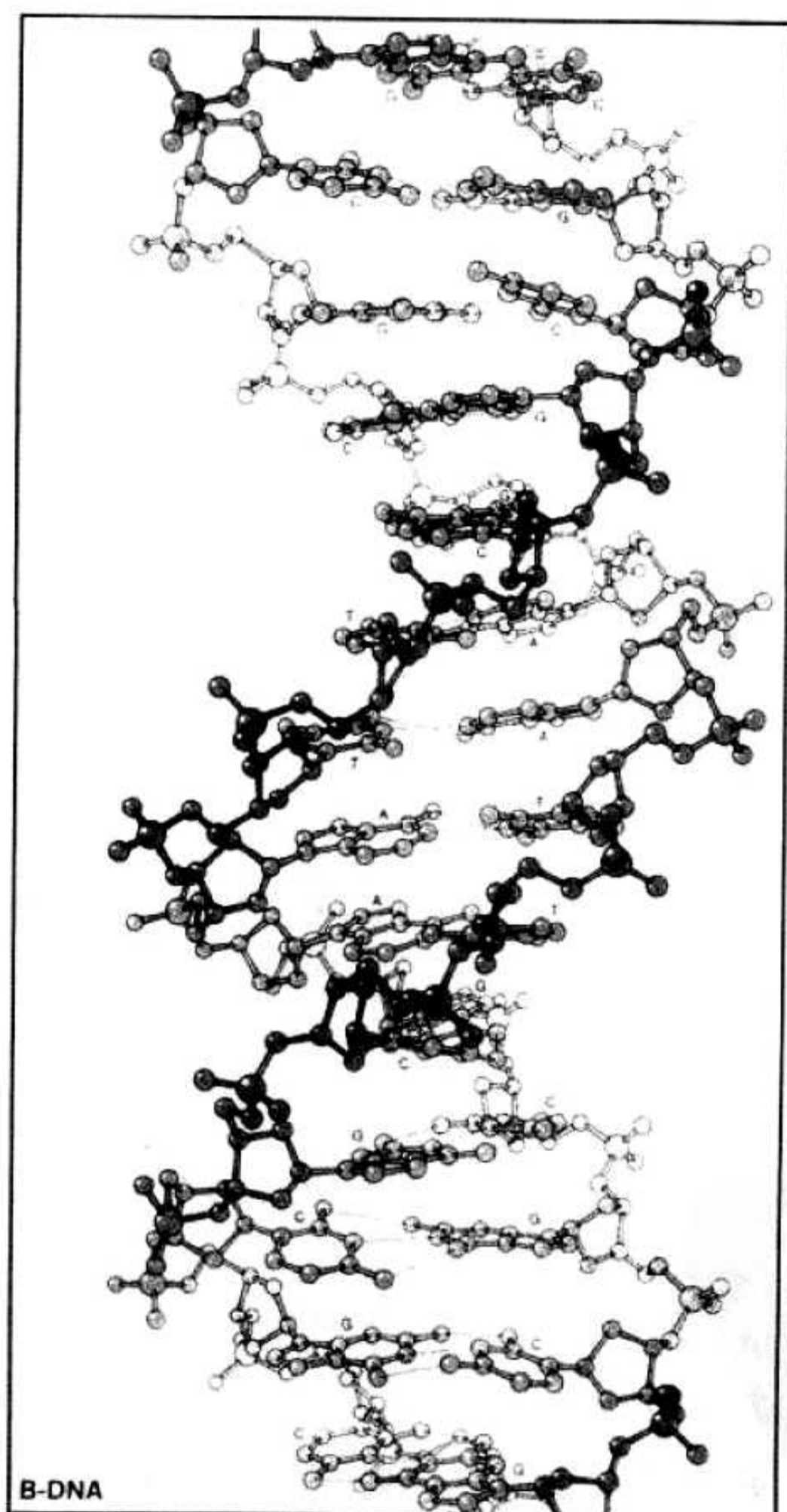


图3 最常见的B型DNA分子结构图

弄清DNA在地球生命现象中发挥的关键作用，乃是20世纪（也许是有史以来）最重要的科学发现之一。不过这也带来了一定的消极影响：人们将注意力过多地集中在生命的化学过程上，过分强调了生物体内的DNA密码，以至于其他方面更为深刻和重要的问题都被抛到了九霄云外。

最大的一个问题就是，生命现象与无机物和无机过程之间是否存在根本的区别，抑或仅仅是诸多普通的无机过程中一个颇引人注目的特例。这种特殊的无机过程犹如一列失控的列车，开足马力，最终彻底改变了我们这颗行星的历史。对于生命过程所带来的惊人结果，人们不能不赞叹，然而生命过程本身必然与其结果一样令人惊奇，人们又怎能不想入非非。

无机世界与有机世界的不同之处究竟在哪里？这个问题目前依然悬而未决，因此有关火星上是否存在生命的争议也就难有定论。1996年，由美国宇航局科学家组成的一个小组宣称，他们在一块陨石中找到了生命的痕迹，而这块陨石是在彗星掠过火星表面时迸裂而出的，它长途跋涉来到地球，最终降落在冰冷的南极荒原。这块古老的岩石，携带着通常被认为只与生物有关的分子，并且含有与生物相关的奇特结构。它上面还有一些细小的形如细菌的东西，很可能就是某种生物的化石。当然也有不少人反对火星上存在生命这样的看法。他们的主要论点可以归结为一条，即上述提示生命存在的种种迹象通过纯粹的无机过程也能产生。生命现象和非生命现象是如此接近，光从上述的残余物中察觉两者的区别无法令人信服。如此一来，有关火星上是否存在生命的问题仍然没有解决。

另一个问题便是，DNA对于生命是否必不可少。对于完

全符合生命传统定义的任何系统来说，DNA是不是共同特点呢？DNA会不会只是一种偶然的局部现象，也就是说，我们这颗行星经过进化终于能够满足这些条件，但它并非唯一途径？对于这样一些问题，我们当然不能期望得到简单的“是”或“非”的回答，因为其中涉及了一个非常深刻的论题。大家知道，宇宙遵循着一些层次较低简单规则，亦称自然律。其中有些规则所涉及的是亚原子粒子，有些规则则支配着空间和时间。我们还知道，有些生命行为似乎无法被精确地纳入这类规则的框架之中。生命现象灵活多变，挥洒自如，似乎可以超越自然律的约束。

这种超越被称作为“涌现”。涌现不等于无中生有，只是其中的因果关系着实微妙神奇，人脑尚无法理解。我们可以弄清青蛙体内每个原子的运动方式，但不等于已经了解青蛙本身是如何行动的。从某种意义上说，原子是青蛙行为的起因，但用这种方式进行研究，根本无助于了解青蛙的生物学机理。为能更加深入地理解生命的重要意义，我们迫切需要一种可以解释涌现现象的有效理论。我们需要弄清，为什么一些复杂系统原本是受到一般自然律支配的，但有一天它们竟然会显现出某些更高层次的特征，遵循自身特有的涌现规律。我们还要深入地认识不同系统间具有的更高层共性，诸如内在的统一性，与具体解释和看法无关的共同特点，使生命本身得以存在的特征，普遍性，以及关于创造模式的“天书”，等等。

历史上，人们曾用各不相同的方式研究过无机世界和有机世界。我们对无机世界的认识几乎完全建立在数学基础之上。许多伟人，如伽利略、开普勒和牛顿，都将问题归结为数学方



程，从而打开了我们对无机世界的认识之窗。这些方程被用来表达自然过程，方程的解则告诉我们这些过程是如何进行的。例如，有一组方程可以描述物体受到推力作用时是如何运动的，另一组方程则描述了重力的作用。将两组方程结合起来，不但可以算出整个太阳系的运动规律，而且还能推导出整个宇宙的运动情况——至少在原则上是这样。

现代物理学始终坚持使用这样的研究方法，从而发现了宇宙中许多其他方面的数学规律。现代物理学的最大成就之一便是找到了另一组方程，它可以用于确定极微小的时空中物质运动的特性。这组方程称为“量子力学”，它描述的世界与人们的日常经历有着天壤之别。量子世界中弥漫着团团非确定性迷雾。非确定性乃是存在的基本特征，任何物质都具有一定的模糊性，同一时间内可能发生的事有很多种，直到你去观察究竟哪一件事正在发生。观察时，非确定性顿然消失了，要么发生这件事，要么发生那件事，其结果是随机决定的。尽管受到随机事件的影响，但这种微观世界中的奇异特性都满足严格的数学方程\*。

将这种数学方法用于物理学研究，便产生了奇妙的结果。但它是否能适用于生物学呢？生命现象似乎不同于这些数学方程组——无论是牛顿方程还是量子方程。生物学更接近于描述动物行为的哈佛定律。该定律认为，在严格的实验室条件下，实验动物会做自己真正喜欢做的事。它们的行为既不是固定不变的，也不具有随机性。物理学干净利落，井井有条，彻底遵

---

\* 这里谈及的方程称为薛定谔方程，以其发现者薛定谔 (Erwin Schrödinger) 的名字命名——作者注

照数学方程行事；生物学却我行我素，杂乱无章，完全听命于冲动和幻想。

尽管生物学杂乱无章，我们还是要问一问：是否可能存在某些数学规律，就像我们为了描述无机物质的特性所用的数学定律那样，可以用来描述生命体的行为。是否存在描述生命现象的数学？要回答这些问题，可以用一种非常简单的方法，在此，我要略作说明。如果我们承认，生物是由普通物质构成的，那就必定可以找到某种方法，使物理学和化学能够对生命作出描述。一只老虎归根结底只是一堆原子，为这些原子列出方程，并精确地指明，哪个方程代表哪个原子……再加上老虎居住的森林中所含的原子，还有森林中所有其他生命体的原子——趴在老虎鼻子上的蜜蜂，在老虎皮毛中爬动的虱子，老虎蹒跚时脚下的杂草——现在，余下的事就是求解这个极其庞大的方程组。从某种意义上可说，你已经把这只老虎简化为数学了。

当然，这样做是不切实际的，其中涉及的原子数量实在太多了。谁也无法求解这样的方程组，即使是一台超级计算机也无能为力。而且，就算完全用原子进行描述的做法行得通，单用数学方程说明老虎行为的幻想也不可能实现。太复杂了，任意性太大了。最糟糕的是，我们从中得不到任何关于老虎的有用信息，连虎纹是怎么回事也解释不了。

科学的宗旨决不是为世界设计一套庞大繁复的描述体系，科学的描述应当加深我们对世界的认识，使事物能够更多地为人们所理解。牛顿的万有引力定律之所以重要，其原因在于它可以描述太阳系中每个物体的运动模式。它开辟了一条通道，由此我们可以为太阳系设计出易于理解的简单模型，可能是二

体模型、三体模型，或者二十体模型，但决不会是四百万体的模型。描述生命现象的方程也不例外，它不但应该能够为人们所理解，而且应当可以通过某种描述，说明生物体具有怎样的功能和行为。

为了满足可理解性这一要求，我们必须摒弃上述的简单化做法。但光有这种要求，并不能确保找到有意义的答案。生命是一个巨大的谜。不久以前，生命现象看上去与非生命现象还相距得很远。人们设想，生命一定是由不寻常的材料制成的。这一观点被称为“生机论”，一度十分流行，因为它可以解释为什么生命现象如此不同寻常。当然，制成生命的材料应当是不同寻常的！生机论与宗教的需要配合得天衣无缝。科学可以约束普通物质，但构成生命的奇异材料则只有神才能琢磨。不过，如今已经很少有人赞同生机论了，即使是虔诚的教徒对此也不屑一顾。

生机论为何失宠？其中的原因在于，我们只要看一下构成生物体的材料，就知道它与构成无机物的材料并无二致。没有哪种物质，其中找不到任何生命的火花，从而可以用之将生命体同非生命体区分开来。当然，我们也可以设想，区分生命体与非生命体的物质是无法运用科学手段加以辨识的。但是，这种祈求同样软弱无力，多数人不信这一套。事实上，现在我们已经非常清楚，生命体与非生命体之间的区别，在于组织结构的不同，而不是组成物质的差异。

我们不妨拿汽车作一个类比。汽车能够运动，但一堆汽车零件加上一箱汽油却做不到这一点。两者间的区别何在？关键就在于零件是如何组装到一起的。用正确的方法将各个零部件



装配起来，然后灌进汽油，踩下离合器，一台会动的装置便立刻显现在我们眼前，它不再是一堆纹丝不动的零件。将汽车拆开，每一个零件依然如故，但运动的性能就此丧失了。

到底哪种解释更有道理？一种解释将运动看作为无形而不可捉摸的物质所具有的特性。另一种解释将运动看作一种过程，这种过程只有在各个部件适当组装起来以后才能发生。这些都不能解释生命现象，不过它们确实可以帮助我们看清生命的本质：生命不是一种物质，而是一个过程。

对于这一过程，我们的认识目前还不够全面。从许多方面来说，我们尚不清楚生命到底是什么。DNA是宇宙中任何生命都必不可少的因素，抑或仅仅是一种局部范围内的偶然事物——生命的起源在此碰巧是这样的，而在其他地方则可以采用另一种方式？要弄清这个问题，很大程度上取决于地球生命是否真正具有代表性。为了便于论述，我们假定宇宙中另有一些地方也存在着所谓的“生命”实体。这些实体是否一定是“我们所了解的那种生命”呢？DNA是所有生命形态的唯一分子基础吗？换言之，是否可用另一种不同的方式来玩这场游戏呢？

其中可能存在着许多不同程度的差别。有些地方的生命起源方式与地球上的生命起源方式差别甚微，这种情况的意义并不大。例如，指导蛋白质合成的DNA序列所隐含的遗传密码，就带有一定的随意性。我们很容易设想，可能有一些新的生命形态，完全使用地球上生命起源的方式，但却具有不同的密码。这样的生命形态好比是分子的一种新的方言，但不是新的语言。如果我们最初为生命所下的定义过于狭隘，仅仅考虑了

地球上的遗传密码，那么我们就得赶快对这个定义作出修订，将这些例外情况纳入其中。

如果真有某种完全不同的分子可以替代DNA，那就会产生非常重要的区别。在这种模式基础上产生的外星生物仍然具有基因组，但其具体的化学过程将会完全不同。外星生物学将彻底改写地球上的生物教科书（图4）。不过，从抽象角度来看，这些生物仍然与地球上的生命十分相像。可能也很少有人会反对将生命定义加以推广，以便适用于这些新的生物。由此，我们为生命概念指出了一个关键特征：生命与某种行为有关，我们之所以将其视为活物，完全是因为它的这种行为，至于生命体的构成材料，则是无关紧要的。

宇宙无奇不有，也许比我们所知道的更为奇特。我们没有特别的理由认为，生物必须由含碳分子参与构造。硅也是一种可能的元素呀，会不会还存在着由金属制成的机器生物呢？当今技术飞速发展，人类几乎已能造出一台冯·诺伊曼\*式机器了，它是一种能够自我复制的机器人。我们可以很轻易地为这样的机器人注入遗传性。这样一来，它所复制的后代就能适应环境并发生进化。我们还可以设想，生命几乎可用任何东西构造出来，例如：星云中尘埃的涡动模式，温度高达几十亿摄氏度的巨星中央的磁力线回路，星系间空旷地带的引力波，等等。也许整个宇宙本身就是一个巨大的有机体，也许宇宙中某些物质的构成方式使得地球上的生命如同灰尘一般不起眼。

---

\* 冯·诺伊曼 (von Neumann, 1903 - 1957)，美籍匈牙利数学家。二战前主要以算子理论、量子理论、集论以及博弈论等方面的研究闻名。战后从事研制第一台电子数字计算机工作，并将之应用于核武器设计和天气预报等方面——译者注

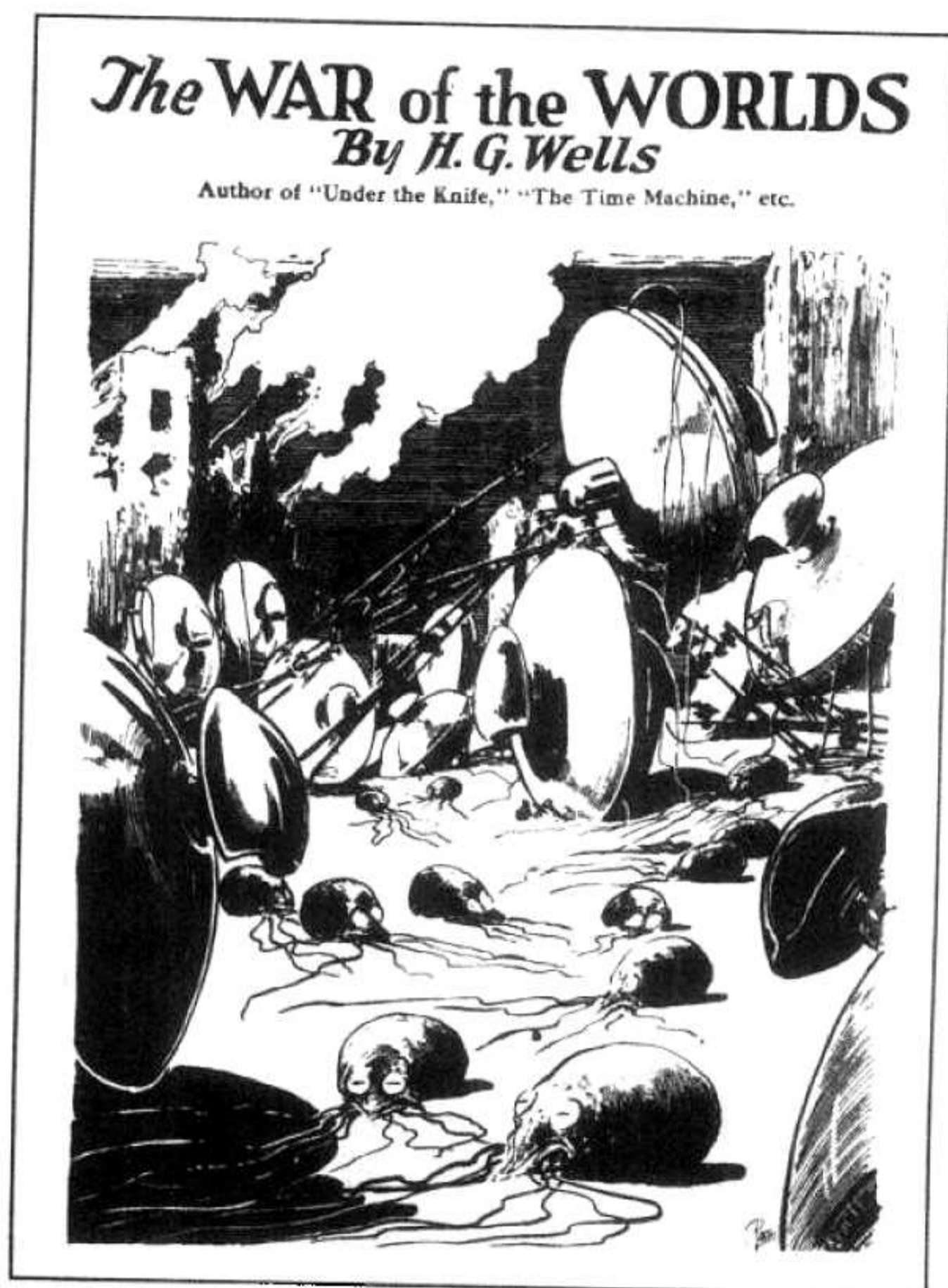


图4 “火星人随处可见，有的躺在倾倒的战车上，有的藏匿在过时的处理机中，另外十多个则僵硬无声地躺成一排，但这些只是他们的尸体！”

当然，从另一方面来说，地球生命在宇宙中也可能是独一无二的，其形成方式或许是仅有的一种。如果是这样的话，我们的任务就比较轻松了，DNA的重要性也就名符其实了。但



如果不是这样，我们便要面对一个更为普遍的生命概念，而不能仅仅局限于对地球生命的认识。此时，如何界定生命将成为一个非常重要的问题。生命不是一样东西，而是系统的一种特性。这种特性不能只用具体的分子结构加以描述，还应将适应性、灵活性、繁殖力、自我复制和自我组织等属性纳入其中。

这类特征为数学这样一门关于结构和模式 (pattern) \* 的科学提出了许多问题。因此我相信，为了将原有的概念推广到各种可能的生命形态，推广到已经存在或原则上可能存在的准生命现象，我们必须老老实实地探索有关地球生命的数学机理。若能不断地找到有助于增进生物学知识的数学方法，我们将可以为发现生命的深层结构 (即生命的真实本质) 打开一扇全新的视窗。这一发现终将孕育出关于生命的某种美妙而统一的理论。借助于该理论，人们将可以在更为广泛、局限性更小的背景下，弄清地球生命的本质。

尽管存在这种可能，但在目前阶段还纯粹是一种设想，任何一家遗传工程公司的老板都不会因此而发财。不过从另一个角度来说，如果将这些深层次的问题全都抛到九霄云外，那么科学就会迷失方向，丧失中心和灵魂。

普通人对现代遗传学的最深印象，就是生命几乎完全依赖于DNA 密码。具体地说，生命之复杂出乎常人想像，因为用来描述生命现象的DNA 序列本身就复杂得要命。如果我们只需将注意力集中于DNA，那就会轻松一点：生命似乎能做出许多不可理解的事，倘若这些事都能用一本DNA 手册记录下

---

\* 在英语中，凡“重复出现的事物”都被称为“pattern”。pattern 可以是一种规律性的图案、一种重复的动作或状态等——译者注

来的话，生命之变幻莫测不就全都在意料之中了吗？一本厚厚的书可以容纳数量极为庞大的细则说明。于是，生命的灵活多变被归结为遗传密码的突变。生命之所以复杂，只是因为生命的菜单实在太长太长。

但我们知道，用这样的方法去解释一件令人困惑的事，是十分无力的。事实上，关于生命的解释决不会如此简单。拿成年老虎那样的生命体来说，其本身要比它的DNA复杂无数倍。光是老虎的神经网络图就足以让人晕头转向了。这种神经网络与老虎的DNA序列比起来，复杂程度要高出好几个数量级。老虎的DNA序列已经够复杂了，DNA的突变更是无所不能。然而，其中还是缺乏足够的信息去描述虎脑发挥功能的过程，更不用说利用DNA描述老虎的整体动作了。我们清楚这一点，因为信息是可以量化的。假如有一位推销员让你看一本只有20页的笔记簿，上面印的又都是普通大小的铅字，他却声称其中包含了全套《不列颠百科全书》，那么你不用阅读也会知道，这肯定只是产品目录而已。DNA和虎脑的关系也是如此。

老虎究竟是怎样完成动作的？又从哪里获取DNA之外的额外信息？这样的提问方式也许不是最好；因为信息这一概念似乎过于肤浅，除了能说明问题的存在以外，可能就没有更重要的意义了。但假如我们一定要用这样的语言来表述，那么答案似乎是这样的：额外信息可以借助于数学原理（物理学定律）来解释，因为实际上任何物质（无机物质），其性能都符合数学原理（物理学定律）。当然，我们在说这句话的时候，头脑中想到的主要还是无机物，因为这是人们刚刚开始注意到物理学定律时所持的观点。说了这么多，我们兜了一大圈子，又

回到了汤普森别出心裁的论断上来：物理学定律及其相关的数学规律在生物学中发挥着作用。让我们再回到过去，看一看他为什么坚持这样的观点。

1917年。欧洲大陆。英军和德军，会同各自从四面八方赶来的同盟军，在一片刀光剑影中，鏖战厮杀在一望无际的沼泽上。战壕纵横交错，铁丝网交织密布，随处可见弹坑累累，横尸遍野。此时，在英国，一部著作公开出版了，它的面世仿佛突然间为疯狂的大海带来了片刻宁静。书名：《生长与形态》；作者：上文提到过的动物学家汤普森，此人颇具天赋，并有独到的见解；观点：与无机世界一样，有机世界也与数学密切相关。然而，生命体的数学基础更为微妙复杂，更为灵活多变，更为神秘莫测。关于生命，并非写几条简单而美妙的牛顿定律就能万事大吉。汤普森不是植物王国的欧几里德，在动物世界中，也不存在什么汤普森方程。但是，生命世界的方方面面所显现出来的大量证据促使汤普森坚信，生物体上明白无误地存在着种种数学模式，而这些模式背后所蕴含的抽象原理，可以被用来揭示生物世界的本质特征。如能进一步与传统生物学中更为具体的研究结合起来，那就相得益彰了。这样，他余下的任务便是说服别人相信自己的观点。

为此，他竭尽全力。从某种意义上说，他取得了成功：《生长与形态》至今仍不失为一部经典著作，依然受到多方人士的好评。但书中的观点从来就没有被主流生物学所接纳。个中原因不言自明：有些证据过于牵强，而有些所谓的实例又仅仅是外表的巧合而已。一旦将这些数学解释置于生物学实验的结果面前，它们就不能自圆其说了。尽管如此，认为生命是生物学



和数学结合产物的这样一种不合时宜的非正统观点却并没有心甘情愿地退出历史舞台。伴随着主流生物学前进的步伐，这种观点紧随其后。

我们后面的话题将涉及当代的许多发现。但在此之前，我们有必要回顾一下近百年前汤普森所能获得的那些证据，并对他那个时代的生物学和数学所处的状况作一说明。只有这样，我们才会清楚，从那时起，生物学和数学取得了多么重要的进步，有关生命本质的问题及其答案同样也发生了根本性的变化。

细胞是我们讨论的出发点。细胞是一种微型结构，它是由一层薄膜包裹起来的一小团原生质；细胞虽然极小，却很简单。每个细胞内都含有若干各不相同的细胞器（比如细胞核和线粒体），这类细胞器具有各自专门的结构，并执行着一些重要的任务（比如管理基因和能量合成）。许多生物（当然包括所有更为复杂的生物）都是由细胞组成的，这是在显微镜发明之后才被观察到的事实。细胞这个术语是由一位名叫罗伯特·胡克\*的数学家最先采用的。他在1665年最先注意到软木的细胞结构。1674年，荷兰生物学家安东尼·冯·列文虎克\*\*观察到了只有0.0005毫米长的细菌，同时他还发现了白细胞和精子。但是直

---

\* 胡克 (Robert Hooke, 1635 - 1703), 英国实验物理学家, 仪器发明家。重要贡献主要是在仪器制造方面, 如改进了抽气机, 制造了复式显微镜、轮式气压计、摆钟、海洋测深仪、海水取样器等等。其次, 他对于晶体、化石、燃烧、测温学等也有不少研究——译者注

\*\* 列文虎克 (Antony van Leeuwenhoek, 1632 - 1723), 荷兰生物学家。早年学会透镜制造技术, 制成了简单的显微镜。1675年发现了原生动物, 1677年描述了动物精子, 并证实了精子对胚胎发育的重要性, 1683年又发现了细菌——译者注

到1839年，通过西奥多·施旺\*和施莱登\*\*等人的工作，科学家们才真正认识到细胞作为生物基本单位的重要意义。

人体约有10 000亿个细胞，这些细胞分为一百多类——神经细胞、血细胞、肝细胞、骨细胞、肌细胞等等，但人体并不仅仅是数量众多的细胞的复合体。为能在整体上作为一个人协同地工作，这些细胞是用一种特定而复杂的方式有机地组合起来的。举例来说，人脑具有最大的超级计算机都无法比拟的能力。比方说，人能观察环境，能够立即识别出远方田野里的一条牧羊犬。地球上还没有什么技术能够将人构造出来，甚至连构造人身上的任何一个细胞都做不到。至今还没有哪位知名的生物学家宣称自己已经弄清细胞那样的复杂事物。

细胞不断创造出一个个奇迹，其中最引人注目的奇迹之一，就是细胞繁殖。一个细胞能够一分为二，而分裂后的每一半都能形成一个新的完整细胞，然后再次分裂，永无止境。通过一个细胞的不断繁殖，能创造出数量十分巨大的细胞群，并且所有这些细胞的复杂程度都与最初那个细胞完全一样。借助于分裂，细胞数目得以激增。这听起来似乎有一点数学气息了，不过毫无疑问，这肯定不是小学算术那样的简单数学。

19世纪的显微镜专家曾经试图整理出一些记录细胞分裂过程的图片，希望借此弄清地球上的细胞到底是怎样完成这一过

---

\* 施旺 (Theodor Schwann, 1810 - 1882)，德国动物学家，细胞学说创立者之一。1838年发现胃蛋白酶。他最重要的贡献是1839年发表了《关于动植物的结构和生长的一致性的显微研究》，明确指出动物和植物都是由细胞组成的，与德国植物学家施莱登共同奠定了细胞学说的基础——译者注

\*\* 施莱登 (Matthias Jacob Schleiden, 1804 - 1881)，德国植物学家，细胞学说创立者之一。1838年发表《植物发生论》，认为细胞是构成植物体的单位，与德国动物学家施旺共同奠定了细胞学说的基础——译者注

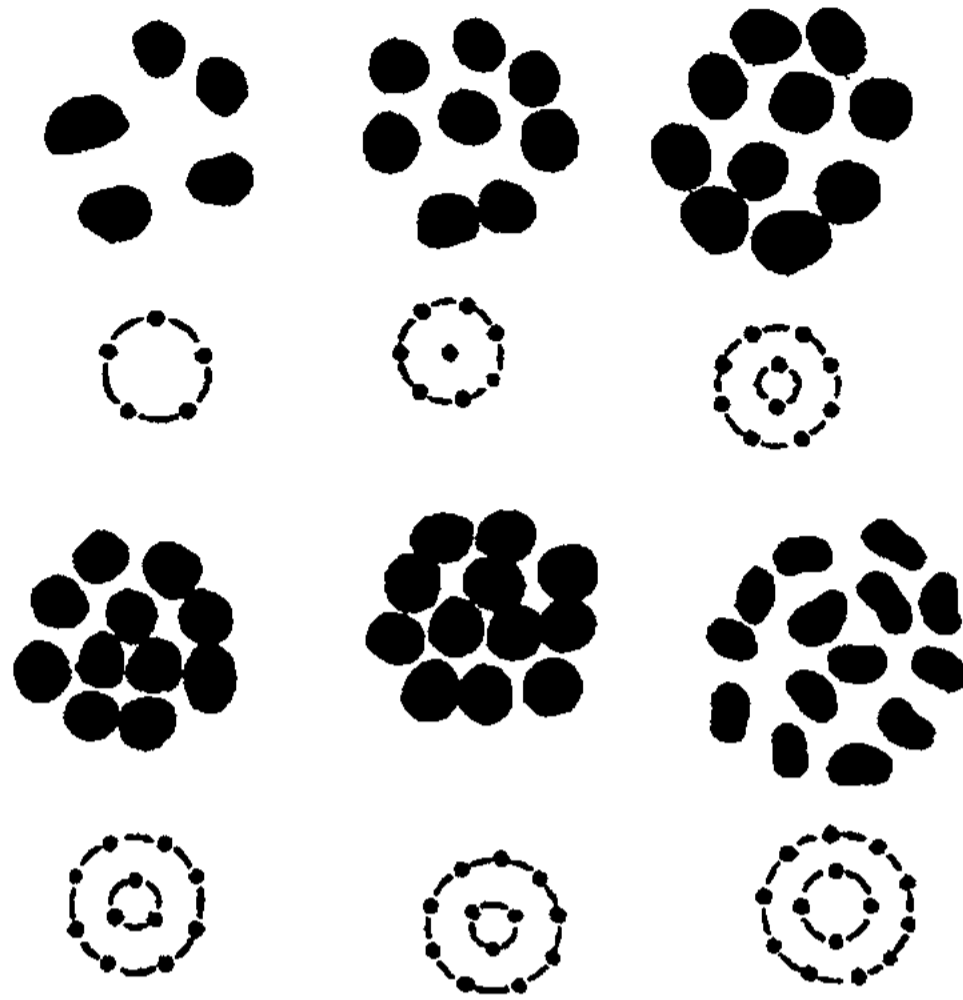


图5 上排是染色体在分裂细胞赤道板上的分布状况，下排是互斥磁体间的排列结构

程的。汤普森将部分图片进行了归类，并注意到，这些图片虽然很复杂，但仍可从中看到许多明显的模式和规则。他看到了被称为染色体的细胞器排列起来所形成的数学模式（图5），这些染色体内含有细胞的（多数）遗传物质。汤普森指出，细胞分裂与电流及引力之间存在着某些相似点（图6）。他还发现，在盐水中滴入墨水，这种普通的化学扩散实验与细胞分裂也有类似之处。

细胞在分裂前、分裂时及分裂后的形态都可以用数学加以描述。其横截面是一条简单曲线：开始是一个圆，然后腰部逐渐收敛，继而收缩形成“8”字形曲线，最后分裂为两个圆。汤普森从这种形状简单的曲线中领悟到，细胞的分裂过程与决定皂泡形状的物理学原理之间，必然存在一定的相关性（图7）。



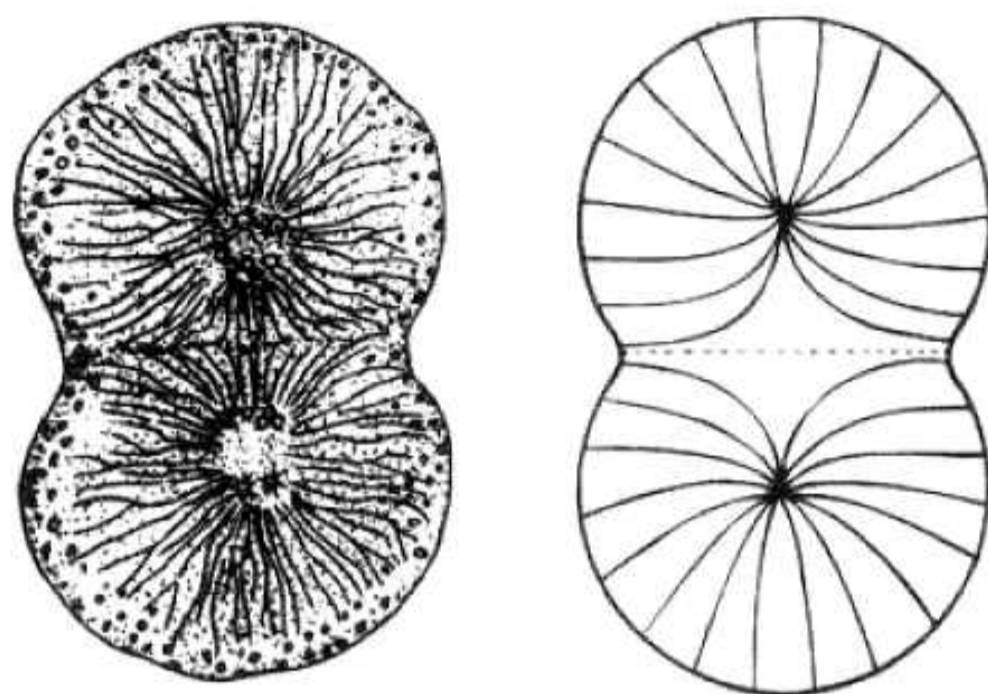


图6 卵细胞首次分裂图（左）与同性电极间的力场图（右）

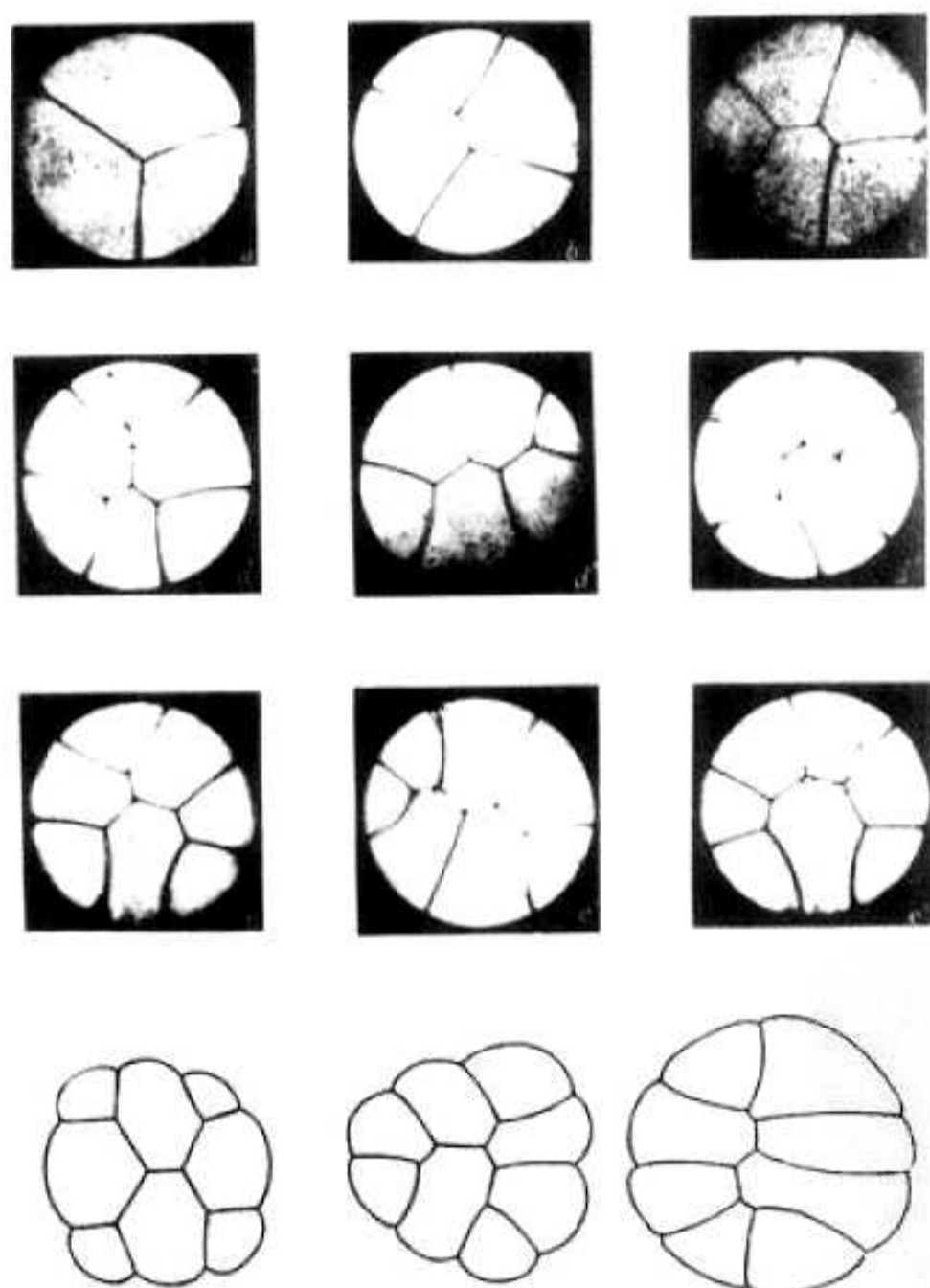


图7 肥皂泡分隔的情况（上）以及各种动物卵细胞分裂的模式（下）

物理学中有一条重要原理,即无机世界从根本上说是具有“惰性”的,一般总是采用能量消耗最少的运动方式。一个肥皂泡的能量来源于将皂液分子聚集在一起的张力。想一想你最近一次吹气球的经历吧:这是件费力活,你必须提供促使气球橡皮表面形成弹性张力的能量。肥皂泡的形成同样需要一定的能量。吹起一个大气球要比吹起一个小气球用更大的劲。同样,如果肥皂泡或者说皂泡膜的表面积较大的话,那么相对来说,它所含的能量也较大。因此,能量最小的肥皂泡表面积也是最小的。法国盲人数学物理学家约瑟夫·普拉托\*发现,肥皂泡的形状完全可以借助于这样的原则推算出来,即:它们所采取的形状一定具有最小的表面积。例如,单个肥皂泡呈球形,因为在所有内含等量气体的各种曲面中,球面积是最小的。处于分裂期的细胞原先是一个球,分裂后则变成了两个球,这也是从一种最小表面积状态过渡到另一种最小表面积状态的过程。分裂期中的“8”字形曲面也是一种表面积最小的曲面,只是形状有点奇特而已。

汤普森完全被这类曲面迷住了。在生物世界中,到处都能看到这种曲面,至少他自己认为看到了。从细胞膜中,从海蜇的外形中,从海藻中,从菌类植物中,乃至从微生物的尸体中,他都看到了这些曲面。四个肥皂泡聚集在一起,形成六个公共面,而每一对肥皂泡则以 $109^\circ$ 的夹角相邻排列。如果另有一个较小的肥皂泡嵌入这些皂泡群的中心,它就会变成圆棱锥

---

\* 普拉托 (Joseph Plateau, 1801 - 1883), 比利时数学物理学家。因提出著名的“普拉托问题”而闻名。此外,他对数论也颇有研究。1843年,因为实验需要,普拉托用肉眼直视太阳25秒,从而导致双目失明。本书提到,普拉托为法国数学物理学家,似有误——译者注

形。在美冠虫（属罩笼虫目）的二氧化硅骨架中，也可看到完全相同的形状，其交角的大小也一样（图8）。看来，这不大像是偶然的巧合。

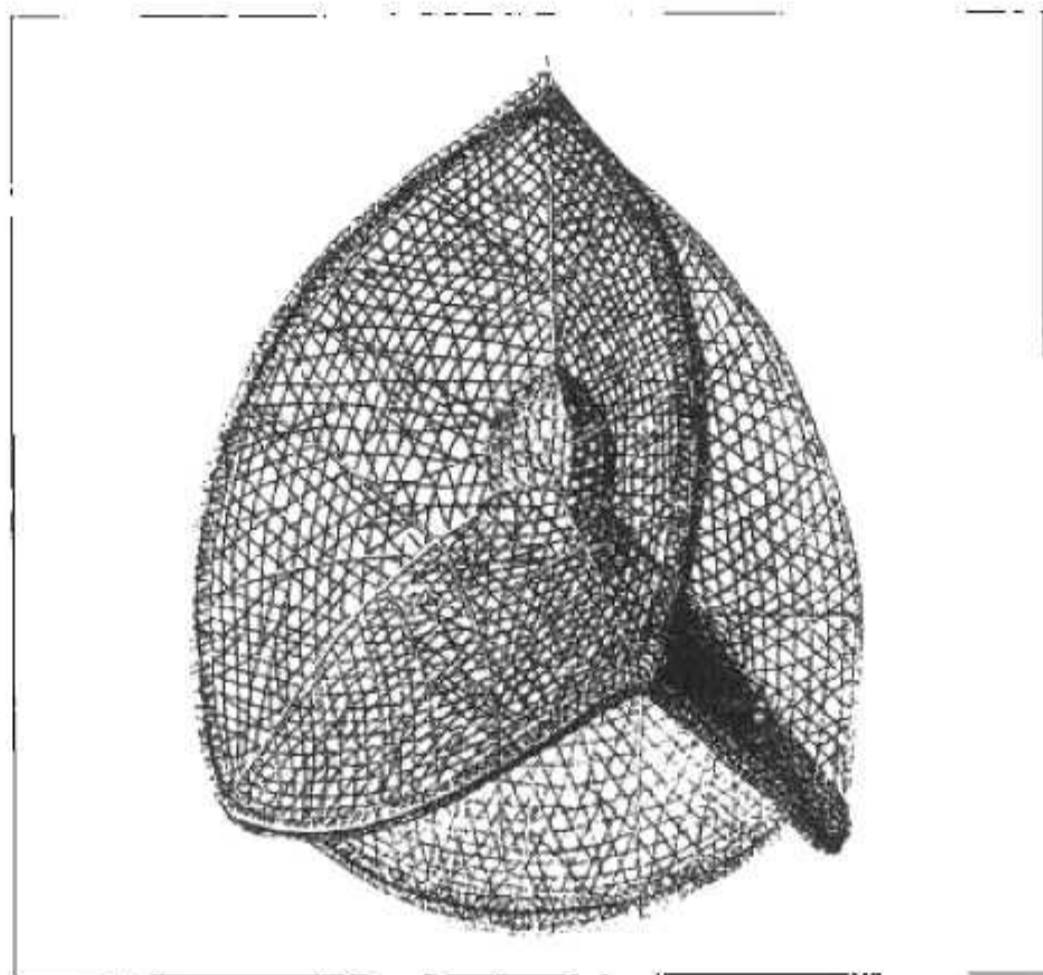


图8 美冠虫的骨架（实际大小为1.5毫米）与5个肥皂泡聚集时构成的曲面形状惊人地相似

汤普森还看到了其他一些数学模式。放射虫是一种只有在显微镜下才能看到的海洋生物，在它的骨架中显然也存在着这类数学模式。这些微型动物用自己的机体构筑起各式各样的外观十分美丽的数学模式，一些模式与欧几里德的正多面体形状惊人地相似——其中有八面体、十二面体、二十面体等等（图9）。有人会说，这种相似性实在太离奇了，作者对这些骨架的规律性也许有点夸大其词了。即使如此，这些生物所呈现出来的漂亮、精巧且十分规则的模式总是毋庸置疑的事实。它们看上去就像一个个小小的数学模型。



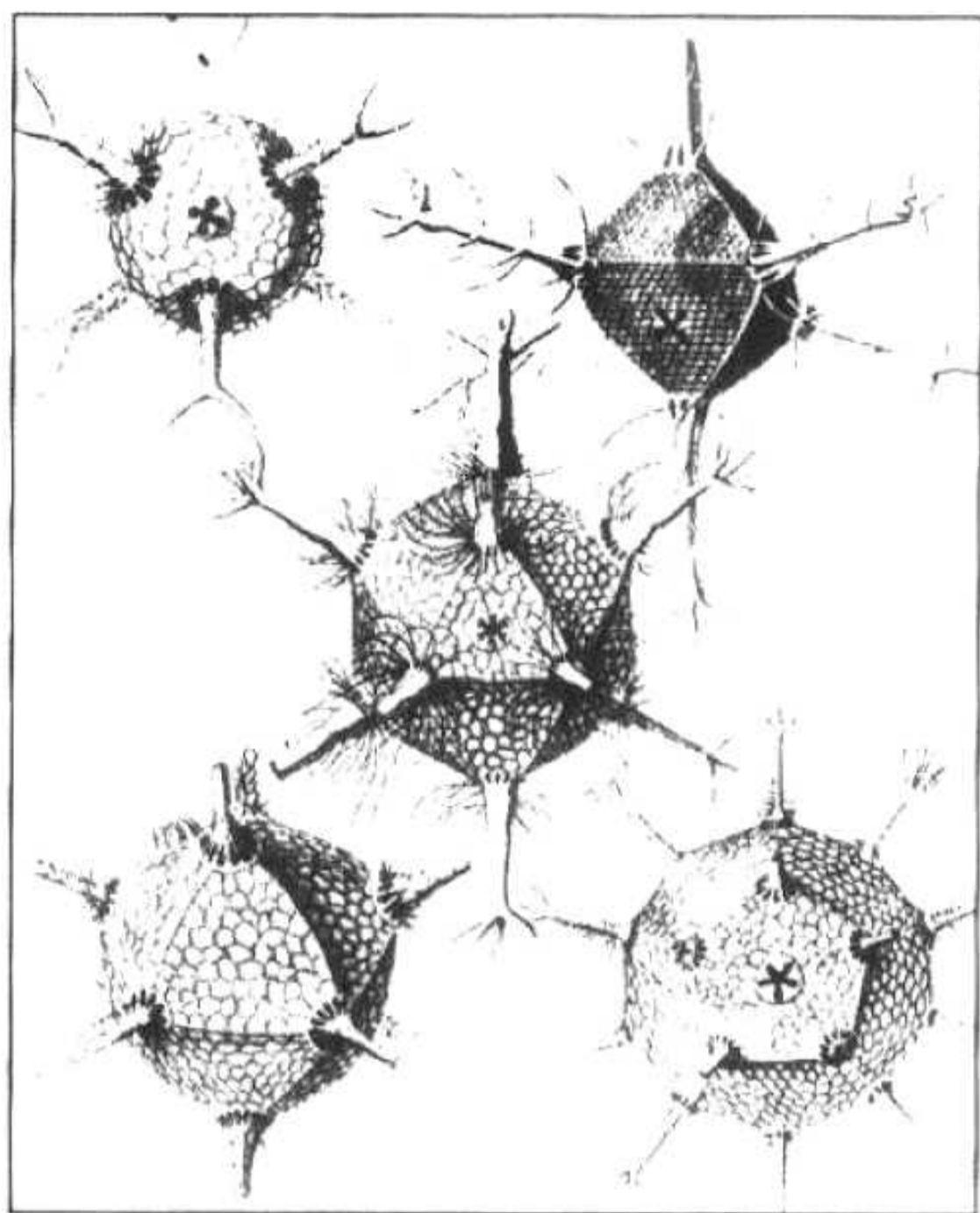


图9 放射虫骨架呈现的多面体形状

螺线是另一种极为普遍且与生命相关的数学形态。我们对蜗牛背上的螺线形外壳都已十分熟悉，甚至许多人对海中的峨螺和滨螺也有所了解。有些有壳软体动物（如珠蚌那样的双壳类动物）则是由两片盘状的贝壳铰合而成的，它们没有螺线那种引人注目的数学美。但多数有壳软体动物都具有螺线形的壳。

我们在鸚鵡螺身上看到的也许是最漂亮的螺线了。它的形状非常接近于一种曲线，数学家将其称为对数螺线（或等角螺线）（图10）。用一根绳子的一端拴住一块石子，并将整段绳子缠绕在石子上。然后在头顶上方旋转挥舞，让绳子慢慢松开。

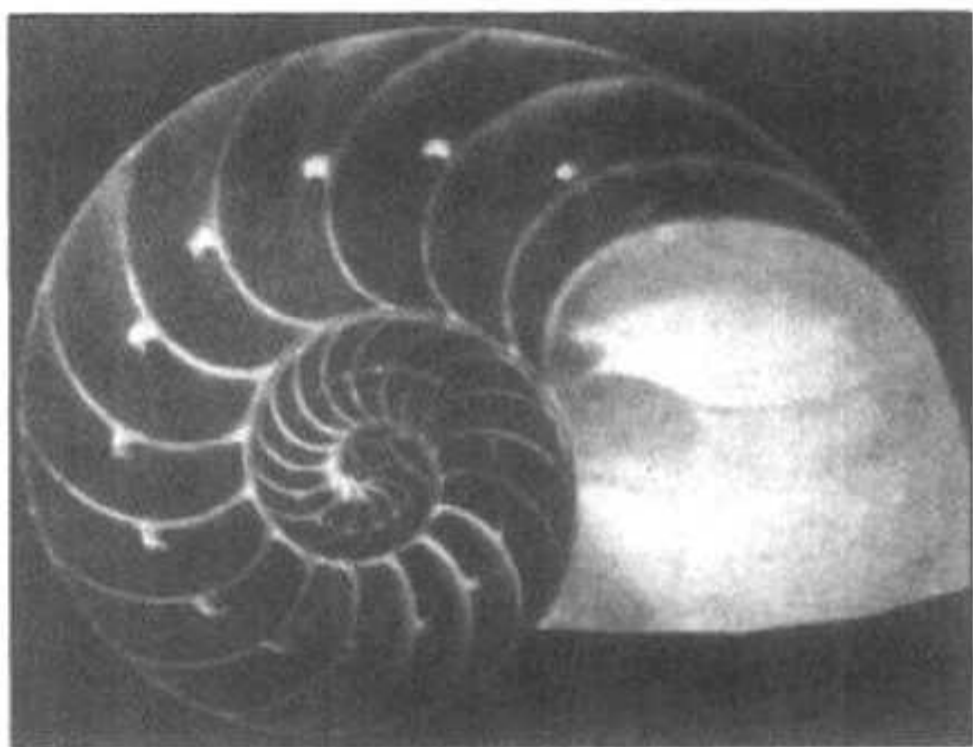


图 10 鹦鹉螺的横截面呈对数螺线形

绳子的长度不断增加,其增加的长度与石子转过的角度是成正比的(比方说,石子每转过 $30^\circ$ ,绳长就增加10%)。此时,石子运动的轨迹就是一条对数螺线。这种对数螺线如此优美,以至于最早弄清其几何特性的数学家雅各布·伯努利\*还请人将它镌刻在自己的墓碑上。

为什么鹦鹉螺身上的纹路会是对数螺线形的呢?这是因为,这种动物的发育模式与拴在绳子上转动的石子相似:在生长过程中,螺壳每转过一定角度,螺身也按特定的比例发育。因此,我们通过观察螺壳的形状便可以得知到壳内动物的发育快慢。菊石是鹦鹉螺的近亲,已经灭绝,它的化石纹路也接近于对数螺线。这种对数螺线在形成过程中,放出的绳长不是按特定百分比而是按特定数量增加的,比方说,转过 $30^\circ$ ,伸长

---

\* 伯努利 (Jacob Bernoulli, 1654 - 1705), 瑞士数学家, 变分法创始人之一。对常微分方程的积分法有贡献, 也是概率论的早期研究者。此外, 他对对数螺线也深有研究, 发现对数螺线经过各种变换后, 结果仍是对数曲线, 因而将这种曲线刻在墓碑上, 附以颂词: “纵使变化, 依然故我” ——译者注

1厘米。在靠近螺线中心的部分，这个比例不成立，但在离中心较远的地方，这个比例还是相当精确的。从这样的螺线形态中我们可以推断，在经过幼年的急剧增长以后，成年菊石的发育速度大大减缓了。

植物王国的数学特征更优美也更神秘。《生长与形态》一书用了整整一章阐述植物的几何特征和数字特征。例如，树叶沿着枝条排列的形状，向日葵籽盘上相互交叉的奇特螺线（图11），花瓣的数目，等等。其中的数学的确非常奇妙。植物结构经常涉及一个有趣的数列，我们称之为斐波那契\*数列：

1, 2, 3, 5, 8, 13, 21, 34, 55, 89, 144, ……

生成斐波那契数列的规则很简单：从3开始，每一项都是前两项之和，例如： $55=34+21$ 。这一数列是比萨的莱昂纳多(Leonardo)在1202年首先提出的，这显然是他当时的即兴之作。莱昂纳多是伟大的数学家之一，同时也是一位永不言倦的游客。他在偶然的情况下接触到由印度人和阿拉伯人发明的流行记数法。这种记数法与罗马数字有所不同，同一个的符号可以有不同的含义。比如55这个数，第一个5代表“50”，第二个5代表“5”。莱昂纳多写了一本关于印度—阿拉伯数字的书，这是一本具有划时代意义的著作。从此，西方人开始采用这本普及读物所介绍的记数法，至今都不曾改变。18世纪的法国数学家吉勒姆·利布里(Guillaume Libri)给莱昂纳多起了一个绰号：“斐波那契”（意即波那契之子），这在人们心目中留下了

---

\* 莱昂纳多·斐波那契(Leonardo Fibonacci, 约1170—约1250)，意大利数学家，12、13世纪欧洲数学界代表人物。他的著作保存下来的共有五种：《算盘书》、《几何实用》、《平方数书》、《精华》和《通信录》。其中，他在《算盘书》中利用兔子繁殖的例子给出了一个数列，即“斐波那契数列”——译者注



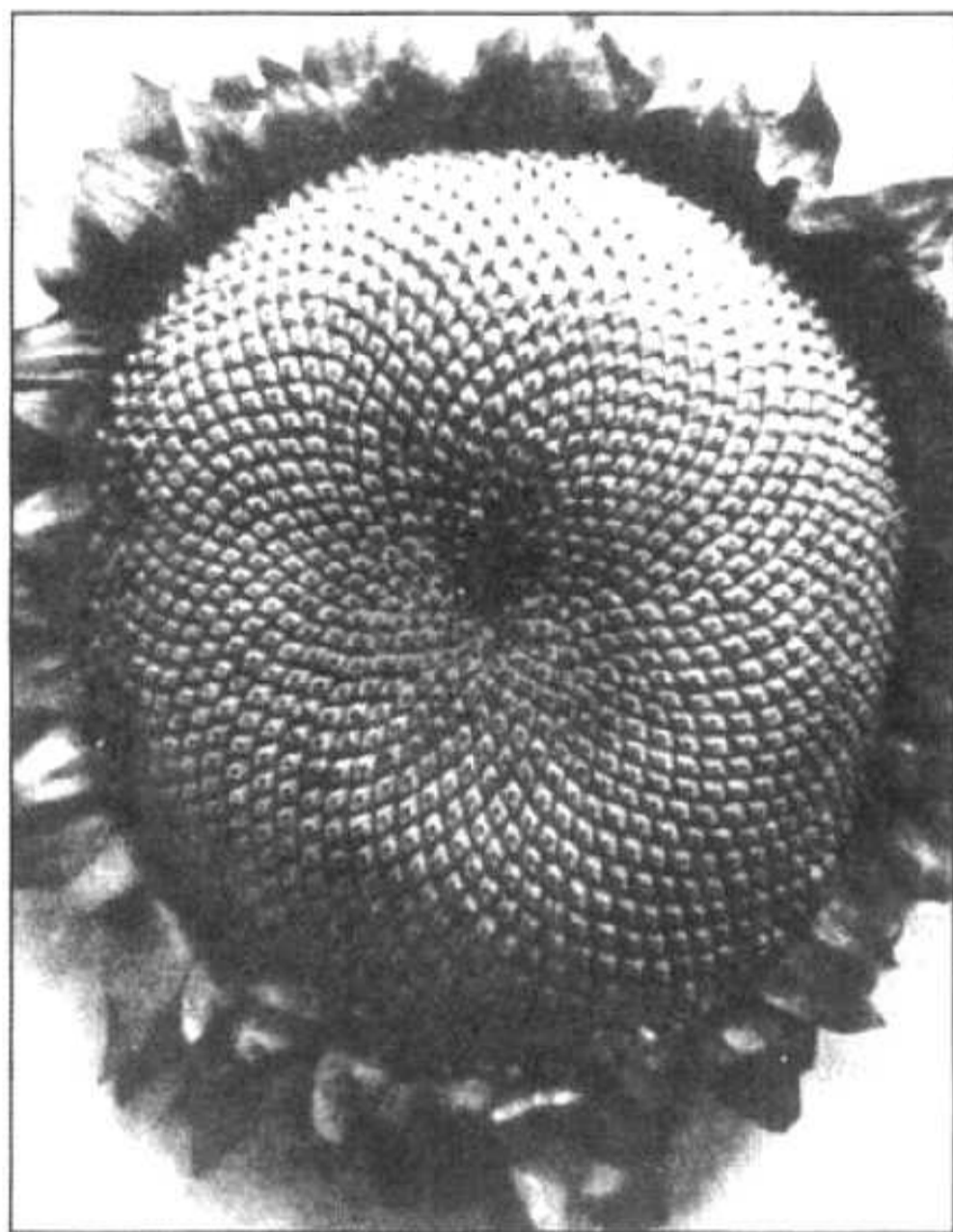


图 11 向日葵籽盘呈现出斐波那契螺线的形状

深刻印象。因此，很多人都以为这一数列起源于 12 世纪或 13 世纪。

斐波那契还提出了一个所谓“兔子问题”。具体来说是这样的：假定在繁殖季节一开始，我们正好有一对尚未成年的兔子，经过一个繁殖季节以后，这对兔子开始成熟。在每一个繁殖季节中，每对成熟兔刚好能生产一对未成熟兔，后者亦需经历一个繁殖季节才能发育成熟。同时，假设兔子不会死亡。那么，在每个繁殖季节中各有多少对兔子？结果发现，用各个繁殖季节内兔子的对数依次排成的数列就是斐波那契数列。人们从这一简单发现中，已经推导出许多重要的数学概念。

多面体、螺线、斐波那契数……这一切实在太美妙了。但是，从当今的生物学观点来看，汤普森的全部论述似乎太过天真了。今天，人们很容易也很可能会对他的思想嗤之以鼻，不屑一顾，轻描淡写地将他所著的书视为简单的猎奇择趣之作，批评他将完全不同的事物所表现出的双关现象和偶然巧合当作了普遍规律。但是，在汤普森所处的那个时代，生物学尚处于萌芽状态，他不可能求助于已经得到实验证实的理论，因而不得不依赖于类比。这使得他的著作只能停留在描述性阶段，而无法作出结构性论述。举例来说，虽然他对植物的斐波那契数特征进行了分析，但却没有对斐波那契数的生物学来源作出具体解释。更糟糕的是，他的论述始终没有触及在现代生物学中占有压倒地位的主题——遗传学。汤普森不了解（也不可能了解）克里克和沃森在1953年认识到的理论。这两位科学家的发现具有里程碑意义：生命有机体的每一个细胞都包含着自己这一物种的符号谱，这种符号谱可用分子密码的形式写出来。这种符号谱称为生物体的基因组，它是用DNA语言书写的全套基因组合。DNA有两种相互关联但各不相同的作用，根据这两种作用的有无，可以将生命与物质世界的其他物体区分开来。其一，借助于分子密码，DNA可用来描述生物体的发育和形态，甚至能够描述生物体的行为。其二，这种密码偶尔也会发生变异——由于化学过程中出现的随机错误而导致的改变，生物体因此得以进化。故此，生物体并不会死守着汤普森所熟悉的那种自由生长的数学教条，而是在经常不断地修正自己的数学基础，将自身发展纳入有希望的轨道，远离对己不利的方向。

关于发育的数学有多少能够经受得起这种修正的考验呢？原则上说，生物体的DNA序列能够创造任何形态或图案；同样，任何一种形态在原则上也能够进化，只要这种进化过程可以为生物体提供某种优势。那么，DNA和进化是否已经产生了如此迅猛的变化，以至于数学现在已与生命世界毫不相干了呢？不管怎样，生命是千姿百态、变幻无常的，我们显然无法将其转化为单纯的数学问题，难道不是这样吗？数学是严密死板和枯燥无味的；生命却生机勃勃而令人激动。

我希望通过一些说明让读者们相信两点：第一，数学要比大多数人想像的更加生机勃勃和令人激动；第二，也是更为重要的是，与欧几里得几何的严密性相比，当今的数学已更接近于生命的多变性。汤普森的中心论点是生物体中存在着数学规律，因此这种规律一定具有数学机理。只要我们不把巧合和偶然推至荒谬的极端，那么汤普森的观点仍然是举足轻重的。我们现在很清楚自己在生命的分子学基础方面所做的工作，因此，在考虑选用哪一种数学表达生命世界时，就不能采取过于天真幼稚的办法。我们不可能期望生命仅仅显示出某些数学的规律性，当然更不能期望找到某种不受遗传、进化修饰和干预的纯数学模式。

尽管如此，我们仍有充分的理由认为，许多基本的数学原理可以经受住生命修正现象的检验。我们认为物质世界是生命发育的原材料，这不仅是指本意上的原材料，同时也是指生命的结构和过程。要是你能建立起一个物理系统，让其按照自身的规则去运行，那么总会产生某种结果。它往往会创造出某种结构——一个波，一块晶体，或者别的什么东西。其中有些结



构也许复杂得出人意料，比如肥皂的泡沫、矿物中的分枝状（树形）模式，等等。所有这些结构都是生物学这座磨坊的原材料。然而，生命实在太复杂了，其结构如此严密，看来很难从这样的来源自动生成。

生物可以利用自动运行的物理学所提供的物质结构和演变过程，但要产生真正的生命体，这类演变过程尚有待进一步修正和控制。例如，化学反应需要持续而缓慢地消耗某些重要的化学原料，最后则停滞下来。生物体为了解决这一问题，需要不断补充关键的化学物质，这就是我们所说的“食物”。虽然能寻找食物的简单物理或化学体系并不存在，但这类体系所必需的某些要素还是能在无机世界中找到的。化学品的扩散是由其扩散源开始的，离扩散源越远，其浓度就越低。反过来说，如果要找到这种化学品，你就得像爬坡那样，沿着浓度梯度逐渐升高的方向去寻找。因此我们说，物质世界为生命体提供了一种觅食窍门。

为了保证窍门得到利用，基因登台亮相了。基因能控制和挑选生物遵循的物理模式，因而生长和形态就变得丰富多采了。有了进化，基因的任何改变都将变得愈来愈复杂——只要这种改变能够产生新的有益结果。但在大部分时间里，自然界却遵循着天然的数学模式。你会发现许许多多的点、线、面、体及其他类型的图案，这些图案对于数学家来说可谓家常便饭。热带鱼身上的斑纹尽管错综复杂，却与某些由简单数学方法生成的图案十分相似。海贝、昆虫和哺乳动物身上的斑纹也是如此。的确，鸟类的形态与图案比较奇特，比如因为饰边、花形、刺纹和羽冠而为大家所熟知的极乐鸟。此外，显示鸟类

图案的基本部位是羽毛，并非数学家通常研究的形状。有趣的是，鸟类的图案有时甚至还能发生变化，尤其当它们变换栖息姿势时，或者改变彼此站立的次序时（多只鸟并排在一起的情况下）。

不过，鸟类身上的图案终究还是由一些数学成分构成的。将这些成分组合成图案的过程具有相当大的恣意性，但这是因为进化对鸟类图案产生的影响特别大。鸟类身上奇形怪状的标记就像是由一位发疯的数学家，手持一本厚厚的图谱和一把巨大的剪刀，剪贴拼合出来的一样。它绝对说不上是一幅和谐统一的图画，而是由五花八门的数学图形拼凑起来的大杂烩。但其中确有数学存在。

遗传和进化是灵活多变的，从实际意义上说，它们并没有什么作为，充其量只是寻找一些巧妙的途径，然后运用物理学定律取得实际的结果而已，比如繁殖。遗传和进化终究不能违反物理学定律，生物学所做的一切都要受到物理学的限制。例如众所周知，鸟尾的形态在很大程度上与空气动力学有关：尾部能使飞行的鸟类停下来，这是一种必要功能。基因在鸟尾形状中所起的作用完全要受制于物理学原理——不懂得物理学原理，就无法理解为什么基因通过进化形成的鸟尾会是现在这个样子。

让我们再来看一看血红蛋白分子吧。这种分子从我们的肺中摄取氧，并将其送入血流，然后在体内需要氧的地方将其释放。血红蛋白是一种极为复杂的分子，是由大量所谓“氨基酸”粘结在一起构成的一种蛋白质。一个完整的血红蛋白分子在执行功能时就像一把钳子：首先将一个氧分子夹住，牢牢地

将其固定在两片钳齿之间；经过一段时间后，钳齿分开，氧分子被释放出来。这种能力与血红蛋白分子的形状紧密相关，还与它能否扣住稍有差别的位点有关（形象一点说，就像插头和插座）。基因可以决定组成血红蛋白分子的氨基酸，但无法确定血红蛋白分子的具体形状。事实上，蛋白质的折叠问题（亦即根据氨基酸的序列预测蛋白质分子三维结构的问题），乃是当代科学的前沿课题，我们对此了解得还不多。我们所知道的是，蛋白质分子的形状不仅仅是由其遗传密码决定的，还是一系列深刻的物理和化学原理综合的结果，这些原理是用数学形式表达的。因此归根结底，血红蛋白分子的形状取决于数学。

基因不是支配生命的规律，而规律却在通过基因发挥着作用。作一个不太贴切的比喻：太阳系目前的状态是由两个因素决定的——运动和引力的数学原理，以及行星的当前位置。后者是初始条件。将初始条件载入数学方程，有关太阳系的一切复杂问题便都迎刃而解了。许多人总是倾向于把基因看作生物学发展的机理，但实际情况并非如此，基因的作用更接近于初始条件。换句话说，基因不是生命的关键，只是生命过程的一个环节。基因当然是一个极为重要的环节，但在这个环节的背后还有更加深刻的机理。一定存在着某种更基本的理论，亦即真正意义上的生物学定律。这种理论便是数学规则，而遗传密码只是被载入这些数学方程的初始条件而已。

物理学提供了多姿多彩的图案和结构，这些图案和结构在形成过程中并不需要消耗额外的能量。进化和遗传各显神通，对结构和图案进行修饰和微调，并将它们组合在一起。其手法之高明乃是物理学本身所望尘莫及的。不过，数学模式毕竟提



供了建筑的材料和场所，从而为遗传和进化打下了坚实的基础。进一步说，如果某些随手可得的图案和结构不须修饰就能有效发挥作用的话，那么进化就会选择它们，基因也会对它倍加青睐。如此，这类结构和图案便堂而皇之地登上了生命的殿堂。

最后，笔者还有一个小小的忠告：生命是一幢气势宏伟的大厦，因而切莫期望数学模型对每一个细节都能作出合理的解释。即使在物理学中，也没有谁会期望数学如此神通广大。数学可以告诉我们，火星为什么大体上是一个球体，它是怎样绕轴自转的，又是怎样围着太阳公转的。数学甚至还可以告诉我们，陨石撞击会造成火山爆发。然而，期待数学对整张行星图上的每个特征都作出解释，而且不许出现一点例外，那就愚蠢之极了。数学在物理科学中尚且没有火眼金睛的本领，现在要求它在生物学中来个七十二变，那不是过于苛刻了吗？

我们已经知道，数学是如何以及在何种程度上帮助我们理解生物世界的。接下来，我们可以通过一些新证据对此加以验证。在汤普森所处的时代里，这些证据当然是无处可得的，其中不光包括与生物发育和形态有关的资料，有的还涉及生命在分子基础、微观结构、控制系统、运动、图案结构、行为方式、交流途径、彼此关系及其与环境间关系等诸多方面的进化历程。生命的每一个层面都有数学的身影，要看见它，只需细心观察。

好吧，我们不妨试试。

## 第二章

---

# 生命出现以前的世界

晶体本身并不属于本书讨论的范围。但雪花的晶体及其他诸如此类的东西，使我们认识到许多丰富多采、美不胜收的自然形态。

汤普森：《生长与形态》，第九章

——一条变形虫\* 就算长到肉眼看得见的地步，充其量也还是个不起眼的小不点儿。它看上去就像一粒沙子，因此你也许认为它跟沙粒一样，没啥意思。然而，只要在中倍显微镜下观察一下变形虫，你马上就会认识到：生命是多么神奇！因为变形虫其实并不像沙粒，它没有固定的形态，并且在不断地进行着有目的的运动。

在这里使用“有目的”一词，也许并不科学，但我们不能不这么说。你一定会不自觉地产生一种深刻印象：变形虫知道自己要去哪儿，并且明白怎样才能到达目的地。你在显微镜中可以看到，变形虫的附近有一小块食物。变形虫知道这块食物就在那儿，于是它开始向那里移动。虫体的表面逐渐发生变化，形成了一个隆凸，并迅速拉长，它准确无误地冲着食物而去。变形虫伸出的这种状如臂膀而又十分灵活的隆凸就是所谓的“伪足”。伪足的内部是由某种材料构成的细微颗粒，这些颗粒在伪足内游动，并流向不断伸展的伪足顶端。

突然，小东西改变了主意。微粒流动的方向倒转回来，于

---

\* 变形虫 (amoeba)，原生动物门中肉鞭动物亚门足总纲根足纲变形目变形虫科的一属。虫体赤裸、柔软，因可向各个方向伸出伪足，以致体形不定而得名。音译“阿米巴”——译者注



是伪足收缩起来。同时，变形虫完全改变了移动的方向，真让人有点莫名其妙。

当你的眼睛从显微镜上移开，想在没有光学仪器帮助的情况下再观察一下这条变形虫时，它看上去又像一粒沙子了。不过，这次你再也不会小看这个小家伙的能力。

如今，我们这颗地球上到处都充满着生命的气息。然而就在40亿年前，地球的表面却是一片光秃秃的荒野，四周布满了处于半熔化状态的岩石，升腾的烟雾中充满着硫黄，海洋中到处都是各种矿物，并无半点生命的迹象。不知怎么的，就是在这样一颗毫无生机的地球上，丰富多采而又错综复杂的生命出现了。粗略一看，你很难想像这一切是如何发生的，我们所熟知的生命现象与贫乏的无机世界之间实在存在着太大的反差。海滩上的沙子被大风吹得漫天飞舞，有时这些沙子的运动会遵循一定的规律。但这种现象显然仅仅是风作用的结果，沙子的运动方式相对来说是非常简单的。风给沙子以推力，沙子就向着被推动的方向运动。生物的运动有所不同：在变形虫实验中我们可以看到，它的运动具有明显的目的性和自由性。

我的意思并不是想说，变形虫知道自己想去哪儿。我只是想告诉大家：在我们看来，变形虫似乎能够按照自己的意愿选择前进方向，它不像沙粒那样完全屈服于周围环境的作用。要知道，这还只是一条变形虫，换了是头猎豹，那还了得？

我们这个普普通通的世界似乎总包含着两种类型的事物：生命和非生命。非生物所做的事十分简单；但生物却可以复杂得让人难以置信。人类花了数千年的时间，才刚刚开始理解生命的现象，开始意识到生命可能起源于无机物质。这并不奇

怪，因为从表面上看，生命与非生命之间的确存在着难以逾越的鸿沟。

然而，事实果真如此吗？我下面所要做的，就是要让你相信，有关这种鸿沟的假设是一种误解，它是建立在无机世界的观点基础上的，这样的观点具有很大的局限性。毫无生气的物理学原理可以产生出乎意料的结果，枯燥乏味的数学规划也能创造令人惊叹的奇迹。生命与非生命之间或许根本就不存在什么鸿沟。相反，它们是一段连续的行为演化，这一端是僵硬刻板的天地，另一端则是生机盎然的世界，其间并没有明显的分界线。那么到底从谱的哪一部分开始，物理学和数学止住了步伐，转而由生物学取而代之呢？这就需要细细品味了。

不算太久以前，这条鸿沟还是如此的明显。那时，生物学家们习惯于这样的思维：生物界的化学过程非常复杂，而孤立分子所发生的化学反应却简单得多，两者之间有着天壤之别。因而，在解释生命起源问题时，他们感到有必要确立一种由化学过程支撑的复杂逻辑框架。任何化学过程愈是接近于生命，其结构就愈是复杂。今天，人们已经认识到，不受外界干扰的化学过程本身就能创造出非常精巧的结构和过程。

我在这里说的是“化学”，真正谈论的倒是分子构造，而不是你在实验室试管中看到的那种化学现象。当试管里发生化学反应时，各种化学成分或多或少地进行了混合。因此，一切有趣的空间结构（在不同地方发生的不同反应）都不复存在了。如果你将生命有机体捣碎并搅和成均匀的糊状物，那么你同样无法得到让人特别感到兴趣的东西。现在我们已经看到，无机化学与生物化学之间那条明显的鸿沟也许并没有我们想像

的那么宽。事实上，有机世界几乎成了提供数学模式的一种取之不尽的源泉，其中的许多模式精美绝伦，令人惊叹不已。雪花、波浪、晶体、气泡、水滴、矿石……等等，不胜枚举，它们都是数学定律的产物。

乍一看，生命与数学完全是两件风马牛不相及的事物，然而，这是因为我们对数学存在着误解。生物学家、物理学家、天文学家，还有银行经理，这些人各自在做什么，我们大多数人在头脑里会有种种不同的猜测。他们在研究生物；他们在进行耗资巨大的物理实验，意欲弄清物质的基本组成；他们在通过望远镜观察宇宙中恒星和行星；他们将钱款借贷给别人。这类猜测到底在何种程度上是正确的，对此我并不关心。它们也许抓住了这些行业的某些本质特征，也许落实到具体细节时离题十万八千里。我所关心的是，多数人在想到数学的时候，脑海里浮现的只是我们在中小学时代学到的那些东西，并且普遍认为这就是数学的全部。

事实并非如此。数学决不是尘封在宏卷巨著中的死亡已久的学科，有关数学的问题并没有全部得到解决，巨著的背后不可能写着所有问题的答案。数学是一门生机勃勃、方兴未艾和不断成长的学科。事实上，如今不断涌现的新的数学门类比以往任何时期都要多。而且，这些新的数学不只是对一些愈来愈大的问题提供了愈来愈复杂的答案，它所处的思维层面也比以往提高了许多。数学研究的是事物的模式、规律、规则及结果，它是一门关于典型形态的科学，而形态在其他学科中的地位都不会像其在生物学中的地位那么重要。

以这种方式看待数学，听上去似乎有点玄，却能使有关生

命的数学更加有趣，更易于理解，而不会像中小学数学那么呆板枯燥。这就好比乐器上的音阶（中小学数学）与作曲过程（创造性数学）之间的区别。总有一天，数学将帮助我们认清生命的方方面面，包括其深层的普遍规律。这种数学将是一门富于创新精神的科学，而不是让人昏昏欲睡的说教。

与其在抽象的层面上高谈阔论，倒不如让无机世界自己站出来说话。我们不妨考察几种具有代表性的自然模式。首先从几个大家比较熟悉的简单例子开始，随后再谈那些奇异而复杂的图案。我的用意是说明无机世界的能力究竟能够到达何种地步，并试图在无机世界的物理学与生命现象的生物学之间架设一座桥梁，从而跨越鸿沟。

作为开始，先来看看无机世界中一种广为人知的图案。早在四个世纪以前，开普勒就已经注意它，但其中的奥秘太深，直到最近才有人对它进行了真正的科学研究。世界上约一半左右的人生活在较寒冷的地区，对他们来说，没有什么东西比雪花更让他们熟悉的了（而对于另一半人来说，雪花则是最陌生的事物）。但即使我们这些经常见到雪花的人，也很少会对它作一番仔细的考察。或许是因为我们看到过雪花的图片，或者听人说起过，总之我们知道，雪花是一种非常细小的冰晶。此外，我们还可以想见，经过放大以后，雪花会呈现出精巧的分叉状结构，那是一种对称的六边形图案。1880年，一位名叫威尔逊·本特利\*的美国人打开小屋的窗户，面对着呼啸的寒风，

---

\* 本特利 (Wilson Bentley, 1865 - 1931)，一名自学成才的美国农夫，出生于一个名叫杰里科的美国乡村小镇。本特利十分热爱显微照像术，他发现，在显微镜下很难找到完全相同的两枚雪花。1931年，他出版了一本名叫《雪花晶体》的书，其中收录了2500余幅雪花的显微摄影作品——译者注



收集了许多细小的雪花晶体，并利用显微镜拍摄了雪花照片。在他出版的一本书中载有2500幅雪花照片。这些冰晶的分叉结构各不相同，在他搜集的标本中，没有哪两片雪花是一样的。不过，大部分雪花呈现的都是一种令人惊叹的相似形态：完美无缺的六边形对称图案。这些图形全是精美纤细的六边形，远非数学家研究的简单六边几何图案能比。它精妙无比，漂亮至极，有点像用玻璃制成的蕨叶。不过从基本特征上说，雪花与数学上的六边形还是有相似之处的：六片完全相同的蕨叶，井然有序地排成一束，彼此间的夹角为 $60^\circ$ 。为了看清其中的美妙之处，最简单的办法就是走进雪花轻飘的原野，身穿一件深色外衣，再带上一块放大镜，亲身去体验一下（不过请记住，现实中的雪花往往不是完美无缺的，也许是因为有些雪花在下落过程中已经破损或融化了）。

历史上第一次试图解释雪花形态的研究工作是开普勒\*在1611年开展的。开普勒以发现行星运动三大定律而闻名于世。此人一向热衷于研究自然界的各种模式，他对现实世界中显示数学规律性的任何现象都抱有浓厚的兴趣。开普勒撰写过一部非常精彩的著作，书名为《六角雪花》，并将它作为新年礼物献给了赞助他进行科学研究的人们。在这部著作中，他将雪花的六边形对称性归因于原子的结构。物质是由极其微小的粒子所组成，这一理论可以追溯到古希腊时代，尤其应当归功于德

---

\* 开普勒 (Johannes Kepler, 1571 - 1630), 德国天文学家。他提出了著名的“开普勒三大定律”，用以描述行星运动，还发现了大气折射的近似定律，并于1607年最早观测到了“哈雷彗星”——译者注

德谟克利特\*。古希腊人是否真的非常看重有关原子的说法，抑或只是将原子作为一种论战的工具，那就不得而知了。但有一点可以肯定，在近2000年时间里，对原子这个概念，谁也没有做出什么重大的贡献。开普勒所做的也无非是借助于前人想过的实验和民间传说，试图从雪花宏观结构上明显存在的规律性出发，探索其微观结构的规律性。他认识到，如果物质是由完全相同的微粒所构成，那么其宏观结构必定取决于这些微粒的排列次序，而与微粒本身的形状无关。就生命现象而言，总体结构一定比其组成成分重要得多。

为了简单起见，我们不妨假定这些粒子是一些微小的球体。那么，这些小球怎样才能自然地捆绑在一起呢？球体是三维结构，而雪花却是扁平的——构成雪花的粒子（如果存在的话）一定都紧靠在同一平面上。现在，我们就能很容易地在二维空间中思考有关问题了。我们要利用一些小圆片，比如，相同面值的硬币。先在桌上放一枚硬币（图12a），看一看，紧挨着它最多能放几枚硬币。答案是6枚，并且这些硬币彼此间可以紧靠（图12b）。用这种办法继续放置硬币，就能将一枚枚硬币紧挨着摆放成一种完美的蜂窝状图案（图12c）。可以想像，这种图案所能容纳的硬币要比其他任何图案都多。这是一种最为紧密的排列方法。事实上这不光是想像的结论，而且的确是一条真理。这条真理直到1930年代，才由匈牙利数学家费耶斯·

---

\* 德谟克利特（Democritos，约公元前460—公元前370），古希腊哲学家，原子唯物论创立者之一。其著作涉及哲学、逻辑学、数学、天文学、物理学、生物学、心理学和社会生活等各方面问题。他在继承留基波哲学思想的同时，提出了自己的原子唯物论思想——译者注

托特 (Fejes Tóth) 用严密的逻辑方法给出了完整证明。在开普勒看来, 这一图案的重要特征是六边形的对称性。如果冰是由一些微小的单位所构成, 而这些单位充分紧密地聚集在一起, 并且位于同一平面上, 那就会不可避免地出现一种内在倾向, 即形成对称的六边形。有效性原理导致了规则的几何图形。

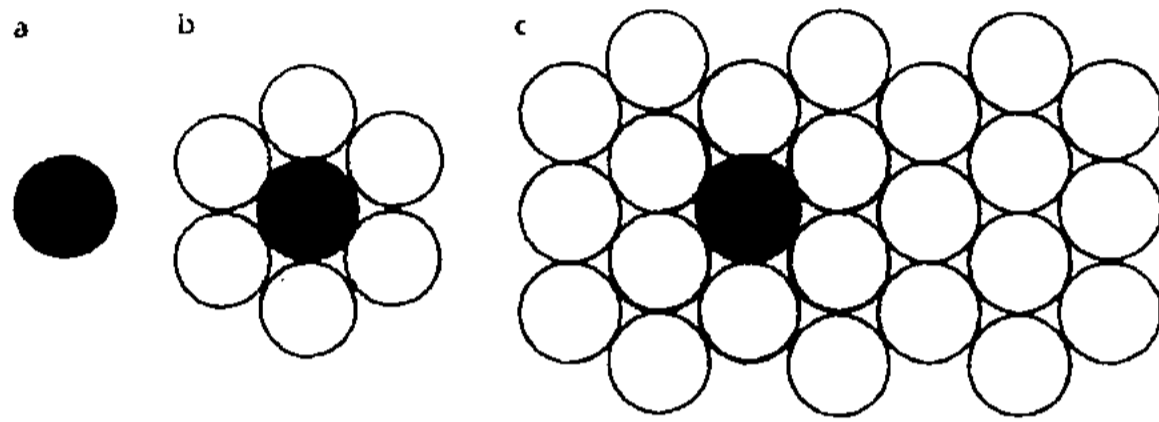


图 12 (a) 紧挨着一枚硬币能放置多少枚硬币?  
(b) 答案是: 6 枚  
(c) 继续排放硬币得到的一种六边形格子

晶体学的发展使我们有可能检验开普勒的论点。物质由原子组成, 在固体中, 原子的确能够充分紧密地聚集在一起, 因为自然界总喜欢用最少的能量形成特定的结构。在理想世界中, 原子充分紧密地聚集在一起所形成的结果便是一种有规律的数学结构, 称之为格。格就像一张三维的图案纸, 由同一种个体单元沿着三个互不相关的方向不断重复而成。在现实世界里, 原子排列是一种近似的格, 存在着细小的误差, 称为“错位”。晶体的形态是丰富多采的: 数学已经证明, 按照对称性的不同, 总共存在 230 种具有本质差别的格。一个水分子含有两个氢原子和一个氧原子, 因而冰的晶格就不像由单个的原子重复而成的蜂巢结构那样简单。但正如 1878 年人们发现的那样, 两者在形态上还是十分相似的。人们发现, 冰晶格是一种

三维结构，每一个水分子周围是另外四个水分子，而且（如同开普勒预见的那样）氧原子是分层排列的，每一层都呈现出蜂巢的形态；氢原子虽然使图案变得更为复杂，但并没有改变其实质。具体地说，每一层都是一个平面，具有六边形的对称性。这种对称性可以用来解释雪花的形状。

分子的格并不能解释雪花那种漂亮的分叉结构。要解释冰晶的这种分叉结构还需要费点事。正是在这种解释过程中，我们无需外界的帮助，也不必费太大力气，就能初步领略到某些结构的精妙，这些结构是受物理学中的数学规律制约的。冰晶在生长过程中，一层层原子不断地附着到晶格的外层表面（就像肥皂泡的例子一样），这一切都遵循能量最小化的原则进行着。从表面上看，这一过程的结果应当是各平面层的规则扩张，最终会形成标准的直边六边形。但是，约翰·戴(John Day)在1962年表明，长长的直线边并不能使能量最小化；代之形成的是一组组波纹（图13b），这一现象称为“端裂失稳”。波纹改变了晶体形状，平直的六边形变成了具有六个尖端的星形。此变化仅仅是许多可能的变形之一。这种端裂失稳现象如果反复出现，那就意味着，星状晶体的臂部在生长过程中可能依次萌发出新的分支。这些分支一旦达到一定长度，又可再分叉。如此继续下去，结果就称为“树状生长”，这也是多数雪花具有蕨叶外表的原因。

我们已经解释了雪花的对称性和复杂性，但还没有对不同雪花的个性特征进行说明。为什么任何两片雪花都不相同呢？发生端裂失稳现象的具体条件有赖于周围环境，特别是大气的湿度。空气愈潮湿，晶体生长得愈快。想像一下，雷雨云中有



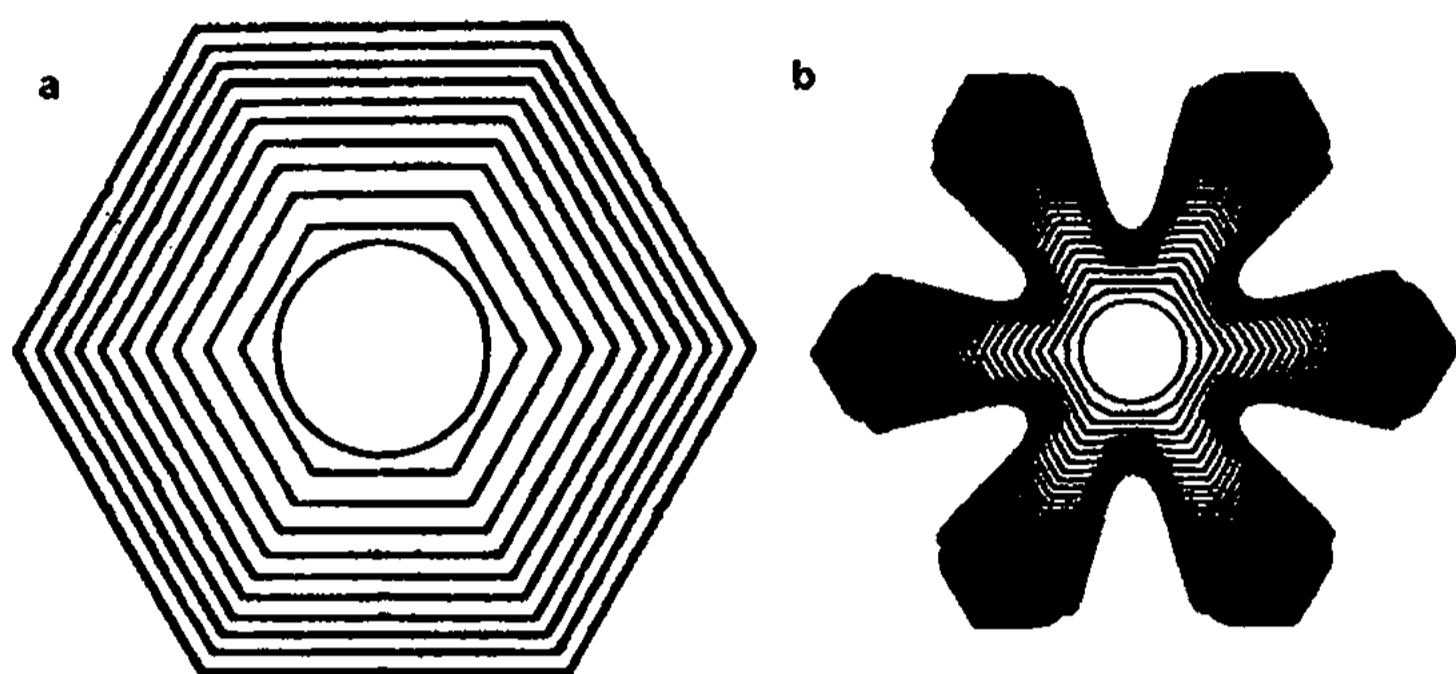


图 13 六边形 (a) 并非能量最小化结构, (b) 实际形成的是波纹状结构

一颗细小的六边形晶体, 其周围不断有新的水分子聚集过来。由于这颗晶体极其微小, 因此在同一时刻内, 六个角点处的环境条件在很大程度上是相同的。但雪花身处雷雨云内部, 在各个方向上都会受到吹动, 这种环境条件时刻都在发生变化。所以, 六个角点处最初萌发出相同的图案; 然后, 随着环境条件的改变, 角点处继续形成与前略有不同的图案, 但六个角点处形成的图案彼此之间仍是相同的。因此, 雪花能够保持六边形的对称性, 但其具体形状则因雪花形成过程的不同而改变。这类形成过程可以千变万化, 无穷无尽。这就是雪花形态的来龙去脉。

我们应当认识到, 晶体生长的数学规律完全能够把有关雪花的种种奥秘解释得清清楚楚。这些奥秘不光指数学中的直边六边形形态, 当然这种形态是显而易见的。有些神奇的现象如端裂, 是内部自发产生的, 并没有受到任何外界干预。另一些现象则受到了外部环境的影响, 例如云层内部湿度的变化, 等等。即使在这种情况下, 种种影响因素对雪花最终形态所产生

的作用仍然受到了数学的约束。雪花之美丽归根结底还是来自于客观存在的数学规律。

雪花的形态主要是一种空间结构，其中并不涉及任何与时间相关的有趣规律。另外还有一种大家都熟悉的重要模式不但与空间有关，而且与时间也有密切联系，这就是波。波也是自然界中最普通的规律性事物之一。在世界上的大多数地方，如果你站在海滩上看一看大海的话，你所看到的不会是平静的水面，而是一阵阵波涛汹涌而来，卷起一团团白色浪花。现实中的海浪十分复杂，但其中许多重要的特征可以从简单的数学模型中推算出来。

取一段较长的绳子，将其一端系在门把上，手持着绳子的另一端，并把绳子稍微拉紧些，但不要过紧。然后，让你的手上下抖动一次。你可以看到一个波沿着绳子传开去，碰到门后又折转回来。如果将绳子这一端反复地上下抖动，你就可以看到一系列波，全都呈现大致相同的形状，并以大致相等的速度和间隔传递开去，这种“规律重复的形态”用数学行话来说，就是周期性。形态可以在空间上具有周期性（如卫生间的墙砖），也可以在时间上具有周期性（如一年四季的更迭），甚或在两者上都具有周期性（如冲上海滩的波浪）。

行进波是自然界最普遍的运动形式之一。正如我们刚才所说，波可以发生在液体中，也可在气体中产生：声音就是一种在空气中传播的波。光、无线电、X射线、微波等，都是行进电磁波。你还可以从沙丘中，从淤泥堆积的河床上，甚至从云层的形态中发现行进波。森林中正在枯萎凋亡的树木也会形成缓慢推进的波，这种现象在地球上只有两个地方能够看到

(彩图 1)。一是位于日本中部八岳的秩父山区，另一个地方则是从新罕布什尔州绵延到加拿大的阿巴拉契亚山脉。在这种波形中，有许多灰色的新月状地带，它缓慢而不可阻挡地穿越着森林。新月状地带内，树木在不断地枯死并倒下；新月状地带背后，生意盎然的苗木又萌发出团团新绿。这种波的形成并非污染所致，一种自然生长的菌类是真正的罪魁祸首。改变波的位置可能需要许多年时间，枯木最终会被新枝覆盖，然而，这种景象背后的数学原理与其他波是完全相同的。树木分批死亡所形成的波，对于森林管理来说至关重要，这种现象也是生物学过程与数学原理结缘的一个例子。

沿着绳长方向，的确只有一种方式能够形成周期性波形：这些波必须一个接一个地传播，只有波形和大小是可以变化的。大海或沙漠上波却可以千变万化，其中最简单的就是那种平行排列的波，就像报告纸上的一排排直线。当波浪冲上海滩时，通常形成一些大致呈平行排列的波形。在图 14 中我们可以看到沙漠中的几种沙丘的典型图案。沙丘是构成沙漠环境的重要部分。生活在沙漠中的生物，从开始进化那一刻起，就要受到沙丘数学的制约，同时它们也学会了利用这种数学规律。

波并非只能沿直线传播。我们知道，向池塘中扔一块石子，就会产生一圈圈向外扩展的同心圆。这种波形在一种名为“BZ 反应”<sup>\*</sup>的化学实验中也能看到。当代生物学家认为，这

---

<sup>\*</sup> BZ 反应 (Belonsov - Zhabotinskii reaction) 最早由苏联化学家、毒物学家贝隆索夫于 20 世纪 50 年代所观察到。但由于当时的化学界认为，这一反应违背了热力学第二定律，因此未予认可。到了 20 世纪 60 年代，另一位苏联化学家扎博京斯基再次研究了贝隆索夫的论文，并对该反应作了适当的调整，终于证实贝隆索夫是正确的——译者注

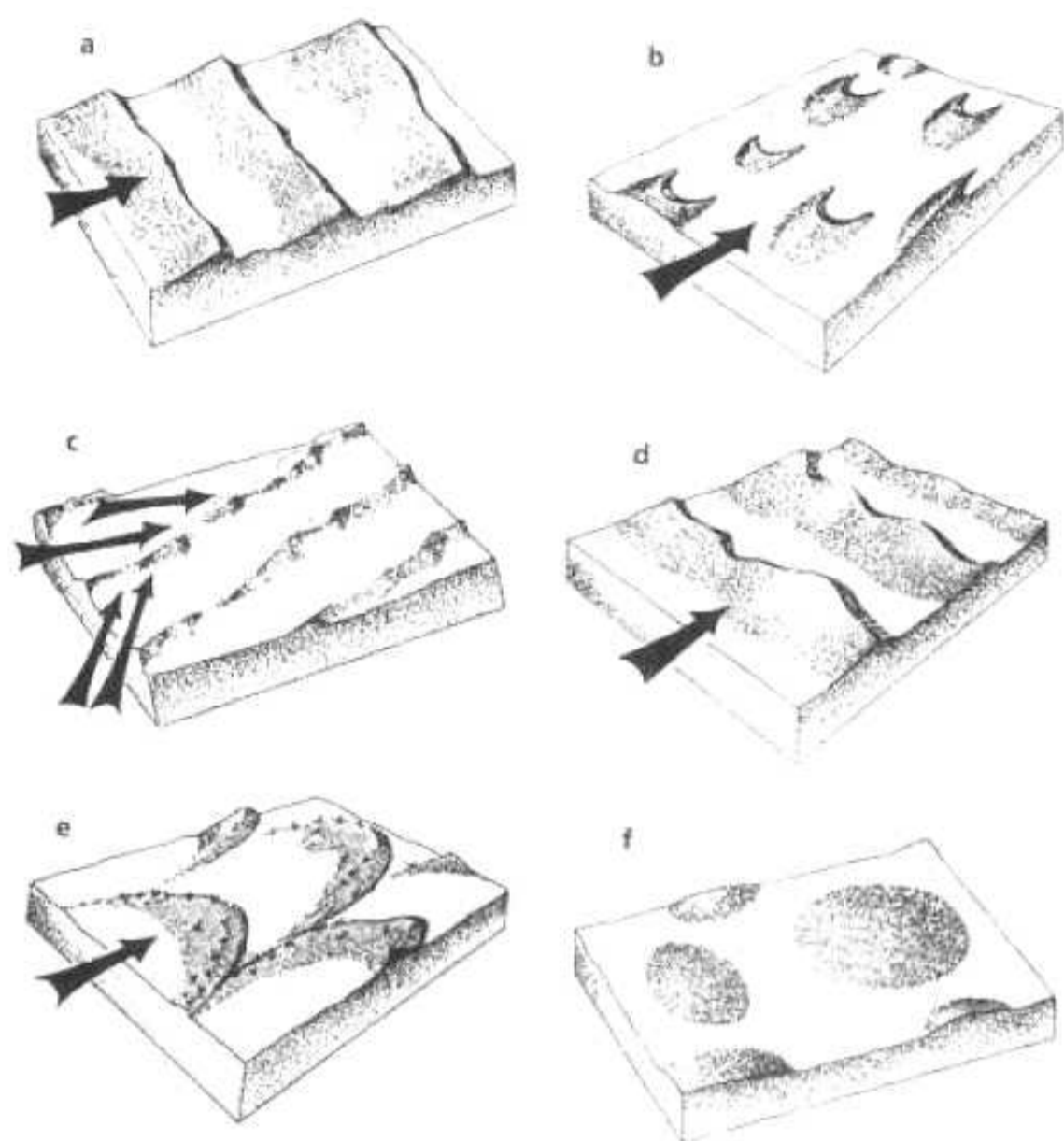


图14 几种沙丘形态:(a)横向沙丘、(b)新月形沙丘、(c)线形沙丘、又称赛夫沙丘、(d)蛇形沙丘、(e)抛物线形沙丘、(f)圆丘

种化学反应与动物身上斑点或条纹的形成具有密切关系。我并不是说，动物身上的图案都是同心圆形的[格雷·拉森(Gray Larson)制作了一部动画片，片中的一头鹿身上有一块类似于靶心的标记，同伴们都很同情它：“噢，这是一块胎记。”]

1958年，贝隆索夫(B.P. Belonsov)报告称，某些化学品混合以后可以发生振荡性反应，即周期性地重复一系列相同的化学变化。对于化学界来说，这本应是具有轰动效应的言论，但由于该发现在惊世骇俗，以至化学界根本连听都不想听，当然，这方面的工作成果也没有被发表。那时的化学家们



认为自己很清楚，这种事情永远都不可能发生，因为这等于是从无序状态（没有规则）中产生了有序结果（规则）。而从无序中自发产生有序，这在当时被认为是绝不可能的。直到1963年，扎博京斯基（A·M·Zhabotinskii）改进了化学配方，使实验结果变得更为明显，并且可以重复。他终于证明，贝隆索夫是完全正确的。

从此，这一实验成了经典之作。为了增加其可靠性，阿特·温弗里\*和科恩后来又对该实验进一步改良。实验中需要用到四种化学品，每种化学品所占比例都必须相当精确。将它们混合后盛于培养皿中，最初会形成均匀的蓝色层，然后又突然变成红棕色。几分钟过后，不知何故，混合物中再次出现了几个蓝色的小斑点。这些斑点逐渐增大，同时斑点中央又转为红色。随着蓝色圆环的不断扩大，中央的红色斑点也逐渐增大，在红色斑点的中心处又出现了新的蓝色斑点。不久以后，碟子中充满了红蓝相间的同心圆，并且都在缓慢地增大，彼此间还会产生碰撞现象（彩图2）。BZ反应的神奇之处还不止于此，除了产生同心圆外，还会出现螺旋线。制造螺旋线的最简单方法是用缝衣针的针尖划破这些同心圆。你也可以用加热的金属丝或激光束，甚至只需将培养皿略微倾斜一下，就可以达到目的。此时，图案开始围绕破裂端蜷缩起来，从而出现了几条缓慢旋转的螺旋线。这些螺旋线发生相互作用的方式非常复杂（图15）。数学家们只需运用简单而巧妙的反应-扩散方程，便

---

\*温弗里（Art winfree），美国化学家、生物学家，现任亚利桑那大学生物学教授。其主要研究课题是生物行为的振子模式，曾对BZ反应进行过深入研究，并进行了改良——译者注

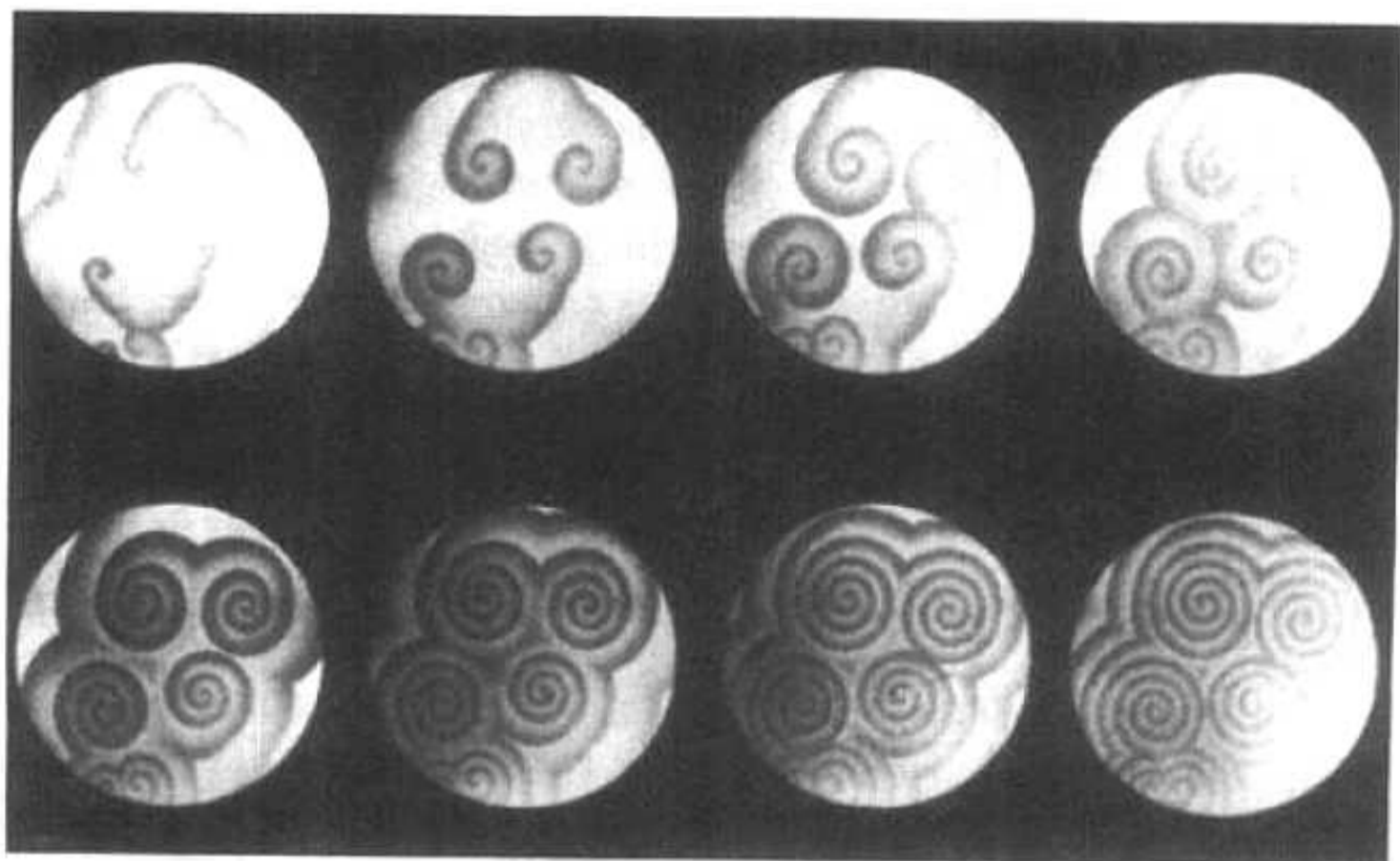


图 15 BZ 反应中的螺旋线模式

能对同心圆和螺旋线给出合理的解释。

这些图案以及上百万种其他图案以无可辩驳的事实表明，无机世界本身就能生成精美无比的形态。这种能力从何而来？在很大程度上，这种能力源自于一条简单而基本的原理：对称性。正是这一原理制约着物质世界的深层结构。特别需要指出的是，爱因斯坦（Albert Einstein）强调了对称性在宇宙中的重要意义。他曾指出，真正的自然基本规律在任何时候、任何地点都应当是相同的。也就是说，规律必定具有完美无缺的对称性。根据这一原理，他推出了许多结论，其中之一便是相对论。近代物理学已经证实，宇宙在最深的层次上，是运行于对称轨道上的。对称性原理支配着四种自然力（引力、电磁力、基本粒子间的强核力和弱核力），支配着量子力学和基本粒子，支配着空间、时间、物质和射线的本质特征，支配着宇宙的形态、起源和最终命运。我们尚不清楚其中的原因所在，但却可

以相当肯定地说，事实就是如此。

对称性原理为诸如晶格这样的规则模式提供了一种简单解释，因为这类模式本身就具有非常明显的对称性。我们不难相信，模式的对称性反映了潜在规律的对称性。不过除此之外，我们现在又逐渐认识到，宇宙的基本对称性也可用来解释那些并不十分规则的模式。

问题关键在于，我们必须问一问，在完全对称的规律基础上建立起来的宇宙，怎么可能衍生出空间和时间上纷繁复杂而又各不相同的结构呢？毫无疑问，假如规律在所有的空间和时间点上都是一样的话，那么宇宙本身在所有的空间和时间点上不也应当是一成不变的吗？如果宇宙的不同部分都是从同一点——大爆炸开始的，并都遵循同样的基本规律，那么它们又怎会显示出不同的行为特征呢？那些精巧复杂的形态怎么可能自发出现呢？（这里所谓“自发出现”，是指在这些复杂形态涌现以前，不存在任何复杂的因素，没有复杂的方案，没有复杂的几何图形，没有复杂的初始条件……等等。）

解释宇宙中各种形态的复杂多变性，光有对称性原理是不够的。除此以外，我们还要用到另一个概念：稳定性。如果某一系统受到随机的轻微影响而仍能保持原来状态，我们就称这个系统是稳定的。通常，能被我们实际观察到的任何现象都是稳定的。反之，如果细微的干扰就能导致巨大的变化，那么这个系统就是不稳定的。在现实世界中，细微干扰总是存在的，例如分子振动，也就是我们所称的“热”。

举一个标准的不稳定状态的实例：取一根缝衣针，以针尖直立于一块坚硬的表面上。从理论上讲，只要位置摆放得合

适，针是可以站住的，并能永远保持平衡状态。但在实际上，不管你怎样摆，针总会倒下。这有两方面原因：其一，针尖摆放的位置只要稍有不当，这种错误就会被重力所放大，整个针身便会倒下；其二，就算你能设法将针一丝不差地置于理想位置，只要空气稍有流动，或者仅仅由于热所导致的针体本身的分子振动，这种干扰也足以使针倒下。相反，横躺的针就处于稳定状态：不去碰它，针是不会移动的，如果你轻轻地推它一下，那么当你停止用力时，针也会立刻停下来。

在过去的几个世纪中，数学家们逐渐认识到，对称系统的不稳定性往往是生成模式的源泉。不稳定性可以破坏系统的整体对称性，这意味着，不稳定状态将使整个系统失去部分对称性。冰晶体的端裂失稳现象促使雪花生成类似蕨叶的模式，这也是对称性受到破坏的结果。晶体的边界不再是直线，而是一些凹凸的波纹线。再举一个更常见的例子，将一块重物固定在一根竖直弹簧顶端。这一系统在左右两个方向上是对称的：弹簧向左弯曲时，产生的作用力与向右弯曲时产生的作用力的大小是相等的。此外，如果弹簧的坚硬程度足以举起该重物，那么系统在状态上也是对称的：绝对直立，对称轴为铅垂线。但若弹簧太弱，难以支撑重物，那么其竖直的对称位置就不那么稳定了。此时系统会寻求另一种状态，比如，倒向固定重物的那一侧。这一状态就不再对称了：它偏向于重物的方向。

现在，对称性跑到哪里去了呢？原来，相对于向左倒下的每一种状态来说，正好都有另一种向右倒下的状态与之对应。这时对称性表现为几种不同的状态，而不再集中表现为一种状态。通常情况下，在某一时刻，我们所能看到的只有一种状态，



因而整体的对称性逃过了我们的视线。

下面，我们再来看一个例子。沙漠中，没有沙丘的地表平坦而平淡，它处于一种高度对称的状态，其中每一处都完全一样。当这种对称性被打破时（只要一丝微风就可以办到），对称的状态就会失去稳定。这里会有沙子堆积起来，那里会出现浅浅的沙坑。地表形态的变化反过来影响了空气的流动，外界干扰变得愈来愈厉害。不久，巨大的沙丘形成了。然而，原来的系统，即平坦的沙漠具有高度对称性，所以沙丘中还是会保留一定的对称性。这也正是沙丘图案令人瞩目的原因。

通常，是对称破缺构成了我们理解某些模式形成的核心。直到 1830 年左右，数学家们才将他们对于对称性的理解作了形象化的表述。他们认识到，对称性并不是一样东西，而是一种变换，一种运动，一种变形，一种将物体组成部分进行移动的方式。对称性也不是一种随意的变换：物体经过变换以后，看上去应该与原先完全一样。例如，一个正方形的对称性可以看作是将其旋转一个直角的变换，完成这一过程以后，你无法说出旋转后的正方形与原先的正方形有什么不同。这意味着，“转动  $90^\circ$ ”这个变换是正方形的一种对称性。相反，如果你把正方形旋转  $45^\circ$ ，所得到的就是一个菱形，就算不上是一种对称。

如果是另外一个形状，比如，一个圆，情况又会怎样呢？一个圆有两种对称：绕其圆心旋转任一角度，以及绕任一直径（对称轴）进行反转。每种形状都有自己的一套对称性，有的形状对称数很少，另一些形状对称数则较多。形状的对称数愈多，图案的规则性看上去就越强。

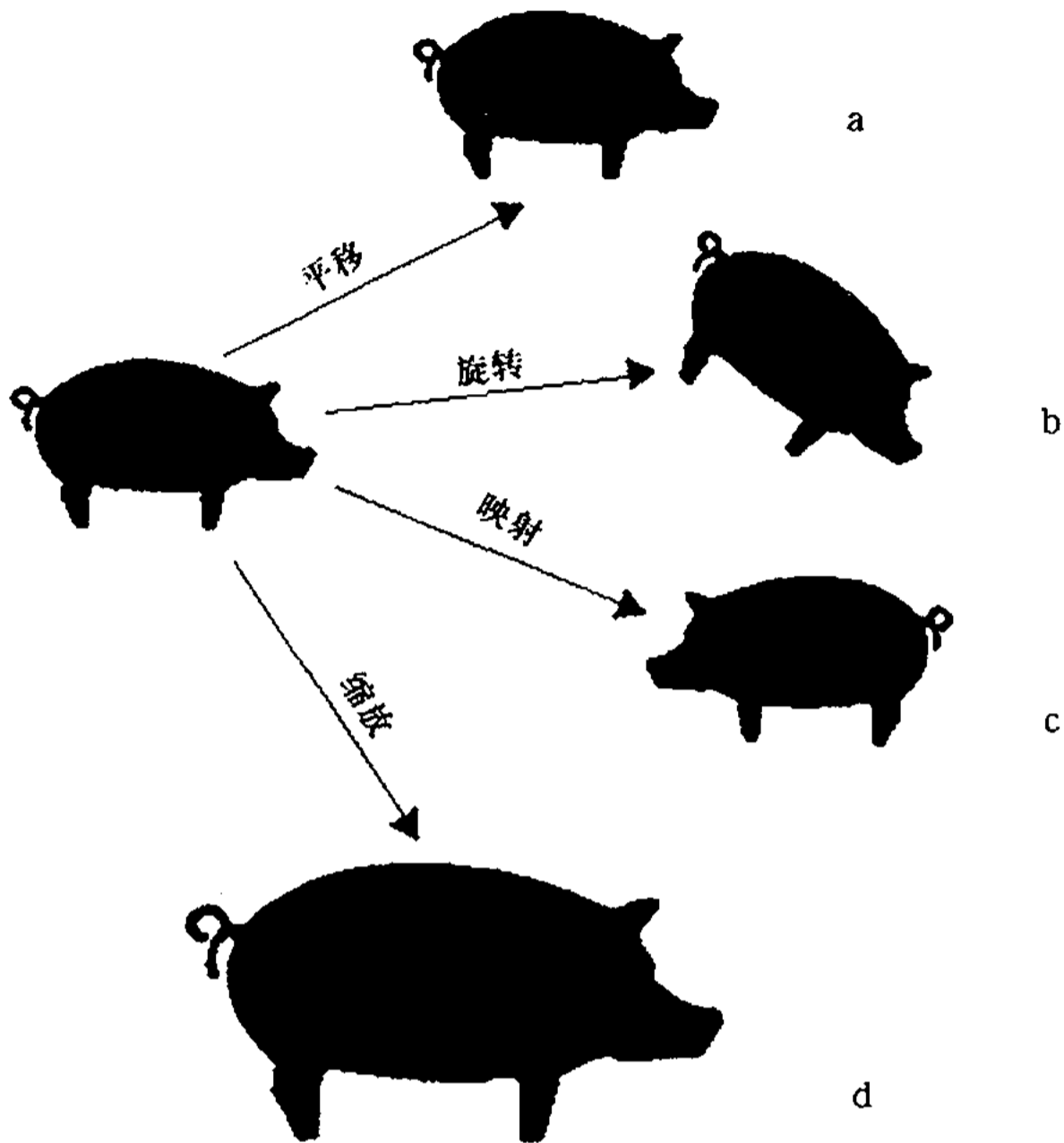


图 16 四种主要的对称变换：(a) 平移，(b) 旋转，(c) 映射，(d) 缩放

对称变换的种类五花八门，主要包括四类（图 16）：平移——使物体沿某一方向移动；旋转——使物体绕定点（对称中心）转动一个特定的角度；映射——其效果与看镜子中的物体相同，这面无形的镜子所在的位置称为“对称轴”；缩放——同样有一定点，物体的其余部分关于此点按相同比例进行放大或缩小，这与绘制地图是一样的，地图本身代表的就是一块土地的缩影。缩放变换反映了比例变化的作用，因而在生物学中具有特别重要的意义。

对称性规范了物质世界的行为。对称破缺之所以重要，就在于它能够解释形态为什么会发生出乎意料的变化，例如，冰


















胚胎发育阶段		胚胎发育阶段		胚胎发育阶段	
胚龄(小时)18℃		胚龄(小时)18℃		胚龄(小时)18℃	
1	0	7	7.5	13	50
					
	未受精卵		三十二分体		神经板
2	1	8	16	14	62
					
	灰色半月体		中期卵裂		神经褶
3	3.5	9	21	15	67
					
	二分体		晚期卵裂		旋转
4	4.5	10	26	16	72
					
	四分体		背唇		神经管
5	5.7	11	34	17	84
					
	八分体		中期原肠胚		
6	6.5	12	42		
					
	十六分体		晚期原肠胚		尾芽

图 17 青蛙胚胎发育的原肠胚形成期 (蛙龄 34 小时)

晶的端裂现象以及BZ反应中的螺旋线现象等等。生物学中许多重要的形态变化都是通过对称破缺产生的。在这类情况下，数学能向我们提供简单而清晰的指导，帮助我们预期即将发生的现象，而生物学机理往往只会搞得我们一头雾水。举例来说，在青蛙胚胎的发育过程中，要经历一种戏剧性的变化阶段，我们称之为“原肠胚形成”，亦即“胃”的形成（图17）。在原肠胚形成之前，胚胎已经发育到囊胚期，此时的胚胎是一个由1000个左右微小细胞构成的球状体。进入原肠胚形成期后，不知是什么原因，奇异的事情发生了。球状体表面出现了圆形凹坑，起初是咧嘴微笑的U形，随后这个区域塌陷下去，并在下方折叠、延伸，形成一种双壁的结构，就像一只口小肚大的水罐。

原肠胚形成的生物学机理非常复杂，它给我们留下了这样的印象：囊胚在理论上可以转化成任意形状，这完全取决于它得到了怎样的遗传指令。然而，原肠胚形成的数学原理却表明，我们所观察到的形状改变遵循的是一种现成的非生物模式，囊胚在外力作用下发生了某种屈折作用。概括地说，是囊胚的对称性受到了破坏，从而使球状体转变为一种环形结构。数学计算表明，任何一种球壳结构，比如一只乒乓球，在指向中心的均匀外力作用下，都会发生同样的现象（图18）。

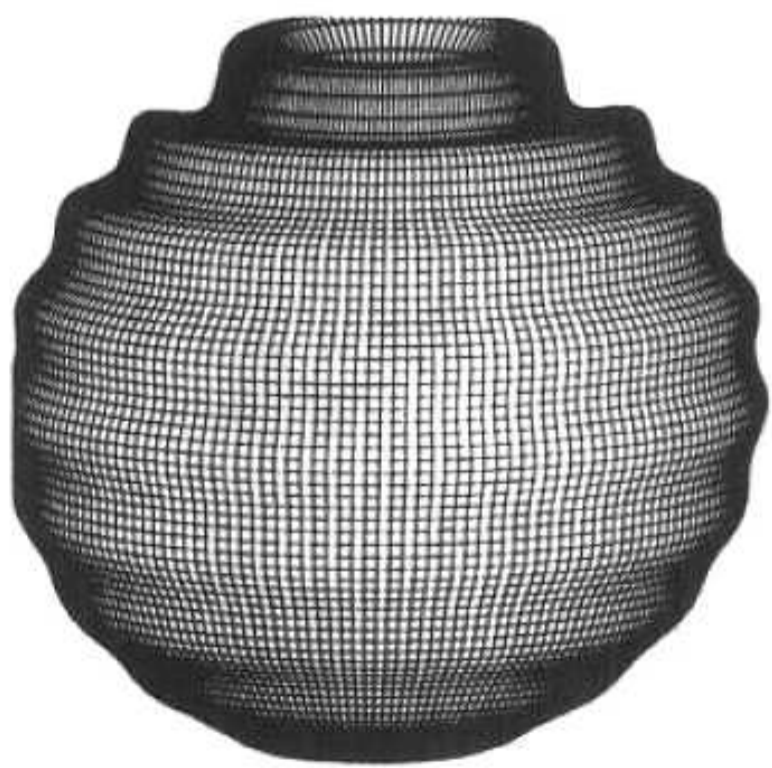


图18 球体刚开始发生屈折时，仍能保持关于某一轴的环状对称性



我完全清楚，青蛙胚胎比乒乓球复杂得多，遗传学和许多其他因素也在发挥重要的作用，以保证屈折现象遵循一定的模式\*。同样非常清楚的是，青蛙的发育利用了数亿年前物理学慷慨赠予生物界的一种行为方式。自从开天辟地的那一刻起，物理学定律就一直伴随着我们。它向我们表明：球壳是一种自然的稳定结构，它是由许多微小粒子聚集而成的，这些粒子彼此间有一种较弱的吸引力。物理学定律还告诉我们（尽管在某些技术细节方面可能有出入），这样的球形曲面无论在何时发生屈折，总会产生一个圆形凹坑，并在其内部出现折叠现象。

因此，青蛙的胚胎原形为一种球状结构，这是完全合理的。但另一方面，它无法永远保持球状，否则的话，我们最终等到的就是一只球状青蛙了。对称性必然要受到破坏。物理学已经为此提供了一条天然途径：在壳上诱发一种失稳定状态，并允许其自发地屈折而形成圆坑，造成自身塌陷。这种情况在青蛙的生物学发育过程中是自然发生的，不需要付出任何代价。青蛙的遗传属性能够触发这种失稳定状态，如有必要的话，它还能进一步修正屈折的精确形态，但却不必告诉囊胚如何屈折。与此类似，大象在坠下悬崖时，体内的基因也不必告诉大象一定要遵守万有引力定律。这就意味着，纯粹用遗传学观点是无法说明原肠胚的形成机理的。你必须引入有关屈折的数学原理，更准确地说，是引入所有导致囊胚发生屈折的机理。

我并不是要你认为，一定要用这种简单的球形曲面作为描述囊胚的合适模型。也许囊胚的个别细胞也会影响屈折现象的

---

\* 精子钻进卵子的那一点决定了屈折现象到底在哪里发生——译者注

发生，也许是遗传指令驱使细胞开始移位（看上去这种可能性很大）。然而，在随后发生的事件中有一件非常重要，它来自于物理学而非遗传学，这也正是我所试图说明的。

对称破缺现象乃是一条普遍规律，可以适用于所有对称系统。这条规律告诉我们：物理上不同的系统间尽管存在明显的差异，但只要都具有对称性，它们就会表现出相似的行为。对称破缺现象在自然界是根深蒂固的。它不但可以解释为什么会有各种不同的图案，而且能够解释有些图案为什么是相似的。此外我们还将看到，对称破缺的现象还能对生物界的各类模式进行解释，并将它们统一起来。不过，在我们逐步深入探讨整个生命世界以前，还是先来仔细地研究一下它们的分子学基础——DNA。我们在这里也会发现数学规律无所不在。



### 第三章

---

## 骤然发生的冻结

生命化学是一个巨大的谜团。生物的生命过程与实验室中进行的化学反应存在着诸多不同。活体细胞内发生的化学反应、催化过程或者其他作用，都是极为复杂的。然而，那种认为细胞内化学反应与普通化学过程截然相异的论点，看来已经站不住脚了。

汤普森：《生长与形态》，第九章

如果在宇宙的另外某个地方也存在生命的话，它们的化学基础很可能与地球生命截然不同，事实上，也许根本就没有任何化学基础。地球生命是具有化学基础的，且这种化学基础非常特殊，生命的一切都取决于一个众所周知的化学分子——DNA。正因为有了DNA，生命才得以将物质世界自行提供的过程和结构安排得井然有序。我一再强调，离开了支撑物理学的数学定律，生命将一事无成。然而除此之外，在我们这颗行星上，生命的存在还必须依赖于另一样东西，那就是DNA。

DNA的化学机理涉及的内容远比一个单纯的分子要复杂。它就像一家由几个化工厂组成的“联合企业”，而其他一些分子则是其“配套企业”。后者从DNA那里接受并执行指令，甚至能对DNA本身进行修改，并且这种修改往往是一种根本性的修改。生命的化学过程似乎不太可能发生在那些比细胞还要简单的结构之中。的确，病毒，即一种低等的原生生物，无法单独复制遗传物质。因此，它们侵入某个细胞，占领这个细胞的“化工厂”，并为这家“化工厂”重新编制程序，借助于该细胞复制出更多的病毒。

DNA对科学提出了许多问题。它是如何进行自我复制的？要知道，复制乃是生命起源的关键。DNA又是如何表达



遗传信息的？将DNA指令转化为蛋白质的是基因密码，而这种基因密码是唯一可能存在的密码吗（用克里克的话来说，这是冻结的偶然性）？抑或存在某种更深层的物理原因，促使DNA放弃其他密码，而对基因密码情有独钟？DNA对于生命究竟重要到何种程度？

在这些问题的答案中，有许多都与数学模式密切相关。事实上，还有什么结构能比著名的DNA双螺旋具有更浓厚的数学气息呢？围绕着DNA出现的诸多谜团似乎都与分子的深层几何原理有关。毫无疑问，在分子生物学层面上，是几何学在操纵着一切。要想对DNA自我复制那样的基本过程有所了解，我们就无法撇开那些十分深奥（同时也非常时髦）的数学原理。其中的某些数学原理，直到20世纪80年代末期才开始被人们研究，还有不少数学机理至今尚未得到充分认识。

我相信，如果能够透彻理解生命的话，我们一定会认识到，生命只不过是整个宇宙模式目录中的一篇而已。第1页：圆，第2页：DNA双螺旋，第42页：地球生命，第43页：原生涡旋体，等等。我不可能带你到那么远的地方，但却可以翻开第3页：病毒。病毒的形状的确非常接近于天然的数学图案。但即使是病毒，也离不开遗传学的作用。本章大部分内容讲解的是有关DNA的几何学以及各种其他的数学问题。结束时，我们将跨越DNA，进入病毒的分子几何学（这一内容被写在宇宙模式书的第3页上）。在此，我们首先要问一个由来已久的问题：生命从何而来？

为使讨论简化，下面我将把注意力集中在人类已经认识的生命形式上，即：以DNA为基础的生命形式。对上述问题如

何作答，以及我们是否认同他人的答案，这在很大程度上取决于我们对生命本质所作的思考。如果我们先入为主，认为生命与非生命间存在着鸿沟，那就很难想像上述问题会有答案。有人认为，生命是某种特殊力量的惊人创造。也有人认为，生命是普通现实世界中一系列平淡无奇的事件导致的必然后果。尽管这类事件的发生过程十分缓慢，有时甚至带有偶然的因素，但却是完全自然的。从表面上看，前一种观点似乎远比后一种令人信服。但是，当生命与非生命之间的差异很小时，我们就很容易接受一种完全合理的解释，即：生命是从无机世界演变而来的。这不但是可能的，而且是真实的。

我们已经确认，无机过程能够生成某些特殊的结构和行为，其复杂性和先进性远远超出了人们通常的认识或理解。物理学定律提供了某些可塑性很强的建筑模块，生命一旦启动，便能自由使用和修改这些模块。这一认识当然会缩小生命王国与非生命王国之间的差异，但仍没有在两者间架起桥梁。在很大程度上，生命比非生命更为复杂，更为有序。这是理所当然的，生命用了约40亿年的时间才发展到今天这种程度。生命不光高度复杂，而且似乎还具有一种自发地向更复杂的方向转化的能力，所以我们不应期望自然界会从非生命状态一下子过渡到今天这样丰富多采的生命王国。相反，我们必须认识到，生命一定是从不起眼的细微之处逐渐演变而来的。

遗憾的是，我们无法回到过去观察生命的起源，只能根据目前仍可找到的证据推断发生过的事情。能为我们提供直接证据的是化石。最早的生命形态由于太软弱，而且又太小，所以无法形成化石。但以后出现的许多生物都生存下来了，只要考

察一下这类生物的化石,或者针对岩石中的放射性物质进行一系列复杂的计算,我们就可以推测出这些生物生存的年代。化石资料表明,在漫长岁月里(可能是数十亿年间),各式各样的生命形态不断涌现,且愈来愈复杂。我的意思并不是说,简单生物消失了,代之而起的是更加复杂的生物。简单生命虽然可能发生变化甚至灭绝,或者游荡不前,但更普遍的规律是,后出现的生物比先出现的生物具有更为复杂的特性。

这种复杂性日益增加的趋势使我们的任务变得尤为艰巨。我们不仅要解释生命是如何发端的,而且还要解释,为什么随着岁月流逝,生命一般都会(尽管不是全部)呈现出化石记录告诉我们的逐步复杂化的趋势。对于生命复杂性增加所作的标准解释最早来自达尔文的进化论。该理论将是本书第四章所要讨论的话题。因此在本章中,我们可以着重谈论一下生命是如何起源于无机物质和无机过程的,这可是个引人入胜的问题。

生命起源问题似乎已不再是特别难答的问题。我们知道,问题的关键在于DNA,至少在我们这颗星球上情况就是如此。生命的基础是分子,我们当然要对复杂分子有所认识。首先,这些复杂分子最早是如何出现的?其次,它们是如何使各种生命形态和生命行为交织出如此丰富多采的画卷的?其实,当前科学界碰到的主要问题并不是对生命起源找不到合乎情理的解释(过去曾经如此),而是这样的解释太多,以至于大家莫衷一是。目前已有许许多多言之成理的解释,因而很难从中作出适当的选择。解释太多反而使我们过多地纠缠于这样的问题:“生命在地球上是怎样出现的?”而忽视了一个更基本的问题,即:“生命能够从非生命过程中演变而来吗?”

作为开始，我们先来考察一下生命最让人困惑的一面：繁殖能力。岩石不会生出更多的岩石（它只能碎裂），行星也不会生成更多的行星。但是变形虫、黄水仙、青蛙、松树和大象却能繁殖出更多的变形虫、黄水仙、青蛙、松树和大象。我们一定要知道它们是如何做到这一点的，可以不关心具体细节，但要弄清实质。要是没有繁殖的本领，生命就不可能延续。那么，生物的繁殖能力又是从何而来的呢？

物理学中就有繁殖的前身。火焰就是说明无机结构可以再生的一个很好实例：只要供给足够的燃料（即火的“食物”），其中包括可燃物和氧气，当火星从燃烧物飞溅到未燃物上时，火焰就蔓延开来，新的火苗诞生了。而这些新产生的火焰同样具有相当复杂的结构——当中是焰心，外层是不完全燃烧的光环，同时冒出缕缕烟雾。然而，我们并不会把火焰视为一种生命形式，其原因是颇具启发性的：尽管火焰可以再生，但却无遗传性。火焰可以再生，这有赖于周围环境以及固有的物理学性质，再生的火焰不会从父代那里继承到什么特殊性质。而继承性才是我们所期望的生命应当具有的属性。

尽管如此，火焰仍不失为一个开端。这并不意味着生命很可能是以火焰那样的形式起源的，我的意思是：这两种过程可能极为相似，但所用的材料却大相径庭。

DNA只是一个分子，具有一定的化学性质，本身也是无机世界的一部分，但这部分能够自我复制（亦即形成自身拷贝）。我们能够将第一个出现的DNA分子认作生命的起源吗？如果可以的话，那么我们就不得不解释，这个新奇复杂的分子又是从何而来的呢。此外，还有另一个难点：DNA复制时，需要其他



分子的全力支持，整个过程是如此复杂，因而DNA似乎不大可能是第一种能够自我复制的系统。出现另一种情况的可能性很大，即DNA作为一种化学寄生物存在于某种更简单的化学系统上，而后者才是真正具有复制能力的系统。在这种简单化学系统进行自我复制的同时，寄生的DNA也得到了复制。

有希望成为第一个自我复制的分子当推RNA——DNA的近亲，但比DNA简单。以RNA为基础的理论是在20世纪80年代首次登台亮相的。那时，汤姆·切赫\*和西德尼·奥尔特曼发现了特殊的RNA分子，这种RNA分子现在被称作RNA聚合酶。两位研究工作者提出了这样的理论：很久很久以前，地球是一个RNA的世界，到处都是化学溶液构成的海洋。在这些海洋里，分子间发生着碰撞、反应、破裂、粘结和增长。随着时间推移，相当复杂的分子出现了，其中就包括了一种RNA的基本形态。巧得很，这个RNA正好具有复制的能力。当它撞到一些合适的小分子时就能将其俘获，并用这样或那样的方法将这些分子粘结起来，构成它自己的复制品。复制者的特性是什么？那就是复制。如果你有一个这样的复制者，那么只要提供适当的原材料，它就会复制出更多的个体。于是，相同的复制者大量出现。不多久，海洋中便充满了能够自我复制的RNA。

说得轻巧，这些具有自我复制能力的分子最初又是怎样形成的呢？这难道不是更重要的问题吗？你总不能只是简单地挥挥手，就把这种不太可能出现的分子当作理所当然的事吧。为

---

\* 切赫 (Tom Cech)，美国化学家。他与另一位美国化学家奥尔特曼 (Sydney Altman) 合作，于20世纪80年代初期发现了RNA聚合酶，为地球生命起源于RNA的假说提供了直接的佐证，并因此获得1989年度的诺贝尔化学奖——译者注

了解决这一难题，斯图亚特·考夫曼\*为一种自持的化学过程提出了所谓“自催化网络”的概念。这个概念的意思是，单个分子的复制是不大可能发生的，但若有一组能互相复制的分子聚集在一起时，复制过程几乎就不可避免了。其想法是：如果分子A复制出分子A，那只是一种惊人的巧合；但若分子A产生出与自身不同的另一种分子B，那就不足为奇了，因为这是分子固有属性。于是，分子B又产生了另外一种分子C，或者同时产生C和D。分子的种类是有限的，因而一段时间过后，你会发现出现了重复的现象，比方说，D可能产生A和E，E又产生B。

于是，B生成D，D生成E，E又生成了B。这样，在朋友们的帮助下，B完成了自我复制。

考夫曼表明，如以这种方式不断增加分子数量，最终很可能出现一小组分子自我封闭的现象，也就是小组中的任何分子产生的分子也在这个小组中，小组中每个分子都是由该组中的另一些分子产生的。此时，这个小组就成了一个自持和自我复制的群体，即自催化网络。如同“RNA世界”一样，自催化网络一旦出现，用不了多久，你就再也找不到其他分子了。

说到这里，复制与繁殖之间的区别已变得十分重要了，这一点我在前文中一直没有明确提出来。如果一个系统在具有合适原材料的情况下，能够创造一定数量的与自身完全相同的系统，那么我们就认为，此系统具有复制力。晶体便具有复制力：

\* 考夫曼(Stuart Karffman)，美国当代生物学家，现任圣菲研究所客座教授。主要研究方向：计算数学在分子生物学研究中的应用；主要著作：《生物序的起源》(Origins of order: Self-Organization and Selection in Evolution)(1993)，《在宇宙这个家》(At Home in the Universe)(1995)——译者注

晶体上能够生长出新的原子晶格层，在适当条件下，这些晶格层发生错位，分裂出一种与原来晶体结构几乎完全相同的新晶体。与此相对，一个系统如能产生与自身相像但又有所修改的系统，并且新系统同样能够产生更新的系统，那么我们就称此系统具有繁殖力。生命的一个本质特征就是具有繁殖力，而不只是简单的复制力。要是生命只能进行简单的复制，那么进化就永远不可能成功地将简单形态转化为复杂形态。生命之所以能繁殖，原因就在于生物不只具有简单的遗传性，而且还具有灵活多变的遗传性。

考夫曼的自催化网络可以自我复制，却不能繁殖。格雷厄姆·凯恩斯-史密斯\*为生命寻找了一种无机物前身，它也具有初步的遗传特性，那就是：黏土。我们通常认为黏土是一种带黏性的物质，可以任意拿捏成我们所需的形状。现在我们必须意识到，黏土比我们通常想像的更有意思。它就像雪花，像某种单纯的化学物质，像无机世界中的其余物质一样。从分子水平上讲，或者说，在比分子大不了多少的尺寸范围内讲，黏土具有一种灵活多变且适应性很强的结构，这一点十分令人吃惊。黏土呈螺旋形，有如稀奇古怪的贝壳，又有点像一叠盘子或快餐店卖出的一打薄饼。

在适宜的条件下，这些用黏土制成的薄饼也能进行自我复制，不过这当然要归功于物理学原理（我知道，在前面我已经说过，对于生命来说，简单的复制没有多大意义，但我还是要

---

\* 凯恩斯-史密斯 (Graham Cairns - Smith)，美国化学家、生物学家。曾经提出著名的“黏土假设”，认为生命可能起源于一种简单的非核酸遗传系统——译者注

请读者们耐心地等一等)。设想在水下形成了一堆黏土薄饼,比如在湖底吧,那里的水流较为平缓,不断会有新的黏土沉积下来。最上面的那块饼可以作为一块模板,在其上面又形成了一块新的薄饼,后者比模板高出一层。接下去这块新饼又成了更高一层的模板,如此继续下去……最后,这堆薄饼实在垒得太高了,以至于细微的干扰就能轻易地使其倾倒。于是,一部分薄饼掉落下去,又形成了新的薄饼堆。这就是复制,但目前为止,它还没有触及遗传性。

如果这堆不断垒加的薄饼在形状上出了差错,那又会出现怎样的情况呢?形状上出错的原因,可能是黏土太少无法形成薄饼原来的正常形态,也可能是因为薄饼破损了一小块。不管什么原因,总之,最顶层的那块薄饼形状有了改变。由于它是复制下一代薄饼的模板,因此,它的变形就会原原本本地反映到子代身上(图19)。当顶部的几层薄饼掉落以后,便开始形成自己的子代,改变过的薄饼形状仍会毫不走样地被复制下去。

前面我已经说过,晶体能够自我复制,但它的复制方式意义不大,因为这种复制没有遗传性。现在我又不得不改变自己的想法了,因为泥饼实际上就是一种晶体。我们已经看到,当晶体所处的环境比实验室环境更复杂时,它也会沾上遗传性。我并不是要宣称泥饼是一种生物,如果我真想这么说,那完全可以找到一个立足点,比如,晶体溶解和结晶的过程其实就是一种竞争,从理论上说,泥饼是可以进化的。我们不妨想像这样一个世界:黏土结构逐步进化,形成了愈来愈复杂的形态,并开始具备移动的能力和吞并其他黏土的能力,甚至还能综合



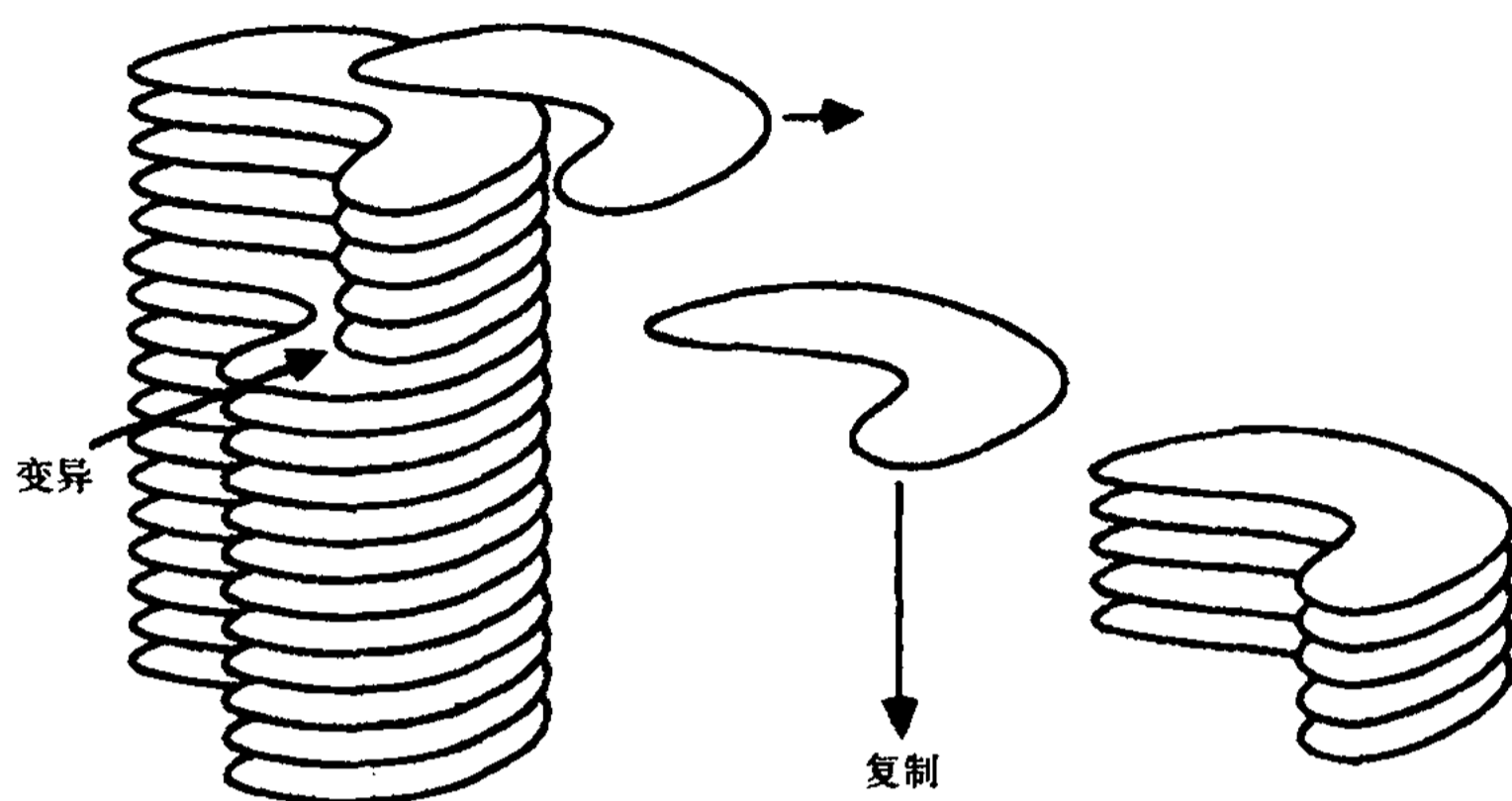


图 19 泥饼的复制和繁殖过程

各种黏土的遗传属性，从而产生所谓的“后代”。这些后代与任何一个父代都有着截然不同的特点。这样的世界存在吗？我也不清楚。尽管我对此持怀疑态度，但宇宙浩渺，兴许在某个地方，比如在离我们几十个银河系那么远的地方……这样想下去，“生命是什么？”这个问题就变得更加神秘莫测了。此外，这种设想还提示了我们，DNA 也许并不是答案中必不可少的内容。

泥饼无疑能够再生。但事实上，DNA 也可以很容易地负载在黏土上，因为就 DNA 分子的大小和形状来说，都十分适于镶嵌到黏土分子的凹槽里。其次，DNA 也许并不一定需要一组复杂的辅助化合物，至少在开始时不需要，黏土足以承担这些任务。它牢牢地攥紧 DNA，将其安放在自己的凹槽中，并在复制自身的同时复制 DNA。于是，DNA 先稳稳地站住了脚跟。接着，辅助化合物便可逐步介入，最终取代黏土。

同样，DNA 也可能负载在某个自催化网络上，或者负载于某种与上述结构截然不同的物体上。DNA 甚至根本就不必负载于任何物体；当然，如果真是如此，一种极不寻常的复杂场面马上就会出现，因此出现这种场面的可能性是很小的。DNA 也许先负载于 RNA 上，RNA 又负载于黏土上。1996 年，吉姆·费里斯\* 发现，长链 RNA 分子能够在蒙脱石\*\* 表面自发生成，后者正是一种具有特殊黏土表面的矿石。正如我所说的那样，有关生命起源的问题并不缺少理论。相反，众说纷纭反而使人们不知所措了。

让我们接着讲下去。生命一旦启动，又是什么赋予它生命的行为呢？DNA 具有两种重要功能：一是自我复制，二是指导蛋白质合成。我们认为，这两种功能对于生命的所有形式都是至关重要的。我们已经知道，对于地球生命来说，两种功能缺一不可。DNA 常被描述为一种自我复制的分子，但这并没有说到点子上。DNA 充其量就像复印机中的一份文件，它要进行自我复制，必须借助于一大群辅助分子。这些分子先将 DNA 链切割为短片段，解开螺旋，进行复制，然后重绕，最后再将这些片段连接起来。分子生物学家们花了 30 年左右的时间才弄清这一过程的主要特点。不过，许多事情仍有待于进一步探究。

---

\* 费里斯 (Jim Ferris)，美国化学家、生物学家，现任美国国家航空和宇宙航行局 (NASA) 外太空生物顾问委员会委员。主要研究课题为生命起源问题和大气光化学——译者注

\*\* 蒙脱石又名高岭石，晶体属单斜晶系的含水层状结构硅酸盐矿物。名称来源于首先发现的产地——法国的蒙莫里龙尼特 (Montmorillonite)。蒙脱石颗粒细小，具胶体分散特性，通常呈块状或土状集体产出——译者注

真正打开潘多拉魔盒的，是DNA的第二个功能。在生物体这种复杂结构的发育过程中，蛋白质的合成是关键一步。DNA提供了一种分子密码，这种分子密码似乎指导着蛋白质的合成。地球上的生命形式是通过两个阶段完成再生的：首先，遗传性隐藏在DNA密码中；然后，这种密码又在实际生物体上得到表达。目前，我们唯一所知的生命形式（也许也是仅有的一种生命形式）同时具备着基因型（DNA密码）和表现型（实体表达）两种存在方式。而泥饼的基因型和表现型却可归结为同一种存在方式：形状。

DNA的复制（再生）在数学中可以找到坚实的基础，这一基础有赖于分子几何学。我在前面已经提过，相信你也听说过了，DNA是一种双螺旋体结构，其中包含许多携带遗传信息的亚分子结构。这种亚分子结构称为“碱基”。碱基一共有四种：腺嘌呤（A）、胸腺嘧啶（T）、鸟嘌呤（G）和胞嘧啶（C）。DNA的其他成分还包括：脱氧核糖（一种糖类）以及被称为磷酸盐的单体磷化物。DNA的整体结构是由细长的两条链相互缠绕，形成的一个双螺旋体，其中每一条链都是由糖和磷酸盐组成的。

两条链在同一圈螺旋水平上是由若干对碱基通过氢键连接起来的。图20是一个示意图。四种碱基的形状、大小各不相同。人们发现，在两条链之间，腺嘌呤只能与

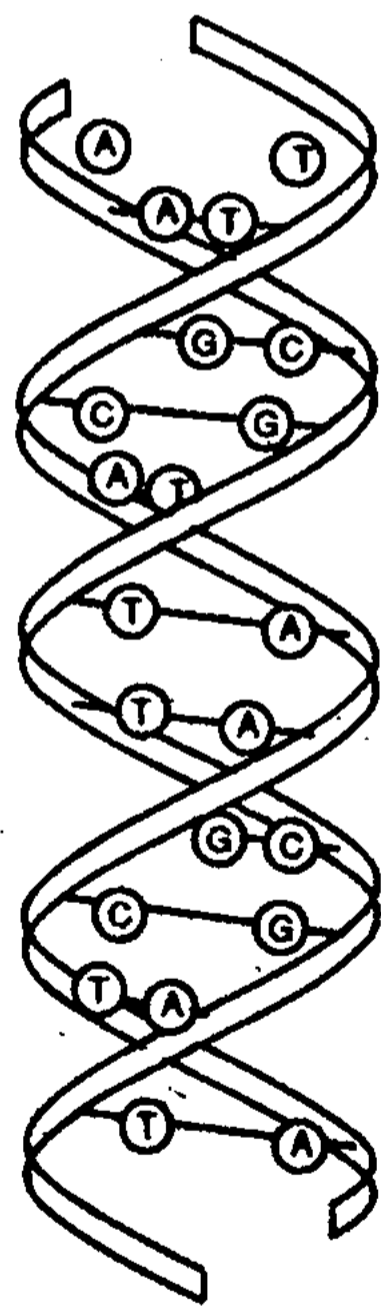


图20 DNA配对碱基的连接示意图

胸腺嘧啶配对，鸟嘌呤只能与胞嘧啶配对(图 21)。如果用这四种化合物英文名称的第一个字母来表示，那么 A 就一定要与 T 配对，C 一定要与 G 配对。每一条链上都可以使用这四种碱基，而在任何一条给定的 DNA 链上，碱基对的排列次序则可以是任意的。如果一条链在某处有碱基 A 的话，那么另一条链在相应位置必然有碱基 T，依此类推。比方说，一条链开始的几个碱基为 AACGTTTCGAT，那么另一链开始的几个碱基就必定为 TTGCAAAGCTA。

碱基 A、T、G、C 就像字母表中的几个字母，这张字母表虽然很短，但却非常重要。在生命体的 DNA 中，这些字母被组织成长长的句子、段落和篇章。以“生命之书”作比喻，可以说再贴切不过了。用这样的比喻来说，碱基序列可以看作一种分子的蓝图，也就是用字母 A、T、G、C 书写的密码信息，它说明了这种生物体是如何构筑起来的，使用了哪些材料。这一说法也许不够准确，但抓住了 DNA 灵活多变的本质：在 DNA 密码本上，你几乎可以用任何希望的方式进行书写。还有一点也十分显然，这种比喻解释了为什么 DNA 分子必须十分庞大：因为动物是一种非常复杂的生命体。DNA 的分子长度与人体细胞核大小相比，相当于一块阿司匹林中存在着 1 公里(0.6 英里)长的铁丝网。而且，不同的网窝相互挤压，使整幅画面变得格外复杂：彼此缠绕的两条单链并非像一根绳子那样直挺挺地伸展开来，而是堆积成乱糟糟的一团。真实的 DNA 并不会构成完美平直的螺旋形，它们盘根错节，形成超螺旋结构，有的则盘绕拉伸成发夹形或十字形结构。与实际情况相比，我的这种描述还是过于简单：碱基对除了标准配对方式以



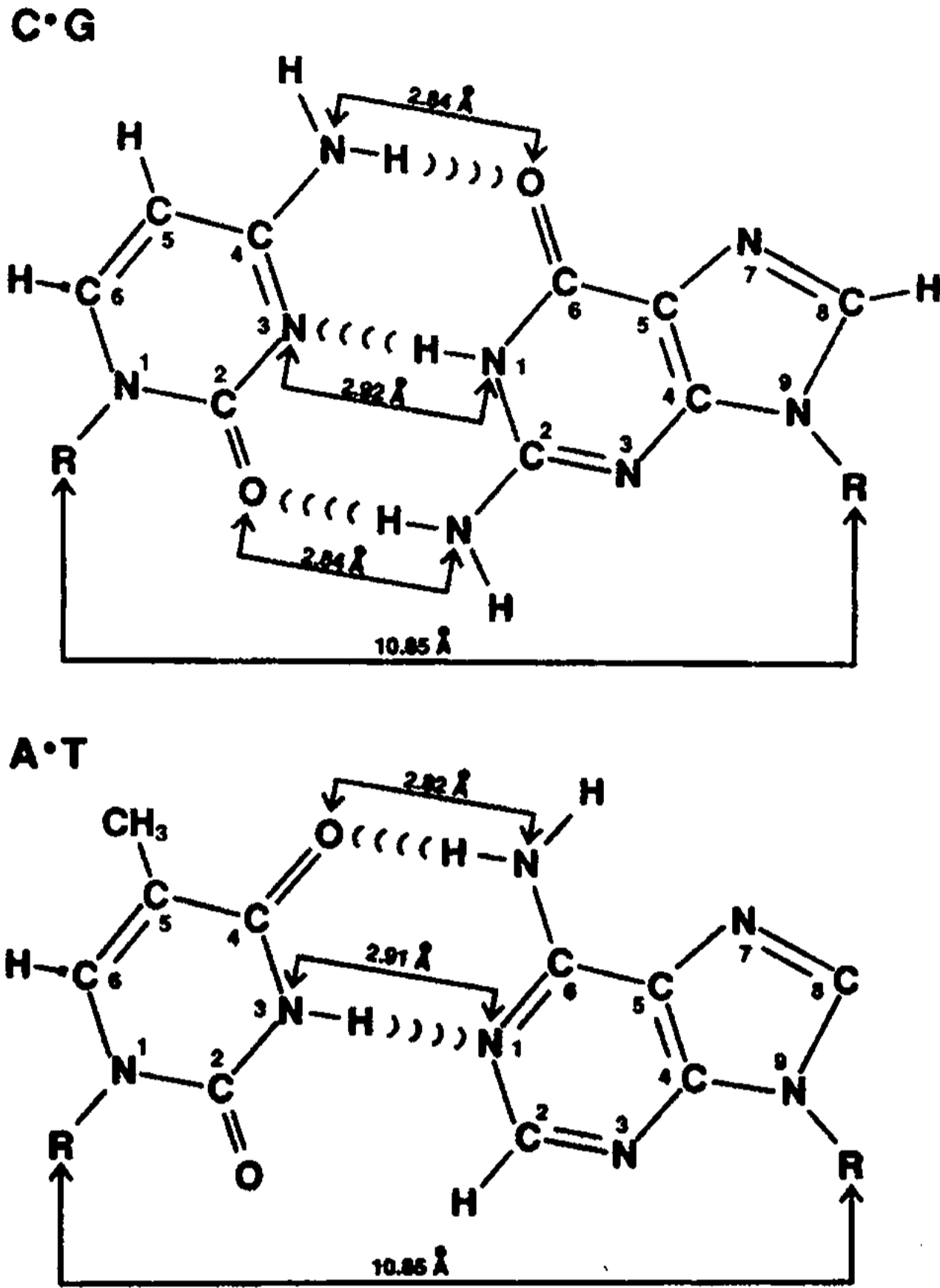


图 21 沃森-克里克碱基对

外，还有各种非标准的配对方式，比如“反沃森-克里克碱基对”、“霍格斯汀碱基对”，等等。甚至还有一些十分奇特的偏离常规的碱基配对方式。例如在“摇摆配对”中，G与T配对，而不是与C配对。当然，这类配对方式仅是枝节现象，并不会影响到我们对主流问题的阐述。

现在，我们正在无机世界中徜徉，以DNA这个能够自我复制的分子作为向导，开始寻求生命的蓝图。但我们离目的地——生物体还远着呢。DNA与生物体之间也存在着一道鸿沟，跨越它的方法之一便是引进细胞。如果我们能够构建出细胞，并让它分裂，那么我们就能让单个细胞发育成一个生物体，而且可以进一步按照我们的愿望使其复杂化。人们发现，DNA结构具有诱导细胞分裂的作用。

由于细胞中注入了生物体的密码信息，因此当细胞分裂时，这一信息就以某种方式拷贝到分裂后的两个子细胞中。A与T配对，G与C配对，这种固定的配对方式表明存在着一种明显而简单的机制：双螺旋结构解螺旋后就是组成它的两股单链。比方说，如果其中一股的开始段为AACGTTTCGAT，那么另一股的开始段就是与此相应的序列TTGCAAAGCTA。当氢键打开后，一些新的A、T、G、C分子有机会结合到原来的氢键断点上(图22)。根据配对原则，在以AACGTTTCGAT开头的这股单链上，只能吸附与其相应的序列TTGCAAAGCTA，但这时它所吸附的已不再是原来那根单链，而是由一个个碱基组成的新拷贝。同理，吸附到TTGCAAAGCTA这股单链自由端的是新的互补序列AACGTTTCGAT。这样一来，我们得到了两条与原来那条双螺旋完全相同的拷贝，两份拷贝中各有一股来自于原来的DNA双螺旋。

我曾说过，DNA除了自我复制外，还可以作为指导蛋白质合成的密码。现在我们就来看一看该过程是如何完成的。在众多关于DNA的分子运作过程中，蛋白质合成也许是我们认

识得最为透彻的一个方面。蛋白质的合成完全取决于遗传密码。利用这种密码系统，DNA 碱基就能决定构建蛋白质的氨基酸。细胞的分子结构在逐个读入基因时，将每三个碱基组成一个密码子。因此，序列

……AACGTTTCGATC……

会被分割成

……A A C · G T T · T C G ·  
ATC……

如此等等。请注意，为了做到这一点，细胞应当具有一种内在机制，借此可以识别这一过程从何开始

并向哪个方向行进。目前，对于这一切是如何完成的，人们已经了解得很多，但我们的目的并不是要了解这些，因此不妨将其视为理所当然的事。在三位一体的密码子中，每个字母代表的碱基都有四种选择。因此，共有  $4 \times 4 \times 4 = 64$  种可能的组合。遗传密码让每个三联密码子代表一种氨基酸，但 ATT、ATC 和 ACT 这三种密码子除外，它们所代表的遗传指令是“终止”。鉴于氨基酸总共只有 20 种，因此很显然，密码子的种类是富余的——同一种氨基酸可以用多种不同的三联密码子表达。例如，CAA、CAG、CAT、CAC 全表示缬氨酸，GTT 和 GTC 都代表谷氨酸。一种给定的氨基酸可以用一到六种密码子来表达，因而遗传密码显示出错综复杂的模式。

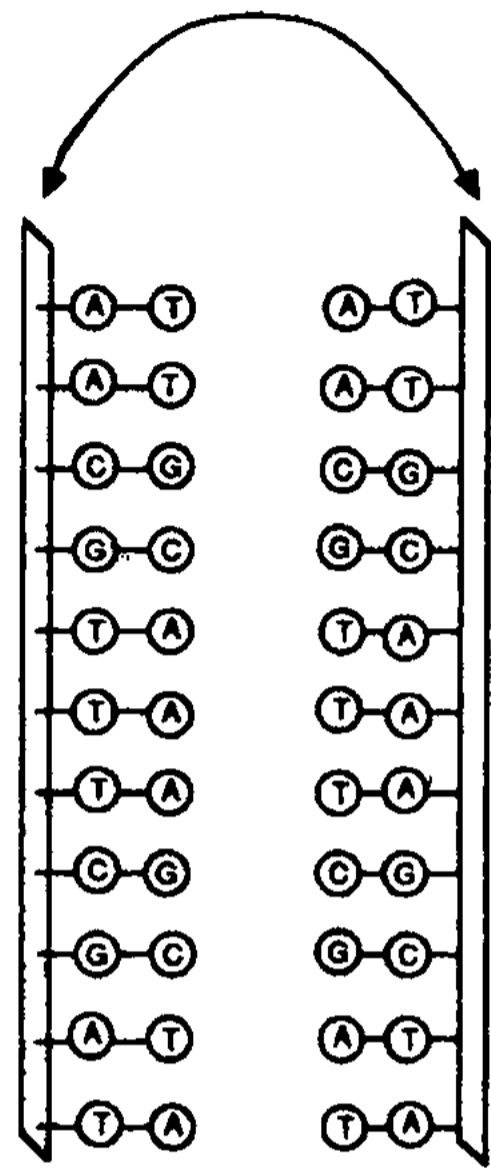


图 22 DNA 复制过程示意图

为了说明这类模式的本质及其形成过程,最好先弄清楚细胞将DNA碱基序列转化为蛋白质的过程。生成蛋白质的地方是被称为“核糖体”的细胞器,而不是作为DNA信息载体的细胞核。因此遗传指令必须从细胞核传送到细胞器中。传送细胞核中待拷贝的信息(即DNA)是可能的,但却不十分牢靠:在传送途中,部分信息可能被截住。例如,病毒就有这种能力。所以,总公司(细胞核)会非常谨慎地保留原始拷贝,而将一份复制拷贝送到蛋白质生产厂(细胞器)去。这份拷贝是用另一种核酸即RNA写成的,它也具有由四类碱基组成的序列。RNA的碱基与DNA的碱基几乎相同,但在RNA中,DNA的碱基胸腺嘧啶被一种略微不同的化合物尿嘧啶所取代了。这有点像用不同字体书写的同一个字,CAT写成了CAU。这会影晌化学反应的机制,但并不改变密码所代表的意思(顺便说一句,尿嘧啶是用符号“U”表示的)。不管怎样,细胞复制了核内的DNA序列,生成出一份RNA拷贝(称为信使RNA),然后再将这份RNA拷贝传送到细胞器中。由于被传送的是成千上万份复杂的短拷贝,而不是一份长拷贝,因此,要是某一短拷贝在传送途中遗失,细胞马上就会用另一份拷贝补上。

蛋白质的合成完全依赖于一些相对较小的分子,称为“转移RNA”<sup>\*</sup>。共有64种这样的分子,每种都代表一个三联密码子,它们全部存在于细胞里。每一个转移RNA分子都预先

---

<sup>\*</sup> 转移RNA(tRNA)占细胞内RNA总量的10%~25%,分散于细胞液中。转移RNA的种类很多,每种氨基酸都有与其相对应的一种或几种tRNA。转移RNA分子由70~90个核苷酸组成,其生理功能是运输活化了的氨基酸,参与蛋白质的生物合成——译者注



负载一个与某密码子相应的氨基酸。转移RNA分子等着相应的密码子闯进来,然后把氨基酸粘贴到不断加长的蛋白质分子的相应部位(如果遇到“终止”密码子,那就什么也不粘贴了)。通过这种途径制造蛋白质,可能有过于繁复之嫌。但要知道,细胞要在几十亿年的漫长岁月里保持结构的稳定性,我们似乎找不到比这更为直接可靠的方法,因为复制过程实在太容易被搞乱。

现在,一个深层奥秘已经解开了。据我们所知,转移RNA的各部分可以轻易地组合在一起,以便执行另一种完全不同的遗传密码。CAT之所以能够被翻译成缬氨酸,原因在于CAT的转移RNA分子的一端具有一种互补性序列GTA,因此能够吸附三联密码子CAT,而其另一端又有一个可以吸附缬氨酸分子的结构。这就是说,哪怕我们要组装一个将CAT翻译为谷氨酸的转移RNA分子,也不会是件很难的事。换句话说,遗传密码完全可以取另一种不同的样子,且不会对我们这个星球的生物体产生任何影响。这与莫尔斯密电码的原理是相同的,如果我们采用另一种圆点和短线的序列来代表字母表中的字母,那么也丝毫不会改变第二次世界大战的结局。重要的是信息内容,而不是密码的结构原理。

然而,多数生物体都使用同样的遗传密码\*,这又是为什么呢?1968年,克里克提出了他所谓的“冻结偶然性”理论:由于比赛项目是复制,奖品是生命,因此第一个从一大堆密码

---

\* 所有的真菌、许多细菌以及它们的鼻祖则是例外。除此之外,线粒体和质体有着自己特有的遗传密码,这种密码不但与周围细胞的密码不一样,而且彼此之间也各不相同——作者注

中脱颖而出的就是胜利者。或许克里克是错误的。或许自然界完全有充足的理由采用这样一种遗传密码；或许如果让自然界重新进化一次，它仍会再次采用这种密码。另有几种理论提出了不同看法，他们认为遗传密码的背后隐藏着某种机理。1993年，约瑟（José）和伊翁·霍尔诺斯（Yvonne Hornos）更是另辟蹊径，试图用对称破缺来解释遗传密码的规律。

请读者们关注一下莫尔斯电码。莫尔斯\*原本可以选用任何一组由圆点和短线组成的序列来代表同一个字母（比方说S）。用这种办法可以生成一套高度对称的密电码。但是，不用我多说，这种电码是毫无用处的。对称又有什么意义？就密码的对称性而言，互换并不是一种空间运动的概念，而是指密码符号间的位置交换。如果符号的交换不改变符号序列所代表的意思，那么这个符号序列就是对称的。要是所有的密码序列都具有同样的含意，那就可以采用我们喜欢的方式交换有关符号而不改变实际含义。莫尔斯电码经过以上修改就带上了高度的对称性，但同时也变成了彻底无用的废物。只有破除对称，密码才能真正起作用，比方说，如果所有的圆点序列都代表S（也即·、··、···、····等都表示“S”），所有短线序列都代表O，所有点线组合都代表A，那么由此得到的密码就不再是完全对称的。举例来说，假如对换所有的圆点和短线，消息SOS就变成了OSO。当然，新密码仍会保留一些原有的对称性，例如，AAA就没有改变。读者们也许会想到进一步破除对称性，比

---

\* 莫尔斯（Samuel Finley Breese Morse, 1791 - 1872），美国人，电报发明者。1844年在纽约表演他制成的电磁电报机，后经改进被各国普遍采用。他所编的莫尔斯电码，在电报事业中也获得普遍应用——译者注

如用...代表S,用---代表O,等等。这样我们就会一步步地走进密码的历史,如今通用的莫尔斯电码也就是这样得来的。

现在,我们再来想一想遗传的密码。我们已经看到了一个有关遗传密码的重要特点:遗传密码存在着冗余。也就是说,不同的三联密码子往往是同一种氨基酸的密码。遗传密码缺乏唯一性,其中也没有什么值得一提的规律可言。但是我们从中的确可以看到某种程度的对称性(尽管并非完全对称)。往往有这样的情况,三联密码子中的前两个碱基就已经决定了相应的氨基酸。例如,GA?总是亮氨酸,CG?总是精氨酸。总之,这些氨基酸的密码对于第三个碱基来说都是对称的。要是这种对称是完全的,那么64个密码子就可以分成16个四元组,每组有4个密码子,例如,GAC、GAG、GAA、GAT就构成一个四元组,同一四元组中的任何一个密码子都代表相同的氨基酸(但不同的四元组代表不同的氨基酸)。但事实上,氨基酸却不止16种。因此,有时第三个碱基或第二个碱基也是重要的。不管哪一种情况,起码这种四元组的对称性是破缺的。

遗传密码的冗余规律比较复杂。并不是16个整齐划一的四元组,而是3个六元组(每组中有6个不同的三联密码子对应于同一个氨基酸)、5个四元组、2个三元组、9个二元组和2个单元组。霍尔诺斯认为,这些数字是由一系列破缺的对称性所决定的。利用数学机理可以表明,总共可能存在8条破缺对称性链,其中正好有一条接近于正确的数字模式。要使遗传密码具有实际发现的那种冗余度,需要有一种终结性的对称性破缺,而这种终结性的破缺在某种程度上是在现实中自然形成

的。由此我们可以想到，遗传密码可能是一种“冻结”的版本，其中的理想状态应有 27 种氨基酸。第一类破缺对称性（其中的 64 个三联密码子正好构成代表 6 个氨基酸的密码）可能仅仅是遗传密码的原始版本，也是进化过程的第一步。如果霍尔诺斯是正确的话，遗传密码就不是偶然的事了。要是能让生命起源的进程重新开始，很可能出现的仍然会是同样的密码。

我在前面曾经说过，DNA 链的复制是一件相当复杂的事。事实上，之所以它不可能简单，是有几何学方面的原因的。如果为了将另一条互补链拼接上去，你将 DNA 双链用力扯开的话，那么这两条链就会相互缠绕而纽结在一起。因此，必须有另外的东西参与进来……例如，有一种被称为“酶”的特殊分子，可以将双链切开，然后还可以把它们再联结起来。目前，有人正在运用拓扑学原理对这方面的内容进行认真的研究。拓扑学是一门高深得出人意料的新兴学科，它被人们称为“橡皮膜上的几何学”，因为它所研究的几何图形的特性不会因形状的拉伸、压缩、弯曲和扭转（但不能切开和刺破）而改变。在橡皮膜上画出的几何图形应该是这个样子的：没有固定不变的角度，没有平行线，也没有直线。如果这种描述使我说出的主题听上去有点虚无，那么我们不妨采用另一种严肃的说法：这是一种关于连续性变换的几何学。经过对称性变换，物体仍保持同样的形状（如果不谈伸缩变换的话）和同样的尺寸；唯一的限制条件就是，物体必须保持完整。连续性是自然界的深刻特性之一，因而拓扑学也就成了一种基本数学工具。

拓扑学研究的是孔、纽结、环绕、边界的几何特性。在此，我将简要地介绍一下有关这门学科两种典型应用：一种是用



来研究形成DNA超螺旋结构的经典方法，另一种则是用来分析酶在DNA化学中所起作用的现代方法。如果我们用教科书上的DNA双螺旋模型无法表示这种分子在真实环境下的复杂性，那就不妨考虑一下超螺旋模型。

为了帮助你体验超螺旋是怎么回事，请取一根橡皮筋，用双手的拇指和食指扣住它，把它拉成宽松的环状。然后，双手稍稍向两边分开，绷紧橡皮筋。再用右手拇指摩擦食指，使橡皮筋的某一部分旋转几圈。这样，橡皮筋一段形成了几圈顺时针方向的卷曲，而另一段则出现了相同圈数的逆时针方向卷曲（图23a）。此时，捏紧双手的拇指和食指，以防橡皮筋纠结，并让双手靠近。于是，两段橡皮筋各自缠绕起来。这有点像电话线的缠结（图23b）。如果这种现象出现在DNA分子上，那就叫超螺旋结构。因为此时，基本的螺旋形态又围绕着自身盘绕起来了。超螺旋是盘绕起来的螺旋，虽然这仅仅是DNA拓扑结构中较为简单的形态之一，但已足以使生物学家望而生畏了。超螺旋结构在质粒中更为常见。质粒是从细菌中提纯的环状DNA分子，我们在电子显微镜下可以观察到环状结构显现的纠缠形态（图24）。

这种拓扑结构是由两个简单量决定的——“环绕数”和“扭曲数”。环绕是指橡皮筋旋转但未形成超螺旋的状态，而所谓环绕数就是这种环绕在DNA分子中发生的次数。DNA分子发生超螺旋时缠结在一起，这种现象称为扭曲，这种缠结出现的次数就是扭曲数。在DNA中，这两类现象看似大不相同，但拓扑学却告诉我们，两者之间实际上是密切相关的。事实上，环绕数就等于扭曲数与DNA螺旋圈数之和。这意味着，当

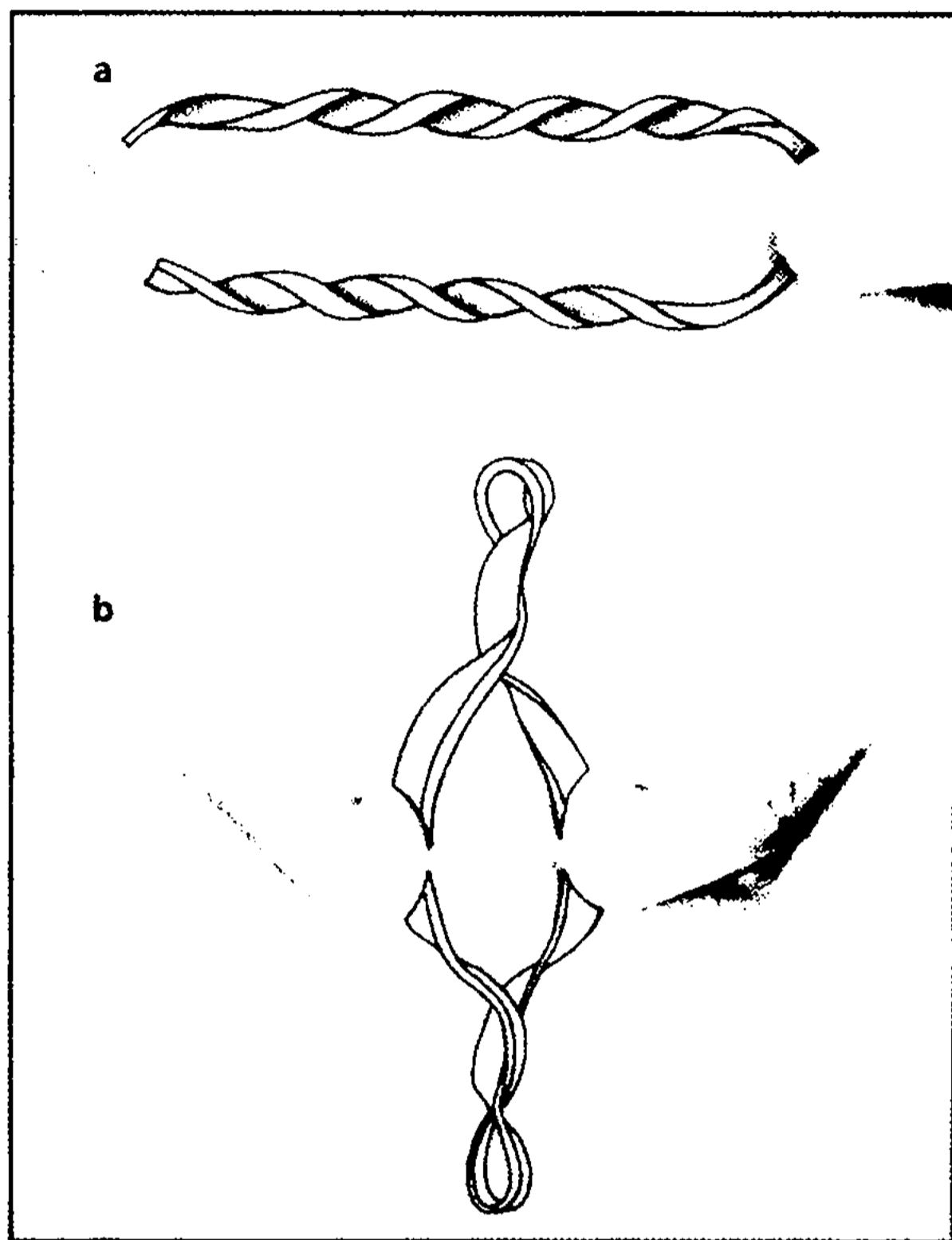


图 23 橡皮筋形成的超螺旋形态: (a) 产生顺时针和逆时针方向的卷曲, (b) 环绕转化为扭曲的状态

DNA进行连续变形时,环绕数可以变换为等同数量的扭曲数,也可以变换为等同数量的自身螺旋圈数。只要知道DNA的两股单链彼此交叉的次数,我们便能很容易地计算出上述三个变量。这三个变量为理论工作者牢固掌握DNA的几何特性创造了条件。

应用于酶时,就需要一些更加高深的拓扑量了。不但要掌

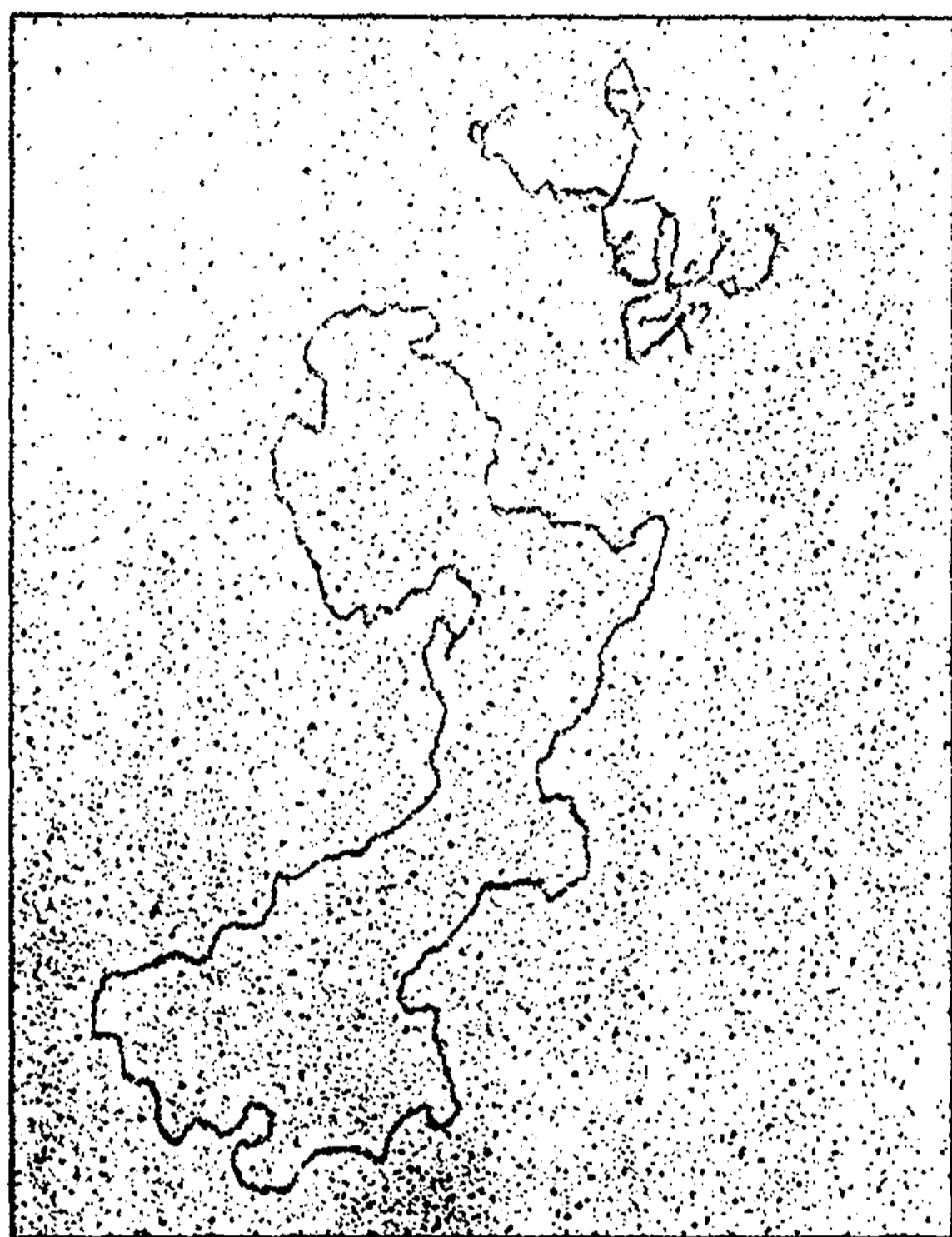


图 24 电镜下的超螺旋 DNA (上) 和处于松弛状态的质粒 (下), 每个质粒约含 900 个碱基对

握比较粗糙的总体几何量, 而且还要了解纽结和环绕的细节。约从 1928 年起, 数学家们惊奇地发现, 对于纽结的分类和分析不但内容非常丰富, 而且难度极大。有时, 要解决一些表面上看似简单的问题, 例如, 将反结和平结区分开来, 也必须求助于精巧的机理和深奥复杂的理论。直到 1984 年, 一位名叫沃恩·琼斯 (Vaughan Jones) 的新西兰人才为纽结理论翻开了崭新的篇章, 他发明了一种区分纽结的全新方法——通过计算一些

可计算的量，就能区分多种不同的纽结。这几个量称为“琼斯多项式值”。不过它们还只是冰山一角，如今，这种理论的推广以及新的发现仍在不断涌现。

从20世纪90年代中期起，人们开始把这一新的机理与原先的一些结论结合起来，以期解决DNA生物化学中的某些问题，特别是“DNA链在溶液中呈何种形状？”要采用传统的X射线衍射设备研究这个问题，前提条件是DNA必须具有晶体形态，而事实却并非如此。因此，生物化学家将DNA分子压扁平铺在一个平面上，然后置于高倍电子显微镜下进行观察。我们知道，DNA双螺旋是用相互缠绕的两股链构成的。当酶对分子进行切割随后又将其重新连接起来时，这两股链就会互相纠结形成纽结和环绕。你所看到的到底是哪一个纽结或环绕，这个问题可能会直接影响到你对试验所作的解释。例如，

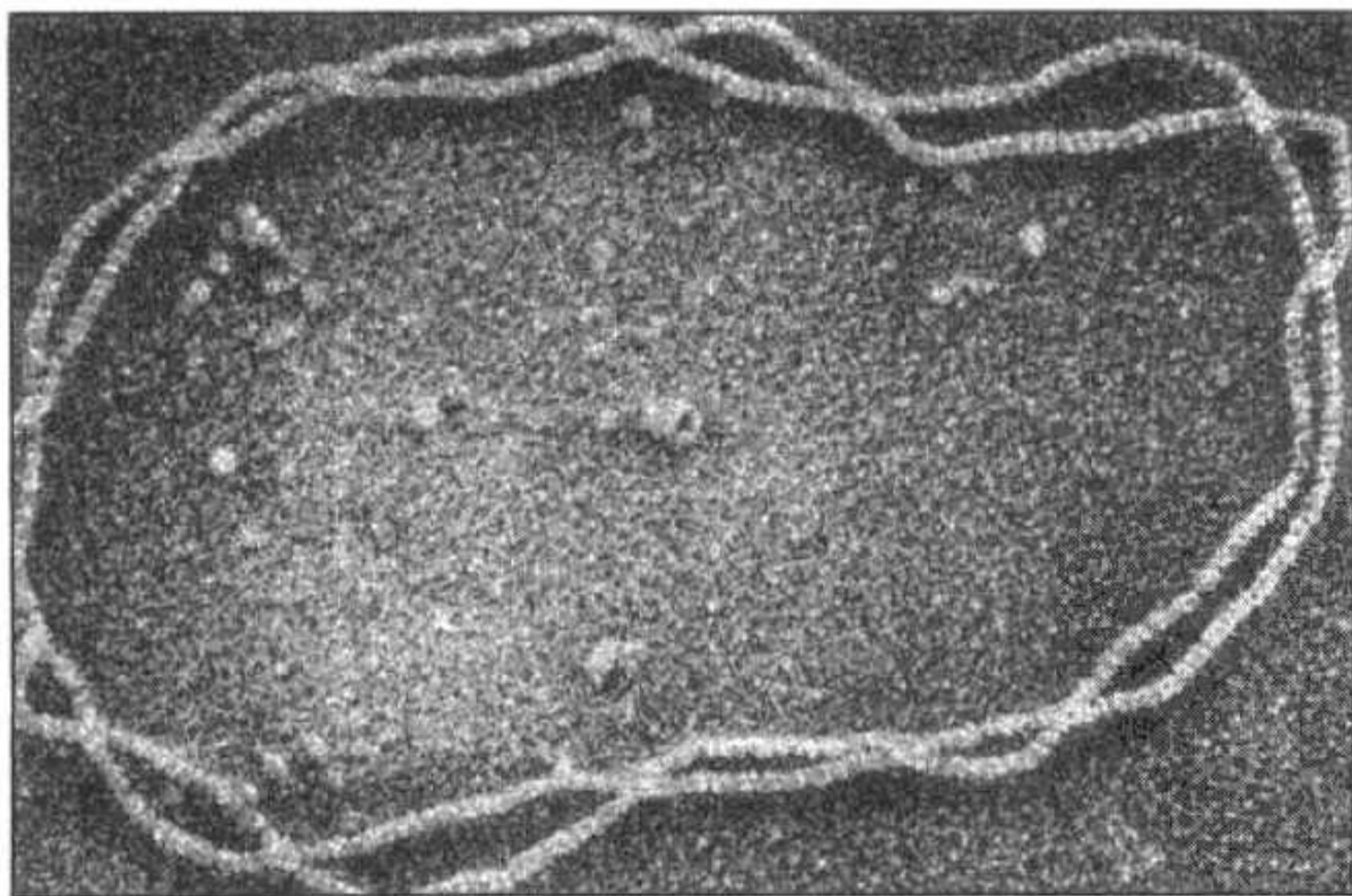


图25 自交叉13次的单链DNA



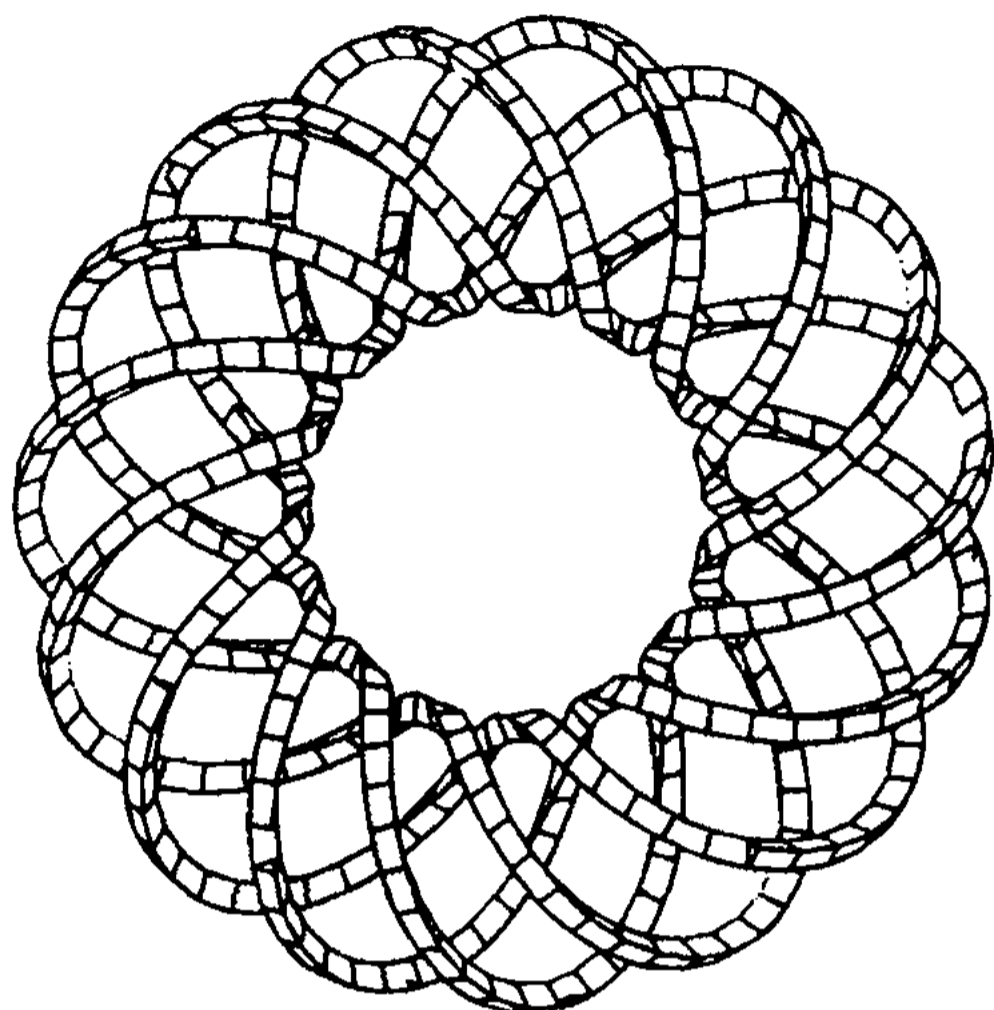


图 26 一种环面纽结，每绕环面每周发生 4 次扭转，先后 15 次穿过中央孔

图 25 显示的是一股 DNA 单链，这股单链自身相交 13 次。然而，有着 13 次自身交叉的纽结种类是极多的，这条单链又属于其中的哪一种呢？其实，这是一条环状纽结线。也就是说，可以用一股单链来回缠绕在一个环面上，必须穿过中心洞眼，但不能与自身相交，最后两个端点连接起来，形成了一个封闭的环（图 26）。DNA 分子看上去并不像一条井然有序的环状纽结，因为它已经由于橡皮筋效应变了形。不过，琼斯多项式值不受这种变形的愚弄，它们能轻而易举地识破纽结的重重伪装。借助于这种拓扑学方法，生物学家和数学家们得以将纽结和环绕区分开来，甚至还能知道，切割和重新连接时，纽结和环绕会发生怎样的变化。他们正以此为契机，着手揭示 DNA 酶发生作用的奥秘。

由此可知，DNA的复制过程要比“碱基互补配对”这样的简单原则复杂得多。要将有关的几何特性理出个头绪，就需要创造某些最新、最前沿的数学工具。在有关DNA的研究中，蛋白质合成这一首要任务在相当大的程度上也面临同样的问题。其中涉及的事情不是单纯了解遗传密码就能办到的。目前我们已经知道，这个问题肯定属于数学范畴，但仍有一些必需的数学工具尚未找到。

基因组又称“基因”，后一种名称的使用范围更为广泛。基因组可以为蛋白质编码。一个蛋白质就是一个大分子，内含上千个乃至上百万个原子，它是由一些氨基酸组成的。生物体内共有20种不同的氨基酸（几种非常稀有的生物例外）。如同DNA碱基一样，蛋白质中的氨基酸也是根据一定次序排列起来的，其中还有一种特殊的折叠结构。这样的描述已经十分精确，不过，真正关键的是形状，而不是排列的次序。

多数蛋白质的功能在于对分子的操作与控制。例如，血红蛋白的作用就是摄取或释放氧原子；植物有一种关键成分，称作叶绿素，它能吸收二氧化碳和水分子，并将它们分解，释放出的一部分氧，然后将剩余的氧与碳、氢合成具有能量的化合物。蛋白质操纵分子的作用取决于蛋白质分子的自身形状，因为该过程涉及到一种分子的锁钥原理：外来分子，如氧分子或水分子，能够自动地嵌入或者优先结合到蛋白质表面的凹陷处或折皱处。每种蛋白质的形状都是由其氨基酸链的三维折叠方式决定的。使蛋白质折叠起来并不是十分困难的事，它不会比将一段绳子纽结成一团来得更困难。但是，正如绳子可以用许多不同的方式纽结成团一样，一条特定的氨基酸链在原则上也



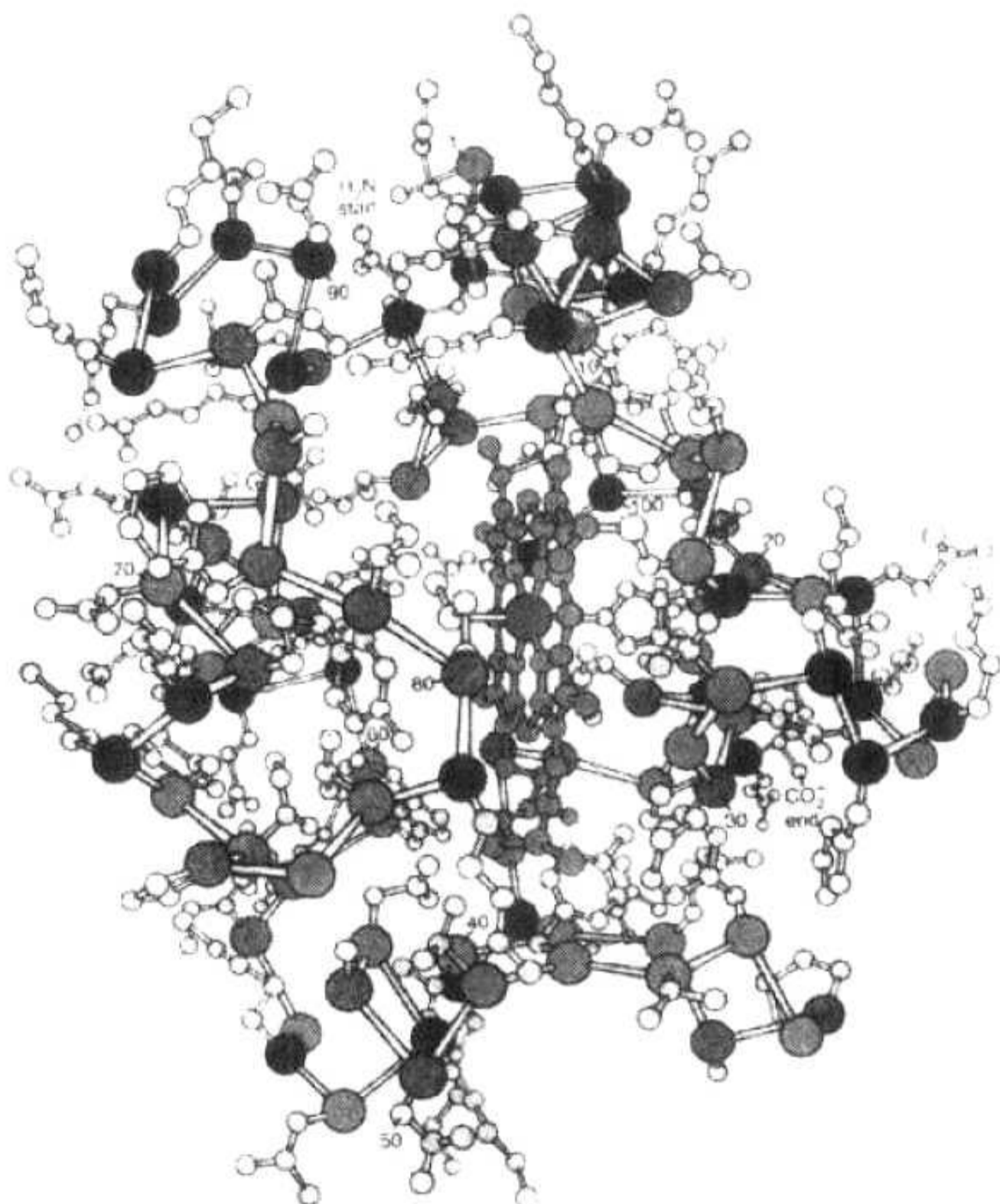


图 28 细胞色素 c 的折叠结构

活体生物可以在 1 秒钟内将一个由 1 000 个氨基酸组成的蛋白质分子折叠起来，我们尚不清楚其中的奥秘。人们认为（其实，大多数科学家都持这种观点，但我是例外，详见以下的论述），分子在选择自身结构时会遵循能量最小化原则。遗憾的是，要计算这种最节约能量的结构模式却是一件比登天还难的事，即使是对称分子也不例外。就拿细胞色素 c 为例吧，



据估计,如果用一台超级计算机进行上述计算,大约需要 $10^{127}$ 年。阿维兹利·弗伦克尔\*在1993年证明,为蛋白质折叠找到特定的数学模型,就好比是计算机科学家们所说的“NP-Complete”\*\*问题,意思就是“难上加难”。

困难在于可能的结构数极其庞大,要从中找出具有最小能量的结构,无异于在数十亿个宇宙那样大小的草堆中寻觅一根显微镜下才能看到的细针。据我个人观点来看,使用生物学方法根本无望解决这一问题。我认为,生物体已经找到了一种便捷快速的方法,可以形成近似于能量最小化的结构(这种结构与真正的能量最小化结构是如此接近,以至于那些书生气十足的科学家们还以为事实就是那样)。但实际上,根本没有必要接近到那种地步。生物体并不是从一条完整的氨基酸直链开始折叠的,这只是让人望而生畏的复杂计算程序的假设而已。生物体在构建氨基酸链的同时就已经开始折叠,按部就班,丝毫不贻。无疑,这将大大降低计算的复杂性。此外,我猜想,生物体可能还会不时地抖动那部分已经构建起来的蛋白质,以防某些奇形怪状的突起钩挂到外缘小环上。许多NP-Complete问题其实都可以用便捷快速的近似方法求解。在此,我还想继续考察另一个问题。乔治·罗斯\*\*\*的新编程序LINUS就使

---

\* 弗伦克尔 (Aviezri Fraenkel), 以色列数学家。主要研究组合博弈论 (combinatorial game theory) ——译者注

\*\* “NP - complete” 是 “Nondeterministic Polynomial Complete” 的缩写, 在数学中意为, 因无多项式算法而使问题无法解决——译者注

\*\*\* 罗斯 (George Rose), 美国生物化学家, 现任霍普金斯大学医学院生物化学教授。其主要成就是研发了一套名为 LINUS (Local Independently Nucleated Units of Structure) 的实用运算法则, 用以预测蛋白质的折叠结构——译者注

用了某些启发性法则（一些启发思考的科学猜测），他对含1 000个氨基酸的蛋白质分子折叠的方式进行了预测，效果还真不错。

蛋白质可以帮助我们做什么呢？几乎什么都可以做。它可以将氧气输送到动物的肺部，也可以将阳光、水和二氧化碳变成植物所需的糖分。蛋白质还可以制造病毒。病毒在日常生活中是令人讨厌的家伙，因为它们会引起疾病；但同时，它们也是上帝赐予生物学家的礼物，因为它们是一种形态极其简单的原始生命，这对生物学家进行具体深入的研究是很有帮助的。对病毒的研究使我们认识到，不用费太大的力气，就能将病毒组装出来。一旦具备了必要的成分以后，只要借助于有关分子间作用力的数学计算，我们就可以将病毒拼装出来，这一过程并不需要遗传学的干预。此外，对于病毒我们还认识到，分子水平上的几何约束是非常严格的：数学对可能出现的病毒结构施加了严格的限制。

“数学对于结构的限制”所隐含的意义在逆转录病毒（含有RNA而非DNA的病毒）身上表现得十分明显。大多数病毒如同真正的生命形态一样，也将DNA作为遗传物质，而逆转录病毒采用的却是RNA，并以它指导蛋白质的合成。逆转录病毒介乎于生命与非生命之间的朦胧区域内，它们具有复制能力，但前提条件是，必须另外存在一种复杂的分子机器，比如细菌或某种细胞。病毒是分子寄生虫，它们可以将其他细胞的再生功能抢夺过来为自身服务。它们的体形结构极具数学特征：常见的形态是扁平圆盘、螺旋体和二十面体。为了说明病毒各种可能的形态结构，我们来看一看两种普通的病毒：一是烟草花

叶病毒\*，专门感染烟草植物的叶子；另一种则是小儿麻痹症病毒，它长期肆虐着人类的健康（至少在有效疫苗发明之前是这样）。

烟草花叶病毒（图29）呈空心杆状，由2130个完全相同的蛋白质单元构成，一条约有6400个碱基的RNA螺旋体从空心杆中央穿过（图30）。1955年，海因茨·弗伦克尔-康莱特\*\*和罗伯利·威廉姆斯\*\*\*表明，烟草花叶病毒的活性纯粹取决于自身的物质组成。这有助于我们跨越横亘在非生命界和生命界之间的鸿沟，因为该结论表明，生命物质最为显著的特征之一——复制，也不过是分子结构

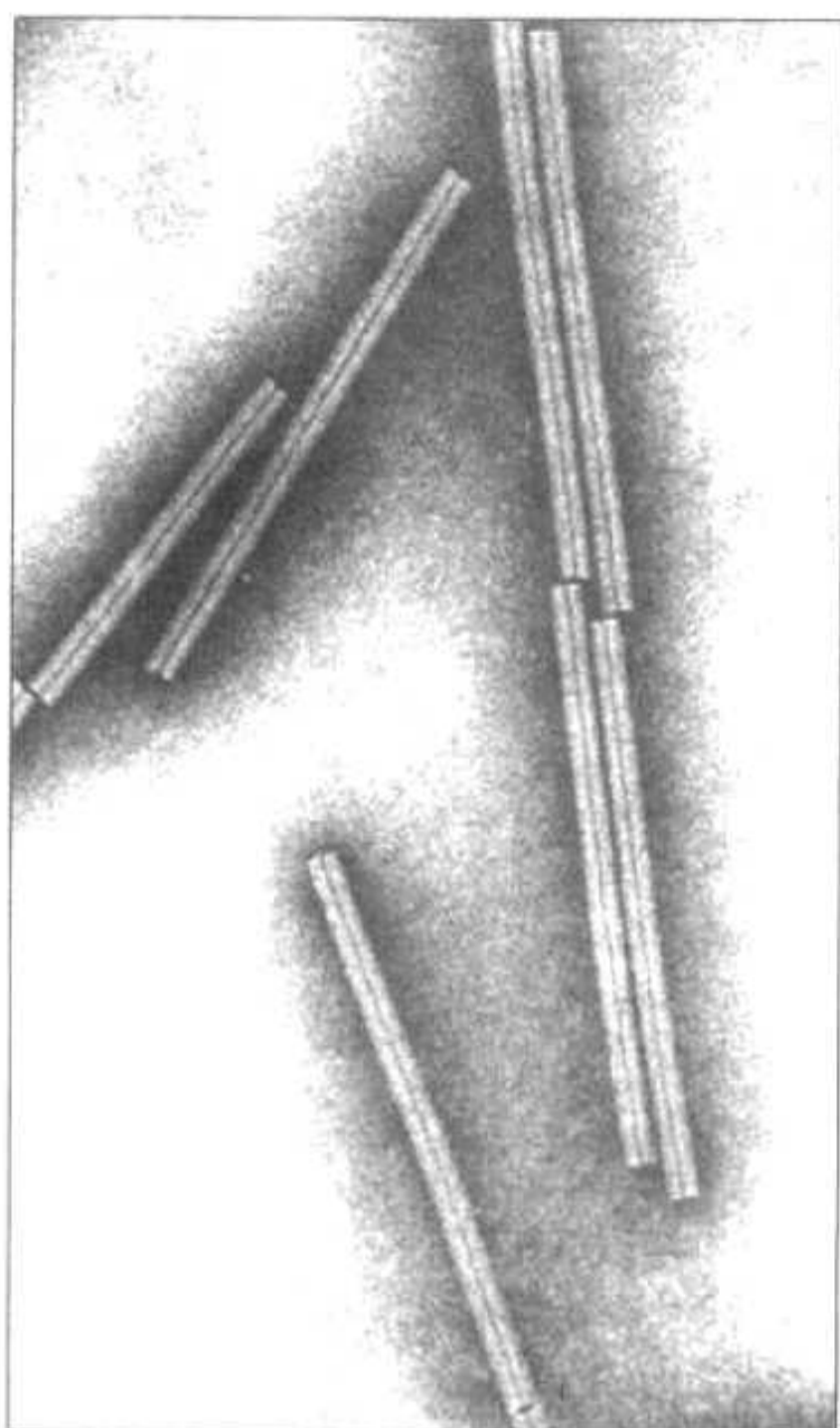


图29 电镜下的烟草花叶病毒

\* 烟草花叶病毒(tobacco - mosaic virus)是一种常见的植物病毒。烟草感染该病毒后，病叶颜色黄绿相间、深浅不匀、厚薄不一、畸形，造成产量和品质显著下降。该病毒在土壤和堆肥的残余病株内、烤烟及其他寄主上越冬，经病株汁液接触或蚜虫传染。——译者注

\*\* 弗伦克尔-康莱特 (Heinz Fraenkel - Conrat, 1910 - 1999)，美国生物化学家、病毒学家、加利福尼亚大学分子与细胞生物学名誉教授。他发现了病毒的遗传物质存在于其核酸内核中，是世界上第一个拆分病毒，然后将病毒组装起来，并使之仍存活的人。——译者注

\*\*\* 威廉姆斯 (Robley Williams, 1908 - ) 美国生物化学家、病毒学家。曾经研究过天文学、电子显微镜技术，直至1950年才转而研究生物化学。他与弗伦克尔-康莱特共同完成了烟草花叶病毒的拆分和重组实验。——译者注

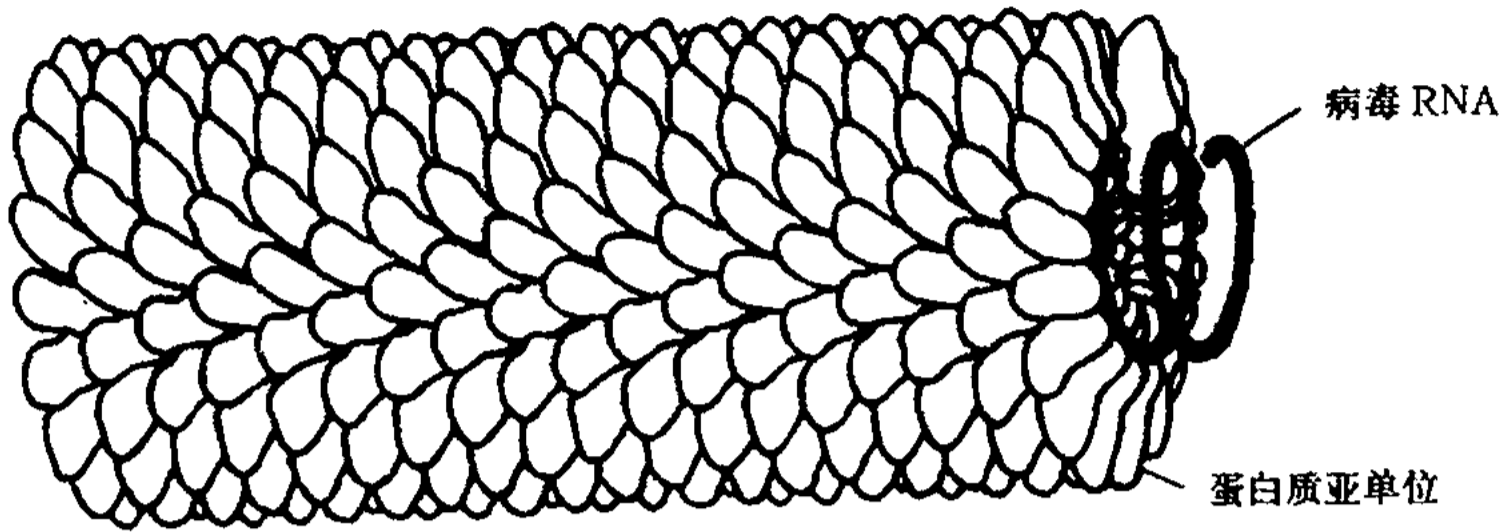


图 30 烟草花叶病毒的结构：由相同的蛋白质单元形成螺旋排列的外壳，内含一条 RNA 螺旋体

的一个结果而已，并不受其他方面的干预，包括遗传学和上帝。弗伦克尔-康莱特和威廉姆斯所要做的，就是将病毒的蛋白质单元和 RNA 螺旋分离开来，即将其转化为一堆分子，而这些分子原则上可以由非生命物质进行合成。接着，他们又表明，如果将这些成分混合在一根试管中，顺其自然，它们就会自发地重组为一个完整的病毒，且重新组装起来的病毒在烟草花叶细胞中仍会具有同样的复制能力。简言之，他们证明了这样一点，就是通过不受干扰的化学过程，能够生成诸如烟草花叶病毒那样复杂的事物。

这种较为直接的自装配过程是怎样进行的呢？病毒的生长和晶体的生长一样，可以分为两个阶段。首先要构造一颗合适的种子（胚芽），然后一步步地在种子身上添加各种新的物质。在构造烟草花叶病毒时，我们可以使用这样一种方法：以 RNA 螺旋体为支架，将蛋白质逐个添加上去，就像结晶过程一样。但令人奇怪的是，自然界并没有使用这种显而易见的方法。科学家们发现，自然界走的是一条迂回的道路。原来，在实验室中，如果用类似结晶的办法重组病毒，那么花费的时间要比病



毒的自然生长过程长许多。构造烟草花叶病毒之所以需要那么长的时间，主要原因就在于创造种子的时间太长了。

那么，真正的烟草花叶病毒是如何形成的呢？现在已经证明，作为对称性破缺的结果，蛋白质单元可以自行聚集成各种不同形态：孤立单元、两个或以上单元的堆叠体、圆盘、低矮的圆盘堆叠体、柱状晶体、错位圆盘（形状酷似螺旋垫圈）或者较长的螺旋状堆叠体。至于究竟形成哪种形状，则取决于周围液体的两个系数：浓度与pH。当pH较小时，蛋白质单元会呈螺旋状堆叠起来（其中不包括位于中心的RNA螺旋）。然而烟草叶细胞内的pH环境是中性的（pH约为6.5）。当pH呈中性时，如果没有RNA螺旋的同时存在，蛋白质螺旋体是不可能出现的。此时蛋白质单元聚集而成的是那种不引人注目的螺旋垫圈（即错位的圆盘），它是介于堆叠体和螺旋体之间的一种过渡形态。当pH大于6.5，并且周围液体的盐浓度也较高时，蛋白质单元聚集后的形态以圆盘为主。此时，如果pH开始下降，圆盘就会发生错位，从而转变为酷似螺旋垫圈的形态。这些螺旋垫圈状的分子继而又会自发地积聚起来，形成准螺旋体，而垫圈与垫圈之间的空隙大小则是随机的。接着，准螺旋体开始紧缩，垫圈间的空隙消失，于是便出现了一个完整的螺旋体形态。这一过程听上去似乎十分复杂，但通过这一过程形成病毒蛋白质外壳的速度已比前述的实验室方法快多了。

在pH较低的环境中，即使没有RNA的存在，蛋白质装配现象也会出现。这种自然的非生命模式仅仅是进化得以存在的基础，而大自然所采用的蛋白质装配方式更让人惊叹不已（图31）。对于病毒来说，螺旋体的增长是发生在中性pH环境中的。

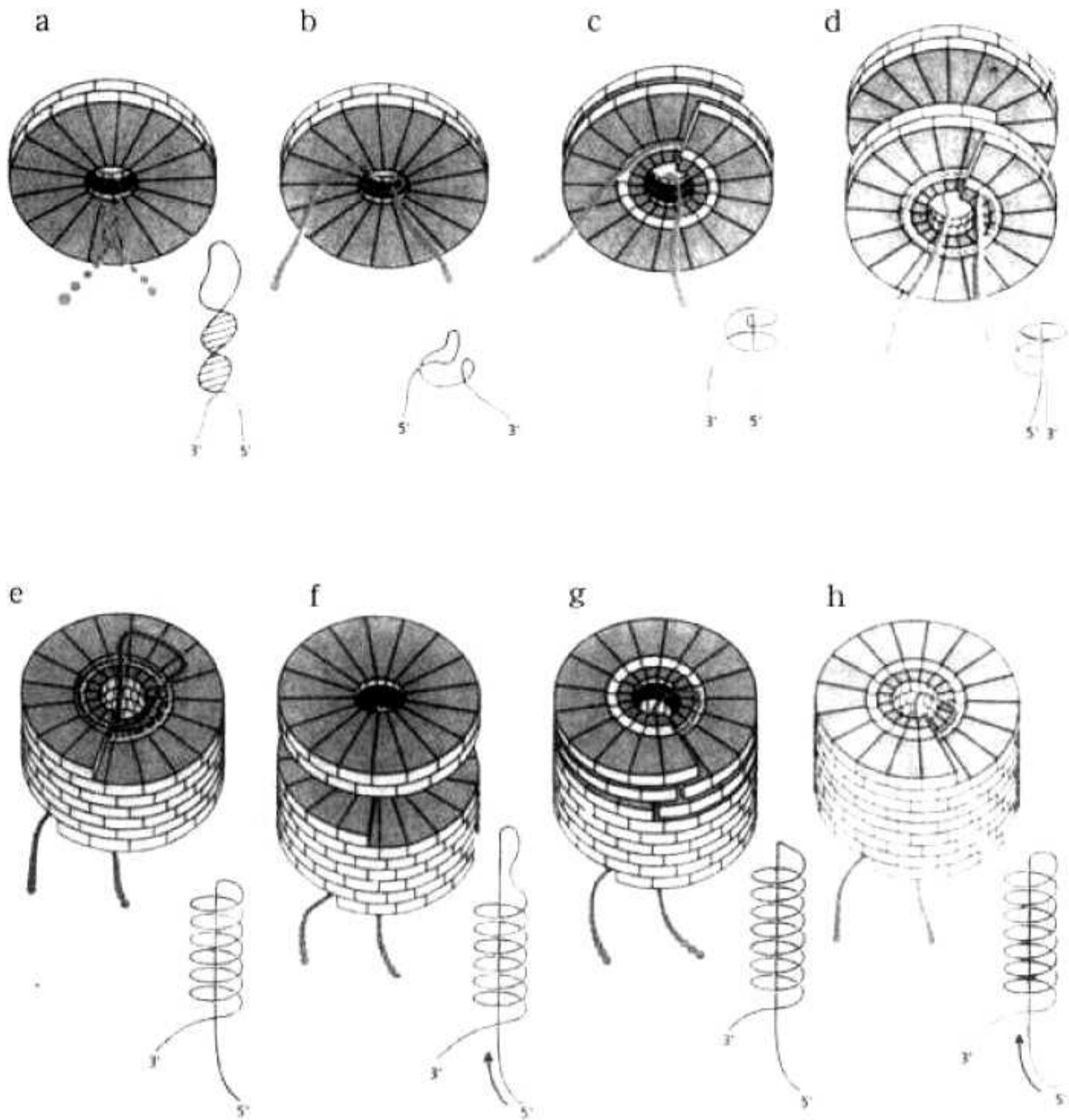
没有RNA螺旋，这一过程难以自发形成。那么，自然界又是如何使用RNA来完成这一构造过程的呢？病毒RNA具有发夹形的环状结构，该环状结构插入圆盘中央孔，RNA螺旋的尾部被圆盘的两层亚单位夹在中间，这使得圆盘发生错位，并形成了螺旋垫圈状结构。于是，RNA发夹环穿过中央孔时，部分RNA链在螺旋垫圈结构的两层亚单位之间缠绕了几圈，后边还拖着尾巴。不过，缠绕在亚单位之间的RNA链是可以自由滑动的。因此，RNA发夹环还是能够继续穿过另一个圆盘的中央孔，继而重复上述过程。RNA链将圆盘一个接一个地套叠起来，仿佛一根对折的绳子串起一颗颗珠子。随后，RNA又使圆盘发生错位，并将它们堆叠起来，形成了螺旋体结构。这一装配过程的源动力，来自于分子工程学的非生命几何结构。但是进化之所以选择RNA和蛋白质联手完成这一过程，是因为这样才能保证在有利的环境中构造出所需的结构。这里所说的“有利的环境”，就是指烟草花叶细胞中的中性pH环境。

烟草花叶病毒是螺旋形的，而其他一些常见的病毒形状是二十面体。有些科学家将二十面体称为“自然界偏爱的形状”，因为它在病毒中非常普遍，如天花病毒、小儿麻痹症病毒、疱疹病毒、芜菁黄花叶病毒都是二十面体。小儿麻痹症病毒的结构是詹姆斯·霍格尔\*、玛丽·乔\*\*和大卫·菲尔曼(David Filman)在1986年发现的。这种病毒是由4种蛋白质单位的

---

\* 霍格尔 (James Hogle)，美国生物学家、病毒学家，哈佛大学医学院教授。1986年，他与另一位美国生物化学家、药理学家菲尔曼利用X线结晶学方法发现了小儿麻痹症病毒的结构，为相关药物及疫苗的研制作出了重要贡献——译者注

\*\* 乔 (Marie Chow)，美国微生物学家，现任阿肯色大学医学院微生物学及免疫学教授。主要研究小核糖核酸病毒致病的分子机理，并于1986年发现了小儿麻痹症病毒的结构——译者注



烟草花叶病毒的成核过程：起先，在病毒的RNA起始区内形成的发夹状RNA环插入蛋白质圆盘的中央孔（a）。然后，该RNA环嵌入到两层蛋白质亚单位之间，并缠绕到圆盘的内圈上，同时RNA主干上的碱基对随之打开（b）。相互作用的某些特性导致圆盘发生错位，形成了螺旋垫圈的形态（c）。这种结构的改变使得各层亚单位之间的缝隙闭合起来，从而将病毒RNA牢牢地锁在中间（d）。螺旋垫圈以及RNA形成的复合体构成了螺旋体的生成基础。随后，其他的圆盘迅速地添加到这个成核复合体上。于是，螺旋体不断延伸，直至达到能够维持稳定状态的长度为止。

图 31 自然界中烟草花叶病毒的生成示意图

各自 60 个拷贝所构成，这些拷贝的排列方式与二十面体具有相同的对称性。用一种简单的方法就能描述这一结构：让一个十二面体与一个二十面体在同一空间位置上发生重叠，形成的复合体看上去仍像一个十二面体，只不过每个面上都有一个五边的棱锥（图 32）。汤普森肯定会喜欢这种结构的。因为比起那种凭主观想像画出来的放射虫图案，这种结构的说服力要大多了。这种结构的成因，是一条病毒晶体学原理，即大量原子

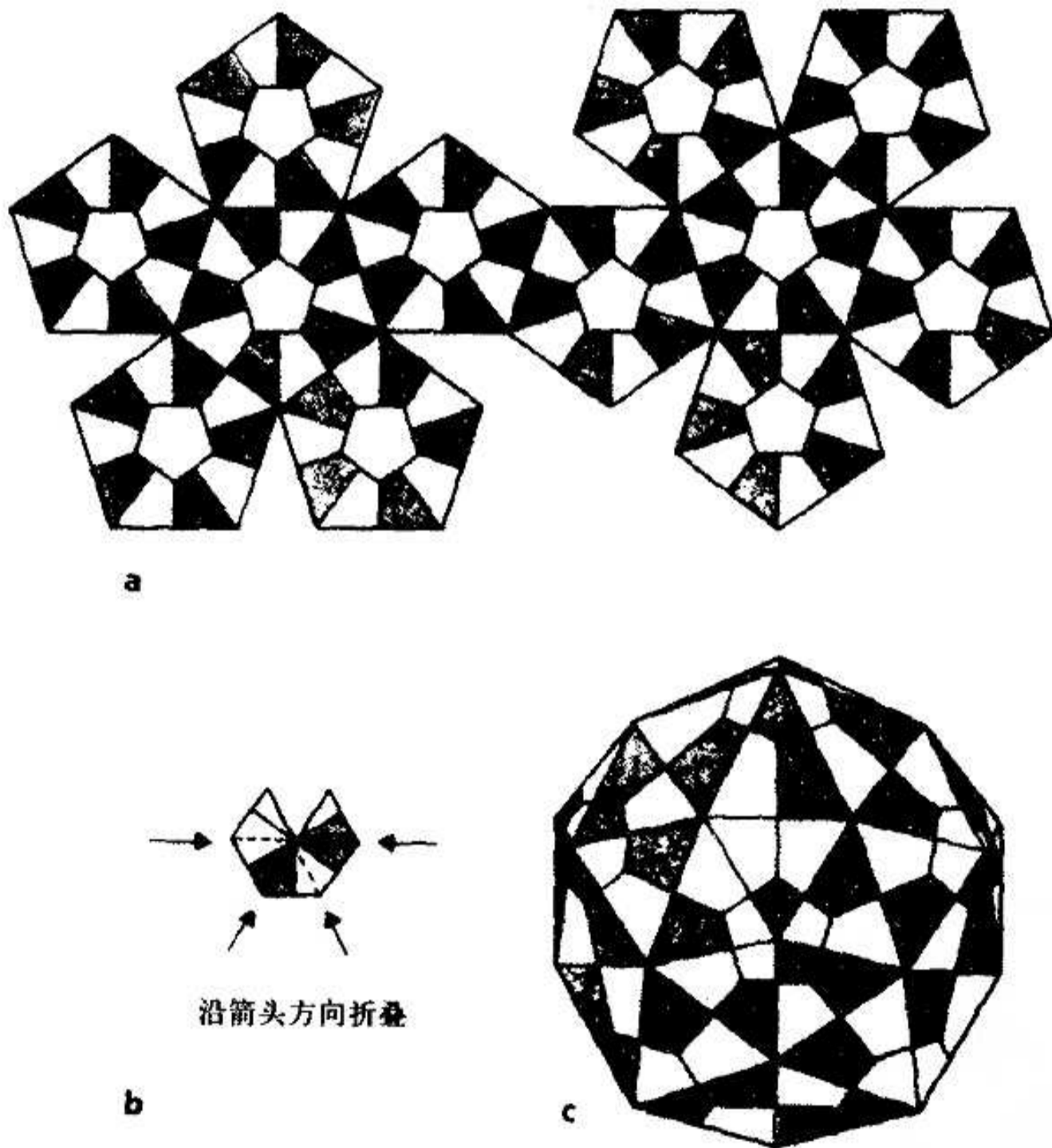


图 32 小儿麻痹症病毒的结构图。将 12 个底面为五边形的棱锥 (b) 粘贴到一个十二面体 (a) 上，所构成的三维模型 (c)



构成的能量最小化结构是晶格,而少量的相同单元构成的能量最小化结构则是近似于球体的多面体。在正多面体中,二十面体是最接近于球体的。现代足球就是一例:其形状本质上是一个二十面体,当然这是一个经过修磨的二十面体,棱角已经磨光了。不过,如果我们用五边形和六边形拼合起来,就会得到更接近于球体的多面体。这样的多面体必定具有12个五边形的面,至于六边形的面数,则可从一个所谓魔幻数列中找出。所有的魔幻数都满足一个特殊的代数式,而一般的数却没有这种特性。300以内的魔幻数是12、32、42、72、92、122、132、162、192、212、252和272。这些数在病毒结构中发挥着特殊的作用,就好像斐波那契数在植物结构中发挥着特殊作用那样。实际上,如果用一些完全相同的蛋白质单元装配成接近于球面的正多面体,这些蛋白质单元的数目肯定是一个魔幻数。

我们有理由相信,病毒对于这样的限制条件是知道的。芜菁黄花叶病毒有32个单元,人类疣病毒有72个单元,BK病毒\*和兔乳头瘤病毒也有72个单元(人类疣病毒和兔乳头瘤病毒实际上是相同的,只不过互为镜像而已)。REO病毒\*\*有92个单元,单纯疱疹病毒又称唇疱疹病毒,有162个单元。鸡腺病毒有252个单元,传染性犬肝炎病毒有362(又一个魔幻数)

---

\* BK病毒(BK Virus)是人类多瘤病毒的一种,从免疫抑制的病人尿液中很容易提取到该病毒。接受异体肾移植的病人感染该病毒后容易患肾炎,从而导致手术失败——译者注

\*\* REO病毒(reoviridae),又称呼肠孤病毒。20世纪60年代初,人们从人类和动物的呼吸道和肠道中分离出这类病毒,当时对其致病机理还不清楚,所以就称它为呼吸道(Respiratory)、肠道(Enteric)、孤儿(Orphan)病毒。此病毒能感染人、脊椎动物、昆虫和植物的5个属——译者注

个单元。

在说明数学原理对于生命（当然是指地球生命，这也是我们目前仅知的生命形式）起源的重要意义方面，再也没有什么证据能够比DNA、RNA以及病毒的这种规律更具有说服力了。DNA的作用有赖于双螺旋体这种简单的几何结构。在某种程度上我们可以说，这种结构是逻辑的必然。因为这种结构的关键特点并不是螺旋，而是碱基配对的互补性。正因为有了这一特点，进化才能以此为创造地球生命的基础。这种结构不但在任何物理学定律中都能找到，而且在抽象世界里也是经常存在的。其他规律都是建立在这个基础之上，尤其是基因密码这个准数学之谜。为什么选中这样一种特殊的密码呢？从根本上来讲，任何密码都是行得通的；无论哪一种密码先被选中，都可能流行起来，因为生命是可以繁殖的。也许克里克是正确的，遗传密码是一场“冻结偶然性”的结果。也许霍尔诺斯是正确的，遗传密码也来自于物理学定律的深层内涵。

DNA，不但对这里所指的生命，而且对一般意义上的生命来说，到底有多么重要的作用呢？或许存在着许多不同种类的分子，能够自我复制，并能携带大量信息。为什么我们得到的只是DNA，而不是别的什么？也许DNA是宇宙中唯一可以通用的物质。也许它是唯一能够由原始地球上的化合物轻易进化得到的物质，也许DNA本身就是一种冻结偶然性的产物，是从混沌板块上首先剥落下来的一个能够复制和编码的分子系统。它一开始便散落到我们这颗行星上，而此时竞争尚未展开。至于后来它为什么仍能占据压倒优势，则是因为DNA一旦存在，竞争就再也找不到机会展开了。

事实究竟如何，本人也无可奉告。但有一点我十分清楚——没有数学，我们将一事无成。





## 第四章

---

# 来自氧气的威胁

如果说，细胞是作为一个整体而起作用的，那么它的每一部分必然会影响到其他部分。对于多细胞生命体而言，类似道理也应当是行得通的。

汤普森：《生长与形态》，第四章

## 地球在不断地变化。

地球在它诞生后的数十亿年中，由一个处于熔岩状态的旋转体逐渐演变为一个略显扁平的球体，表面是固态的地壳和大片水域，外层则是大气。大约在40亿年前，地球上第一次出现了生命的形态。生命作为一种存在形式，是负载于能够复制的分子之上的，也可能负载于一种分子网络上。这些最初出现的生命形态乃是一些细小的微生物，即今天的细菌的前体，每个这样的微生物，都是外覆包膜的一小团化学物质。这类生命形态，既有顽强的遗传性，也有改变自身（即进化）的能力。

微生物自身还没有发生根本变化，却已使地球彻底改变了模样。它们用于生成能量的化学系统产生了一种令人讨厌的副产品——一种有毒的废气。每一个古微生物、每一个原始水藻所产生的废气量是微不足道的，但是随着一个个地质年代的流逝，有毒气体大量积聚起来。这种有毒的化学物质就是氧。氧是一种具有腐蚀性的活性气体，它不断从原始海洋中冒出来，蓄积于大气之中。

人类一般不会将氧气当作有毒气体，这是因为我们的祖先经历了一步步进化，得以避免遭受这种有害气体的影响，并学

会了利用氧气造福自身。即使如此，氧仍是一种令人讨厌的物质：氧气是锈蚀和火灾的罪魁祸首，潜水员们也可能面临氧中毒的危险。对于地球生命来说，氧气变成了一种有用气体，而且还是必不可少的，但决不是无害的。对于原始海洋中的早期生命来说，氧就是百分之百的毒物。氧在大气中愈积愈多，不可避免地会溶解在海洋里。早期生命形态面临着在自己制造的废气中陷入灭顶之灾的危险。

有些科学家认为，这些早期生命曾经遭受过大灭绝，数以千亿计的生命体由于找不到对付氧气毒性的办法而死亡。这种描述颇具戏剧性，也可能根本就是胡说八道。这种理论猜想，早期生命可能有点像动画片中的人物，游弋在悬崖边缘却没有察觉到危险。向下一望，才发现自己的双脚已悬于半空。进化意味着不断地适应环境，而不是作偶尔的调整。因此即使当氧气的威胁刚刚逼近，地球上的生命体就有所意识。为了不让这种威胁变成灾难，生物体拿出了必需的勇气，从而化险为夷。一种全新的生命体崭露头角，得以在富氧环境中生存。其结构就是现在所说的细胞，它们有办法保护自身较为敏感的部分不受氧气的危害——甚至有能力强将这种威胁转化为能源。

最早的生命体并没有将自身的遗传设备单独放置到某个特殊区域——细胞核中。它们的DNA只是被一层薄膜包裹着，在膜内则可自由活动。这种生命体又称“原核生物”，即“没有细胞核”的意思。由一个或多个真核细胞构成的生命体称为“真核生物”。它们可能是单细胞生物（最早的真核生物几乎可以肯定是单细胞生物），也可能是由多个细胞组合而成的更为

复杂的多细胞生物。与人类共同生存的动物和植物——猫、狗、牛、青蛙、蜥蜴、鸟以及橡树等，都是多细胞真核生物。如果说有什么事件对我们这颗星球产生了最为重大的影响，并使它变成今天我们所感受到的这个样子，那只能是真核生物的进化。

细胞的行为是否受到数学规律的支配？细胞是怎么聚集起来，从而形成我们所说的“更高级”生命？这些问题背后也有数学规律吗？对于细胞观察得愈是仔细，理解得愈是深刻，我们会发现，细胞的活动和变化就愈符合数学规律。无论用普通的语言对细胞作一般性的描述，还是深入考察细胞某些重要的分子结构，特别是细胞的骨骼结构（又称细胞支架），都会碰到这样的情况。细胞的运动是一个动态过程：首先要形成一些长管形的特殊分子（这种分子被贴切地称为“微管蛋白”），然后这些微管开始伸长，也可能崩塌和断裂。继而，它们受到了一种令人称奇的有序结构的挤压。这种结构位于每个细胞的中央，被称为中心体。此外，中心体及其微管对于细胞的分裂也是至关重要的。颇有讽刺意味的是，有些细胞行为使细胞看上去更具有生命特征而不是数学特征，而实际上，这类细胞行为都具有数学的内涵。显然，我们小看了数学的能力，对细胞也作出了错误的判断。

前面我曾经说过，即使是变形虫那样的简单生命体，在显微镜下，其运动和选择似乎也有很大的自由度。我将它与随风夹带的沙粒进行了比较。如果我们能用数学的眼光看待细胞，那就会清楚地意识到，变形虫也是随风飘荡的。实际上它并不具有随意性，也没有选择的自由。但变形虫与沙粒的区别就在



于，前者的运动依赖于一种复杂且高度敏感的化学过程，而不像固体团块滚动那么简单。吹动变形虫四处飘荡的“风”就是化学信号。我们没有注意到，正是这种化学“风”使得变形虫的运动看上去具有了随意性。

人类本身是否也在更为复杂的风（情感之风、记忆之风、人际关系之风）中飘荡呢？我们是否具有自己真正的意愿？当然，我们觉得自己是有意愿的。但从一定意义上说，我们总会带着偏见去看待事物，我们涉世太深以致无法做到不偏不倚。我认为，问题的答案存在于两个层面。在我们所认识的宇宙这个层面上，我们有选择的自由，而且能不断行使这种自由。但在物理学定律这个层面上，这种表面的自由也许就仅仅是一种幻想了，是人类对自身内心状态和周围环境所作的机械反应。我们的行为在物理学上具有涌现性，因而从两个层面上得出的结论并不矛盾。目前，只有哲学家才会关注此类问题，但也许用不了多久，这些问题就会进入物理学家和数学家思考的领域。谁知道呢？

我们还是回到细胞的话题。细胞是怎么出现的？一度曾有人认为，细胞是在几种原核生物的共生现象中产生的，显然这些原核生物在互相沾光。这种理论找不到新的有力证据支持，后来就逐渐被人们淡忘了。当代生物学的发现，不仅使这一理论重放青春，而且还确立了非常稳固的地位。事实上，如果没有十分惊人的发现，要推翻这种理论几乎是不可能的。与此同时，数学家们为单细胞及多细胞生命体建立的生物模型也愈来愈成功。他们表明，某些真核生物的复杂行为显然可以用数学方程加以解释。有关真核生物的数学，最为引人注目的一个例

子便是黏菌\*的运动。黏菌是由变形虫（变形虫是单细胞真核生物）形成的菌落性生物。黏菌的个体细胞向一个共同的中心移动时，会形成一个个漂亮的螺旋形图案。当它们同时离开原来的地方去寻找较为干燥的场所时，又转化成一种类似鼻涕虫的形态。接着，它在肉茎上鼓起子实体，并在一块开阔区内喷发出孢子。这些孢子又变回到变形虫，新的循环又开始了。要用相对简单的数学原理说明这一独特的过程，似乎不大可能。但自1995年左右开始，数学家们已经为黏菌的许多行为找到了统一的解释。

事实上，细胞分裂的几何图形，早期胚胎发育的形态，黏菌奇特而优美的行为方式，同样都遵循着有关模式形成的基本数学原理。数学揭示了不同层次生物王国的共性，而这种共性来自于物理和化学定律的深层普遍性。

本章谈论的主题就是细胞生物的这种共性，为了把问题说得更透彻一些，我还得由简到繁一步一步地讲。首先从细胞的进化开始。真核生物细胞与原核生物细胞是有很大的差别的。就体积而言，前者一般是后者的10 000倍。真核生物的细胞壁形态多样，而原核生物的细胞壁则是光滑的。真核生物的大多数遗传物质都集中在核内结构紧密的染色体中。当然，也有一些遗传物质可以在细胞的其他区域内找到。相反，原核生物细胞只有一条裸露的环状DNA，它隐藏在细胞壁的某处皱褶内，以免四处晃荡。真核生物细胞的内部空间被膜分隔成许多不同

---

\* 黏菌（slime mold）属黏菌纲。其营养方式为摄食，能产生子实体和孢子，类似真菌。其营养体为原生质团，多核而无细胞壁，能变形运动和摄入有机物。  
——译者注

的小室，一个细胞可以包含成千上万个专门的细胞器，这些细胞器执行的任务各不相同。相对而言，原核生物细胞的内部形态就不那么固定了。

细胞核是细胞器的一种。其他的细胞器还包括：线粒体，起到能源的作用；过氧化物酶，参与新陈代谢；（植物细胞中的）质体，发生光合作用的地方，利用太阳能将二氧化碳转化为糖类。真核生物的细胞支架由蛋白质构成，也就是前面提到的那种微管。细胞支架与人体坚硬的骨骼不同，它可以迅速拆开，然后再重新组装起来。事实上，这正是细胞运动的方式。微小的分子运输机沿着小管线运动，将分子从一个地方运送至另一个地方，协助细胞支架的拆开和重建。如果将原核生物的细胞比作为一个化工车间的话，那么真核生物的细胞更像是一家化工联合企业，而这家企业老板就喜欢没完没了的重建，乐此不疲。

一般来说，进化就是对现存事物进行修正或重组。真正的创新是通过建造、拆除、再建这种渐进的过程涌现出来的，而现存结构则被用作（也许是临时性的）建筑的基础。真核生物细胞的进化使用的建筑基础是什么呢？答案很可能是：相对低级的原核生物。新的生物学证据表明，尽管原核生物细胞与真核生物细胞间有着明显的差异，但两者是近亲，因为它们具有非常相似的遗传学特性。对于真核生物细胞的进化过程，目前尚存有争议，因为我们缺乏化石证据，所以无法了解实际发生的情况。目前人们广泛接受的一种理论认为，真核生物细胞是借助于一种共生现象从原核生物细胞中演变而来的。这一理论在一个多世纪前就有人提出过，但直到20世纪60年代后期，

由林恩·马古利斯\*重新提及，方才得到了大多数人的赞同。另一种观点则认为真核细胞是一种单独进化发育的产物。

“共生”一词最早是在认识生命体过程中生造出来的。不同种类的生命体互相利用而联合起来，就产生了共生现象。举例来说，有一种鸟会飞进河马的嘴里，啄食吸附在里面的蚂蟥。这对河马有好处，它清除了吸血的蚂蟥；小鸟也得到了好处，它在河马的口中找到了食物。因此，河马可以容忍一只鸟停留在它的口中，不会合上它的嘴巴。但蚂蟥却不受欢迎，它是一种寄生虫，在与河马打交道的过程中蚂蟥得益了，河马却成了受害者。

马古利斯重提的理论认为，细胞进化乃是原核生物在共生过程中相互作用的结果。这种原核细胞成了真核细胞的细胞器，最终自身不再（甚至不可能再）作为独立的生命体存在了。支持该理论的最有力证据是，线粒体和质体那样的细胞器自己拥有退化的遗传系统。这类细胞器具有自己的DNA，具有根据DNA指令复制和建造蛋白质所需的分子学机能。它们的遗传密码与细胞核中的遗传密码甚至有所不同。这种机能在共生进化过程中保留下来，这是不难想像的。如果说，真核细胞是完全独立地发育起来的，那么为什么会存在这种残留的机能呢？这显然难以自圆其说。

现今的许多真核生物细胞都能够包围、吞噬原核生物细胞。其实，白细胞就是用这种办法对付入侵细菌的。我们有

---

\* 马古利斯(Lynn Margulis)，美国生物学家，马萨诸塞大学生物学教授。她于1970年提出的细胞器来源的共生假设，是迄今为止细胞器遗传最为完整的共生假设之一——译者注



理由认为，当一些细胞学会吞噬另一些细胞时（实际上也就是吃掉另一些细胞），这种共生伙伴关系就形成了。即使在今天，有些变形虫还会抓住从身旁经过的细菌，把它们当作线粒体，生成自己所需的能量。有证据表明，被吞噬的原核细胞有时还会继续生存一段时间，这样的情况可能是有益的。虽然这种现象十分罕见，但一旦真的发生，进化就会不断强化这种作用。

整个过程极有可能是这样的：

原核细胞脱去了（相对较厚的）细胞壁，只剩下一层薄薄的细胞膜，细胞膜上点缀着一些核糖体——核糖体是蛋白质装配的场所。细胞膜摆脱了厚厚的细胞壁限制以后便开始生长，其形状变得皱折不平，凹凸的边缘就像是幕布上沿的褶裥。这样的细胞成了真核细胞的原型。皱折形成以后，细胞的表面积增加了，体积却并未增大，细胞从外界摄取营养的效能得到了提高。因此，这种原始的真核细胞能够比那些生活在厚壁中的原核细胞长得更大。

处于这一阶段的真核细胞与原核细胞一样，其消化过程还是在细胞膜外进行的，膜外一定范围内遍布着某种消化酶（这是一种非常奇特的想法——某种动物还没有接触到你的身体，就已经开始吃你了……）。不过，随着这种原始真核细胞的体积逐渐增大，细胞膜上的皱折也愈来愈多，这些皱折可以在细胞外围出一些区域，形成一个个内在的小口袋。于是，消化过程不但可以在膜外具有消化酶的环状区域内进行，也可以在细胞体内进行了。有时，这种口袋形成的地方恰好是原始真核细胞DNA生根的地方，这样，原始的细胞核产生了。真核细胞

原型就此变成了真正的真核细胞。从这一阶段起，细胞支架开始进化形成。这种支架是由一些细长分子构成的，可以在特定的化学刺激下伸长或缩短。有了可以重建的原始细胞支架，细胞就能够调整其外层的细胞膜，从而达到搬运食物和自身运动的目的。

这样的细胞已经具有向体内输送食物的能力，因此不必停留在食物表面。进化使这种细胞得以四处活动，以便寻找新的食物。一旦找到了食物，它就先将食物围住，然后悠然自得地进行消化。原核生物乃是它食谱中的一项，某些原核细胞在被吞噬以后仍可以存活，因为它们今后还能派上用场。过氧化物酶体就很可能就是最早得以保留的一种原核生物，因为它们具有保护细胞不受氧化物危害的能力。原始的线粒体也具有这种作用，并且还能生成一种富含能量的分子——ATP（三磷酸腺苷）。能量贮存在这种分子里，并在需要时释放。植物世界的最后一步演变就是在众多细胞器共生的社会中添加入质体，如此一来，能够产生能量的光合作用便可以进行了。

这就是进化的大致轮廓。接下来，我们要仔细地考察一下细胞内部发生的变化。在此，我们将看到某些数学规律作为进化基础所发生的作用。首先，细胞是怎样运动的呢？细胞运动的关键在于细胞支架。我们最好将细胞支架构想成由蛋白质支架组成的一种网状结构，这种网状结构是构筑在细胞内部的，由它支撑着细胞膜的某些部分，而另外一些未受支撑的部分则可以自由飘动。网状结构最重要的构件是以微管形式存在的，微管主要由一些细长的微管蛋白构成。除此之外，还包括其他

一些蛋白纤维，其中较出名的是一种被称为“肌动蛋白”的物质。各种不同的蛋白纤维相互作用，促使细胞具有运动的能力。微管蛋白有两种相似但不相同的形态，一种是 $\alpha$ -微管蛋白，另一种是 $\beta$ -微管蛋白。其结构是高度对称的，就像一张卷成圆筒状的棋盘，黑色方格代表 $\alpha$ -微管蛋白，白色方格代表 $\beta$ -微管蛋白（图33）。我们也可以将微管想像成用黑白两色砖块砌成的细高烟囱，两种颜色的砖块分别代表两种蛋白质单元。先在地上用黑白两色砖块相间地围成一圈，然后以类似的方法在上面再建造一层。不过白砖上要放黑砖，黑砖上则放

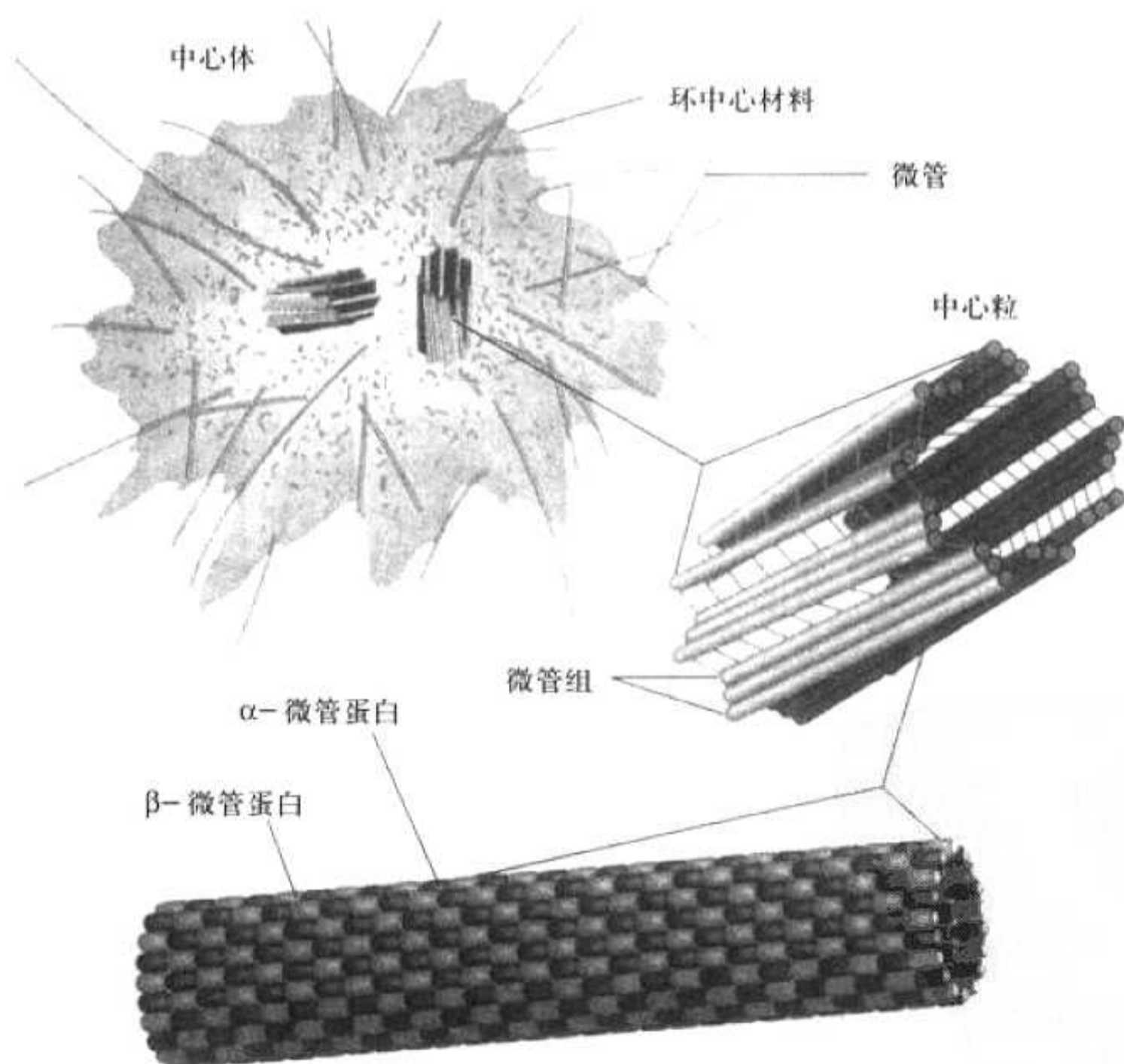


图33 微管、中心粒和中心体的结构图

白砖。千万别像普通泥瓦工（通常所做的）那样，将上层砖块放在下层砖缝的上方。继续采用我们介绍的方法，将黑白砖块相间摆放。这样，一根由一排排整齐平行的砖块砌成的烟囱就完成了。

乍一看来，自然界选择这种结构似乎是十分愚蠢的。做泥瓦工的都知道，用这种方式，烟囱是砌不高的。只要有一阵微风吹来，它就会坍塌下来。采用一块块单砖砌造立柱，又没有其他结构支撑，是很容易倾倒的。如果像砌普通砖墙那样，用层层砖块交错的方法建造出来的烟囱就会稳定得多。自然界为什么非要用如此不稳定的方式来构造微管这样重要的部件呢？

这个问题的答案（我指的是数学上的答案）是这样的：一定程度的不稳定性对于细胞来说有好处。分子间能够相互粘结，因此平行排列的分子结构至少比没有黏性的砖块垒叠要稳定得多。尽管如此，在排列结构比较薄弱的地方还是会出现长长的裂隙，但这种裂隙实际上是有好处的。在添加蛋白质砖块时，微管不但可以伸长，也可以缩短，即沿着裂隙错裂开来，就像剥香蕉皮一样。微管的缩短速度是伸长速度的10倍左右。这种伸长或缩短的特性使细胞可以利用微管的杆体够到自己感兴趣的东西：首先，微管随机地伸开，看看能否碰到什么东西，如果没有发现感兴趣的东西，微管便会迅速回缩，准备下一次尝试。微管这种既不错位但又保持足够稳定的结构有点类似于用棋盘卷成的圆筒。正因为有了这样的结构，细胞才有可能通过建造和拆除自身支架的方式进行必要的运动。应当指出，随心所欲地运动乃是细胞最让人感到困惑的特点之一。归根结



底，我们应从结构严密的小分子中去寻找细胞的动力学机理。当然，细胞的运动不光是通过改变小管的建造位置完成的，其中还涉及许多其他方面的内容。但这一根本机制乃是整个细胞运动的基础。

微管的生成、建造和拆除是在什么力量控制下进行的呢？那就是各种不同的化学信号，其中有一些是在环境的刺激下形成的：一旦细胞发现食物发出的化学信号，就会迅速作出反应，将远离食物一侧的支架拆掉，又在最靠近食物的一侧将支架重建起来。这种数学规则，不但能帮助细胞正确无误移向最可能得到食物的地方，而且可以促使细胞一碰到食物就将其包裹起来。为了把这种结构世代继承下去，细胞也许要求助于遗传学。然而正是数学（表现为物理学和化学规律的数学）促使了细胞开始并继续这种真正意义上的运动。我将这种关系称作，伙伴关系。

那么微管是怎样出现的呢？它来自于遗传学吗？这里当然少不了基因的参与，因为微管本身就是由蛋白质构成的，而蛋白质又是由基因编码的。不过，这里还包括了许多遗传学以外的内容，而这些内容大多与数学密切相关。任何细胞都不能没有一个最重要的细胞器——中心体，它是一种数学性质极强的分子结构，与细胞的大多数其他部件相比，其结构的规则性更强。中心体结构怎会有如此的数学性呢？谁也不知道。我猜想，自然界对于因对称破缺而产生的分子结构是任意选用的。而中心体的结构碰巧能够导致有益的结果，于是自然界在进化过程中就把它纳入了每一个细胞。

在细胞支架的形成和控制过程中，在细胞分裂的过程中，

中心体都起着举足轻重的作用。1887年，西奥多·博韦里\*首先描述了这种细胞结构，同时，爱德华·范·贝尼登\*\*也独立地得出了有关结论。此时，两人都在研究蛔虫卵细胞的分裂。当一个细胞分裂（即所谓的有丝分裂）时，染色体进行复制，然后必然会在两个新生细胞里均等分配。一种被称为“纺锤体”的结构在这一过程中具有关键作用：染色体首先沿纺锤体的赤道面排列起来，然后向两极迁移。博韦里和贝尼登观察到，在纺锤体的两极各有一个小黑点，他们将其称为“极球”或“中心体”。细胞在分裂之前只有一个中心体，且十分靠近细胞核。而当细胞开始分裂后，首先出现的情况就是中心体一分为二，并逐渐分开。此时，核纺锤体就在两者之间形成了。由此看来，似乎是中心体的数量加倍，才使得细胞开始分裂，并控制了以后的分裂进程。

一开始，人们对于这一观点还是颇有争议的。直到20世纪30年代，仍有不少生物学家认为中心体根本就不存在，它们只不过是制作细胞切片时人为造成的假象。那时，大家都认为许多生命体的细胞根本就没有中心体。不过，随着电子显微镜的出现，人们终于明白，所有细胞都有中心体，并且中心体在细胞的分裂过程中扮演着十分重要的角色。中心体长出微管，在细胞分裂过程中，中心体利用微管作为钓杆抓取染色体，并将染色体插入所需的位置。

---

\* 博韦里 (Theodor Boveri, 1862 - 1915), 德国生物学家。他以蛔虫卵为研究材料，证实了细胞核中的染色体是一条条彼此分离的连续实体——译者注

\*\* 贝尼登 (Edouard van Beneden, 1846 - 1910), 比利时生物学家。他于1887年发现，每个物种的细胞内染色体数目是恒定的。此外，他还发现了精子与卵子分裂过程中出现的单倍体细胞结构——译者注

中心体具有漂亮而紧凑的数学结构。在任何动物细胞内，中心体都是围绕一种微小而对称的分子结构生成的，这种分子结构称为“中心粒”。中心粒是由27根微管构成的柱状体，每3根一组，共有9组这样的微管粘结在一起，每组都略带偏斜（图33右）。在这些中心粒中，有一对彼此成直角排列，形成了中心体的核心部分（图33上和图35）。它们被一团模糊的“环中心粒物质”所包围（我们对这种“环中心粒物质”了解得并不多）。我们借助于某些数学机理可以得知，这种“双中

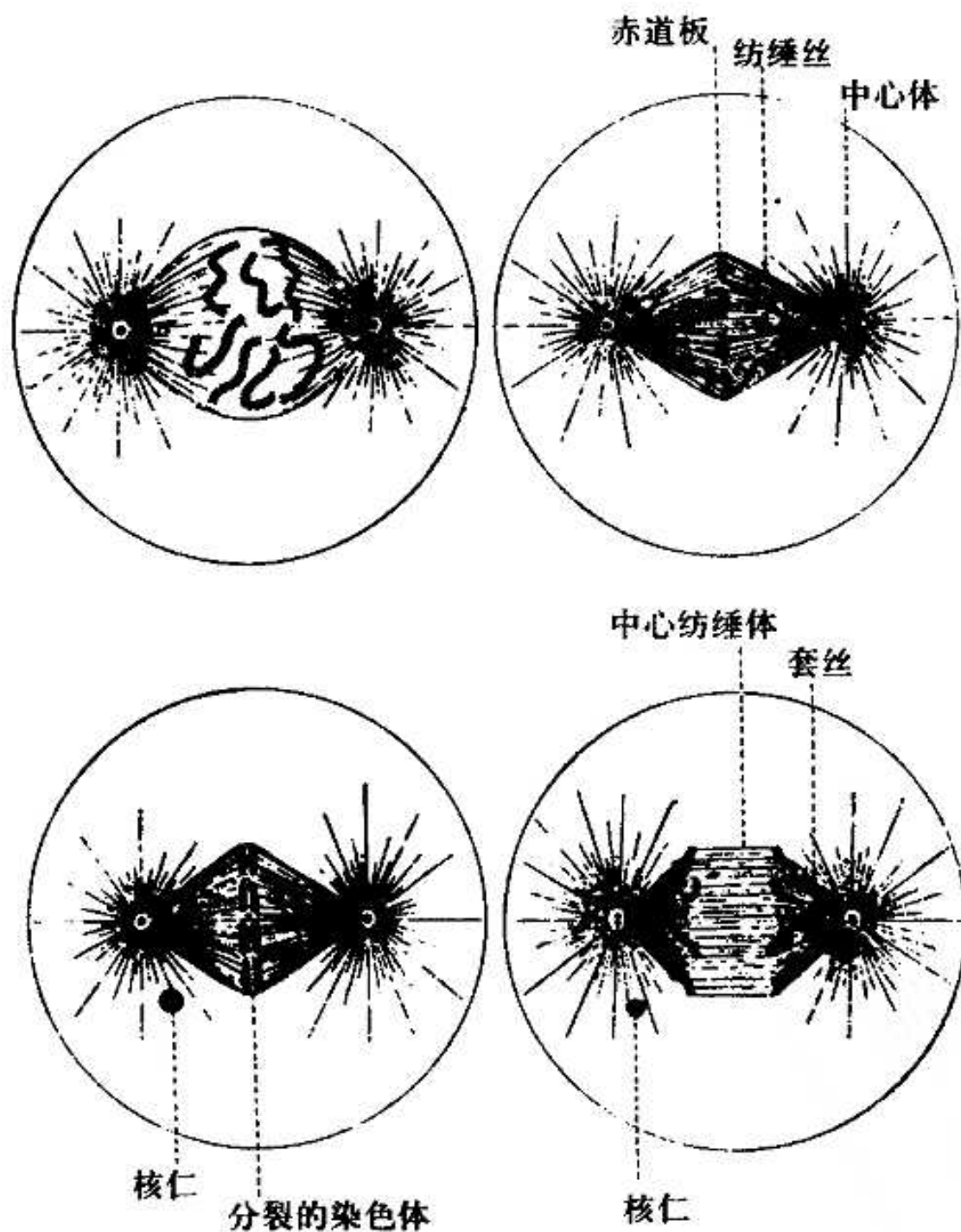


图34 细胞分裂的几个阶段：带有放射光芒的两个黑点是中心体，在它们之间形成的结构是纺锤体

心粒”结构有利于新微管的生长，尽管我们对这些数学机理还没有充分理解。



图 35 电镜下的中心体

有关中心体伸向染色体并将其拉到自己身边的机理，人们已经认识得比较清楚了。在细胞分裂的关键阶段，细胞内的化学环境使微管开始变得不稳定起来。它们迅速生长，然后又发生收缩，细胞在各个方向上都可以随机地出现微管放缩的情况。实验和数学物理学家艾伯特·利布沙贝\*曾经为该过程设计了一些相当贴切的数学模型。当一个微管的钓竿钩住一条染色体后，微管便停止了随机放缩，其自由端牢牢地粘住这条染

---

\* 利布沙贝 (Albert Libchaber)，美国实验和数学物理学家，芝加哥大学教授。他在动态系统向混沌转变的研究方面有杰出贡献，并因此于1986年荣获“沃尔夫奖”——译者注



色体，于是，分子开始趋于稳定，这就好比一根没有打过结的绳子，只要将绳子的两端粘合在一起，就能避免缠结。这些钓竿钩住猎物以后，在一种特殊的化学动力帮助下，将染色体拉向身边。

人们对中心体的复制过程已经了解得很多了。正常情况下，两个中心粒彼此分开，然后各产生一个新的中心粒，新老中心粒之间的夹角为直角。开始时，新生中心粒中只有9根微管。但不用多久，就会变成由27根微管构成的正常微管束。启动这一过程需要有一个初始中心体，但在特定环境下，这种中心体似乎也能自发生成。中心体高度对称的形态显然是通过对称破缺的途径产生的。它似乎是由微管单元——一种呈管状而非格状的微晶体自然形成的结构。不过，至今尚无人作过仔细的计算，因而也无法对这种粗略的描述给出有血有肉的论证。

初看起来，微管的动力学学说对于汤普森猜测的细胞分裂过程，是一个致命打击。汤普森主张，细胞就像肥皂泡，可以通过分裂减小表面积，从而达到能量最小化的目的。他认为，这一普遍原理适用于细胞的整体形状。而中心体的存在以及微管钓竿可以将染色体分开的事实，对于他的推测仿佛是当头棒喝。细胞的分裂，并不是汤普森想像的那种宏观物理学过程，而是一种借助于化学的微观过程。

然而，染色体的分离毕竟只是细胞分裂过程的一部分。不管怎么说，细胞其余部分终归也得分开吧。

有证据表明，为了完成细胞分裂，自然界仍然依靠了汤普森设想的那种普遍而简单的物理学过程。这是普遍适用于自然界的数学原理慷慨赠予我们的礼物。细胞分裂是真核生物的一

个基本特征。幻想创造一种庞大的超级遗传结构，使其完美无缺地充分调节自身性状，这实在是一件非常愚蠢的事。也许我们可以像以前一样，求助于自然界的物理方法，巧妙地更换一下具体的条件，就能使偶发事件产生急剧变化，从而保证自己得到希望的结果。

观看细胞分裂的录像，我们会注意到一件非常奇特的事：细胞分裂的时候，其活性似乎是最小的。活性与某些看起来像意志的复杂行为有关，它是通过遗传修补来探索物理规律所提供的可能状态。但在细胞的分裂过程中，复杂行为似乎受到了抑制。因此，这种复杂性并不会妨碍细胞根据简单的物理学方法干净利索地分裂成两部分。在定时摄制的照片上，我们首先可以惊奇地发现，那些形状不规则的自主细胞的行为具有非常明确的目的性。它们伸出伪足，吞噬食物，其中好像并没有什么数学规律可言。可是突然间，细胞一下子凝滞不动了。它蜷缩成团，随后便开始了分裂。分裂后的两个子细胞则又回复到自由运动的状态。可以想像，细胞的分裂过程一定十分微妙，组织得极其严密。因此在细胞自由运动时，分裂是不大可能发生的。如果这种观点正确的话，那么我们就更有理由认为，细胞在分裂过程中利用了普通的物理学方法。而自主性很强的细胞行为可以轻易地阻止细胞分裂。

细胞分裂的宏观分析可以很好地解释我们实际观察到的许多现象，而从微观角度去考察细胞分裂时内部发生的细微变化反倒作用不大。令人惊奇的是，有时还会出现异常的情况（也许有百分之一的可能吧）：细胞迷失了方向，不是一分为二，而是一分为三。每一步都在遗传学指挥下的分裂过程，竟然会犯

这样的错误，实在让人难以接受。然而经过数学的分析，我们就会明白，与双细胞状态相比，三细胞状态只需稍加一些能量就能实现。物理学偏好的是能量最小化状态，但这种接近于（但不等于）能量最小化的状态也并不罕见。细胞一分为三的情况也许就属于后一种吧。

在胚胎发育过程中，细胞不只分裂一次，而是有许多次。这种分裂具有特殊模式。对于最终将发育成完整生命体的原始物质来说，这些模式是至关重要的。从表面上看，激发细胞分裂的是基因，但分裂一旦启动，细胞内各部分的走向就都由物理学来决定。细胞的分裂模式（亦即裂开的方式）所呈现的几何图形是多种多样的。无论出现哪种图形，都会带有明显的数学特征，如近似对称性等等。在此，我们着重举一个具有代表性的例子，就是细胞径向全裂模式（图36）。为了叙述的方便，我们任选一个方向，称为“垂直面”，与它垂直的平面就称“水平面”。于是，细胞在这两个方向上交替地发生分裂：首先处于垂直面上的一个细胞一分为二；然后，这两个细胞在另一垂直面方向（两个垂直面之间也是相互垂直的）上分裂为4个

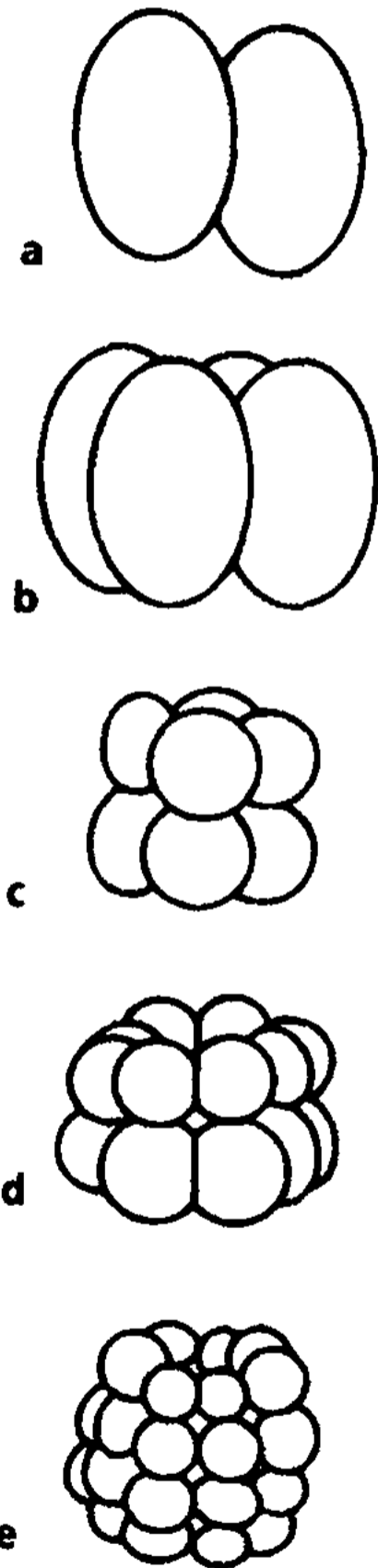


图36 径向全裂的模式

细胞；接着，在水平面方向上分裂成8个；随后，继续在垂直面上分裂成16个，如此等等。在这一有规律的重复加倍过程中，要是你还是说自己看不到数学的身影，那就怪了。对于这一过程，我们很自然地会将细胞想像成一个球体，构成这一球体的材料是一种比较均匀或者不太均匀的黏性物质。于是，我们就有意忽略了细胞骨架和那些奇妙的细胞器，将它们与细胞分裂几何形状的联系断开。现在我们可以试问：这种球体的分裂遵循的是哪些数学规则？这种宏观的研究方法有助于我们发现细胞分裂所可能生成的几何形状。中心体的作用或许只是确保分裂的发生，但不能决定出现怎样的几何形状，因为后一种功能对中心体来说并不必要。

布雷恩·古德温\*在20世纪80年代通过研究一种“场函数”，解决了这一课题。场函数是一个在细胞表面不同点可以取不同值的变量。为把这一模型描述得更生动一些，我们可以用不同颜色编码不同的值。如果是负值，就在球上涂红色；如果是正值，就涂蓝色。红色和蓝色的深浅代表着数值的大小，然而真正重要的是正负值间的边界。场函数决定了各点色彩的变化，因此，整个球面点缀着深浅不一的红色和蓝色。两种颜色被边界上的曲线分隔开来，而这些曲线就是该模型最重要的特征。我们假定这种边界线就是细胞分裂时的最小阻力线。现在，我们为场函数构造一个模型，一个能帮助我们掌握边界线几何形状的模型。这样，我们就有可能预测细胞分裂的模式。

---

\* 古德温 (Brian Goodwin)，英国生物学家，现任英国欧本大学 (The Open University) 生物学教授。其主要研究课题包括生物的起源问题和生物的形态学改变，主要著作：《猎豹如何改变斑点》 (How the Leopard Changed its Spots) ——译者注



古德温所采用的模型,与工程师们为研究压力下的球面屈折现象而构造的模型类似。他从球面的几何形状中推导出一个著名的数学函数,即“球面调和函数”。图37所示,是细胞分裂在理论上应该得到的结果,它与胚胎实际发生的情况严格相符。

我们知道,数学规律决定了中心体的形态,决定了微管伸缩的动力学机制。现在我们又看到,细胞的外形也要受数学规律的制约,当然这些数学规律还只适用于模型。在此,我们是把细胞当作一个整体看待的,而没有对细胞的每一部分加以分别讨论。早期胚胎的整体形态在很大程度上受到了数学规律的制约,但具体细节则可能还是由遗传因素决定的。要想真正认识胚胎,我们就必须学会区分这两个不同层面上的因果关系。

遗传学的作用并不是决定生命的一切,而是要灵活地协调一连串的物理学和化学过程,使其正常进行,从而制造出生命体。基因不是一张为每个细胞部件指明位置的建筑蓝图,它更

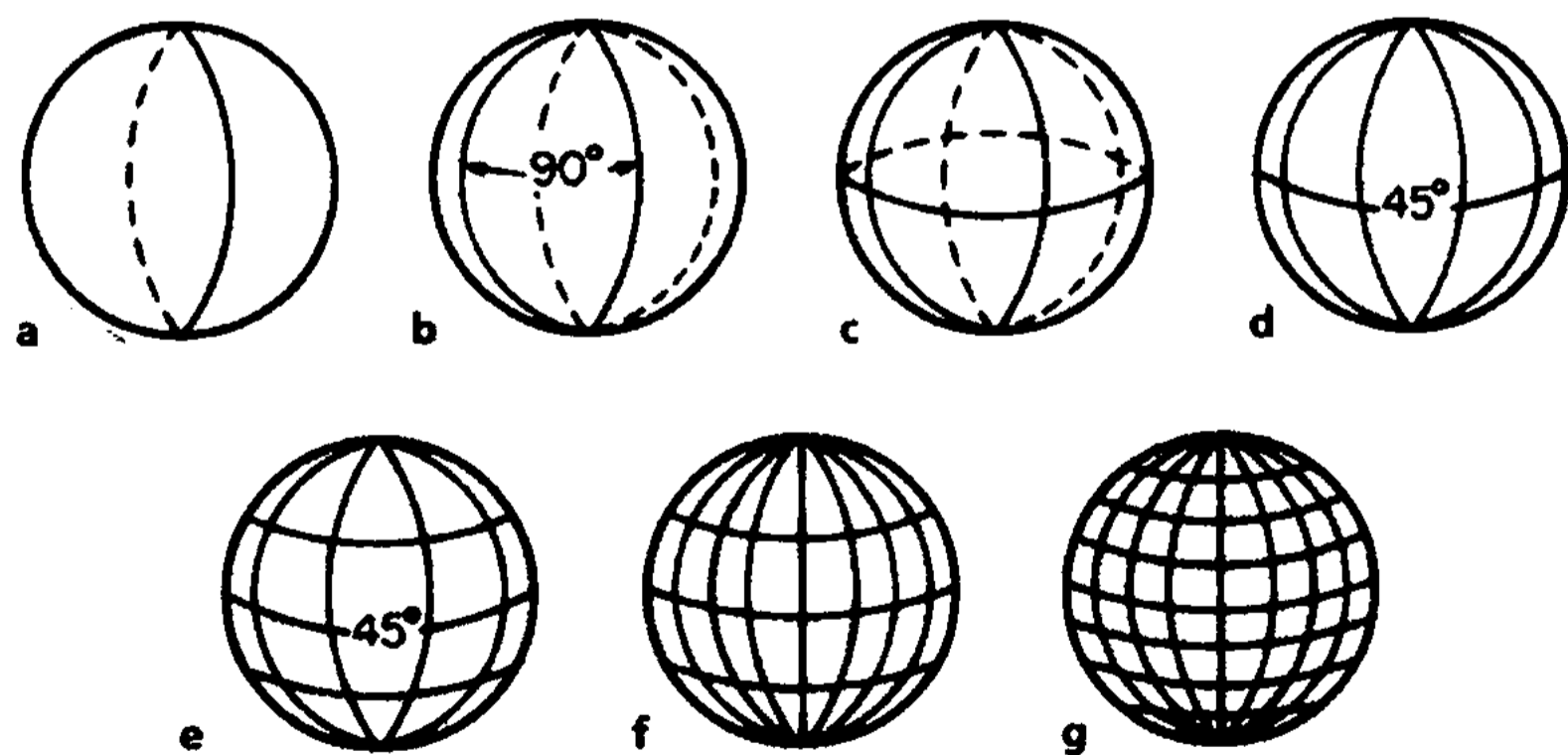


图 37 根据球面调和函数推导的径向全裂的数学模型

像一张配方。细胞按这张基因配方执行；物理学和化学定律则可导致某些特定的结果。将两方面因素综合起来，就产生了生命体。当所有成分各就各位时，这一过程便能顺利进行。若有任何成分不到位，就会出问题。每当自然界推出一种完美的生命体时，也会把一打有缺陷的生命形式扔进垃圾堆。配方上可能是这样写的：“在左起第三个碗橱的顶层找一找，取出你所看到的東西，将其放入右后方的烤箱里。”但不大可能说：“加两匙糖浆。”配方的可靠性在某种程度上取决于各种物品放置得是否正确。

在胚胎发育过程中，数学在细胞身上乃至小细胞集群身上都有用武之地，对于这一点，我们可能会表示认同。但我们能从数学模型中获得多细胞生命体的全部信息吗？遗传学影响着生命体的产生并对其行为加以控制，因而相当复杂，那么，数学模型又怎能对这么复杂的遗传学作通盘考虑呢？这种数学模型难道不会被遗传学中多变的DNA程序所吞没吗？

这些问题的答案，取决于你想在哪一层面上为生命体构造数学模型。如果你坚持用数学模型涵盖一切细枝末节，那么，复杂的基因就肯定会成为一只拦路虎，使你无法找到一种简单的模型。我在前面已经说过，天文学家不会去为火星地表上的每座小火山都建造一个数学模型。物理学家们也认为，研究某个系统，必先简化该系统。生物学研究同样也要采用这种态度。换句话说，虽然基因对于决定生命体的形态和行为十分重要，但这并不意味着生物行为的有效模型就必须包含基因的内容。必须抓住真正重要东西。不理解这一点，你就很可能会将生命体的方方面面都归因于基因所携带的信息。有谁会认为，大象

摔倒是因为基因告诉它要这么做？谁也不会傻到这种地步。然而，在不太明显的情况下，有人就很容易犯类似的错误。基因是对物理学定律的一种补充，却不能替代或压倒物理学定律。因此，当你看到一种生物的某种有趣行为时，你就应当学会区分，这种行为有多少成分以及哪些成分源于遗传因素，又有多少成分是因为它生活在物质世界中，要受宇宙规律的支配。

低等生命体黏菌是一个很好的例子，它可以用来说明这一观点。黏菌是土壤中一种盘状变形虫的群居形态。这种黏菌颇具代表性，其行为很容易被归结为单纯的遗传学结果。但如果仔细地观察一下，我们就会发现，这种行为的基础其实来自于相对简单的数学。黏菌在生命周期开始时（其实周期是没有真正意义上的起始点的，我们只是根据需要在某点断开作为起始点）是一个孢子，确切地说，是许多孢子。孢子发芽变成了变形虫，然后发育和生长。变形虫吃掉身边所有的食物以后，就会聚集起来抱作一团。一开始，它们的运动具有圆形波纹或螺旋型波纹的特征。随后不久，出现了一种树形结构，称为“流线形态”。许多变形虫开始涌向旋转的中心。整个团块就像一条能够自由行动的鼻涕虫单体，朝着干燥、通风且舒适的地方移动，并在那里扎根。其中约有一半的变形虫形成了一根细长的茎杆，其余则在茎杆上生成子实体。子实体向周围喷发出一团孢子，这些孢子随风飘荡，又开始了新的生命周期（图38）。

彼此独立的变形虫联合起来形成一条鼻涕虫，这种特殊的聚合行为，给我留下了深刻的印象。图39是一系列观察结果的典型图示。从图（a）到图（c）中，我们看到的一个个螺旋模式，与BZ反应中出现的模式非常相像。在（d）中，各个螺

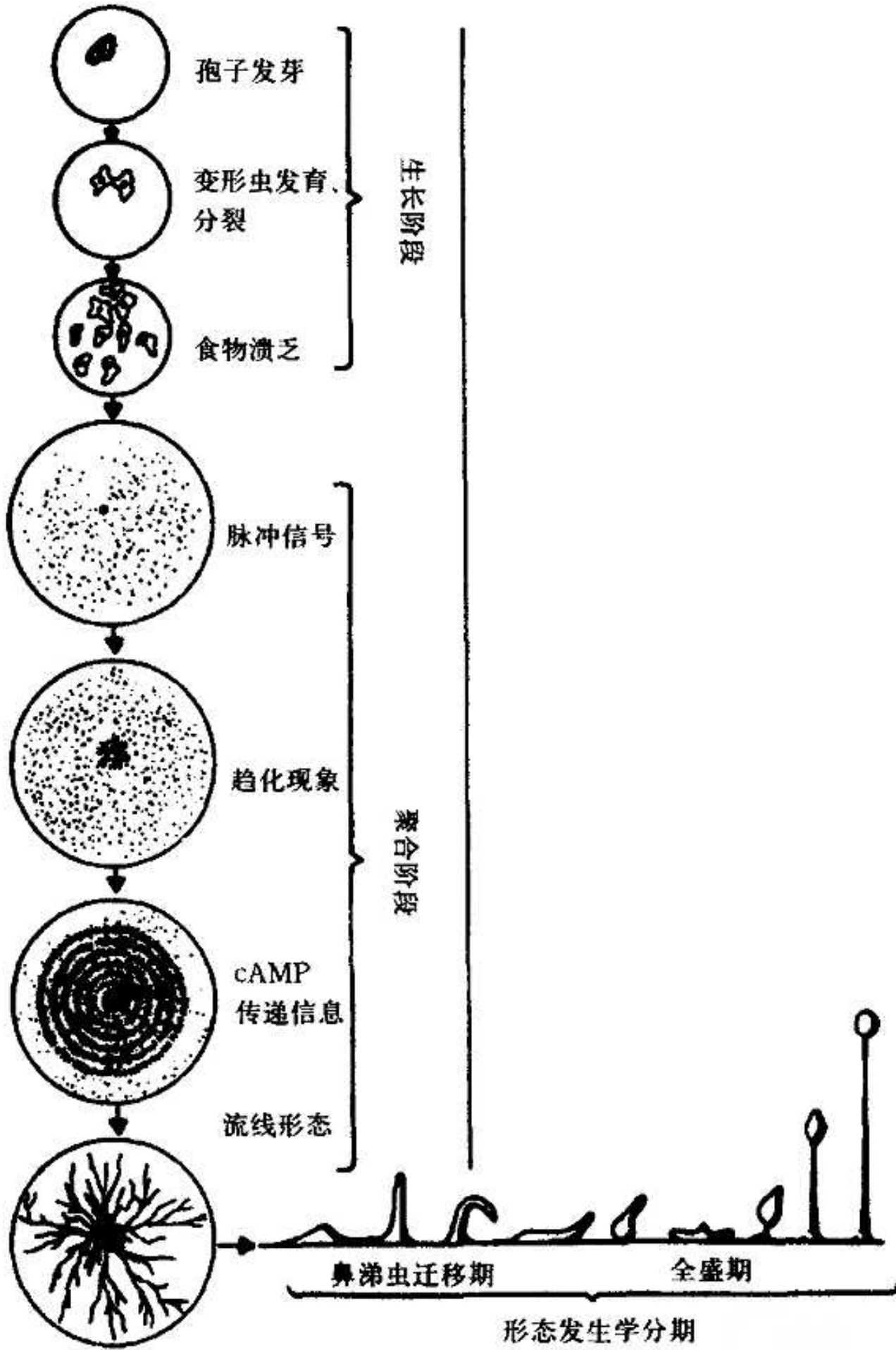


图 38 粘菌的生命周期

旋中心就是变形虫的聚居地。在 (e) 和 (f) 中，伴随着流线形态的出现，变形虫继续向中心聚集，于是，聚居地之间的界限就愈来愈明显。

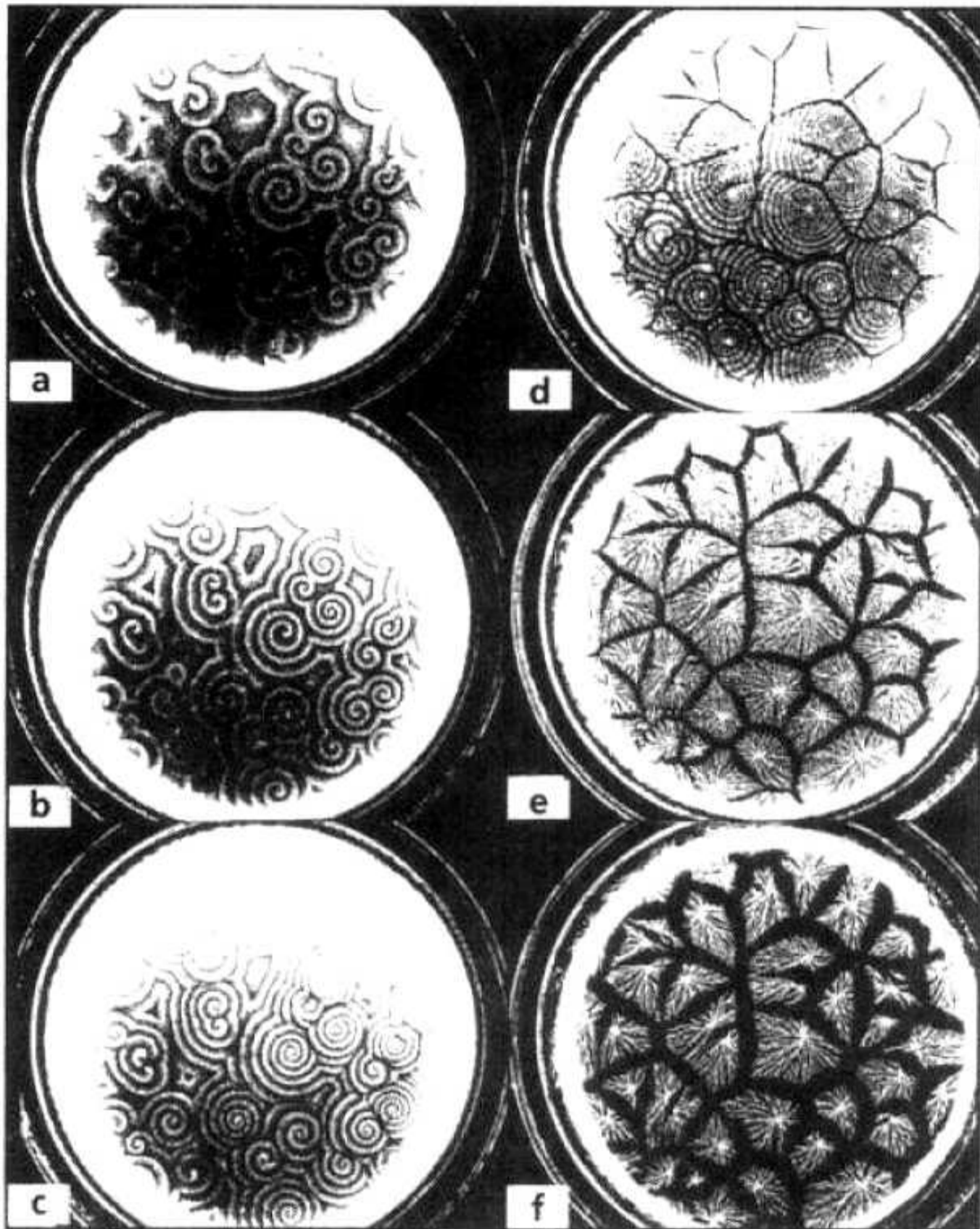


图 39 黏菌聚集的模式

变形虫的这种行为了受到了许多生物数学家的关注。在此，我要着重谈一谈托马斯·霍弗（Thomas Höfer）和马滕·伯里斯特\*在20世纪90年代中期所做的工作。他们仔细观察了

---

\* 伯里斯特（Maarten Boerlijst），荷兰生物学家，现任阿姆斯特丹大学群体生物学教授。其主要研究课题是生物自组织行为，并认为这才是生物进化的基础  
译者注



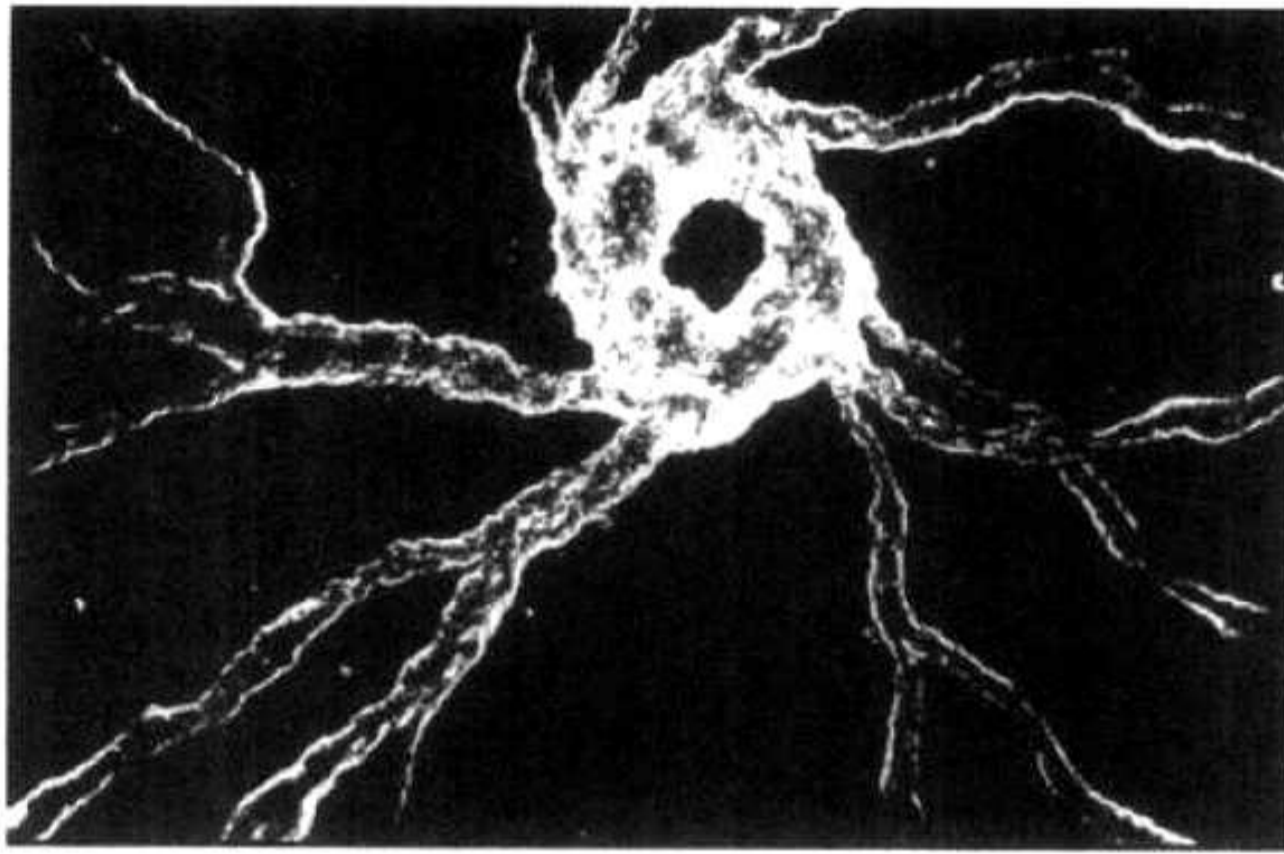
聚合阶段的早期表现——螺旋和流线，发现这些惊人的模式乃是变形虫之间相互传递的某种化学信号所导致的结果。变形虫能够产生一种名为cAMP\*（环-磷酸腺苷）的化合物，并能通过体表的某种受体感受cAMP，然后作出反应，朝着自己认为是cAMP源头的地方运动。更准确地说，是变形虫聚合体发出了一种cAMP波，当这种波经过变形虫身边时，它们就会逆着波传递的方向运动。我们可以用数学模型有效地再现这种聚合方式。霍弗建立的数学模型只包含三个变量：变形虫的密度，周围环境中cAMP的浓度，以及每个细胞的活性cAMP的比例。通过求解这些数学方程，我们就能成功地再现螺旋形和流线形模式（彩图3）。方程的另外一些解还可以导致靶形模式（即一组同心圆），而不是螺旋形模式（彩图4）。在真实的生命体中，我们同样能观测到类似的几何模式。

方程的偏差有时会导致在流线形模式上出现一个圆形的核，这有点像道口的环形立交（图40a）。不过这不算什么，因为变形虫本身也可能出错，从而导致与此完全相同的结果（图40b）。它给我们留下的印象太深刻了，数学方程竟能作出这样的预测，这种现象乍一看来肯定是不可能的，但在现实世界居然还真的存在。

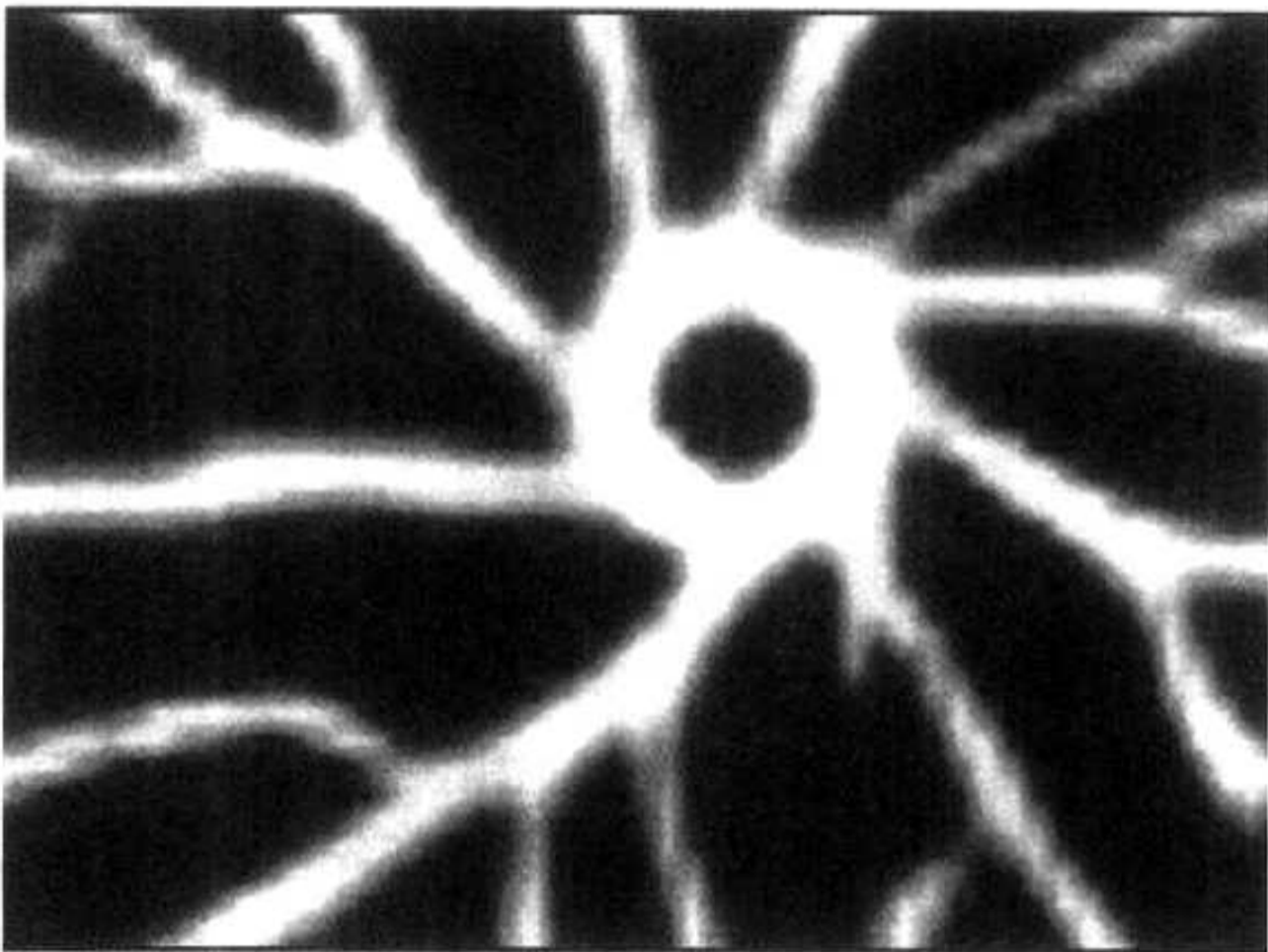
我们的主要结论是：生命体的许多特性实际上属于物理学而不是生物学的范畴。生命聚合体可能出人意料地显现出复杂的生物学行为，但这些行为可以用相对简单的数学规则加以解释。这倒不是说，生物学可以完全归结为数学，我只想说明

---

\* cAMP 又称环-磷酸腺苷，是代谢的调节剂之一，由于激素被认为是“第一信使”，因此cAMP 又被称为“第二信使”——译者注



a



b

图 40 黏菌聚合过程中形成的环形模式: (a)模拟结果, (b)实验结果

明, 在研究生物学问题时, 被基因利用的物理学规律所起的作用, 往往比我们想像的要大。借助于物理学过程, 基因不光能建造生物分子, 而且还能用简单有效的方法构造整个生命体并

控制其行为。我相信，如果我们忽略了物理学对生命体的限制作用，那就不可能真正理解遗传学在生物发育过程中所扮演的角色。物理学的影响与其说是限制，倒不如说是解放。尽可能把更多的细节问题留给物理学去研究，碰到困难时再动用遗传学工具，这才是生物学发展的必由之路。

研究一般规律，而不要拘泥于一个个具体的实例，这也是我们可以从中得到的更深层数学启示。数学提供的图案具有普遍意义，可以运用于许多不同的物理系统。例如，霍弗模型中的螺旋形模式和靶形模式与BZ反应中看到的模式就极为相像。其中一个原因是，霍弗模型用到的cAMP方程与BZ反应中的常用方程十分相似。当然，其中还有更深层的原因。戈卢比茨基、埃德加·诺布劳克(Edgar Knoblock)和我曾经表明，螺旋形模式之所以会出现在许多不同的系统中，都是因为一种普遍的数学机理，即对称性。这种机理能够产生一类标准模式，其中包括靶形和螺旋形。生成螺旋形模式的系统必须具备以下几个重要特征：一是系统应在平面上运作，二是平面上各点应由完全相同的方程表达，三是平面上的任一方向不应在方程表达上具有特殊性。此外，早期应演化出一些特殊的中心，以便打破螺旋的对称性，防止其演变为圆。这样一来，那些标准模式想不出现都难，其中特别引人注目的就是靶形模式和螺旋形模式。这些模式可以用一种经典的“贝塞尔\*函数”(Bessel

---

\* 贝塞尔(Friedrich Wilhelm Bessel, 1784 - 1846)，德国天文学家、数学家。他的《天文学基础》一书，极大地推动了实验天文学的发展。此外，他还编制基本星表，测定恒星视差，预言伴星的存在，并导出了用于天文计算的贝塞尔公式。他在数学研究中提出了贝塞尔函数，讨论了该函数的一系列性质及求值方法，为解决物理学和天文学的有关问题提供了重要工具——译者注

Function) 加以具体描述。虽然其中还存在着一些令人费解的细节问题,但这些细节问题有的已为人们所遗忘,有的甚至还没有被经典数学家们发现。

古德温为细胞分裂过程建立的球体模型也属于一种普遍规律,这更加说明了数学规律的普遍适用性。在那个例子中出现的模式,是具有球体对称性的系统所特有的,只不过适用的函数变成了球面调和函数。从抽象的数学观点来看,这种球面调和函数与描述螺旋形模式的贝塞尔函数是近亲。在球面几何学中,我们希望球面调和函数发挥出实质性作用;而在圆环几何学中,我们又希望贝塞尔函数起到这样的作用。事实的确如此。

我们最初是从观察细胞内部开始的,透过灵活多变和错综复杂的现象,我们看到了数学的身影。随后我们又观察了细胞分裂的过程,再一次看到了数学的模式。甚至整个生物集落的特性也是建立在一般数学原理之上的,虽然作为基础的不是几个特殊的方程,而是这些方程的共性。

一切听命于DNA 密码,别的都无关紧要,这并不是我们如今看到的世界。DNA是等待人类揭示的第一重生命奥秘,现在我们必须分出部分精力探索一下生命的第二重奥秘——被DNA 利用,且关系到生命发育和形态的普遍数学原理。





## 第五章

---

# 虚拟生命

一般认为，海鸬的卵呈尖锥形乃是适应产卵环境、利于物种繁衍的结果。据说，这种鸟喜欢在狭窄的岩脊边产卵，且每次只产一枚。与球形鸟卵相比，尖锥形的鸟卵不易从崖边滑落下去，而且蛋形愈尖，生存的机会就愈大。

汤普森：《生长与形态》，第十五章

克里斯塔·萨默尔\* 和劳伦特·米尼奥诺 (Laurent Mignonneau) 为博物馆设计了一些展品。这些展品与世界上多数博物馆的珍藏有所不同,它不是放在玻璃框里的干燥而沾满尘土的石块和骨头,而是一种活物,或者说,几乎可以算活物。这些展品实际上是对某些奇特的生命形态所进行的计算机模拟。这些生命介于科学与艺术之间,虽说只是虚幻的幻像,但参观者却可以置身其中。

展品之一是一个空旷的房间,内有一台摄像机和一块巨大的显示屏。摄像机可以把影像投射到屏幕上,在没有人时,屏幕是空白的。当有人在房间里走动时,神秘的植物就在你的影子边上发芽了。你挥舞一下双手,鲜花开放了;你走动起来,树苗冒出了新芽。空荡荡的屋里只有你一个人,但在屏幕上,你却置身于花团锦簇、葱郁茂密的灌木丛中。短短的几分钟内,你可以像神仙一般,在属于自己的伊甸园里纵情游乐。

他们设计的另外一个展品是水深只有几厘米的水池,池边有一块计算机触摸屏。一个孩子用手指在屏幕上画出了一条歪

---

\* 萨默尔 (Christa Sommerer), 奥地利植物学家、艺术家。1992年,她与另一位法国艺术家米尼奥诺合作研发了一套计算机交互装置,用以表现虚拟生命、虚拟现实以及多媒体艺术——译者注

歪斜斜的波状线，曲线一端还有一团黑点。顿时，池子里出现了一种生物，也是一条歪歪斜斜的波状线，一端有一团黑乎乎的东西。

条状生物开始蠕动起来，它试图在池中四处游动。体态愈是符合水中的动力学，它在水中游动得就愈有效。

另一个小孩也画了一条曲线。于是，池中有了两个生物，生存竞争就此开始。萨默尔和米尼奥诺将这种由计算机生成的光学投影动物称为“沃尔夫”(Volve)，整个展品被命名为“A-沃尔夫”(彩图5)。

字母A代表虚拟(Artificial)。这里所说的“生命”与弗兰肯斯坦(Frankenstein)所指的意思不同，它们并不是一群妖魔鬼怪，而是“类似于生命体的结构”。参观者可以设计自己的沃尔夫，并让它在电子生态系统中自由活动。计算机程序使这些沃尔夫之间发生了相互作用和相互影响。在这个系统里，它们可以接受喂养，也可以自己捕食，甚至还能繁殖。不同的沃尔夫具有各自的遗传特征，所谓的遗传特征也就是贮存在电脑中的一系列信息，它为沃尔夫规定了诸如形状、大小、色彩等性状。沃尔夫可以把它们的基因随机地混合起来，进行所谓的有性繁殖，甚至还会出现随机的遗传变异现象。

头顶上方的摄像机可以拍摄到前来参观的游客。你可以像救世主一样，用双手呵护你的沃尔夫不受捕食者伤害。但不久你就会发现，万能的救世主也有力不从心的时候。受保护的沃尔夫会失去觅食的能力，如果将它保护得太久，它就会活活饿死。

沃尔夫在电脑程序的操控下，甚至还懂得照看自己的孩

子，否则的话，它的后代就会被捕食者吃掉。沃尔夫的其他行为没有明显地受到程序约束，而是根据模拟规则自动产生的。它们的寿命约为一分钟。在儿童能够集中注意力的一小段时间内，就有许多代沃尔夫出生、竞争和死亡。这个水池简直就是一个进化的小宇宙。

A-沃尔夫是一种虚拟结构，但具有严肃的科学背景。还有一些类似的系统，可以模拟生命体的不同特点，特别是模拟生命的进化过程。这类新系统已经创造出一门关于虚拟生命的新学科。对此持批评态度的人认为，其中的规则过于简单和随意，因而很不以为然。然而热衷于这一新学科的人则相信，这些根本就不成问题。他们希望从中得到启发，弄清普遍适用的进化模式以及现实的进化方式。毫无疑问，在目前阶段，他们对地球生命进化的一些技术性细节是不感兴趣的。

然而，是什么力量制约着进化的节拍？一个进化系统中会有哪些行为模式？什么是这类系统能够轻易做到的，什么是让我们大吃一惊的？虚拟生命正在改变我们对这类问题所作的答案，同时也改变了我们考察地球生命进化所采用的方式。

先前，人们将“高级”（也就是更复杂的）生命体的出现看作为进化的关键特征。最高级的生命体是人类，进化的最终目的就是产生我们自身。生物学家们终于艰难地认识到，不应将任何目的或预定的目标强加于进化。在分子学水平上，进化乃是DNA发生随机变化的结果。如果我们认为，是这些变化导致了某些生命体的出现——姑且假设是这样，而事实上，许多变异现象根本就没有带来具有竞争力的生命体——那么，这些生命体还得经受自然选择的考验。也许是因为运气好，因为

设计合理，有些生命体碰巧生存下来了，但这还不够，它们还得将自己的基因世代相传下去。进化没有目的，也没有任何方向可言，走到哪里算哪里。

然而虚拟生命向我们表明，认为进化绝对不具有普遍模式的看法似乎又过于偏激了。进化也许并没有目标或目的，因为目标和目的都是与人有关的。但进化却可以具有十分确定的方向，这种方向在某种程度上是可以预测的，并且进化还具有自身的推动力。你可以为虚拟生命编制程序，将变异设定为随机发生，让选择过程没有内定目标，并且无论哪种方式是最佳的，事先不会有明确的规定——尽管这样，系统最终还是会发生一系列明显的变化，遵循这样或那样的普遍规律，一步步地转化为愈来愈复杂的生命体。汤姆·雷\*的“蒂埃勒”是从最简单的生命开始的，它拥有寄生习惯、社会行为，甚至还具备了性的原始形态。这些特性都没有用程序加以明确规定，但毕竟是存在了。这也是一种进化。

生命系统的有些性状长期以来一直困扰着进化论工作者。现在人们发现，它们其实只是进化系统的远亲所具有的标准属性而已。化石记录中有一种现象尤为引人注目，那就是大灭绝：数量极多的生物物种同时死亡。最为著名的大灭绝发生于6500万年前的恐龙身上。据估计，历史上可能总共发生过20例大规模灭绝事件，其中的三四例可以在化石中找到十分明确的记载。不过，在6500万年以前，在非常短暂的地质年代里

---

\* 雷 (Tom Ray)，美国生物学家，现任俄克拉荷马大学生物学教授。主要研究热带雨林中生物物种的进化与生态学。他所创造的“蒂埃勒”(Tierra)是一种能够进化的计算机虚拟生命——译者注



消失的不光是恐龙，还有无数其他物种。

为什么会出现这种情况？这次特殊的大灭绝很有可能是由于一颗所谓的 K/T 陨星撞击地球而激发的。撞击的地点就在如今的墨西哥尤卡坦半岛沿海一带。而其余几次物种灭绝就没有什么明显的外部原因了。对虚拟生命进行的计算机模拟表明，在不同种类的进化系统中，出于系统内在的动力学原因，偶尔也会发生物种的大规模灭绝，大灭绝也许并不算例外，而是一种正常的现象。更令人惊讶的是，这类模拟系统显示出一种倾向，即能根据纯数学的机理对自身进行调节，从而形成更复杂的形态。如果事实真是这样，那么产生有关进化的两大传统谜团的原因就在于，我们对于“进化最初应当如何开始”这一问题产生了误解。

我们以为自己弄清了进化的本质，我们以为进化的基本过程是比较简单的。然而只要你对进化观察得愈深入，问题就会变得愈微妙。因此重新检验几个普遍观点还是值得的。然后，我们再回过头来研究一下虚拟生命，研究从它们身上找到的令人激动、惊奇和富有争议的发现。

化石资料表明，生命起源于简单的有机体，后来才逐渐复杂起来。这一过程是断续进行的，有时，短时间内便有大量物种涌现，而有时，进化又处于相对静止的状态。对于物种激增和静止交替出现的现象，曾经有过激烈的争论。有些科学家坚持认为，对于生命这样的复杂系统来说，这是理所当然的事，不必大惊小怪。但另一些科学家则将此归因为陨星撞击和其他天灾。更有少数人对化石资料提出了质疑，干脆否认物种曾有过激增和静止的现象。大家各执其词。所有的生物学家只在一

个全局性的重要问题上均无异议：生物为什么会发生变化并将这类变化遗传给后代？最早说明其中奥秘的是达尔文，不过华莱士也曾独立地得到过相同的结论。达尔文将该过程称为“自然选择”。那时，进化现象已经得到承认，但人们对其机理尚不清楚，是达尔文完成了这个任务。如今，我们使用的进化这一术语，既可指有关现象，也可指达尔文的有关学说。

进化论不仅告诉我们，在很长一段时期内，物种处于变化之中，生物诞生以后并不是一成不变的，相反，它们可以发生变异，而且进化论也向我们述说了其中的道理。达尔文对生物界进行了数十年的研究才得到自己的结论。在他的研究中，最著名的例子之一就是加拉帕戈斯群岛\*上的“达尔文燕雀”。该岛位于厄瓜多尔海岸以西1500公里处的赤道上。

时间是57万年以前。加拉帕戈斯群岛孤零零地位于大洋之中，附近没有大块的陆地。海鸟是岛上唯一的鸟类，且多数都是来去匆匆的过客。岛上有包括仙人掌在内的各种植物，还有小山和沼泽，到处都有爬行动物（其中有蜥蜴、海龟等），但没有哺乳动物。这里完全可以成为陆栖鸟类的天堂，但却不见它们的踪影。

后来，完全出于偶然的原因，几只浑身湿透且疲倦不堪的燕雀也许是被暴风雨刮到了这个地方。这些燕雀全属同种，是在另外的某个环境中逐步进化而来的。它们有可能是陆栖燕

---

\* 加拉帕戈斯群岛 (Galápagos Islands) 是一群小火山岛，座落于太平洋赤道线上，厄瓜多尔西海岸外966公里处，距南美洲600英里，距波利尼西亚300英里。加拉帕戈斯群岛包括13个大岛和6个小岛，并由于达尔文进化理论而闻名于世——译者注

雀，大部分时间都生活在地面上，以谷类为食——在这个例子中，我们不妨先这样假设。

当这些燕雀发现自己来到了一个陆地鸟类的天堂时，它们会干些什么呢？它们开始繁衍后代。这儿有充足的食物，竞争者却很少，而且也没有对它们虎视眈眈的捕食者。在这种环境下，燕雀的数量必然激增。不久以后，岛上的燕雀已经非常多，以至粮食开始短缺。虽然也有其他食物来源，比如昆虫、仙人掌、草莓等等，但这些燕雀却是只食五谷的鸟类。

当然，所有燕雀并不完全相同。它们都有陆生燕雀的基因，但部分燕雀还带有其他种类燕雀的基因。粮食吃光以后，那些具有与主流鸟群不同基因的燕雀在绝望之余发现，自己也可以不吃谷类而改吃一些细小的草莓。有的燕雀则通过进化获得了啄食仙人掌的能力。进化使燕雀的能力变得越来越多样化，其形态也朝着更为专门化的方向发展。吃昆虫的燕雀渐渐长出细长的喙，这能帮助它们在空中啄食昆虫。以草莓为食的燕雀长出了粗短的喙。大约10万年（或更短）以后，加拉戈帕斯群岛上不但有了地雀，而且还有了树雀，甚至还有一种类似于刺嘴莺的鸟类。但这仅仅开了个头。到目前为止，最早的那种燕雀已经分化成14个不同的种，每个种都有自己独特的生活方式（图41）。直到今天，达尔文燕雀仍在进化。随着环境的变化，它们的基因组成和形态也在潜移默化地改变着。

达尔文觉得，发生在加拉戈帕斯群岛上的情况一定与上述猜测是一致的。因为14种不同的燕雀同时被风暴刮到岛上的可能性实在太小了。一个物种可能分化为多个物种，这一想法与达尔文得到的许多其他观察结果是符合的。因此，加拉戈帕

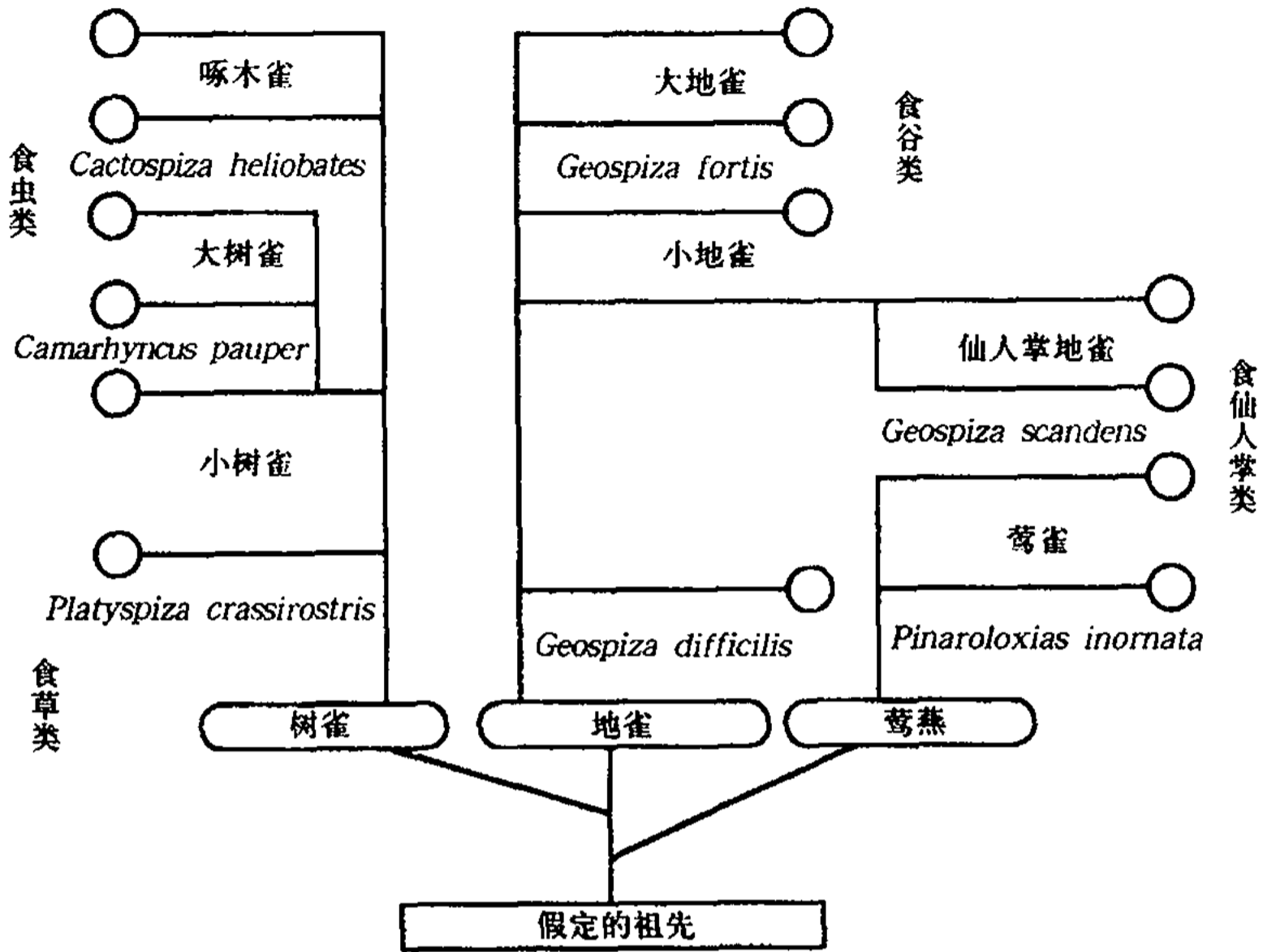


图 41 拉克 (D.lack) 推测的谱系图显示了达尔文燕雀由 1 种演化成 14 种的过程

斯群岛上的燕雀成了达尔文思考问题的关键。经过努力，他终于找到了进化论的基本原理，虽然，他一点也不知道，进化的基础乃是 DNA 出现的随机差错。事实上，DNA 变异现象是很久以后才发现的。达尔文还认识到，进化涉及两种截然不同的因素。首先，必须存在某种遗传性，父代应当有能力将某种变化传递给子代。其次，遗传的机制必然存在着某些细小的纰漏，有时会出现偏差。除了这两个特征以外，还有一个基本规律，即在有限的地球上，所有资源都是有限的。因此生命体必须为取得资源而竞争，失败的惩罚就是无法将性状遗传给后代（性状是遗传学家们使用的一个术语，指任何可以确定的特征，

如形态、模式、行为等。在日常语汇里，特征一词也有与之相同的含义)。要么在竞争中站稳脚根，要么在竞争中走向灭亡，二者必居其一。你不一定要成为常胜将军，也不一定要做生存者中最优秀的，但你必须具备足够的力量不被淘汰。这一过程就是达尔文所说的“自然选择”，人们往往将其简单地称为“选择”。达尔文的伟大发现就是，不完美的遗传加上自然选择，等于生命进化。只有不断进化，生命体才有可能在生存竞争中立于不败之地。要做到这一点，生命体通常变得更加复杂。不过，这只是附属的结果，算不上进化论的明显特征。有时，生物进化后反而变得更为简单。再说，所有竞争对手都在变化，但竞争者没有必要依靠结构的复杂来获得生存斗争的胜利。

现代生物学已经填补了达尔文理论的一大空白，那就是找到了遗传学的物质基础（事实上是化学基础）。生命体是通过自身DNA进行性状遗传的，当DNA的复制过程出现偏差时，错误随即发生。这一发现是最近作出的，然而有一种建立在明确的数学基础上的遗传理论却已存在了相当长的时间。这一理论名为“孟德尔学说”，它的创建者是修道士格雷戈尔·孟德尔\*。孟德尔曾是维也纳大学数学系学生。颇具讽刺意味的是，他在植物学这门副科的考试中考了个不及格，因此未能获得毕业文凭。为了继续学业，孟德尔做了一名修道士。凭借

---

\* 孟德尔 (Gregor Johann Mendel, 1822 - 1884)，奥地利遗传学家，遗传学的奠基人。1866年，他在“植物杂交试验”一文中提出了遗传因子（现称基因）、显性性状、隐性性状等重要概念，并阐明其遗传规律，后人称之为“孟德尔定律”，其中包括“分离定律”和“独立分配定律”——译者注



自己出色的表现，他被提升为修道院院长。那时，孟德尔由于成天忙于管理事务，不得不放弃了自己的科学研究。不过在此期间，他有了一个世纪中最重要的发现。孟德尔收集了许多豌豆属植物，让它们杂交，进行异花授粉的试验。他发现，植物的遗传性显示的是简单数学规律。举例来说，用黄色种子的豌豆与绿色种子的豌豆杂交，经过数代以后，得到的黄色种子数是绿色种子数的3倍。他根据这种结果断定，决定植物性状的因素一定可以同时从两种父代植物那里遗传过来。如今，这些因素被称为等位基因；它与我们平时常说的基因有联系，但不完全相同。等位基因是一个基因的各种不同的形式。例如，决定种子颜色的基因至少有两个等位基因，即黄色基因和绿色基因。

不同颜色的种子数目之比为整数比，这一点对于生命的遗传机理来说，是至关重要的线索。现在，我们就来解释一下豌豆实验中的3:1这个比值。孟德尔的思路是，每个父代各有两个等位基因，子代从每一个父代那里各随机继承一个。如将种子颜色的等位基因称为Y和G，那么可能发生的配对是YY、YG、GY和GG。假定一株豌豆的等位基因是YY或GG，那么它的种子应取何种颜色是非常清楚的。但如果这株豌豆的等位基因是YG或GY，那又将如何呢？孟德尔的回答是，在这种情况下，有一种特殊的等位基因永远是胜利者，这样的等位基因称为显性基因，而另一种则称为隐性基因。在豌豆中，Y是显性基因，G是隐性基因。因此YY，YG和GY的组合都将产生具有黄色种子的子代，只有GG这一组合才能产生绿色的种子。请注意其中的数字：3对黄色，1对绿色，我们得到了

3:1 这样一个神奇的比值。

统计学家罗纳德·艾尔默·费希尔\*在20世纪初创造了大量数学工具用于此类计算。其优点是方法简便，依靠纸笔就能进行运算。主要缺点是，将大量不同的个体不分清红皂白全部纳入一个共同的基因库，然后只关心等位基因出现的频度，而不去研究个体拥有什么样的等位基因以及采用怎样的等位基因组合。遗传学家看待进化的方式与达尔文完全不同。他们强调的不是生命体及其性状，而是把注意力完全集中在基因和等位基因上。他们认为，生命体只是基因的副产品，基因才是真正重要的。这种观点可以追溯到20世纪30年代，称为“新达尔文主义”\*\*。时至今日，这一学说更是被推到了登峰造极的地位，以至所有重要的生命行为都被归因于DNA分子。

现在，对于进化在DNA方面的研究已经与数学紧密地结合起来。甚至在DNA碱基的随机变异中，也存在着某种规律和模式，我们可以借此追踪进化的历史。应当承认，这类模式多数还只是统计的结果，整个研究领域仍颇有争议，大家都在寻求更好的解释。数学模型是否恰当，往往取决于所作的假设是否妥当。鉴于这一点，有些人认为早年所做的工作似乎过于天真了。但我却并不以为然：每种新思想都会有

---

\* 费希尔 (Ronald Aylmer Fisher, 1890 - 1962), 英国统计学家、遗传学家、现代数理统计学主要奠基人之一。他对数理统计学有众多贡献，内容涉及估计理论、假设检验、实验设计和方差分析等重要领域。此外，他还是一位举世闻名的遗传学家、优生学家——译者注

\*\* 新达尔文主义由德国动物学家魏斯曼提出。1883年他以实践证明了“获得性遗传”的错误，强调自然选择是推动生物进化的动力，他的看法被后人称为“新达尔文主义”——译者注

起点，任何开创性的工作在以后回顾起来总是天真的。不管是否天真，它毕竟是一种新颖迷人的研究方式，它从根本上动摇了我们对进化所持的态度，其中也包括我们对自身进化的看法。

这种研究方法的中心思想是要利用精确的数学手段追踪进化的历史，用行话来说就是“种系发展史”。种系发展史这一学科，在与数学攀亲之前，是根据专家们的观点建立起来的，其中不少内容来自于专家们的直观感受。比方说，有一种特殊的甲壳虫，从进化的角度看，它与另一种甲壳虫很相近，但与蜈蚣或黄蜂则相去甚远。采用这样的方法存在着一个问题，那就是专家们可能会持有不同的意见，但又没有一个标准可以合理地解决他们的分歧。数学方法带来的希望是可以做到更加客观，因为数学的突出优点之一就是精确性。遗憾的是，这也可以成为数学的一大缺点，因为精确并不等于准确。举例而言，尺量法可以告诉我们一个人的腰围，并可精确到1毫米(1/25英寸)以内。但是，测量的准确性取决于测量时皮尺收紧的程度。同样，数学答案的准确性首先取决于假设的准确性，因为这一答案的作出是建立在该假设基础上的，但人们往往过分地沉醉于答案的精确性，以至于忘记了对假设提出质疑。

追踪生命体的谱系，有两种基本方法。一种方法是考察其共性从而推测出物种相互间的关系。例如，所有鸟类一定是互相联系的，因为它们都有翅膀和羽毛；蝙蝠也有翅膀，但没有羽毛，所以蝙蝠离鸟类比较远。另一种方法是问一问：现有的两种生命体，在进化史上离开同一个祖先有多远？第一种方法

一般称为“数值分类法”，其开创者是斯尼思\*和索卡尔。具体的做法是，开列一份有关性状的清单，如骨骼形状、血管类型、染色体连接方式等等。然后为这些性状指定权重值。例如，假定我们要把河马、苍蝇和蚂蚁作一区分，就可以画一张这样的数值表：

性状	河马	苍蝇	蚂蚁
身长 (cm)	375	2	1
翅膀数	0	2	0(少数除外)
足数	4	6	6
是否生活在水中	1(是)	0(否)	0(否)
其他	.....	.....	.....

接下去我们要做的就是从这张表格中概括出某个定量指标，用来说明不同物种间的总体差异。有一种做法就是，将描述某种动物性状的一系列数值的排列视为多维空间中的一个点，然后看一看这些点聚散的情况。为了简单表述这一思路，我们把注意力集中在表中前两项性状指标上：身长和翅膀数。我们可以在一个二轴直角坐标系（即“形态空间”）中将这些性状以图形方式表达出来。接着，我们便能在这个二维平面找到三种动物的位置（图 42）。从图中我们可以清楚地看到，蚂蚁和苍蝇相互之间很靠近，但离河马都很远。目前，人们已经找到许多数学方法，可以用来分析多变量空间中的这种聚散信息，并尽可能地从中得出比较客观的结果。

\* 斯尼思 (P.H.A. Sneath)，英国细菌学家。他与美国科学家索卡尔 (R.R.Sokal) 于1963年联合出版了经典著作《数值分类学原理》(Principles of Numerical Taxonomy)。他们在此书中介绍了有关数值分类法的方法和原理——译者注

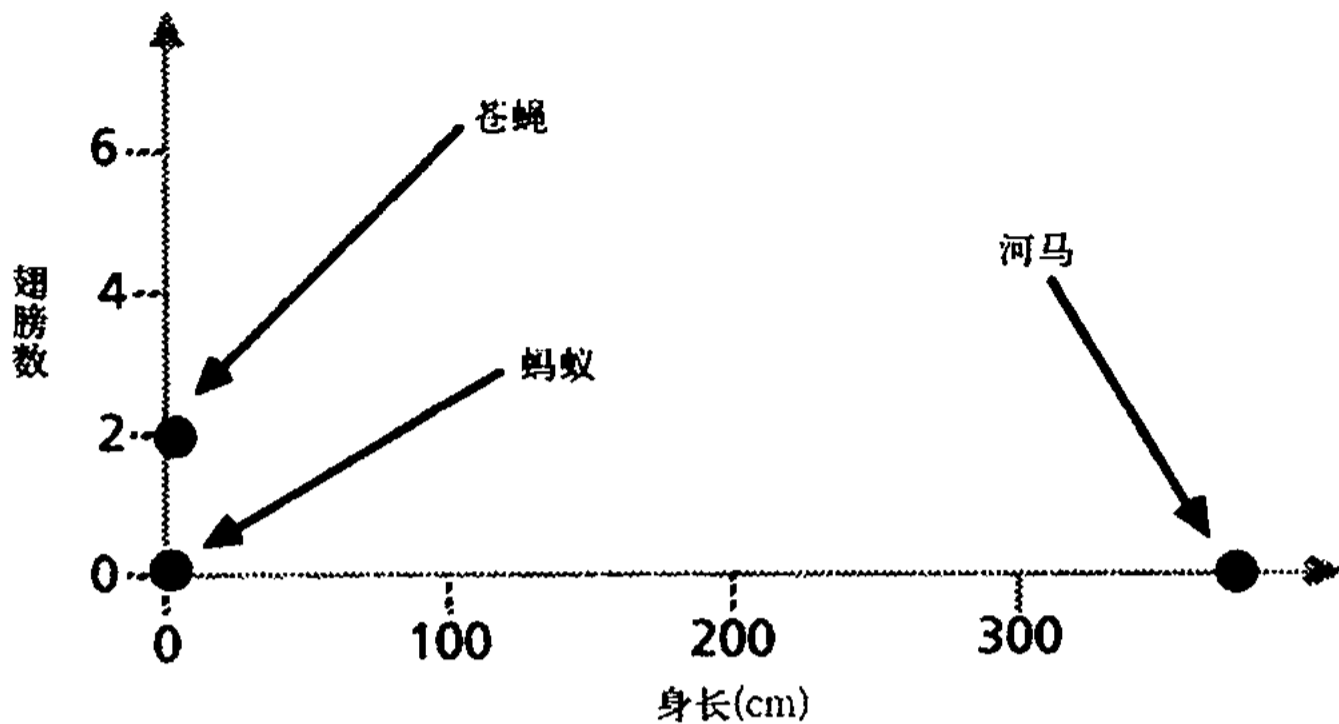


图 42 由两个分类变量（身长和翅膀数）确定的形态空间

然而这种方法并不像其倡导者所说的那样客观公正。计算本身的确是客观的，但作为前提的假设仍然涉及到人为判断。比方说，到底哪些性状才是真正重要的呢？此外，如何定义空间中两点间的距离呢？在此，人们又一次混淆了准确性与精确性之间的界限。

对这种分类研究法持批评观点的人还指出，其中根本就没有进化的内容。因而他们另辟蹊径，提出了所谓系统发育法，试图弄清两种生物从设想共同祖先那里演变而来，各需经历多长的时间。系统发育法可能会从根本上改变有关结果。举例来说，如果我们用数值分类法研究三种生命体龙虾、藤壶和帽贝，得到的结论是：藤壶和帽贝在三种生物中相互关系最近。而用系统发育法分析的结果却是，龙虾最靠近藤壶。系统发育法又分为两个主要学派：一是进化分类学派\*，由厄恩斯

\* 进化分类学派，又称进化系统学派或综合分类学派，是一门以进化论为理论基础，要求分类系统反映生物亲缘关系、总结进化历史的分类学分支。最早由瑞典博物学家林奈和法国生物学家拉马克提出，但直到达尔文的《物种起源》出版以后才得到公认——i 者注



特·迈尔\*、乔治·盖洛德·辛普森\*\*和西奥多西亚·多布赞斯基\*\*\*提出；另一学派是分支系统学派\*\*\*\*，由亨尼希(W. Hennig)首创。这两个学派都认为龙虾比帽贝更接近于藤壶。就其基础而言，分支系统学也是以生物性状数据为基础的，但它更注重推断实际的进化分支，或者说生物体的谱系，即家谱。有些生物被认为是在进化史上相关的，分支系统学只研究这些生物的共性，并且着重于除这些生物外其他生物所不具备的性状。人们已经创造出非常巧妙的数学工具来寻找这样的性状，并由此推得了生物演变的谱系。

分支系统学存在着一个问题(如果你属于这一学派，那么你也许会将它看作一个优点)，即有些传统的类别会被分割开来。例如，牛是四足动物，所有四足动物都是(在很久以前)从肺鱼那样的肉鳍鱼类演变而来的。其他鱼类，如鲑鱼等辐鳍鱼，也是从肺鱼这一谱系中分化出来的，但在时间上要比牛早得多。因此，分支系统学的模式看上去就是图43所示的情况。

\* 迈尔(Ernst Mayr, 1904 - )，美国生态学家、进化论者。1953年至1961年间曾任哈佛大学生态学教授，对比较生态学深有研究——译者注

\*\* 辛普森(George Gaylord Simpson, 1902 - 1984)，美国古生物学家、生态学家，先后于哥伦比亚大学和哈佛大学任古生物学教授。他曾游历南、北美洲大陆，收集了大量化石标本，对美洲大陆史前动物种群的迁移和进化史研究作出了杰出贡献——译者注

\*\*\* 多布赞斯基(Theodosius Dobzhansky, 1900 - 1975)，俄罗斯遗传学家、生态学家。他通过研究认为，有些物种之所以能够存活下来，是因为它们的基因存在着大量变异的情况；尽管这种变异在当时可能并没有很大的作用，但当环境改变以后，它的优势便会体现出来——译者注

\*\*\*\* 分支系统学派是以共同祖先的相近度作为衡量物种间亲缘关系的唯一标准的生物系统学派。它是德国昆虫学家亨尼希于1950年创立的，是当前流行的三大分类学派之一——译者注

根据分支系统学规则,这样做可以避免将鲑鱼和肺鱼归并在同一物种内(如果不把牛纳入分类范围的话)。所以,要么牛是一种鱼,要么肺鱼和鲑鱼并非全是鱼,二者必居其一。用此方法给爬行动物分类时,也会碰到同样的问题,鳄鱼将被认为比蜥蜴和蛇更接近于鸟类。分支系统学的观点认为,生物谱系就是这个样子,有什么办法呢。数值分类学家则不同意这种观点。此时,第三个学派——进化分类学派诞生了,他们采取的是一种折衷态度,然而却并未得到另外两个学派的好感。

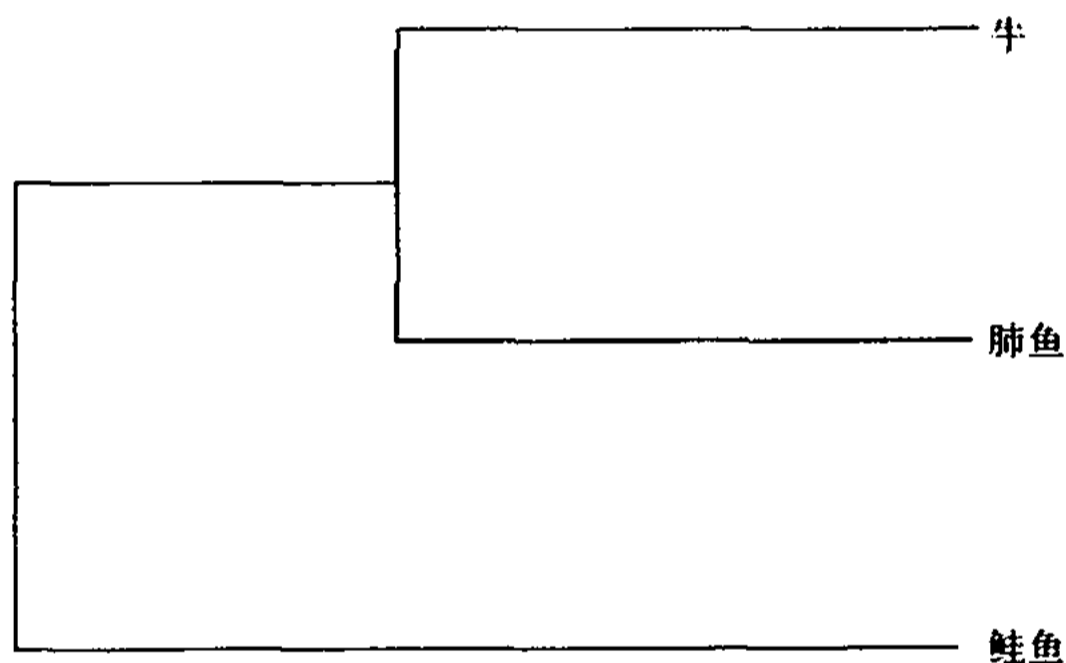


图 43 牛、肺鱼和鲑鱼的分支模式

但时至今日,我们已经找到了一种(据说是)没有太大争议的办法,可以用来追寻物种进化的轨迹。与其将研究重点放在生物的性状上,倒不如考察DNA密码。假设一种生物的某段密码序列为CCGGGTTTCC,而另一种生物相应位置上的密码序列是CAGGGTTTCC,两者间只相差一个字母。如果第三种生物相同位置上的密码序列是CGTGACTTCC的话,那么前两种生物之间的亲缘关系就会显得更近,因为第三种生

物的那段密码序列在许多位置上都与前两者不同。尽管采用这种方法仍会产生一些让人大为吃惊的结果，但它所用的证据受个人偏见制约的可能性显然要小得多。DNA 并不是寻找生物谱系的唯一分子学方法。比如，蛋白质的氨基酸序列也可以为我们所利用。在此，最大的问题颇具数学趣味：“DNA 序列间的显著差异”这一概念应当如何定义呢？对于这一问题有一种显而易见的答案，就是通讯工程师们所说的“汉明距离” (hamming distance)，即：两组序列中发生符号相异的次数。因此，CCGGGTTTCC 与 CAGGGTTTCC 的汉明距离为 1，因为两者间只有一个碱基（黑体字母）不同。而 CCGGGTTTCC 与 CGTGACTTCC 之间的汉明距离为 4。令人遗憾的是，DNA 密码的变化往往不会只局限于一个碱基。有时会有若干个碱基被插入或删除，甚至整段碱基序列都会发生改变。碱基序列可能被重复拷贝多次，而且还可能被倒置。因此，序列 CGTGACTTCC 只要出现轻微变动，我们就会得到很多很多的新序列，如

- (插入一个碱基) CGATGACTTCC
- (删除一个碱基) CG GACTTCC
- (插入一段序列) CGTATTAGGACTTCC
- (删除一段序列) CGT TTCC
- (重复一段序列) CGTGACTTGACTTCC
- (倒置一段序列) CGTTCAGTCC

根据汉明距离的定义，这些改动后的序列距离原序列是很远的。现在，你也许转念想用以下这种方法来定义两个序列之间的距离了：“将序列 1 变换为序列 2 所需的最小操作数”。但

这种定义方法除了在计算上非常困难以外,还有一个致命的缺点。我们就拿文学作品打个比方吧,如果采用这样的定义,那么《小熊温尼普》和《哈姆雷特》就会非常接近。因为它们之间只有两步之遥:

第一步:将“哈姆雷特”完整地置于“小熊温尼普”的末尾;

第二步:删除“小熊温尼普”。

因此,这样的定义也是行不通。我们真正需要的是找到一种方法,能够说明怎样的插入或删除才算是对原来序列进行了显著的改动——例如,我们面前有这样一句话:“生存或毁灭,这是个必答之问题:温尼普的陷阱是否应默默地忍受坎坷命运之无情打击……” \* 热爱莎士比亚和艾伦·亚历山大·米尔恩\*\*的读者一定能马上将插入的一段文字找出来,数学同样也可以做到这一点。

在用分子学方法研究生物谱系分支时,你会发现一个有趣的现象,即我们能够获得一些信息,从而了解某个具体物种是在什么时候从其他物种中分化出来的。其思路是,基因组的不同区域是用不同速度发生变异的,变异的速度可以根据现代实验的数据进行估算。这样一来,DNA的变异就为我们提供了

---

\* 这段话出自《哈姆雷特》(又名《王子复仇记》)第三幕第一景中哈姆雷特的一段台词,原文是:“To be or not to be, that is the question, whether 'tis nobler in the mind to suffer the slings and arrows of outrageous misfortune.”。其中插入的是《小熊温尼普》中的一个篇章题目“Pooh Trap For Heffalumps”,这一章说的是小熊温尼普与小猪合谋挖陷阱捕捉大象的一段故事——译者注

\*\* 米尔恩(Alan Alexander Milne, 1882 - 1956),英国作家。以其儿童读物《小熊温尼普》(1926年)和《小熊温尼普家拐角的小屋》(1928年)而著名——译者注

一个分子钟。至于这个分子钟是以怎样的节律摆动的，人们尚未取得一致意见。但从定性角度来看，这一想法还是蛮有道理的。专门研究人类史前祖先的人类体质学在这方面获得了巨大的成功。直至20世纪60年代以前，许多人都认为，化石种腊玛古猿是一种原始人类，它是与人类关系非常密切的一个近亲，远比大猩猩和黑猩猩那样的类人猿更接近于人。但到了1967年，萨里奇\*和威尔逊为人、大猩猩和黑猩猩测定了“免疫学距离”（他们如此称呼）。具体做法是，观察每种生物的抗血清与另两种生物白蛋白的结合能力。在分子钟的帮助下，他们得出了结论：现代人类仅仅是在500万年前才由类人猿分化而来的。另有证据表明，腊玛古猿与古人类的分离是900万年以前的事。由此可见，腊玛古猿根本就不属于原始人。

尽管没有人对腊玛古猿不属于原始人的结论提出质疑，但对于500万年这个数字现在颇有争议。1997年3月，西蒙·伊斯蒂尔（Simon Eastel）和吉纳维夫·赫伯特（Genevieve Herbert）重新审视了分子钟的摆动速率。一个特定碱基在一年时间内发生变异的概率约为 $1.5 \times 10^{-9}$ （这就意味着，任何给定的DNA碱基平均每隔6亿年发生一次变异。尽管这种变异的可能性很小，但碱基的总量却十分庞大，因此累积效应仍颇为可观），500万年就是从这个估计值中推算出来的。伊斯蒂尔和赫伯特认为，所有哺乳动物发生变异的速度应该是大致相

---

\* 萨里奇（Vincent Sarich），美国人类学家，现任加州大学人类学教授。1967年他与另一位美国人类学家威尔逊（A.C. Wilson）用分子生物学方法推测人类在大约500万年前与非洲的现生猿类“分家”，这也引发了人们对猿、人到底是否一家的争论和猜测——译者注



当的。根据这一假定，有袋动物（如袋鼠）与其他哺乳动物分离的时间应该是在 33 000 万年前。然而化石资料却无可辩驳地表明，两者分离的时间最早也不会超过 12 500 万年以前。这两位学者得出结论，分子钟摆动的速度比原先想像的要快 50%。据此，他们将人和猩猩分离的时间作了修正——大约在 360 万年到 400 万年以前，而不是 500 万年以前。对进化史的这一修正非常重要，因为只有这样，众所周知的类人猿——南方古猿阿尔法种 [*Australopithecus (A.) afarensis*] 才有可能成为黑猩猩和人类的共同鼻祖。而南方古猿的另一支——非洲种 (*A. africanus*) 则很可能是大猩猩的祖先。我在这里提到了科学认识逐步深化的过程，主要是想表明，科学对于早期人类进化的认识需要不断地被修正，而数学可以为人类体质学提供一种必不可少的工具。

另一种测算分子距离的方法是所谓的 DNA 杂交法。具体做法是，将两种生物的 DNA 链混合在溶液中，让它们结合起来，然后根据两条链结合的位点情况估计连接的牢度。连接得愈牢固，两者 DNA 序列的匹配性就愈强。西布利\*和阿尔奎斯特 (J.E. Ahlquist) 借助于这一方法表明，我们离黑猩猩（包括普通的黑猩猩和倭黑猩猩）比离大猩猩更近（图 44）。倭黑猩猩是我们最近才认识的一种黑猩猩，其体格并没有电视广告和许多媒体上出现的黑猩猩那么健壮。

---

\* 西布利 (C.G. Sibley, 1917 - 1998)，美国生物学家，生前曾任耶鲁大学、堪萨斯大学及旧金山大学等多所大学的生物学教授。主要通过化石记录研究鸟类及哺乳动物的进化与分类问题。他与另一位美国生物学家阿尔奎斯特于 1990 年合作撰写了《鸟的分类和系统发生：一个分子进化的研究》(*Phylogeny and Classification of Birds: a study in molecular evolution*) 一书，由耶鲁大学出版社出版——译者注

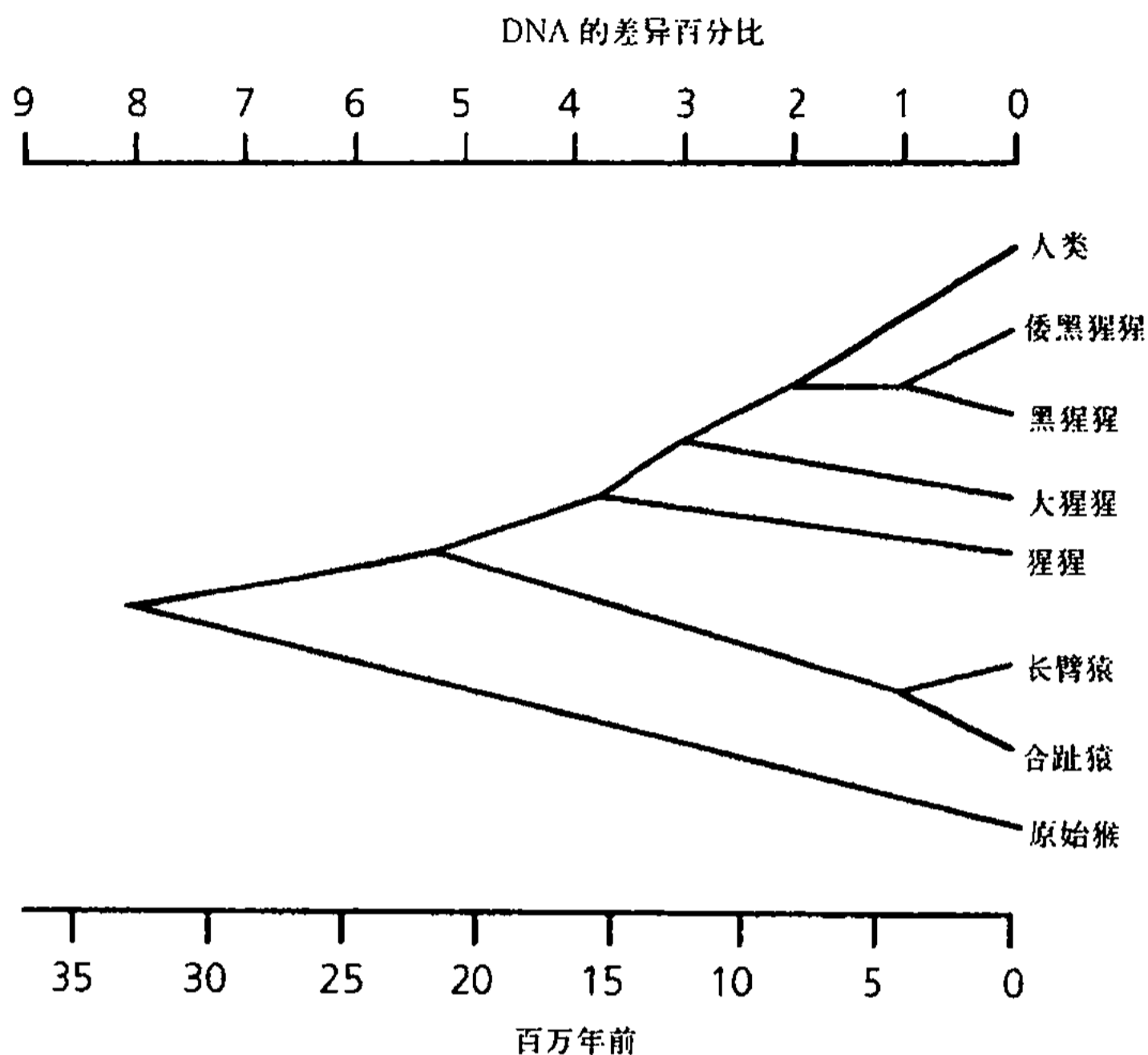


图 44 根据 DNA 杂交法推得的人类进化谱系

进化为数学提出了一些新颖的课题。因为进化作为一种过程，具有一些非同寻常的特点，这些特点尚无法由现有的数学理论给出很好的解释。进化至少包括四方面要素：

- ◇ 变异
- ◇ 选择
- ◇ 发育
- ◇ 环境

这些要素相互作用，从而产生了能够适应周围环境的生命体。基因通过控制（说得轻一点则是影响）发育过程而对生命

体产生作用。基因本身又通过随机变异发生改变。受到这两个过程影响的，是每个生命体的内容，也即生命体自身的内部结构。生物通过繁殖，影响下一代的基因范围，即基因库。选择过程对生命体的影响表现为，偏爱能够适应特定环境的生命体。这个过程相关于生物以外的内容，它包括其他生物、气候、地形以及（有性生物的）性配偶是否存在等等。多种生物相互作用，便会出现进化的现象，并且多少还会呈现一些系统性的变化。要想设计一种完全符合实际的进化模型，就必须考虑到所有这些相互影响的因素，这可是一项极为艰巨的任务。

遗传学家们，尤其是新达尔文主义者，试图将进化系统压缩得越简单越好。这样，他们就可以绕开复杂的生命体，仅仅去考察基因所受的影响。在不断变化的环境中进行选择，这本来是一个十分复杂的过程，现在却被简化为一个说明特定等位基因对环境适应程度的指标。表现型（生物体的形态和行为）则被认为是基因型产生的直接后果。新达尔文主义者并不认为竞争是生物体争取繁殖权利的过程，而是将其看作基因在基因库中争夺一席之地的战斗。此外，在费希尔开创的那种经典遗传学中，一个多元生态系统，比如，一片充满植物、昆虫、小动物和食肉动物的雨林，被模拟为一个基因的混合库。生物进行繁殖时，这些基因就以新的组合混合起来；自然选择将那些不适应的等位基因清除出去，那些允许生命体更好生存的等位基因则被大量繁殖；随机发生的遗传变异，则使基因库不断地发生变化。数学在这里的研究重点，是特殊等位基因在所有等位基因中所占的比例，以及用模型说明，在自然选择过程中，这种比例是如何变化的。物理学家们将该理论称为“平均场模

型”(mean-field model),只有在迫不得已的情况下才会加以利用。使用平均场模型时,不同个体形成的集合将被由相同个体数构成的均质集合所取代。这就好比,我们假定每个家庭真的有2.3个孩子。这种假定有时是有益的,比如要确定需要几所学校时;但在另一些情况下,这种做法就会产生误导,比如要确定未来10年内可能需要多少套住房。

再举一例。设想有一群鼻涕虫,它们可能携带着绿皮肤或红皮肤的基因。除此之外,它们还携带有喜欢在灌木丛或鲜红色花朵中生活的基因。可能的基因组合诸如绿皮/灌木型和红皮/花朵型等,共有4种。不过,不同组合的生存值是不一样的:例如,红皮/灌木型鼻涕虫在它们生活的绿色灌木丛中很容易被鸟类识别出来,而红皮/花朵型鼻涕虫就不易被发觉。为了用费希尔的思想为这一系统构建数学模型,我们可以赋予所有可能的基因组合以不同的权数,称为“选择系数”。例如,红皮/灌木型组合的选择系数可以定为0.1,红皮/花朵型组合则为0.7。这种选择系数的本质含义是,生活在灌木丛中的红皮鼻涕虫只有10%的机会生存下来并繁殖后代,而生活在花朵中的红皮鼻涕虫却有70%的机会。我们还假定,四种等位基因组合在鼻涕虫总数中所占的比例存在着某种初始分布,比方说,20%是红皮/灌木型,15%是红皮/花朵型,等等。借助于费希尔的数学方法,我们可以计算出,在接下去的每一代中每种等位基因组合所占的比例。如果某一比例缩减至零,那就说明这种等位基因组合已经完全消失了。

错误的前提决不可能得出正确的结论。用今天的标准来看,这些假设都是不成熟的。和平均场模型一样,费希尔的基

因模型也是线性的,即假设等位基因的作用与其出现的频率成正比,不同等位基因的作用可以简单叠加。在经典数学时代,线性方法占据了统治地位,因为它为计算带来了便利,只要有笔和纸就可以进行。如今,大多数科学领域都开始采用非线性模型,虽然这种模型比较复杂,但却更接近实际,更能反映变化的动态过程。遗传学和进化论的前沿课题也不例外。

通过几何学类比,我们可以领略到非线性模型的一些端倪。设想,有一种植物生长在山坡上,长出的种子随机地散播在植物四周。为了便于说明,我们假定散落在山坡较高处的种子可以留存下来,而散落在山坡较低处的种子会被风刮走。于是经过一段时间以后,你会发现这样的植物群沿着山坡一步步地向上移动。山坡上的这种景象,就是休厄尔·赖特\* (Sewall Wright) 所说的“适应性地形图”的一个简单例子。可以用一幅地形图来说明生物的自身性状是如何决定其适应性的(图45)。在地形图中,高度代表适应性,生物在地形图上的位置就由其性状所决定。“非线性”意味着,一幅典型的地形图不可能是平坦的,各处斜坡的倾角也不可能全部相等。在地形隆起处,生物的适应性最强,因而主导着进化行为。当然山谷也相当重要,它们是山坡间的分界线。

适应性是一个相对的概念,而不是绝对的概念。这样的模型预示着什么,是非常清楚的:生命体沿着上坡方向发生进

---

\* 赖特 (Sewall Wright), 美国遗传学家和育种学家, 生物统计遗传学奠基人之一。他创建了通径分析的理论和方法, 并将之应用于牲畜的各种交配体制, 得出了各有不同效应的结论。此外, 他还发现了小群体中随机事件的遗传漂变现象, 说明当群体很小时, 基因在进化中保存与否纯属机遇, 并不符合孟德尔定律——译者注



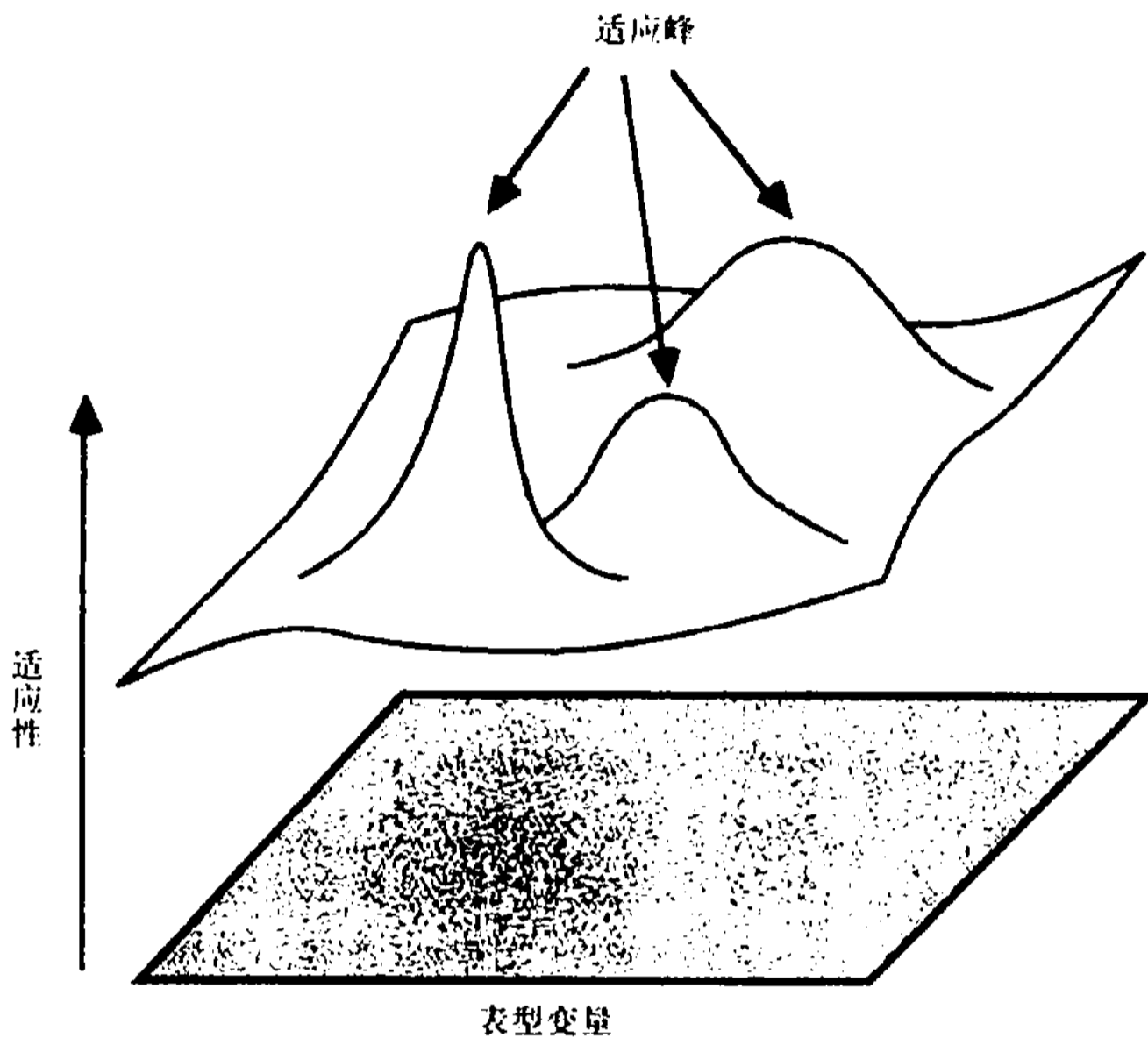


图 45 赖特的适应性地形图

化，目标是局部范围内的最高点。这种进化模型在许多方面还欠考虑，因而还未能用它来详细地模拟现实情况。但它强调了一个基本点：即使遗传差错是一种随机现象，自然选择仍能促使生物向着适应性更强的确定方向发生进化。类似模型也可采用更多的现实假设，得到的结论在相当程度上是一致的。

赖特地形图是我们为了说明最早的生物学思考方法而借用的实例之一。这种思考方法如今衍生出了一个新的数学概念——相空间\*，相空间的概念目前已经渗透到许多研究领域

\* 相空间 (Phase Space) 又称相宇，是经典的系综理论中为描述系统的微观状态而引入的一个基本概念，其中的“相”是指“运动状态”，最早由美国物理学家吉布斯于1902年提出（作者说是由庞加莱最早引入的，似有不确之处）· 译者注

中。它是由亨利·庞加莱\* 在一个世纪以前引入的，其基本思想是用几何学观点来考察动力学问题。相空间是一个多维数学空间，空间中的点代表某一动力学系统可取的状态。所谓动力学系统，是指其状态能随时间变化的系统。在赖特的模型中，相空间是一个由生命体构成的空间，其坐标代表的是所有相关性状的取值。例如，如果我们要为燕雀这一种群构建模型，那么整个系统就是“所有可能的燕雀表现型”，而这一系统所取的状态就是具体的燕雀表现型。如果该相空间是一个二维平面，那么这个二维平面的两个坐标所表示的可能就是“高度”和“翼展”这两个变量。

假如我们要考察 20 个这样的变量，实际上就要设计一个 20 维空间。在现代数学中，这是一个令人难以想像但却十分普遍的概念。“维”是一个模拟的概念。列出 20 个数，每个数都能独立变化，而不依赖于其余各数。这样，每个变量就是独立的一维。事实证明，采用几何学描述的方法是非常有用的，因为它用二维空间或三维空间做了个有益的类比。但千万要记住，我们现在讨论的实际对象是一长串数列，如果忘记了这一点，结论的准确性就会大打折扣。

那么动力学又为何物呢？动力学可用相空间中的一种流线模型进行描述。当一个具有代表意义的点随着流线滑动时，它的属性（也即用来表示系统状态的数列）也在随着时间的变化

---

\* 庞加莱 (Jule - Henri Poincaré 1854 - 1912)，法国数学家、物理学家和天文学家。在数学方面，他完成了自守函数理论，并在数论、代数学、几何学、拓扑学以及概率论等方面作出了许多开创性的工作。在天文学方面，他论证了旋转流体的平衡图形，研究了太阳系的稳定性及起源。在物理方面，他研究了三维连续区内的有关问题和许多关于导热的问题，还论证了狄利克雷问题——译者注

而变化。相空间为数学家们带来了技术优势，但最重要的还在于它提供了一种形象比喻：它将实际发生的事嵌入到一个由所有可能发生的事构成的范围中，从而重新定义了“环境”这一概念。在相空间模型中，你不但可以问“为什么生命体采用的是这种行为模式，而不是那一种？”而且还有望找到合理的答案。如果表现型变量是连续的（在给定范围内可取任意值，即能够逐渐改变的量），那么我们为什么还会看到这样的情况，即在一些完全确定的空间里，许多值集聚在某些特定数附近，而另一些数的周围却空空如也？有了赖特的相空间方法，这个让人头痛的难题就立刻迎刃而解了。原因就在于，即使在连续变化的地形图上，仍然会有一些孤立的高峰。

赖特方法有以下两个主要缺点：

- ◇ 连续型变量不能反映所有性状。
- ◇ 适应性并不是对单一数值进行估算的结果。（例如，猫爬树的本领比金鱼强，但游泳就不如金鱼了。谁是胜利者，这取决于它们玩的是哪一种游戏。）

但对于进化的某些方面来说，适应性地形图仍不失为一种十分有益且能启发思考的形象比喻。20世纪60年代后期，克里斯托弗·齐曼\*进一步发展了勒内·汤姆\*\*的某些思想，为

---

\* 齐曼 (Christopher Zeeman, 1925 - )，丹麦数学家。其研究领域十分广泛，包括拓扑学、动态系统以及数学在生物学及社会科学方面的应用。他最杰出的贡献是发展了“大灭绝理论”，并将之应用到生物学、行为科学以及物理学中——译者注

\*\* 汤姆 (René Thom, 1923 - )，法国数学家。他最早提出了“大灭绝理论”，并因此而闻名。此外，他在拓扑学领域内也深有研究。1958年，他因在示性类、配边理论和横截定理等方面所作的研究工作而荣获数学界的最高奖项——菲尔兹奖——译者注

适应性地形图构建了一个数学模型，并着手研究“进化是否存在跳跃现象”这个令人难以捉摸的问题。一种全新的器官（如眼睛），甚至一个全新的物种，会不会突然出现呢？许多人都认为，达尔文对于一问题的问答是斩钉截铁的：“自然界决不会跳跃”。但是，达尔文也曾说过：“许多物种一旦形成，就再也不会会有任何改变……而有些物种发生变化所用的时间，如果以年份来计量的话，也许会显得十分漫长；但这点时间与该物种保持某种形态不变的时间相比，却很可能是非常短暂的。”换句话说，进化是否存在跳跃性，这要取决于你在观察中所用的时间尺度。

诚然，化石记载往往会显示进化史上的某些突发变化。但这类明显的跳跃现象究竟是真实记载，还是化石资料残缺不全所造成的结果？化石资料肯定是不全的，但是随着古生物学家不断挖掘出新的化石标本，这种残缺现象正在以比较快的速度得到弥补。关于物种的形成，渐变论者认为，物种的表现型在长时间内变化非常缓慢，最后，这种变化累积起来却相当可观，以至于物种本身似乎都发生了改变。举例来说，三叶虫一度生活在海底，并且缓慢进化了若干亿年。随着新种的出现，原来的种就逐渐消失了。据我们了解，有关这种生物的变化确实是在潜移默化中发生的。最后，大约在250万年前，所有的三叶虫全部消失了。

1972年，奈尔斯·埃尔德雷奇\*和斯蒂芬·杰伊·古尔

---

\* 埃尔德雷奇 (Niles Eldredge)，美国古生物学家，美国自然博物馆无脊椎动物分馆馆长，纽约大学古生物学副教授。主要研究课题：根据化石记载分析历史上物种静止与演变之间的关系。此外，埃尔德雷奇对中生代三叶虫也深有研究——译者注

德\*创立的“间断平衡理论”引发了一场激烈的争论。该理论认为：(1) 物种形成是多种系分化而不是单种系渐变的结果；(2) 这种分化的速度要比通常的渐变速度快得多。他们将自己的理论与当时广为流行的一种观点捆绑在一起(在我看来是大可不必的)。那种观点认为，物种分化是通过“异地物种形成”的模式完成的。在某一物种生活区域的边缘地带，一部分个体开始向远方迁徙，并与主群失去联系。一旦从原来的种群中脱离出来以后，它们便会以全新的方式发生进化，因为它们的生存环境已不同于以往。而当这一新物种重新侵入原来那块土地时，那里的化石资料就会显示出进化中的跳跃现象。

渐变论者断然否定了这种理论。他们认为，几乎所有的物种都是逐渐形成的。他们承认，除了渐变以外，也可能存在所谓的分化现象——毕竟，今天生活着的物种要比以往存在过的物种多得多，而新物种总是有来处的——但是，他们把分化本身也看作为一种渐变过程，而不是突发的跳跃。埃尔德雷奇和古尔德的观点正好与此相反。他们认为，几乎所有物种都是在分化时经过急剧变化才生成的，物种变化很难通过缓慢的形式发生。这场辩论非常复杂，甚至在“怎样的群体才算一个物种”这个问题上也是各持其词。例如，分支系统学在定义一个物种时，就将渐变排除在物种特性之外，在他们看来，任何逐渐发生的变化都意味着还是同一个物种。

数学家们认为，这是一场无谓的争吵。目前非常时髦的现

---

\* 古尔德 (Stephen Jay Gould)，美国进化生物学家，哈佛大学地质学及生态学教授。他认为，人类并不是进化史的终点，而只是生命进化这棵大树上的一小枝——译者注



代动态系统理论是说明系统如何随时间变化的普遍理论。任何熟悉这一理论的人都知道，同样一个系统可以有突变，也可以有渐变。突变在数学上称为分歧。请注意，这一术语描述的是可能行为在理论上的分化，而不是指物种的实际分化。也就是说，分歧现象并不只是我们日常所说的那种一分为二的模式。设想，有一个动态系统，其行为取决于某些外在参数（比如，环境参数），并且我们假定这些参数的变化非常缓慢。那么，这一系统会有怎样的变化呢？显然，系统也将缓慢地变化。因为连续的变化肯定会导致连续的结果。

答案虽然明显，但却是错误的。在大多数时间里，变化是缓慢发生的，但其中的参数偶尔也会达到某个临界值。此时，物种就会发生急骤而剧烈的变化。发生这种情况时，我们就说，出现了分歧的现象。举例来说，现在有一根竹竿，我们施加外力（比如用双手）使其微微弯曲。开始时，随着作用力的逐渐增大，竹竿被慢慢地弯曲成弧状。接着，尽管外力看上去并没有发生十分显著的变化，竹竿却突然喀嚓一声折断了。然后你继续缓缓地移动双手，折断的竹竿还是能随着你的双手缓慢移动。这是两种不同的表现，没有什么值得大惊小怪的：通常情况下发生的是平稳的渐变，但有时也会出现突发的剧变。这几乎是所有动态系统的规律。

如果稳定状态仍然保持稳定，那么发生的是渐变行为。但当系统状态由稳定转化为不稳定时，分歧现象便出现了。此时的系统要寻求一种新的稳定状态，这意味着将发生一种剧烈的变化。对称破缺是对称系统特有的一种分歧行为。不过，就算是非对称系统，也会有分歧现象。

20世纪60年代，汤姆在对歧点进行分类时，引入了一些全新的纯数学概念，齐曼将其冠名为“突变论”，意在强调其中涉及的突变现象。突变论对生物学模型并未产生多大的影响，一部分原因是该理论在形成早期受到了人们过分的批评。但突变论却使分歧理论发生了革命性的改变。这场不见流血的革命有着一个名字，称为“奇异理论”，它主要发生在数学领域内，因此几乎没有引起人们的注意。动态系统可以发生突变，这并不是一个新观点。但借助于越来越复杂的几何学形态，对这类变化进行分类，则可算是地道的创新。

这种观点将主要问题聚集于，假定外部参数的改变导致适应性地形图逐渐地发生了变化，那么这些适应性高峰又将变成什么样子呢？你也许会认为，它们也会缓慢地移动——这似乎是渐变论者看待进化问题时没有说出口的内心假设。如果地形图上只有一个高峰，并且这个高峰移动时不会碰到任何障碍物（比如，一块坡地），那么你的想法还是很有道理的。而且，这种想法用简单的线性数学也能解释得通。简单的线性数学在一个世纪前曾经十分流行。但当你采用更切实际的非线性数学方法考虑问题时，这种结论就不但不能成为真理，甚至连真理的边都搭不上了。原因是，在非线性系统中，高峰既可以生成，也可以被吸收，既可以发生碰撞，也可以出现分裂。

因此，凭什么说物种就不会发生这样的情况呢？应当承认，适应性地形图过于简单了，因而无法把握丰富多采的生物世界的全部特征。不过，如果说它还有些作用的话，那就是这种模型可以表明，对于任何处于顶峰的变化系统来说，无论是发生剧变还是渐变，都是很自然的。我们绝对没有必要排除任

何一种可能性，这其中当然还有其他各方面的原因。在逐渐变化的适应性地形图中，如果说最简单的非线性模型就能涵盖一切动态系统的行为特性，那么那些更为复杂并且在生物学上更为精确的模型起码也能做到这一点！渐变论者与间断平衡论者之间的争论实在是无的放矢。也许，这两个学派在某些时候都正确，而在另外一些时候又都是错误的。双方应当集思广益、取长补短，毕竟谁也压不倒对方。

到目前为止，我所介绍的有关进化的数学在相当程度上仍属于传统数学——至少数学家们是这样认为的。但是，进化在某些方面向数学提出了许多更新的课题，要解决这些课题，就需要创造新的数学工具。这些新的数学工具目前尚未来到我们的身边，但可以想像，它已经离我们愈来愈近了。新数学的到来究竟会采取渐变的方式，还是突变的方式？这一点谁也不知道。

为了替生物进化构建更切实际的模型，人们采用了一种完全不同的建模法，称之为复杂的自适应系统理论，或者简称为“复杂性理论”。虚拟生命是在复杂性理论框架中发展而来的。复杂性理论的学者们在构建模型时，希望将由个体组成的复杂系统还原成它本来的面目。他们不想采用平均的概念来走捷径，也不认为万事万物都是均匀地混合在一起。每个个体都具有自己独一无二的特性，复杂性理论的支持者不但勇于承认，而且也乐于承认这一点。为了模拟进化过程，他们在构建计算机模型时，采用了许多虚拟生命，这些生命体相互间遵循着某种简单规则。然后，他们要看看会有怎样的情况发生。

读者们还记得鼻涕虫及其选择系数吗？现在，我们要采用

复杂性理论来研究同样的问题。首先，建立一个网格模型，它由  $100 \times 100$  个小方格组成。接着，确定哪一个方格代表灌木丛，哪一个方格代表花朵，等等。然后，再选取一些虚拟鼻涕虫的基因组（即所要研究的一组等位基因）随机地置于这些方格中，并让它们开始繁殖。例如，在第 49 行的第 28 个方格中放入“红皮/灌木”型基因组，如此等等。其余方格内则放入虚拟的食肉动物。接下来，我们要制定一些计算机规则，规定这些虚拟生命在网格中应该如何活动和相互作用。比如，我们可以规定，在每一个时间段上，鼻涕虫要么随机地移向相邻的方格，要么就只能停留在原地不动；而捕食者只要一看到离自己最近的鼻涕虫，就可以向着它移动五个方格，一旦到达鼻涕虫所在的方格，就可以将它吃掉。虚拟鼻涕虫被吃掉以后，就从计算机的存贮器中被抹去了。我们在制定规则时，必须记住一些原则。比如，躲在灌木丛中的绿色鼻涕虫与停在花朵上的绿色鼻涕虫相比，不太容易被捕食者看到，等等。

现在，我们就来玩一玩这种计算机上的数学游戏，它有一个专门的名称，叫作“元胞自动机”。让其自由运行 10 000 步，然后我们再来计算生存下来的各种鼻涕虫等位基因所占的比例。为了得到各种可能的结果，不妨让这一过程重复几百次，这样就能保证得出的数学规律与具体某一次运行过程中发生的随机事件无关。复杂性理论所设计的模型有一个优点，即采用该模型以后，我们可以明确地将虚拟生物当作单独的个体加以考虑，而不必使用等位基因的比例作替代。同时，可以直接将捕食者和被捕食者置于相同的环境中，实现真正的自然选择，而不是对各种可能的结果赋予不同的权数。

支持复杂性理论的学者们以同样的思路创造了无数类似的模型。他们首先为不同个体制定相互作用的简单规则，然后在计算机上模拟这一过程，看看会发生怎样的情况。虚拟生命是一个用来描述生存竞争而生造出来的词汇，尽管它引起了颇多争议，但却用得十分贴切。有一个著名的例子就是由雷创造的名为“蒂埃勒”的模型。在此模型中，一些短小的计算机程序片段在内存中相互竞争、再生和变异。所有蒂埃勒式的生命形态都来源于一个共同祖先——一段能够自我复制的计算机程序，它占据80个字节的内存。1990年1月，雷将这种生命体输入计算机随机存储器中，并让它自由生息和繁衍。这种生命体作为一种祖先被大量复制，并迅速占据了大片内存。紧接着，出现了偶然的变异（计算机差错），情况因此而发生了变化。一些全新的具有自我复制能力的物种出现了，它们有的比其祖辈小，有的则比较大。随着时间的推移，这一生态系统的多样性也会出现波动。有时，系统中只有很少的几种生物，有时却会出现大量的物种，这确实让人感到困惑。随后，一种45个字节大小的寄生物种出现了，它没有自我复制的指令，只能向邻近的生物体借用指令才能完成自身复制。在运行这一程序时，有几次得到的结果是，最早的生物体祖先通过变异以后，形成了一种长达79字节的新物种，它具有抵抗寄生的能力。于是，寄生物种开始消亡。而另几次却出现了重寄生物。重寄生物改造了寄生物种的复制方法，并将其用于自身的复制。有些重寄生物还进化成长达61个字节的**社会生物**，通过相互间的合作来完成复制过程。重寄生物的存在又为**骗子生物**的出现铺平了道路，后者是一种长27个字节的物种，它从社会生物那



里窃得了控制权，从而劫取了整段程序。

蒂埃勒也许只是计算机内存中的一些随机程序，但其中却包含着多种生命。该模型有力地支持了本书的中心论点，即生物学运用的模式都是从数学中自发产生的，并不需要什么特别的努力、提示或指令。雷没有对内存中的各种生物发出任何指令，要它们变成寄生物或重寄生物，也没有要求它们相互合作。但它们自己却这样做了。

不错，雷确实向这些虚拟生物下达了繁殖的命令，也就是在程序中加入一条明确的拷贝命令。如果在没有外界帮助的情况下，自我复制的能力就能自发形成的话，那么这一切就会更加令人信服。此时，你是在为生命的起源构建模型，而不只是在观察生命形成以后所发生的情况。这种想法是否过于雄心勃勃了？是否不太可能实现？当然是的。然而，如果我们总是因循守旧，采用万无一失的研究方法，那么科学永远也无法前进。

1996年，安德鲁·帕盖利斯（Andrew Pargellis）开始设计自己的虚拟生物——阿米巴。雷利用一段特制的复制程序在计算机内存中播下了生命的种子，以此与上帝开了个玩笑；但帕盖利斯采用的却仅仅是一个随机的程序块。每经过10万步，程序就擦去7%的内存，并写入随机选择的命令。他发现，每当程序运行到5000万步时，便会出现一段自我复制的程序片段。复制命令并不需要写入规则之中，它是可以自行产生的。

在类似于蒂埃勒和阿米巴那样的系统中，我们不必输入明确的指令，系统本身就会显示出某种高级模式，这种高级模式与地球生命的进化模式十分相像。这类模式包括：自行产生复

制功能、自发出现复杂化倾向、初级的共生现象和寄生现象，以及长期的静态与短期内剧变交替发生的现象，甚至还包括某种有性繁殖的性征。从中我们可以得知，所有这些令人困惑的现象都是相当自然的，乃是复杂的自适应系统所具有的典型特征。当我们在进化史中看到这类现象时，大可不必大惊小怪。相反，如果看不到这些现象，那是倒有点奇怪了。

这些现象确实引人注目，但它们有什么意义呢？虚拟生命真的能够告诉我们一点有关现实生命的有用信息吗？我认为是可以的。只要有了相空间的概念，我就能非常清楚地说明其中的原因。相空间是从几何学中借用的一个术语。在相空间中，每个真正发生的事件，其周围都存在着一些邻近事件，这些邻近事件虽然没有发生，但却是可能发生的。如果你建立了某种数学系统，无论它是经典的动态系统，还是虚拟的生命系统，你在不知不觉中就确定了一个相空间。相空间如此巨大，以至于能够包容一切可能性，而不仅仅是某种选择。只要这种相空间的规则足够丰富（意即不特别贫乏和明显），那么其中就会潜伏着各种各样的可能性。在此，我们终于看到了进化过程中发生变异的意义。变异不只使进化成为可能，而且能促使系统在其相空间中探索各种各样的可能性。系统今天处于这样的状态，明天就可能发生改变。此外，我们更清楚地看到了选择的作用，它使系统得以进行有效的探索。如果一切变异都是随机的，那么整个系统就会像一名醉汉，在其相空间中游荡，向前跨一步，再向后退两步。事实上，有关随机移动的数学已经表明，这样的系统会浪费大量的时间去走回头路。而有了选择过程以后，不起作用的相空间（即不能促使生命体适应性增强的

部分) 就会被删除。选择过程能够帮助系统在相空间中找到它所感兴趣的区域, 在这些区域中可以产生有利于生命的特性, 这也是进化的重要特征之一。

地球生命实际进化的相空间要比蒂埃勒和阿米巴的情况复杂得多, 就连萨默尔和米尼奥诺的 A-沃尔夫也无法与之相提并论。但是, 它们所起的作用是相同的, 其中的规则就是自然宇宙的规则。变异允许地球生命得以在进化的相空间中进行探索, 选择或舍弃某些可能性, 以免进化过程总是在死胡同里兜圈子, 或者浪费时间去作无谓的尝试。变异和选择同时发挥作用, 就能创造一幅相空间的地形图, 它看上去更像一幅山区风景图, 而不是一望无际的平原。进化能够自行选择有益的生命特性, 仿佛具有目标一样。而实际上, 这一过程受制于相空间的地形特点。进化本身并不清楚自己的前进方向, 但如果我们能够看到它的相空间的话, 倒是可以做到心中有数。

考夫曼是一位颇具创新意识的科学家, 他对这类问题的思考非常深刻。他明白, 这类结构不只是进化过程所具有的特征, 而且也适用于任何其他自我复制、自我组织的过程。他并未使用“相空间”一词, 而是采用了“可能的邻接空间”的说法。考夫曼并没有指出, 相空间具备了地形特征, 因而是一个动态过程。但是他相信, 不久以后, 我们将能准确地阐述某些数学规律, 用以说明系统是如何探索可能的邻接空间。他确信, 这类数学规律正在以越来越快的速度靠近我们, 它们并非漫无目的和毫无方向。



## 第六章

---

# 斐波那契之花

植物茎杆上的花叶排列得井然有序，形成了各种精美的形态，这些形态结构很久以来一直让人们感到新奇而赞不绝口；然而，我们对这些植物了解的深度是相当有限的，真正能够被我们观察和识别的植物种类也是少而又少。

汤普森：《生长与形态》，第十四章

对于生物学的业余爱好者来说，要了解生命的第二重奥秘，再也没有比植物王国更好的地方了。花瓣对称地排列在花朵边缘，叶子沿着植物茎杆相互叠起，有些植物的种子是圆的，也有一些是刺状的，伞状花絮粘带着其他植物种子在微风中随处飘荡，所有这一切向我们展示了许多美丽的数学模式。甚至有些树木不规则的几何形状还隐约露出某种微妙的规律。根据树木残片呈现的几何模式，我们能窥见整棵大树的全貌。因此，我们在构筑模型时，用几根枝条就能代表按比例缩小的整棵大树。用物理方法构造的这类植物结构，在相当程度上仍然保留着原来的形态。

当然，植物的其他特性经过进化以后，已与原始的物理现象大相径庭了。其中的数学结构（如果存在的话），在进化的无数次荡涤洗礼下，披上了神秘的面纱。有些花朵把自己伪装成雌蝇，只为赢得雄蝇的青睐，帮助传播花粉。这类植物与昆虫的进化相互作用，已有好几亿年的历史，从中我们已经很难看到任何数学的身影。为了认识造就植物形态的力量，我们必须首先将自然界中最初自发出现的植物品种，与经过进化演变而来的植物种类加以区分。此外，我们不能将普遍的数学约束力与变化无常的遗传指令混为一谈。



人们早就从植物中看到了数学特征。汤普森清楚地认识到,植物世界的奇异数字特征对研究植物的发育生物学具有重要意义。当代学者在动力学方面所做的工作使我们对这种生物学内容有了更清楚的认识。汤普森注意到,植物王国对某些具体的数字和螺旋形几何图形具有一种特殊的偏好,而且这些数字与图形彼此间紧密相关。汤普森得出这一结论时,遵循了一种(据他说是)与达·芬奇有关的传统。但据猜测,这种传统的形成也许还可追溯到古埃及时代。我们已经观察到,植物所显示的有关数字——花瓣、萼片的数目及各种其他方面的特征——通常来自于斐波那契数列:1, 2, 3, 5, 8, 13, 21, 34, 55, 89……其中,从3开始,每一个数都是前两者之和。有的植物可能例外,主要有以下两种情况:(a) 数列中的数加倍,这是植物染色体的某些奇异特性造成的,但毕竟还是要用到斐波那契数;(b) 1, 3, 4, 7, 11, 18, 29, 即所谓的“反常数”,其中的加法规则与生成斐波那契数列的法则是相同的,只不过开头两个数有所不同。

研究植物的几何模式及数学规律的学科称为叶序学。该学科有悠久的发展历史和浩如烟海的文献资料。早在18世纪中叶,两位数学家查尔斯·邦尼特\*以及卡兰德里尼(G. L. Calandrini)研究了冷杉球果的螺旋形结构。大约在1837年,

---

\* 邦尼特(Charles Bonnet, 1720 - 1793), 瑞士数学家、博物学家。他于1740年发现,雌性蚜虫在未受精的情况下也能单独繁殖后代,由此他认为,雌性生物携带着后代的所有特性。此外,他还认为,当地球上再次爆发重大灾难以后,人类将成为天使,而哺乳动物将具有智能——译者注

晶体学之父奥古斯特·布喇菲\*和他的兄弟路易斯 (Louis) 又对叶序学理论作出了重大贡献。他们发现了一个非常重要的角, 这个角对植物的几何形状是普遍适用的。苏格兰数学家彼得·格思里·泰特 (Peter Guthrie Tait) 一向热衷于在数学领域内猎奇, 1872年, 他用几何网格 (由一个个完全相同的平行四边形重复拼接成的模式) 表明, 每当一个螺旋形系统出现时, 必然会有另一个与之相关的螺旋形系统跃入眼帘。这就是为什么我们看到的由毗邻种子排列构成的螺旋线总是两族的原因。这两族螺旋线与相邻的斐波那契数有关, 而两者的模式来源却很不相同。尽管有了非凡的成功, 但这些都是纯粹的描述性方法, 没有解释有关数学原理怎样同植物生长联系起来, 而只是对各种几何图案作了分类。

探寻植物斐波那契数字特征深层原理的工作已经持续了3个多世纪, 现在, 这项任务总算基本完成了。1992年, 两位法国数学家耶斯·库代 (Yves Couder) 和阿德鲁勃·杜阿迪 (Adrueb Douady) 将斐波那契数列与大自然对植物生长的动态约束联系在一起, 从而为长达几个世纪的研究作出了阶段性总结。他们所做的工作 (也是本章将要论述的主课) 无可辩驳地证明, 植物中明显的数学模式, 的确来源于物质世界的普遍规律, 而决非偶然出现后又因进化得到强化的遗传现象。不过, 自然规律理所当然地必须与植物基因结伴才能真正发挥作用, 这是因为没有基因, 植物就根本不会存在, 更不要说植物

---

\* 布喇菲 (Auguste Bravais, 1811 - 1863), 法国物理学家。他于1850年首先推证出晶体只可能有14种点阵, 从而奠定了晶体结构空间点阵理论 (即空间格子理论) 的基础, 并因此被后人尊称为“晶体学之父”——译者注

的生长了。

斐波那契的兔群之谜包含着更多的有关植物数学的信息，这可能是一种奇特的历史巧合，也可能是自然界一种更深层的数学规律。在此，重要的不光是那些数字，还包括这些数字出现的方式。关于分支状结构（兔子的谱系图即为一例），存在着一种令人惊叹的数学理论，斐波那契数只是浮出海面的冰山一角。我这样说，决不是故弄玄虚，事实上，这种繁殖方式甚至可以揭示有关植物的数字规律，帮助我们了解植物的所有形态。当然，植物物种也有分支现象。目前，我们已经能够借助计算机进行模拟，在数学规则的指导下培育出现实生活中的青草、灌木和树木，等等。有些人坚信，这类数学规则就是说明植物自身如何生长发育的关键。

我们先来谈谈数字特征。其实，要理解植物的斐波那契数是从何而来的，最好不要将注意力集中在计算规则上。从一定意义上说，两个数相加生成后续数的规则只是一种巧合，它是斐波那契数列的一个数学特征，但并不是这个数列之所以重要的原因。研究该问题最好的途径是观察植物的几何形态。

作为一个合适的出发点，我们可以先来看一看汤普森选用的一种重要的植物模式——向日葵种子的排列（彩图6）。这种数学模式十分引人注目，种子排成两族螺旋线，一族向顺时针方向盘绕，另一族则向逆时针方向盘绕，彼此镶嵌。此图例中，一共有34条顺时针方向的螺旋线和55条逆时针方向的螺旋线，看上去就像一个轮子的轮辐。这两个数字虽不相等，但都是斐波那契数，而且是数列中相邻的两个数。不同的向日葵品种在这两个数字上也有所不同，往往是34和55，55和89，或者89

和144。雏菊的花盘也有类似模式，只是略小一些。菠萝的菱形鳞片，一行行排列起来，8行向左倾斜，13行向右倾斜。挪威云杉的球果在一个方向上有5行鳞片，在另一个方向上有3行鳞片。常见的落叶松是一种针叶树，其松果上的鳞片在两个方向上各排成8行和5行，美国松则是5行和3行。如果是遗传决定了花朵的花瓣数和松果的鳞片数，那么为什么斐波那契数会受到如此器重？看来，这种数的出现很可能来源于某种更深层的数学机理，或许，植物生长受到了一种动态约束。现实证据支持这样的观点。

植物最初是以种子形式存在的，种子萌发后长出许多细小的根须，根须向地下生长，同时一枝新苗向上伸展，吸收阳光。直到植物长成，有关的奇特数字才开始显现，但新苗中早已隐含了这种数字特征，虽然那时肉眼未必可见。这种数字特征是在种子刚刚发芽的时候在动态环境中形成的。随着植物的生长，苗尖上不断有新的细胞出现。新细胞争相入位，排队形成了斐波那契螺旋线。如果你在显微镜下观察苗尖，就会看到苗尖中心有一块称为“顶”的圆形组织。顶四周排列着一个个细小的团块，称为“始基”。每个始基逐渐离开苗顶，确切地说，应该是苗顶不断生长，与始基分离，将它们留在原地，最后，这些始基演变成叶子、花瓣等结构。请注意，这些结构的整体排列是在开始时就以始基的形式确定下来的。所以问题的关键在于，为什么我们在始基中看到是螺旋形和斐波那契数。要知道，植物显示的各种不同的斐波那契特征都是从这一基本的几何结构中产生的简单结果。

首先我们应该知道，人眼非常容易看到的螺旋线（植物学

家称之为“斜列线”)并不能直接用来描述苗顶生长的实际过程。在一定意义上可说,这些螺旋线只是视觉形成的影像。最重要的螺旋线是按始基出现的先后次序排列而成的(图46)。较早冒出的始基移动得较远,因此可以根据始基离开顶的距离推知它们出现的次序。可以看到(图47),始基稀松地分布在一条盘绕得很紧的螺旋线周围,这条螺旋线称为“母螺线”。人眼可以辨认出那些斜列线,因为它们是由相邻始基构成的。\*但是,真正决定着数学模式的是那条母螺线。

布喇菲兄弟的杰出贡献是,他们发现了始基沿母螺线分布的数学规律。他们测量了从苗顶中心处看到的两个相继出现的始基间的夹角。第一个发现是,这些夹角大致相等,此角被称为“发散角”(例如,我们可以考察一下29号始基和30号始基之间的夹角,以及30号与31号之间的夹角,等等)。第二个发现是,准确地确定了发散角通常很接近 $137.5^\circ$ 。为了理解这个数在数学上的意义,让我们任取两个相邻的斐波那契数,比方

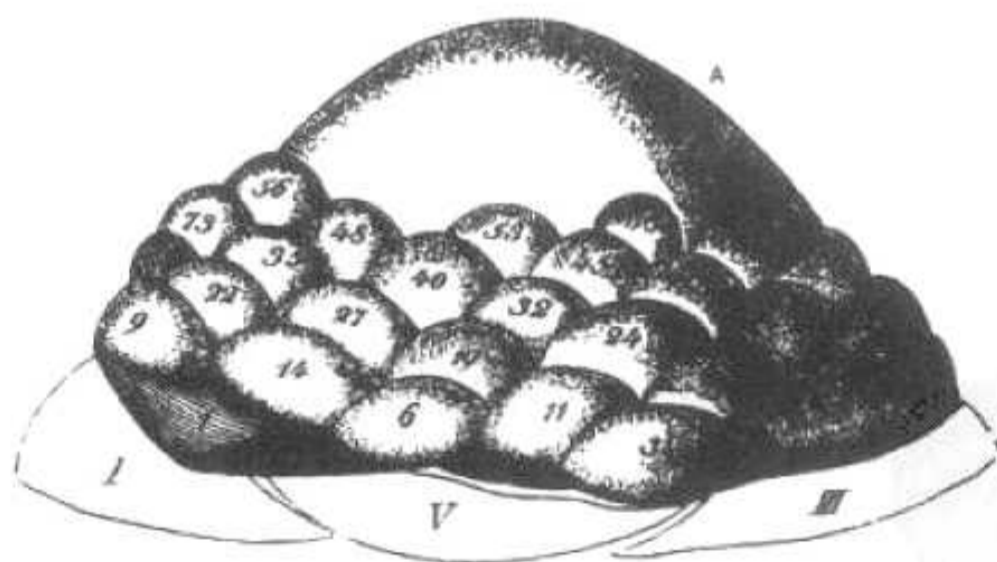


图 46 按出现次序编号的始基

\* 这里的相邻始基是指空间位置上的相邻,母螺线上的始基是在时间上相邻的——译者注



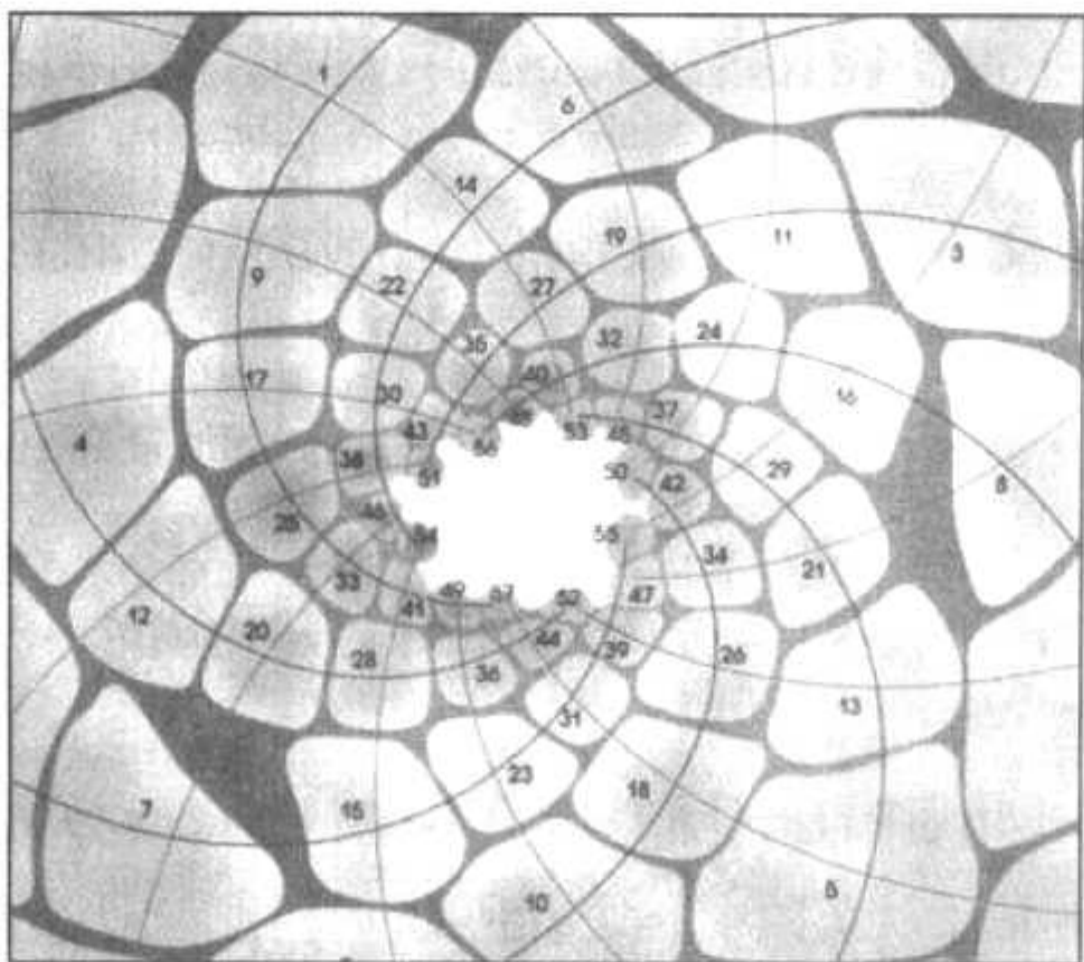


图47 始基在芽上分布的剖面图

34 和 55，将其比值  $34/55$  乘上  $360^\circ$ ，结果近似等于  $222.5^\circ$ 。同一个角的大小可分别从角的外部 and 内部进行测量。 $222.5^\circ$  大于  $180^\circ$ ，因此，我们用  $360^\circ$  减去这个值，就能得到那个神秘的  $137.5^\circ$ 。

可以证明，由于斐波那契数列中的数愈到后面愈大，因此两个相邻的斐波那契数之商将愈来愈接近  $0.618034$  这个值。例如  $34/55=0.6182$ ，与该值已相当接近。这个比值的准确极限为“黄金数”  $(\sqrt{5}-1)/2$ ，我们往往用希腊字母  $\phi$  来表示。相应地，我们将  $137.5^\circ$  称为黄金角，更精确的值应该是  $137.50776^\circ$ 。

布喇菲兄弟只是发现，黄金角受到自然界的偏爱，但他们并没有找到其中的原因。自然界喜欢使用这个数值，当然是非常奇特的，其中肯定有它的道理。为什么黄金角是基于物质世界理性原则的一个结果？是自然而非偶然的结果？在这个问题上，最早作出回答的是冯·伊特逊 (G. Van Iterson)。1907

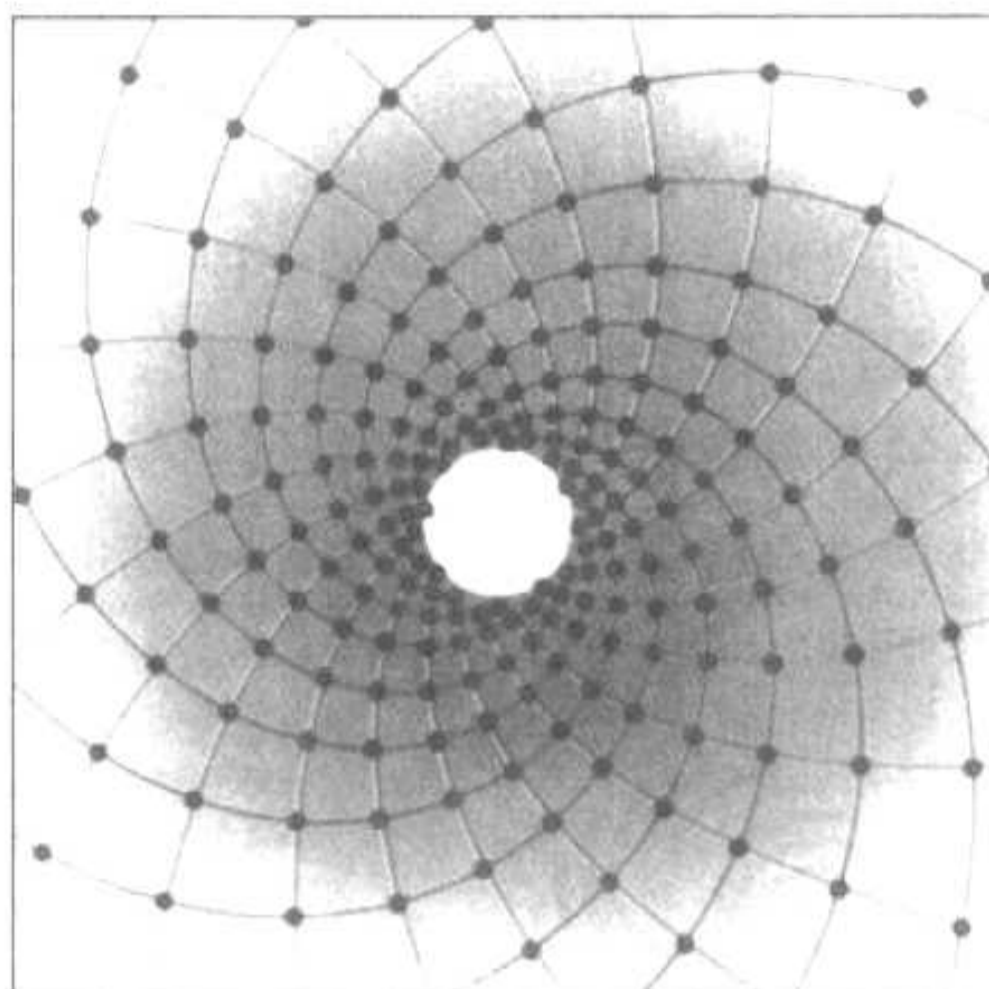


图48 沿着一条盘绕得很紧的螺旋线散布的各个圆点，彼此间按黄金角相隔，形成斐波那契螺旋线

年，伊特逊在一条紧紧盘绕的螺旋线上每隔 $137.5^\circ$  标定一点，由此得到一幅图案。他表明，根据相邻各点之间的位置关系，我们可以得到两族相互交叉渗透的螺旋线，一族绕顺时针方向盘绕，另一族绕逆时针方向盘绕（图48）。斐波那契数与黄金数之间有着密切的关系，两族螺旋线各自拥有的螺旋线条数就是依次出现的两个斐波那契数，至于究竟是哪两个斐波那契数，那就得看螺旋线盘绕得有多紧了。

伊特逊的理论仍然是描述性的：它仅仅显示了几何模式的关键特点，并未解释内在的实质原因或生物学原因。接着，沃格尔（H. Vogel）于1979年对该课题作了进一步研究。他的工作更侧重于弄清生成这种模式的原因。他用大小相同的许多圆点代表向日葵花盘中的种子，根据前述的布局规则（即保证发散角是一常数），尽可能紧密地将这些圆点挤压在一起。他通过计算机实验表明，如果发散角小于 $137.5^\circ$ ，那么花盘上



就会出现间隙，且只能看到一族螺线。同样，如果发散角大于  $137.5^\circ$ ，花盘上也会出现间隙，而我们此时看到的又会是另一族螺线。因此，黄金角是使种子紧密分布而不留间隙的唯一角度，只有这样，两族螺旋线才会同时出现（图49）。简言之，当发散角等于黄金角时，花盘上种子的分布最为有效，花盘也变得最为坚固壮实\*。这也是黄金角的特殊之处，归根结底，它反映了有效布局的几何原理。

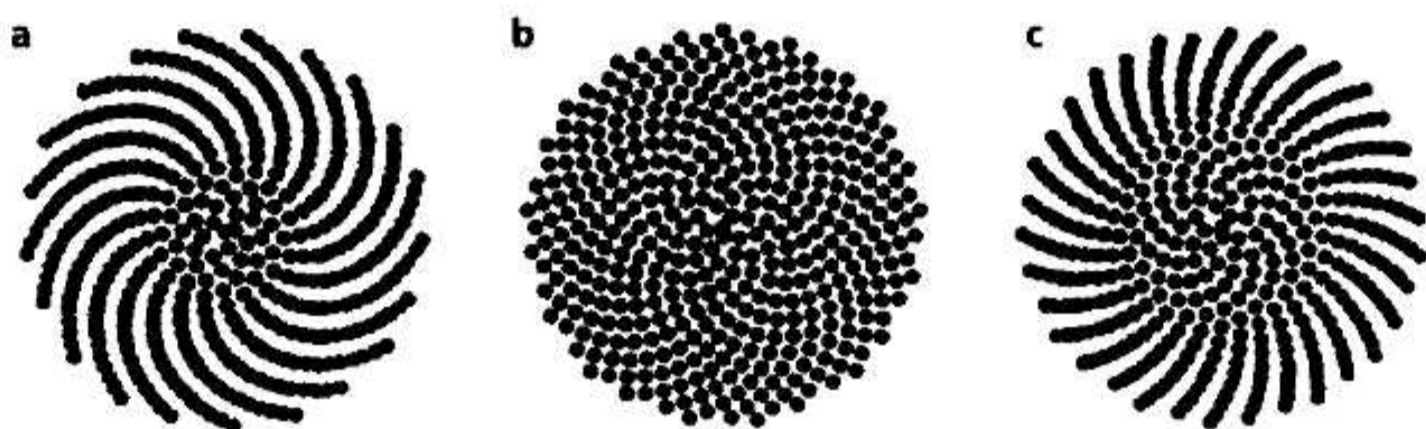


图49 发散角不同的各种布局  
(a)  $137.3^\circ$ ，(b)  $137.5^\circ$ （黄金角），(c)  $137.6^\circ$ ，  
其中只有 (b) 是有效布局

\* 为了说明其中的原因，我们假定发散角是  $180^\circ$ ，正好是  $360^\circ$  的一半。于是依次出现的始基将排列在相反的两条径向线上。如果发散角为  $90^\circ$ ，那就会得到4条径向线。事实上，如果发散角是  $360^\circ$  乘上一个有理数，即  $360p/q$ ，其中  $p$  和  $q$  均为整数，那就会得到  $q$  条径向线。在这种情况下，这些径向线之间存在着巨大的空隙，因而种子的布局就不是有效的。为了填补留出的空间，我们需要的发散角应当是  $360^\circ$  乘上一个无理数（无理数无法表示成分数的形式）。我们要使用的也许是一个最“无理”的数——数论工作者早就知道，黄金数就是这样一个无理数。实数可以分为无理数和有理数两种，但有些数会比另外一些数更“无理”，此话听上去实在有些奇怪。我们记得，黄金数  $\phi$  是数列  $2/3, 3/5, 5/8, 8/13, 13/21, 21/34, 34/55, \dots$  的极限，这些有理数是  $\phi$  的近似值：可以愈来愈接近  $\phi$ ，但永远不可能等于这个无理数。现在，为了衡量无理数  $\phi$  的特殊性，可以看一看这些分数与  $\phi$  的差值趋向于零的快慢程度。数论专家已经证明，与任何另外一个无理数相比，关于  $\phi$  的这些差值趋近于零的速度是最慢的。用有理数近似表达黄金数，效果很不理想；如果存在一种合理的方法对这种近似程度加以量化，那么你将发现黄金数的表现是最差的。因此，黄金数非常特殊——借助一种简单的数学特性，我们可以将它从其他类似的数字中挑选出来。其实，这也是沃格尔想要说明的论点——作者注

在生物形态问题上,有些解释仅仅指出了一个系统具有某种美妙或理想的特性,却不能说明为什么出现这种特性。生物学家们对于这种抽象的解释已经感到厌倦,因而不屑一顾。举例来说,“鸟长翅膀,目的是要飞行”,这句话不能算是对长翅膀的一种解释,因为它并没有告诉我们翅膀是如何演变而来的,而且也不能说明翅膀是否能够进化。这种说法充其量只能表达这样的意思:要是能够通过进化长出翅膀来,那该是多么美妙的事呀!但进化不会因为想法美妙而刻意选择某一特性,某种特性的形成,必然有其内在原因。有效布局就是一种巧妙的构思,它显然有助于植物结出饱满殷实的种子。但是,光有有效布局的愿望,并不能保证一定存在某种机制可以产生这样的植物。

杜阿迪和库代发现的就是这样一种机制。他们认为,黄金角乃是灵敏的动态系统所产生的结果,而不是直接建立在有效布局假设上的。他们的出发点基于这样一个假定:在顶边缘,每经一定的时间间隔就会有某种始基依次形成。随后,这些始基直接向外移动。他们还设想,始基就像同性电荷或同极磁铁一样,是相互排斥的。这保证了始基的移动不会停顿下来,而且每一个新始基的出现点都会尽可能地远离在它之前出现的始基。换句话说,每个新的始基都会在间隙中最空旷的地方冒出来。

这个系统很可能符合沃格尔关于有效布局的标准,这是因为,最大的间隙如果能不断得到充填的话,那么最后剩下的就只有那些小间隙了。因此我们有理由相信,黄金角是可自动出现的。现实情况也确实如此。杜阿迪和库代用了一个模拟实例证明了这一点。他们将盛有硅酮油的圆盘置入一个磁场,然后

让某种磁性液体定时滴入盘子中央。磁场使液滴带上了相同的磁性，因此这些液滴将互相排斥。盘子周边的磁场强于中央，从而会对液滴产生一个沿着径线的推力。液滴形成的模式（图 50）取决于液滴下落的时间间隔，但最常见的模式还是发散角接近于  $137.5^\circ$  的螺旋线。由此，我们通过实验生成了向日葵盘中的那种两族螺旋线相交的模式。杜阿迪和库代继而又用计算机进行了模拟，同样得到了十分相似的结果。

为了彻底解决这一问题，孔兹（M.Kunz）于 20 世纪 90 年代中期为这类动态系统的模式给出了完善的数学证明。前述两位法国数学家已经发现，发散角的度数取决于液滴滴落的时间间隔。这一结论是根据著名的几何分歧坐标图得出的，这种坐标图看上去就是一系列蜿蜒的曲线（如图 51）。每条曲线上相邻两个弯折点之间的曲线段分别与一对特定的数字相对应，而这对特定的数字正是两簇螺旋线的各自条数。图中最主要的一根曲线的出发点十分接近于  $137.5^\circ$  的发散角。在这根曲线上，包含着所有可能的斐波那契数对，并且每一对斐波那契数在整个斐波那契数列中都是前后相邻的。同时，每一对斐波那契数就是两簇螺旋线的条数。曲线与曲线间的空隙则代表动态

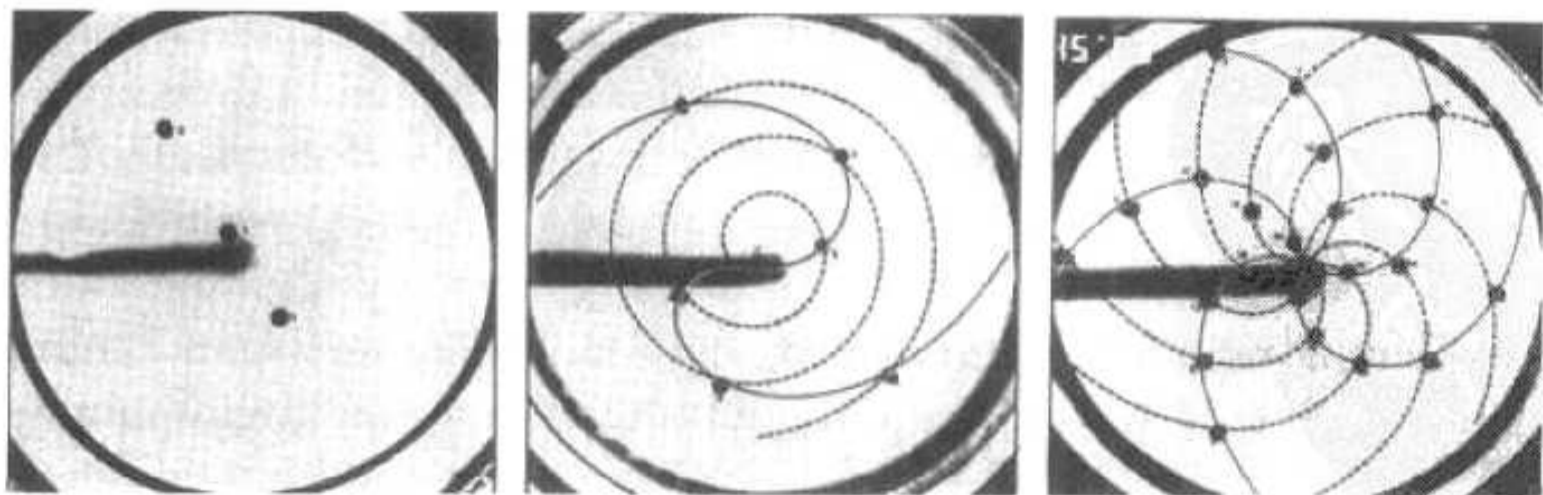


图 50 用带电油滴进行实验所观察到的斐波那契螺旋线



系统在经历重大变化时出现的分歧点。

当然，图上还有一些曲线的走向并不靠近 $137.5^\circ$ 。不过，这不能算杜阿迪—库代理论的一大缺陷，相反是个优点。我们应该能够注意到，其中一条最主要的例外曲线对应的是异常数列3, 4, 7, 11, 18……该数列本身也是植物王国斐波那契数列的一个重要特例。于是，只要适当调节液滴下落的速度，该模型不仅能产生满足斐波那契规则的模式，而且能产生斐波那契规则的特例情况——为什么会出特例的原因在这里已经说得很清楚，因此所谓特例也就谈不上有何特殊之处了。当然，没有人会说，植物学就像这个模型一样，进行的完全是一种数学研究。特别需要指出的是，在许多植物中，始基出现的速度

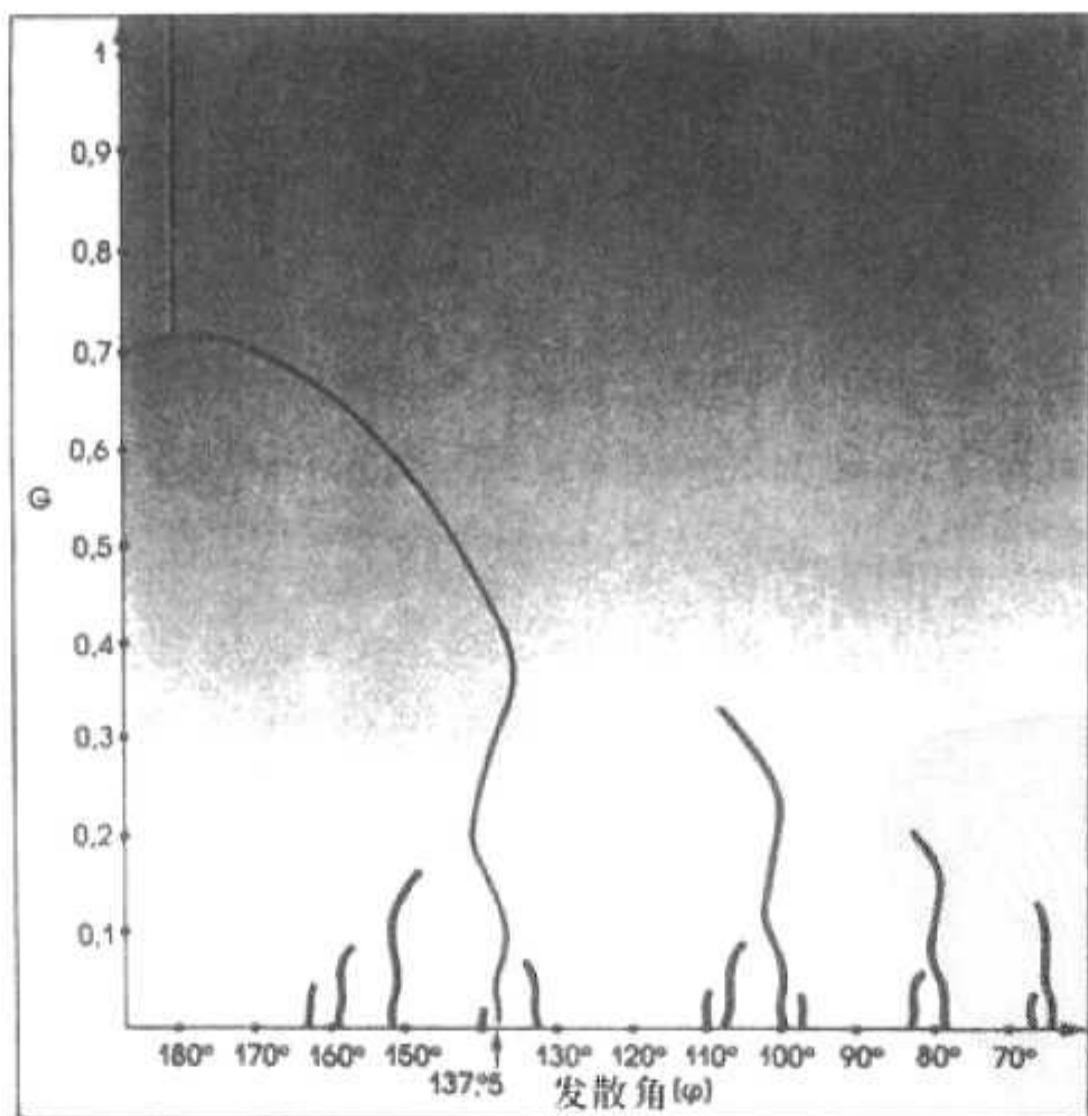


图51 螺旋线的分歧坐标图。纵坐标“G”表示新始基的出现速度与其远离顶的速度之比

可快可慢，不同的形态（比方说，某个始基到底发育成叶子还是花瓣）往往是伴随着这种速度改变而出现的。植物基因所起的作用会不会仅仅表现为对始基冒出时间的影响？可以肯定，基因没有必要告诉始基在空间上应该如何分布——那是动态系统应做的事。植物的生长是物理学和遗传学合作的结晶，因此我们需要同时从两个方面加以理解。

在拼完最后一块植物生长的“七巧板”以后，我们终于认识到，植物显示的数字特征乃是植物生长在动态过程中必然会产生的一个结果，受到了数学规律的严格约束。如果在某个远离我们的世界，存有某种完全不同于地球生命的物种（那里的遗传学并非建立在DNA基础之上），存有类似植物的生命体，并用相同方式生长，那么它肯定也会显示出斐波那契数字的特征。斐波那契数决不是偶然的，它们是普通几何学的必然结果，也是植物结构晶体学的必然结果。事实上，植物离不开斐波那契数，就像盐的晶体必然具有立方体形状一样。

就在杜阿迪和库代埋头钻研始基动态过程的同时，其他一些数学家，包括我们要特别提到的阿里斯蒂德·林登迈尔\*，则在想方设法探索植物形状的奥秘。他们非常希望能对植物分支的各种模式作出合理解释。仔细观察一下花草和灌木，我们通常可以发现，它们的枝条并不是随机分叉的，其中有规律可循。举例来说，分支后会形成一较长枝和一较短枝，每一枝再以同样的模式分支。十分巧合的是，这种分支现象背后的数学原理也可以在斐波那契兔子繁殖问题中找到踪影。当然，我们在此考虑的是兔子种系的演变，而不是兔子总数的多少。

---

\* 林登迈尔 (Aristid Lindenmayer, 1925 - 1989) 德国生物学家——译者注

在决定植物分支的规则中，我们需要引入一个新的概念，谓之“分形”\*。分形是一种几何形状，无论放大多少倍后其结构还是令人捉摸不透。分形可以算数学中最有名的新概念之一，这也许要归功于它们的迷人之美。现在市场上可以买到印有分形图案的短袖衫和啤酒杯，甚至还有七巧板。这一名称是由贝努瓦·曼德布罗\*\*生造出来的，此人是现代分形几何学及其应用科学的开创者。分形为模拟自然界的不规则现象开辟了一条新途径。这类不规则现象包括云层、山脉、河谷、凹坑、密布的月球地貌、海湾和地岬，以及树木、叶子、青草、蕨类植物，等等。从一定意义上说，分形抓住了自然界中一类几何形的精髓，它们恰恰符合人们的自然审美观。也许正是因为如此，我们才会在短袖运动衫、啤酒杯和字谜游戏中看到那么多类似图形吧。

分形能够揭示隐藏在自然界中的规律。最简单的分形是自相似的，意即其形状是由自身拷贝拼接而成的。一棵树的树干分为两枝时，每枝看上去都很像一棵完整的树。有时你甚至可以将树枝栽种在地上，一棵新树就此长出来。从这层意义上说，一棵大树是由它的两个拷贝复合而成的。这种拷贝并非完美无缺，树只能在统计意义上做到自相似，而不可能做到严格意义上的自相似，但每一部分看上去的确都像一棵树。在现实世界中，我们不可能找到完美无缺的分形，正如我们找不到完

---

\* 分形 (fractal) 又称“不规则碎片形”，是一种几何形状，被以越来越小的比例反复折叠，从而产生的不能被标准几何所定义的不标准的形状和表面。分形尤被用于对天然不规则模型和结构的计算机模型制作中——译者注

\*\* 曼德布罗 (Benoit Mandelbrot 1924 - )，立陶宛数学家、物理学家，分形理论的创始人，现任耶鲁大学数学教授，曾获物理学沃尔夫奖——译者注

美无缺的球体一样。两者都是数学上的抽象概念，现实世界中的物体总是有所缺陷的。现实世界中的分形并不是放大到任何程度都会具有类似的结构，这种描述只能在一定的放大范围内适用。要是你将一棵树不断分解下去，最后你所看到的将是许多原子，而不是微型的树。植物世界中到处都有可用分形进行合理模拟的形态。一个突出的例子就是花菜（彩图7），其花序中的小花本身是由更小的小花构成的，而这些更小的小花也一样……到此为止，你应该明白是怎么回事了吧。这种现实中的分形与数学家们所说的分形有所不同，它不能被无穷无尽地分解下去，但其中包括的分解次数肯定比你想像的要多。

林登迈尔创立了一种能够生成分形形态的代数系统，该系统类似于植物的分支结构，也要用到“分支规则”。这一系统现在被称为“林登迈尔系统”或简称“L系统”。最简单的L系统可以追溯至斐波那契数的来源，即兔子繁殖问题。让我们回忆一下这个问题：假定在第零个繁殖季节内有一对未成年的兔子，经过一个季节后，这对兔子进入了成熟期；每对成年兔子在一季中正好能够繁殖一对幼兔，这对幼兔同样需要经历一个季节才能进入繁殖期；所有兔子都不会死亡。试问：各个季节中到底有多少对兔子？

要解开这一谜团，传统方法是列出一组方程，并用代数方法求解。不过，我们在这里想考察一下兔子谱系图的分支规则，因为该研究将帮助我们了解植物的分支规则。我们以字母I代表一对幼兔，M代表一对成年兔。分支规则将有以下形式：

$I \rightarrow M$ （一对幼兔在一个季节后长成一对成年兔）

$M \rightarrow MI$ （一对成年兔存活下来，并繁殖出一对幼兔）

开始时是一对幼兔 (I)，重复应用上述两条分支规则，就会得到下述符号序列：

$I \rightarrow M \rightarrow MI \rightarrow MIM \rightarrow MIMMI \rightarrow MIMMIMIM \rightarrow \dots$

针对以上每一个符号序列，我们只要应用相同的分支规则，就能得出下一个符号序列。现在，我们来计算一下符号数。例如，上面列出的最后一代含有 5 个 M 和 3 个 I，总共是 8 对兔子。3, 5, 8 是连续的三个斐波那契数。这种增殖模式可以永无休止地继续下去。

我们也可以不去计算符号数，而将这些符号翻译为树形图上的分支（图 52）。此时，在我们为植物构建的模型中存在两类方格：一类是未成熟方格，经过一个季节后便能发育成熟，并发出分支；另一类是成熟的方格，它既能生成一个未成熟方格，同时自身也在不断生长。这不再是一幅兔子的谱系图，而成了一棵简单的树，或者说是一株类似树的植物。林登迈尔还提出过另外一些规则，这些规则同样适用于此类系统；一些规则可以被认为是一种比较灵活自由的元胞自动机。例如，图 53 是红藻在第 15 个生长期内的示意图。它依据的规则是：

- ◇ 在红藻主丝基部的三个细胞没有分支。
- ◇ 后继的每一个细胞都有一条分支。
- ◇ 任一生长期内，主丝顶尖下方的四个细胞没有分支。
- ◇ 每一分支都照搬主丝的生长模式。

图 54 罗列的是一些不同种类的 L 系统植物样本。其中既有确定型 L 系统，也有随机型 L 系统，还有环境敏感型 L 系统。这类系统的生成规则与环境限制是密切相关的。环境敏感型 L 系统可以非常真切地模拟真实植物（图 55）。普里赞斯劳·普





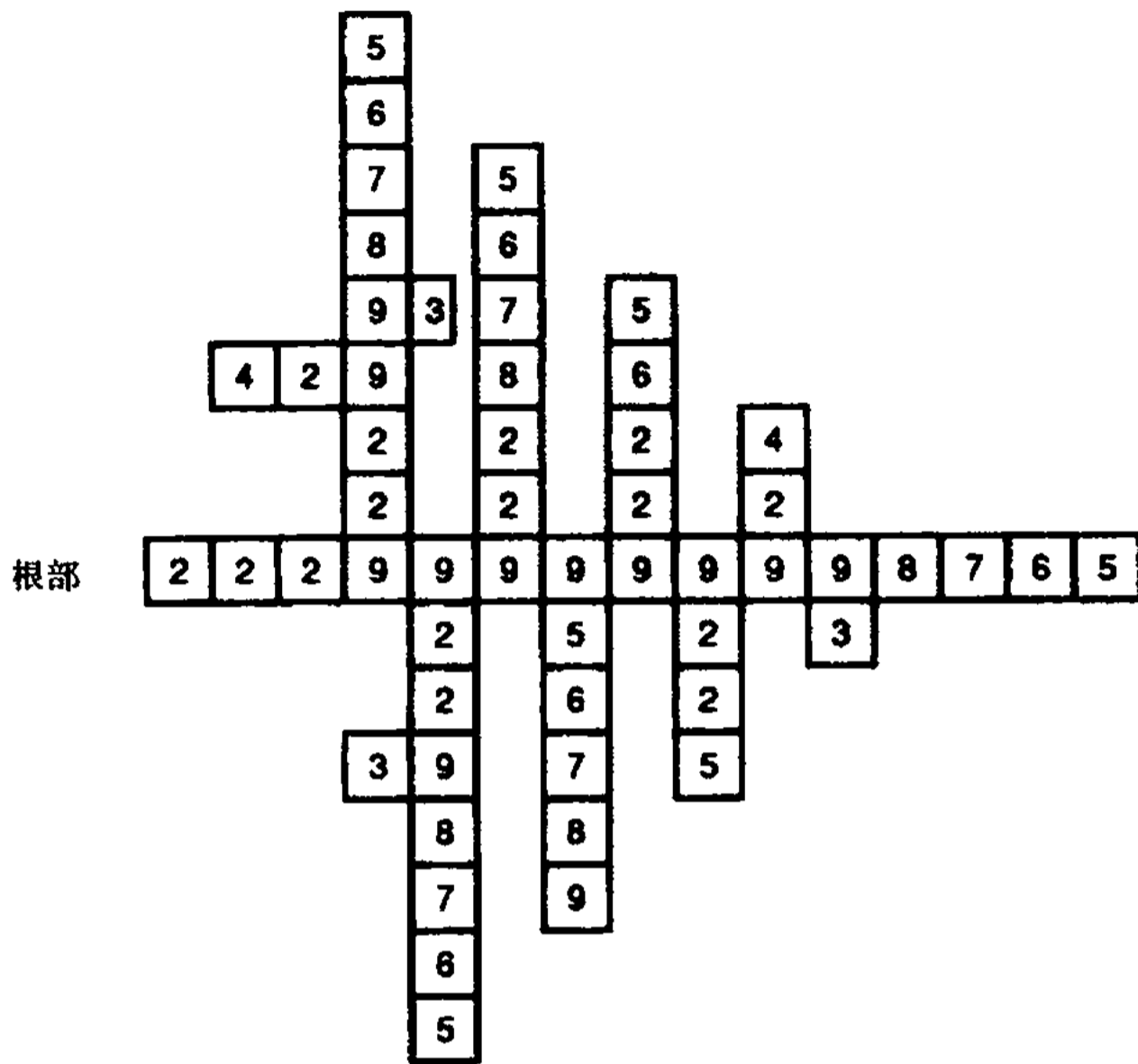


图 53 红藻的 L 系统模型

认为,我们不能过于依赖数学家们为再现植物分支模式所用的某些固定方法。我的意思并不是说,植物可以利用L系统的规则计算自己的形状。不是这样的,我的观点是,实际情况会更加微妙,也更加合理。某种因素促使植物在生长过程中发生分支,这种因素可能就是遗传指令。毫无疑问,正是遗传指令告诉雏菊一定要成为雏菊,告诉毛茛一定要成为毛茛。不过,基因借助于普遍适用的数学规则,采用了物理学和化学自动提供的某种自然分支模式,这样的说法是合乎情理的。分支乃是分歧的一种形式,举例来说,冰晶的端裂失稳就能产生一种特有的分支模式,这与在蕨类植物中发现的现象没有什么两样。因此我们可以说,物理学为分支过程提供了稳定的来源。

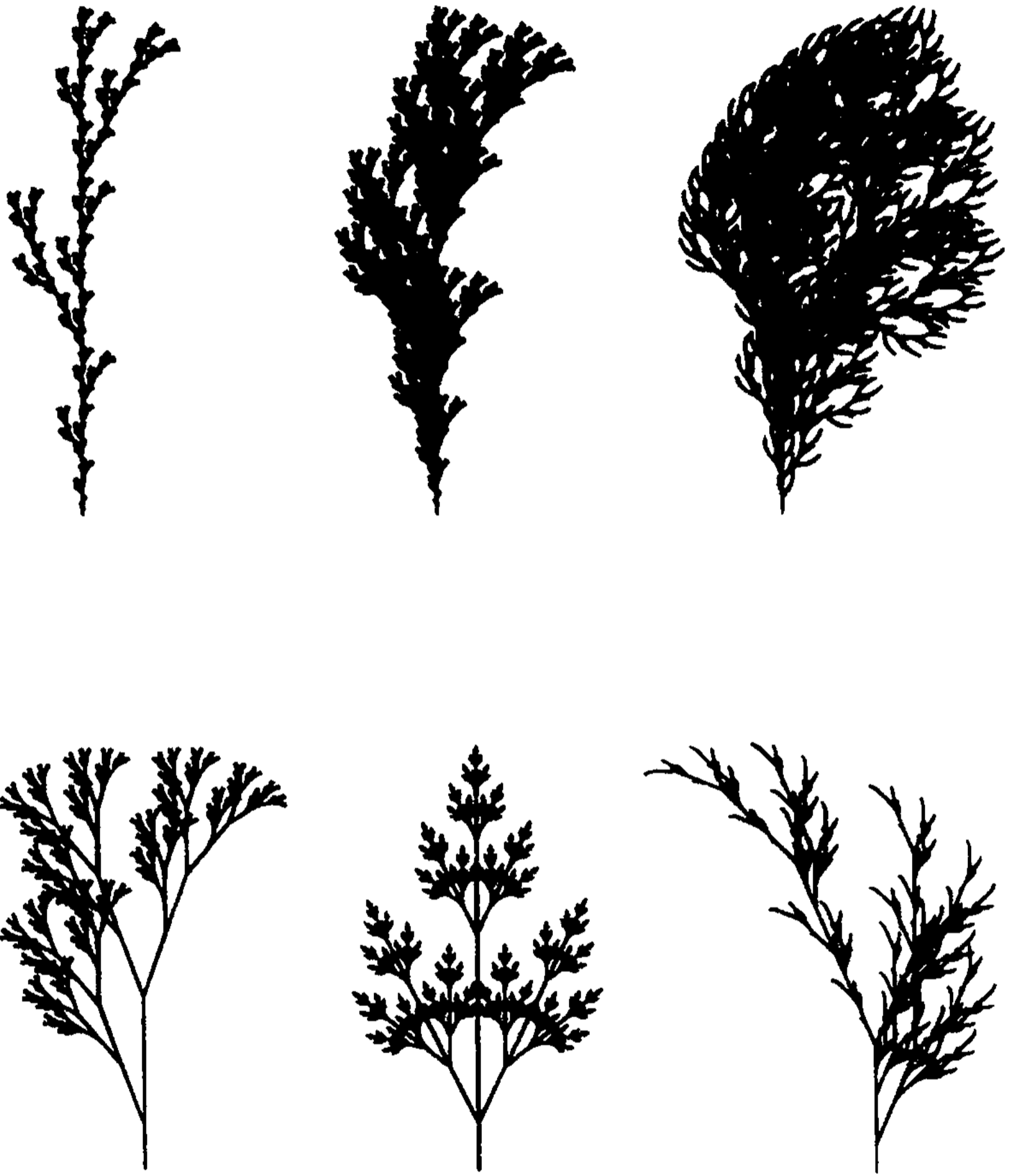


图 54 确定型L系统生成的植物形状

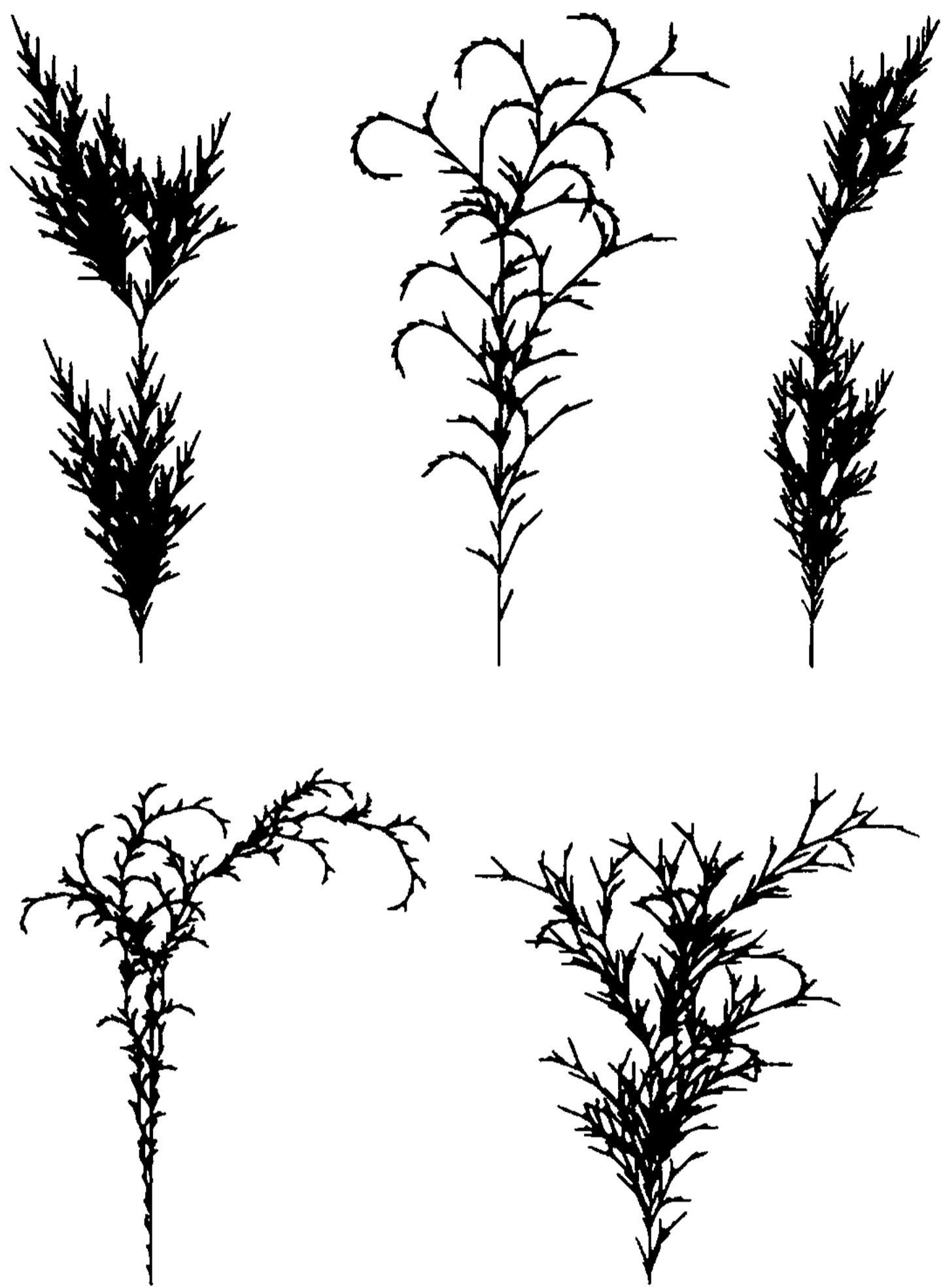


图 55 环境敏感型L系统生成的植物形状

对于L系统的林登迈尔规则来说，关键特征就是自相似性——这些规则不但适用于主枝，而且适用于细小分支。自然的分支模式为植物生长提供了一条非常经济的途径，而且与植物在几何形态上的自相似性也相符。生长中的植物在不同生长阶段都能利用同样的物理学规律。特别值得一提的是，扦插的树枝有时也能发育成完整的大树。因此，由L系统规则总结出来的规律性，与斐波那契数字特征一样，都是植物生长的动态机理所产生的结果。分形数学就是人类掌握自然界这类特殊规律的工具，就好像微积分是我们掌握万有引力定律的工具一样。它既是数学发挥功能的方式，也是我们认识自然界模式的武器。

那么，基因的作用何在呢？基因告诉植物应当成为怎样的植物。换句话说，基因负责从自然界的“摸彩袋”中选取一种特殊模式，而这些模式本身是由数学规则提供的。要是我们不懂这些规则，不清楚隐藏在规则背后的数学原理，那么基因的真正作用将是永远无法解开的谜团。



## 第七章

# 成形素和蒙娜·丽莎

同时，在解释这些现象时……我们要试图表明，此类行为并未超出人们所认识的自然行为和现象的范畴……这些行为和现象在某种意义上都可以说是动态系统的规律，都可以归结为自然科学的一般性原理。

汤普森：《生长与形态》，第四章

在森林的边缘，阳光穿过浓密的枝叶，在地上形成光怪陆离的图案，枝叶在夏日的微风中摇曳，地上的光影也时隐时现……一只蝴蝶舒展着色彩缤纷的双翅，懒洋洋地在鲜花丛中来回飞舞。花儿有5片花瓣，而5是一个斐波那契数。我们已经了解了其中的原因，但蝴蝶的简单思维却完全集中在植物的花蜜上。

看着看着，我们开始认识到，蝴蝶身上也有数字。蝴蝶的翅膀多姿多彩，不仅仅是在颜色方面，而且表现于几何图形。孔雀蛱蝶的两只翅膀上各点缀着一个深蓝色斑点，犹如狐狸的双眼在一闪而过的车灯照耀下熠熠发光。凤蝶翅膀上一行行长方形黄色斑纹被整齐的黑线分割开来，仿佛是幼儿练习本上划着整齐线条以便书写。小苎麻赤蛱蝶翼尖上的斑马状花纹犹如黑色丝绒上散布着白色条带……小蛱蝶在翅膀的前缘点缀着三行黑色和橘黄色的齿纹……黑膀金斑蝶精巧的翅膀呈现出一条条尖刺的黑线，沿着优美的曲线穿越暗棕色的双翼……

大型动物又如何呢？虎皮惹人注目的美丽条纹，被布莱克\*

---

\* 布莱克 (William Black, 1757 - 1827), 英国浪漫派诗人。“惊人的对称” (fearful symmetry) 出自他的诗作《老虎》(The Tiger) 第一段——译者注

称为“惊人的对称”，谁能不为之啧啧称奇？橘棕色的虎皮上散布着黑色条纹，紧密地排列在面部，衬托出双眼和下巴周围的白毛，汇集成平行利落的四行触须（彩图 10）。猎豹周身点缀着显目斑纹，每个斑点就是一片棕色，周围以黑色相衬，斑点与斑点间被一行行白色皮毛隔开（彩图 11）。至于云豹，暗黄色的身躯上缀有斑点，看上去一半像豹，一半像斑马。这些动物的外表精美绝伦，但终究都归属几何。

在动物王国中，我们尚未找到植物世界那种显著的数字特征（多数动物的足数似乎是偶数，也许这能算一个数字特征吧）。但是，我们可以很有把握地说，动物身上也存在着种种模式，例如，关于形状的模式以及关于体表花纹的模式。

第一个运用数学研究动物体表图案的人是数理逻辑学家艾伦·图灵\*。他之所以闻名于世，是由于他在计算机发明过程中扮演了开创者的角色，并对计算数学的内在局限性提出了深刻见解。图灵发现动物身上的花纹存在着人们意想不到的统一性，这些花纹可借助于同一类型的方程求解得出。这类方程描述了若干种化学物质发生反应以后，在物体表面或某种固体介质中扩散的情况，因此我们将其称为“反应—扩散方程”。图灵方程与生物学现象并不完全匹配，因此，我们最好将其看作数学统治动物身体图案的一个简例。

当然，这类方程有时还是能够解释一些生物学现象的。例

---

\* 图灵 (Alan Turing, 1912 - 1954)，数学家、哲学家、密码学家，计算机科学创始人。一生论著无数，但许多文章都未经正式发表，后人将这些论文统一收集于《图灵文集》中。但直到 20 世纪 90 年代，人们还是能够不断地找到一些图灵从未发表过的论文——译者注

如，有一种漂亮的热带天使鱼——半环盖刺鱼，就像所有的天使鱼一样，它长着扁平的身体，背部宽阔，头部弯曲，形如鸟喙。面部呈白色，一道黑色的条纹越过双眼，配上深蓝色细边，显得十分引人注目。鱼体上 $2/3$ 的地方贯穿着平行的黄色和紫色条纹。这些条纹也许属于典型的图灵模式，但数学原理和生物学现象之间仍有一道屏障。有些图灵模式可以移动。如果天使鱼身上的条纹能用图灵理论解释，那么这些条纹也应当是能够移动的。

情况的确如此。1995年，绀户 (Shigeru Kondo) 和利吉朝日 (Rihito Asai) 两位日本科学家发现，经过几个月以后，天使鱼体表的花纹挪动了地方。在移动过程中，原来彼此间隔而很规则的图案出现了一些瑕疵，物理学家将这种现象称为“错位”。与此同时，天使鱼的整体形态也以独特的方式发生了改变，这与图灵方程预测的情况完全一致。

图灵理论还在另一些问题上取得了引人注目的成功。其中给人留下深刻印象的是对于贝壳花纹的研究。贝壳从自身边缘处不断生长，边缘处的外套膜分泌出新的结构材料和色素。色素乃是产生图案的根本。有的图案较单调，有的则十分精巧。亚洲有一种生活在泥土中的马蹄螺，其贝壳上的螺旋形条纹交织成一种扁锥形图案，而且每条螺旋纹都是由棕色、红色或绿色三种颜色构成的。澳大利亚蝶螺的贝壳犹如多彩的头巾，因而又有头巾螺的美称，各色螺旋形条纹相互缠绕，有绿色的、白色的和棕色的。大西洋中可以找到的日晷螺呈扁平螺旋状，浅灰的底色上规则地散布着一个个黑点。欧洲、加勒比海地区和日本的梯螺在长长的壳体上点缀着奇形怪状的凸缘，有时看上

去就像一只竹篮。海螺壳上覆盖着一条条棕白相间的不规则波状线，就像用钢刷刷过一样。玉螺壳体上的图案更是五花八门：中国玉螺呈现出一行行井井有条的黑色方格；斑马玉螺显示出一行行平行的弯曲条纹；蝶形玉螺的条纹本身就是由更加细小的条纹构成的；斑状玉螺壳体上布满了间隔有序的小三角形。子安贝的壳上大多具有斑点，有的较大，有的较小，有的十分规则，有的凌乱不堪；帽螺看上去就像一粒薄荷糖，棕色条纹和白色条纹相间着。这种相间的条纹可以从壳尖一直延伸到壳口，也可以一圈一圈地横绕在壳体上。有时候，条纹会破碎成一个个小方块：■ ■ ■ ■ ■。特别显得神秘莫测的要算榧螺了：吓淋榧螺呈圆筒状，浅色壳体上点缀着散乱的棕色三角形。庠斗螺、蜗螺，特别是鸡心螺的壳体上也可以找到类似图案。活的纺织螺壳体背景为浅棕色，贯穿着波状的深棕色条纹，并缀有一片片白色三角形的贴花，每个三角形都有细细的黑色镶边，看上去就像鲨鱼的牙齿。号称为海洋之花的橄榄绿鸡心螺，装饰着一圈宽阔的浅棕色螺旋纹，隐藏在精巧的细线三角形网格中，几乎很难看到。鸡心螺可能是最多姿多彩的，壳体表面的图案可以像花布、大理石、山脉、老式的计算机穿孔带、莫尔斯电码线，也可以像一位漫不经心的漆工在墙上乱涂而成的一块块污渍。

五彩缤纷，令人目不暇接，精美绝伦，使人如醉如痴。看来，要用数学公式生成如此多娇的自然画卷，简直是异想天开。然而，数学有这种能力。事实上，只要借助于图灵用来模拟动物身上花纹的那个公式就能做到这一点。更令人称奇的是，图灵模型不仅能够生成这类不规则图案，而且做起来还相



当容易。例如，在普鲁辛凯维奇和德博拉·福勒 (Deborah Fowler) 绘出的彩图 12 中，左面是一个真实的 *Amoria elhoti* 螺，右面则是用计算机模拟合成的图样。汉斯·迈因哈特 (Hans Meinhardt) 曾对贝壳图案作过深入研究，他认为，这些图案尽管式样繁多、精美无比，但都能用图灵方程生成。彩图 13 是迈因哈特的另一杰作。更有意思的是，劳普 (D.M.Raup)、伊勒特 (C. Illert) 和另一些工作者甚至找到了描述贝壳外形的方程。

尽管图灵理论取得如此超凡的成就，但我还是要提醒读者，不要以为图灵理论是无所不能的。图灵方程仍然存在一些问题。事实上，这些方程并非总是与实验结果保持一致，尤其在特殊温度环境中，生物体的生长方式就无法用这些方程来解释。此外，有些动物身上花纹图案的产生原因似乎与此完全无关，比如，一排排细胞可能彼此分离从而出现了一缕缕条纹。当然，最初的图灵理论已经衍生出许多现代的分支理论，试图对这类现象作出诠释。

我们再来谈谈动物的形状。形状和图案同属一门学科，它们是形态学研究的两个方面。广义上说，可将这两个方面统称为形态。研究生物发育过程中生命体发生的形态变化的科学，称为“形态发生学”。总的来说，图灵及其反对者都认为，出于同样一种机制，形状和图案早在生物的胚胎阶段就已确定下来。化学反应的模式是提前准备好的，一旦到达适宜的发育阶段，色素的分泌就会被激发，从而生成某种图案，或者细胞的变化被启动，从而生成某种形状。但要问确定预模式的具体机制到底是什么，双方就有分歧了。这样的变化大都具有遗传成

分，这不足为奇。某些特殊基因同时激活了各种细胞，刺激色素生成，促使细胞修改自身形态并改变自身的力学或化学特性。但是，这类基因活动的模式全都取自图灵的数学模式，而且没有作任何更动。

看来，DNA的确是在按照一定的方式指导着形态发生的过程。但是，生命体的反应必定涉及到物理学和化学定律。我们对DNA本身以及DNA制造蛋白质的过程已经了解得很多。但是，这些蛋白质是如何与其他DNA产品井然有序地组合起来从而生成完整生命体的呢？对于这一问题，我们还知之甚少。这很让人感到遗憾。事实上，生物的发育问题是当今科学面临的最大挑战之一。生命体是怎样调节、控制自身生长模式的？是什么因素为动物制定了形体发育计划？动物形态又是怎样从DNA设计图上转移到发育装配线上的？发育中的生命体所用的活性材料怎会知道应该长在哪里，长成什么样子？对这类问题的解答，势必涉及化学、生物学、物理学和数学，单纯依靠其中任何一门学科都是不行的。

生物发育过程的控制包含着遗传学和数学两方面的因素，有关这一点，我们逐渐获得了愈来愈多的知识。20世纪80年代，遗传学家们发现，果蝇的许多不同基因都是由一个共同的DNA序列作先导的，其长度约为180个碱基对。另外，在许多其他生物体内也找到了与此相同的序列。这一序列经历了大量进化变革仍然能保留下来，说明它一定发挥着非常重要的作用，以至自然选择不容许它有任何改变。该序列被称为“同源框”。现在看来，同源框是基因的一种分子调控器或开关，其作用要比生成蛋白质的基因高出一个层次：同源框调控的不是

蛋白质，而是其他基因。我们可以借助荧光染料观察染色体中处于激活状态的基因。20世纪90年代进行的某些研究表明，当环境适宜时，果蝇幼虫的活性基因会造成条纹状区域（图56）。接着，幼虫沿着这些条纹的边缘分为若干节。这一现象清楚地显示了生物基因的活性与生物整体形态以及图案之间的联系。1986年，安德鲁·拉姆斯顿\*表明，在老鼠胚胎的神经管中也可见到同一类模式，从而在果蝇以外的生物体上找到了佐证。决定胚胎结构的基因在同源框的调控下，按照一种空间布局的方式被激活。当然，基因通常要与物理规律（在这种情况下是化学规律）结伴，才能发挥自己的作用。因此，同源框远不是问题的最终答案。

图灵并没有通过观察基因组去了解生成不同模式的基因是

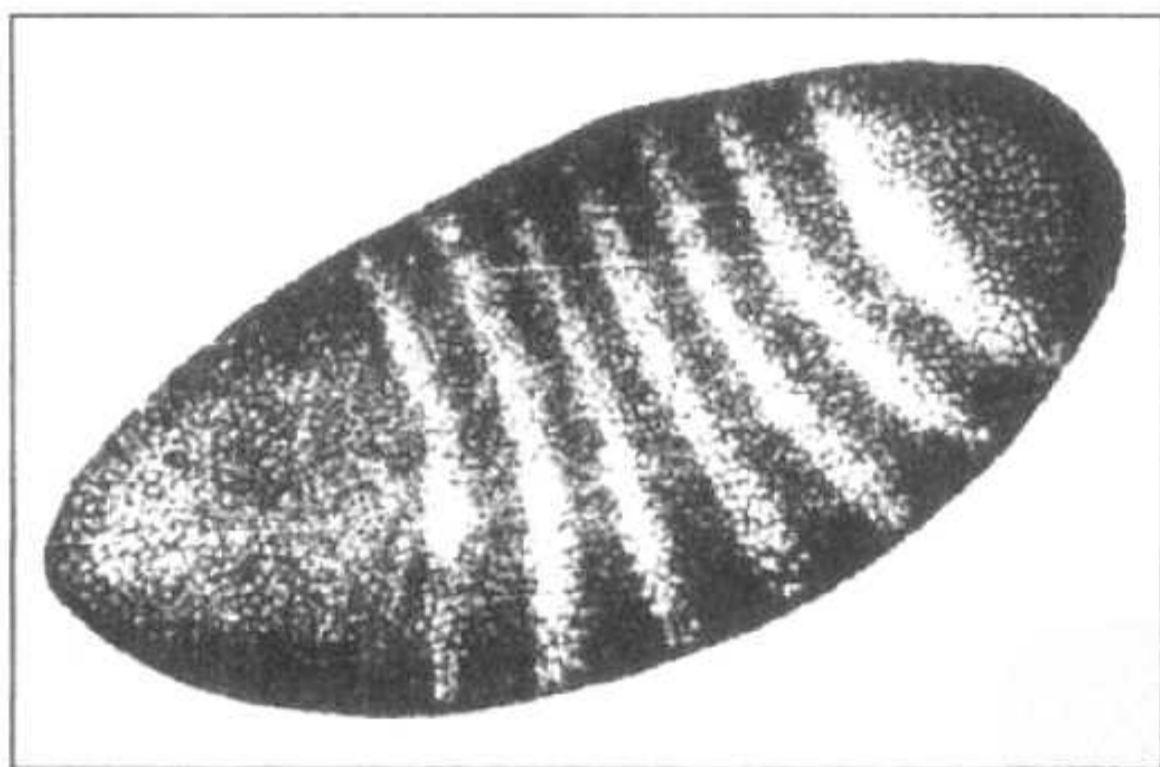


图 56 果蝇幼虫基因激活时产生的条纹

---

\* 拉姆斯顿 (Andrew Lumsden)，英国神经生理学家。其研究领域包括：脊椎动物胚胎的神经发育及分化、植物细胞的分裂及其在植物生长、发育过程中的作用、酵母的遗传及分子生物学，等等……译者注

如何被激活和失活的,而是把注意力集中在模式生成的一般原理上。他认识到,处于发育过程中的生命体,存在着一种或多种适当的化学物质,这类化学物质遵循反应-扩散方程建立起一种预模式,随后在这种预模式的基础上形成图案或形状。他将这种化学物质称为“成形素”。通过计算他发现,一系列成形素相互作用并向组织中渗透,这样便可解释模式生成的机理。一开始并不需要注入特定的模式,因为模式可以通过物理学和化学规律的作用自动生成。

事实上,模式是借助对称破缺出现的。图灵方程总有一个无效解,与之相应的是一种均匀状态,此时化学物质的浓度处处相同。如果这种均匀状态就是预模式,那么即将产生的生命体全身都会是一个样子。因此,与均匀状态对应的是一种毫无意义的形态。但由另一种情况导致的结果却很有意义。由于均匀状态是不稳定的,化学物质的分布只要略微失去一点均匀性,就会加速均匀性的进一步丧失。看上去,这种均匀性的丧失只不过会产生一小块化学物质的浓集区域,但是在扩散作用的影响下,这种浓集区域会成倍出现。图灵发现,这一过程促使这些区域在空间上系统地排列,形成了类似的斑点、条纹和其他几何图案(图57)。

图灵理论似乎找对了方向,但前提条件是那些特殊的化学物质亦即成形素的确存在。生物学家们并没有找到这种化学物质。不过,要在一个生物体内寻找某种化学物质,的确是一件让人头痛的事,再说我们又不知道这类化学物质到底会是什么样子。因此,生物学家的失败是理所当然的事。化学家们却成功地证实了图灵的数学理论适用于现实中的化学



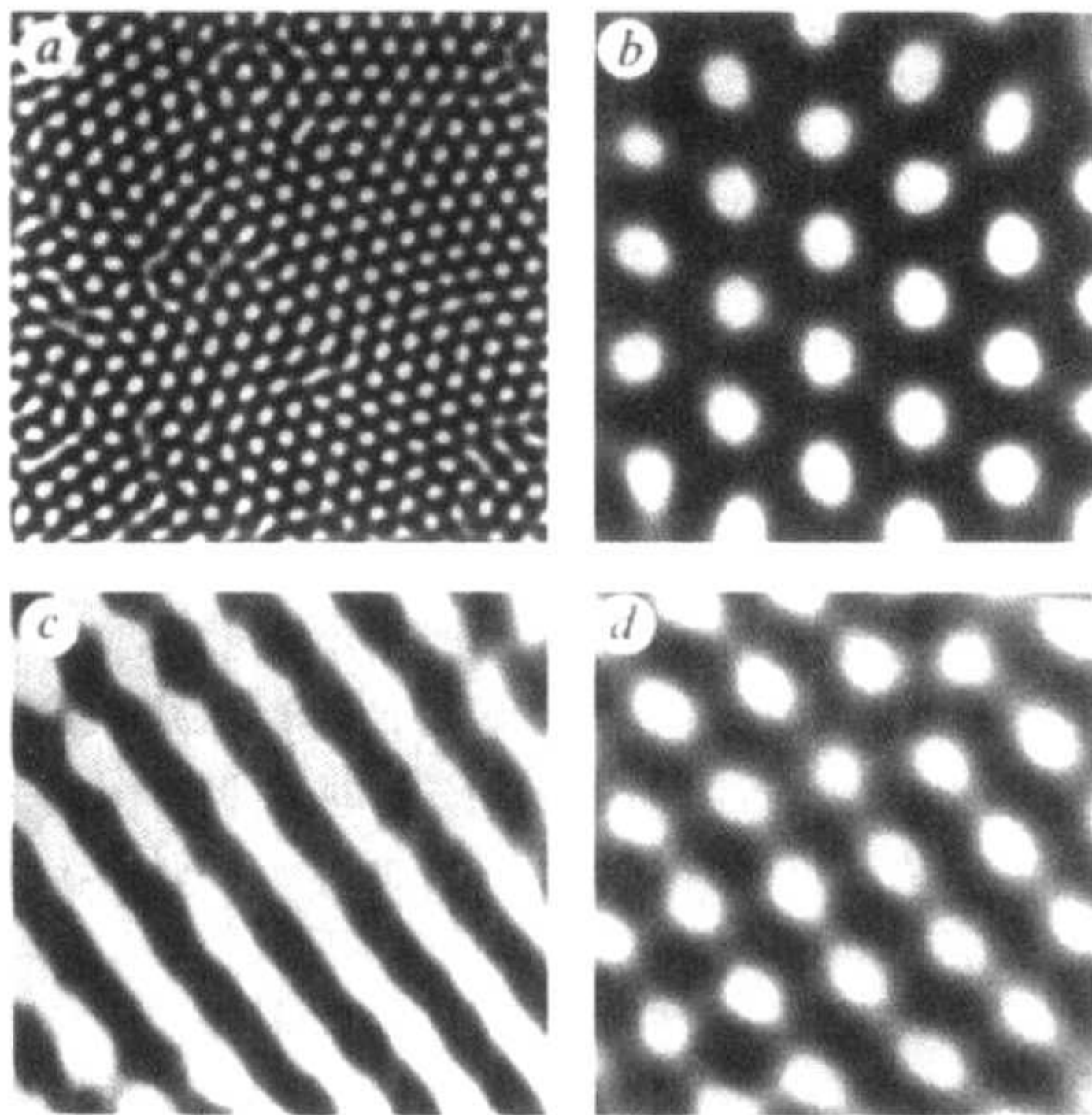


图57 实验中通过反应-扩散过程生成的图案，其中包括六边形、斑点、连续条纹和断点条纹

物质。BZ反应就是现实世界中图灵模式的成功范例。我们记得，这种模式是由一组同心圆环和旋转的螺旋线构成的。

同心圆环和螺旋线在动物身上并不多见，但是，反应-扩散方程还可以产生许多其他模式，诸如条纹、斑点和花斑等等。这些模式的确可能出现在动物身上。杰姆·默里（Jim Murray）曾用一种与图灵方程相似的方程，研究长颈鹿身上的花斑（图58）以及斑马和大型猫科动物身上的条纹（图59），并且得出了一条让人难忘的定理：“一只躯体布满斑点的动物



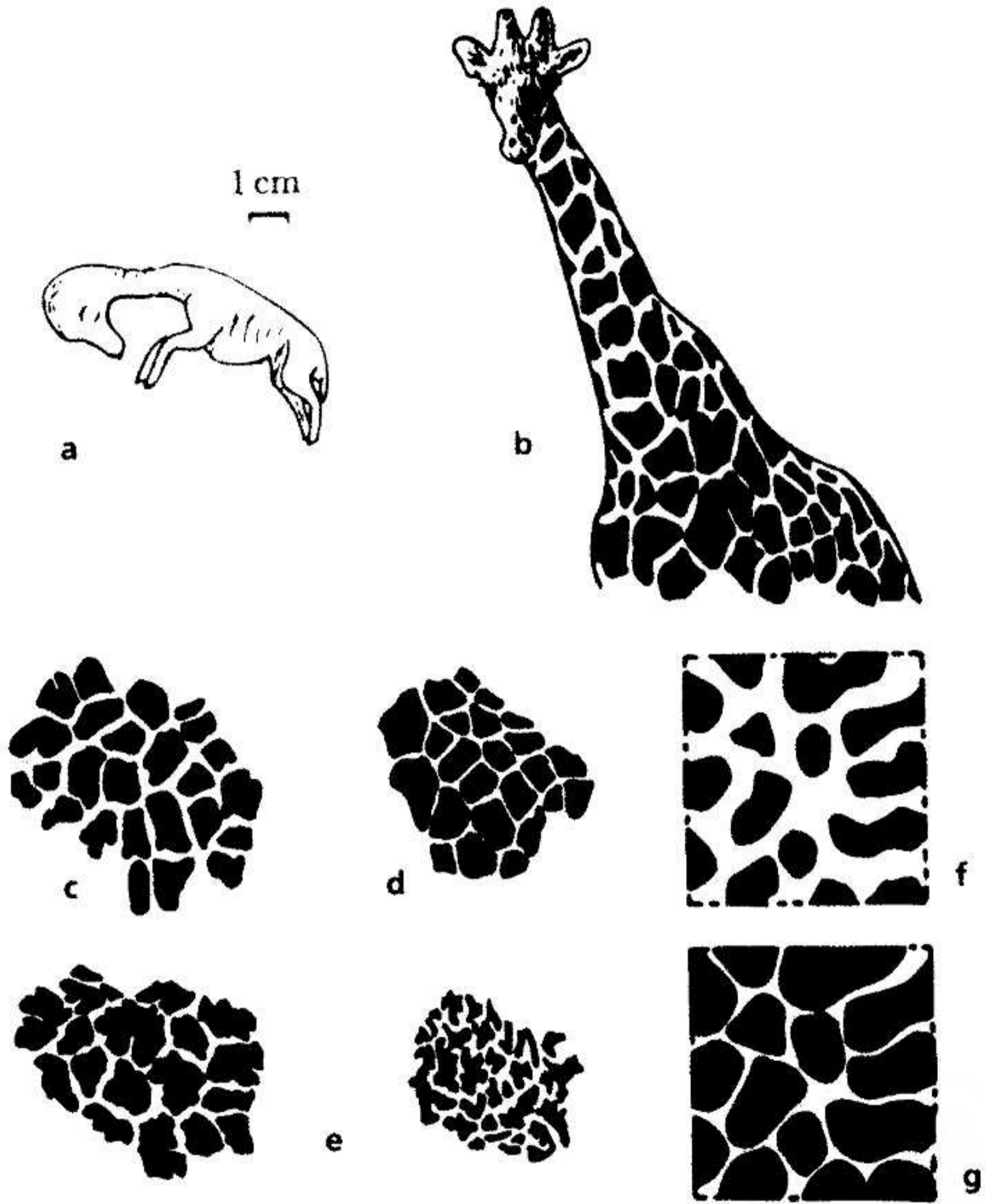


图 58 对花斑的模拟

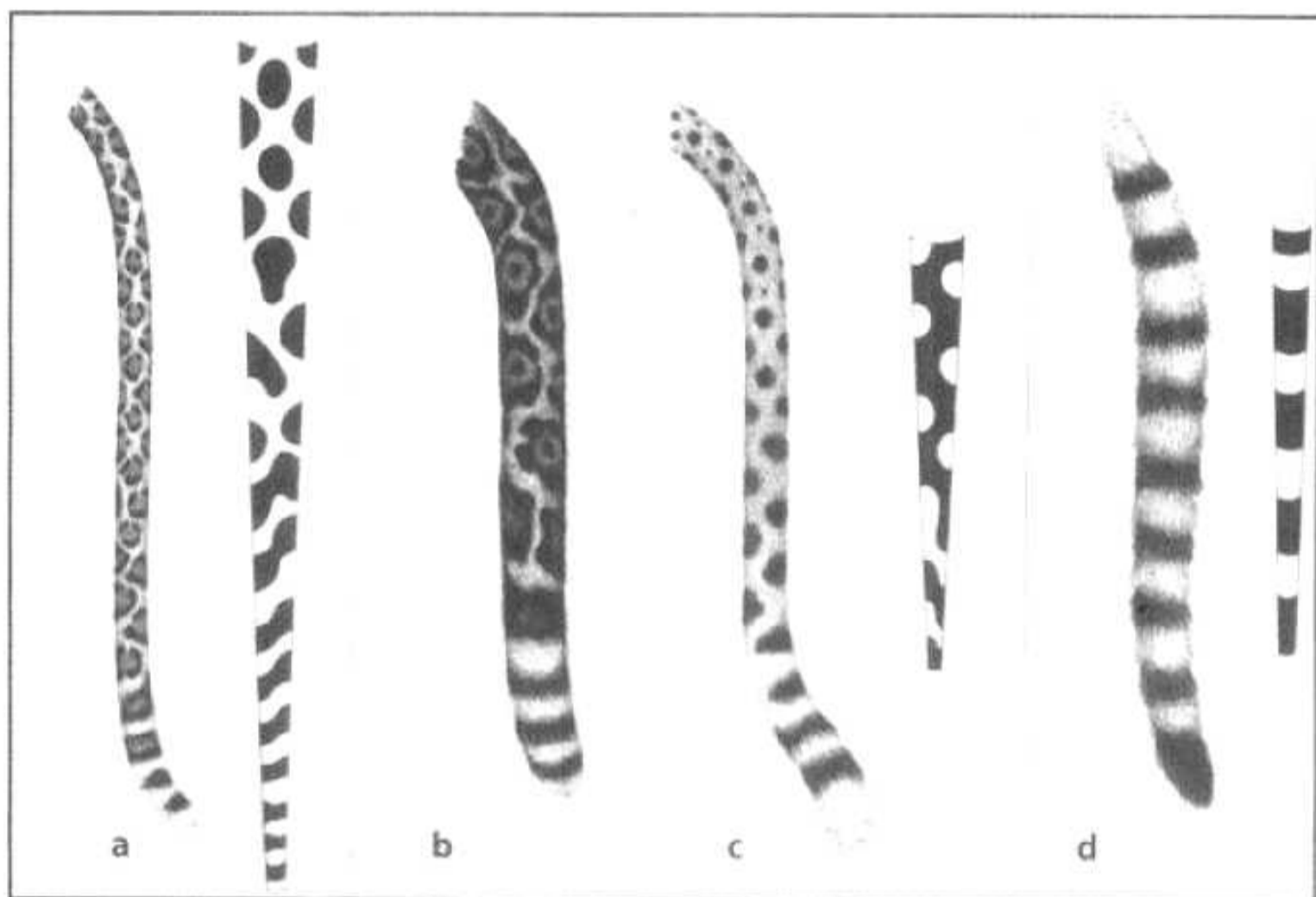


图 59 对猫科动物尾巴上斑点和条纹的模拟：(a) 豹，(b) 美洲豹，(c) 猎豹，(d) 香猫

可能长着一条条纹尾，但一只躯体布满条纹的动物却不可能有一条斑点尾。”梅纳德·史密斯\*所作的研究是图灵模式取得的又一次成功。他证明，果蝇身上的纤毛呈现的是各种图灵模式，且其遗传的变种也可归纳为图灵模式。如果模式是DNA密码的随意性结果，那么这类现象就很难解释了。为什么自然选择非要偏好图灵模式呢？

但是，良好的开端并不意味全局的胜利，科学家们对其他形态发生学系统（例如，羽毛的生长）所作的认真研究却一无

\* 史密斯 (Maynard Smith, 1920 - )、英国遗传学家、进化生物学家。他将“博弈论”(Game Theory)应用于对动物行为的研究中，并创立了“进化稳定法则”(Evolutionary Stable Strategy)这一概念，采用数学方法研究生物行为的进化——译者注

所获。羽毛在不同温度下生长，我们观察到的模式变化并没有遵循图灵方程。DNA的发现以及遗传学的进步，向图灵理论提出了挑战。果蝇之所以成为遗传学家偏爱的实验动物之一，原因就在于它的繁殖速度快，且在实验室环境下易于保存，并能显示许多不同的形态。关于果蝇的遗传，人们现在已经知道得很多。看来，果蝇生成条纹模式所用的方式与图灵模式是有很大的差别的。有证据表明，果蝇在遗传指令的指导下，每次只能生成一条条纹。这与反应-扩散方程的原理很不相同，后者是一次性将预设模式完整地确定下来。

到了20世纪70年代，大多数生物学家已经对寻找图灵模式感到厌烦了，他们开始另谋出路。此时，他们将注意力集中到DNA密码及其应用上，并由此找到了一种新的理论。在介绍这一理论之前，我想先来讲一讲蝴蝶、美人鱼之帽和天使鱼。图灵方程的失效并没有让数学家们感到担忧，因为他们只是把这些方程看作在具有相似特性的众多方程中选取的一个例子。他们已经认识到，类似于图灵方程的另外一些方程，其中包括更为微妙的用于描述化学变化与组织生长交互作用的力学化学方程，也能产生同样谱系的模式。对于数学家来说，某个具体方程的个性并不重要，重要的是此类方程的共性。这种共性才是解决模式生成问题的关键。因此，当20世纪末的钟声临近的时候，图灵的思想再度崛起了，这次它变得更加完美。数学家们引入了更接近于真实生物的模式，采用的模式生成模式却仍然是对称破缺原理。其中一个应用实例便是对蝴蝶图案所作的研究。

遍布于世界各地的蝴蝶和飞蛾有近100万种，有的小而灰

暗，很不起眼，有的却是色彩斑斓，翩翩起舞。然而，在它们多姿多彩的外表下隐藏着许多内在规律。20世纪20年代，德国自然学家施万维奇（B.N.Schwanwitsch）和祖费特（F.Suffert）将蝴蝶身上的图案按其基本构成进行了分类，其中包括斑点、条纹和边界等等。1981年，默里为蝴蝶图案列出了数学方程，方程预测的图案与用生长期中的蝴蝶进行试验所得到的结果是吻合的。他的模型将图灵的反应-扩散方程与基因调控联系起来。成形素从蝴蝶翅膀边缘释放出来，并向中心部分扩散。成形素的扩散和衰减调节着某些基因的开和关。随后，这些基因释放出的化学物质同样会扩散和产生效应。复杂的化学物质波沿着翅膀表面进行传播，初步的图案就此确定下来。正是这一初步图案决定了蝴蝶翅膀的花纹类型。

古德温引入了另一种形式的图灵方程。这是一种有关生物发育的模型，在这个模型中，较早长出的部分在形态上相对固定。如果该生物在发育开始前是中心对称的，那么它在发育的初始阶段也将保持中心对称。随着生物体年龄的不断增长，这种对称性可能依然稳定。但最后，对称破缺发生了，生物体上长出许多均匀分布的隆凸，这些隆凸进一步演变为树枝、触须或花瓣。因此，就在你全力关注组织新陈代谢的同时，生物体的对称性悄悄地发生了改变。古德温方程成功地描述了伞藻形态发生过程中的关键阶段，那是一种形态单一的单细胞海藻（彩图14）。它最初是一个球形卵，卵上长出一种根状结构和一枝茎杆。随着茎杆的生长，其周围会产生一圈细小的绒毛，称为“环生体”。茎尖从环生体中央继续生长，产生更多的环生体。然后，它长出一种帽状结构，这就是所谓的“美人

鱼之帽”。

新的理论非常管用，但这一领域内，原先的理论从来就没有退出历史舞台。事实表明，早期反对图灵的一些意见都是无的放矢。举例来说，人们早就认识到，应用图灵方程更易得到变动的模式，而要得到稳定模式却不那么容易\*。这一倾向无疑也是众多图灵系统，包括数学方程和实验系统的一个特点。然而活体生物身上的图案显然是不会变动的……这样，问题就大了。

不过有时，生物身上的图案的确能够变动，只是变动的速度极其缓慢，我们一般无法觉察。促使人们改变想法的是我在前面提到过的：一种名为天使鱼的小型海鱼（彩图 15）。天使鱼幼鱼体长约 2 厘米（不到 1 英寸），成年鱼是这一长度的 3~4 倍。天使鱼有许多不同品种，外观呈现出各式图案。例如，有一种半环盖刺鱼带有弯曲的条纹，从上至下贯穿于身体侧面；另一种线纹盖刺鱼的条纹则沿鱼体呈水平走向。随着时间推移，每种鱼身上的条纹图案都可能发生变化。这种变化在前一种天使鱼身上尤其显著——幼鱼身上只有 3 条条纹，成年鱼身上的条纹却可以增加到 12 条或更多。不知出于何种原因，鱼体上条纹的数目会随着发育逐渐增多。其实，这种图案变化所遵循的是一种十分奇特的方式。让我们观察一下幼鱼的生长情况。起先，条纹随着鱼体的长大而膨胀，彼此的间隔逐渐加大。如果你认为，鱼体图案一旦出现就永远不会改变的话，那么这样的现象你是可以想像得到的。但随

---

\* 说来也奇怪，化学家们现已借助于凝胶成功地创造出稳定的图灵模式——作者注



后，在原有的条纹之间突然出现了新的条纹，使得原有的间隔宽度又恢复了。新条纹一开始比原来的条纹要窄一些，但它们会逐渐增宽。当体长达到8厘米（3英寸多一点）左右时，上述过程又会再次出现。

绀户和利吉朝日应用反应-扩散方程为这一系列变化构建了模型，其中只用到了两种化学物质。他们假定，有关的组织是由一排细胞构成的，其中有些细胞能够经常地自我复制。两位学者用计算机模拟得到的结果如图60所示。我们可看到一种自然的条纹状图案（图60a），这些条纹加宽了，但数目并未改变。当组织变得足够大时，原有的条纹之间出现了新的条纹，总的条纹数目增加了一倍。

至于后一种天使鱼身上的平行横纹则更为有趣。这种鱼在生长过程中，身上的条纹也会增多，但每一条条纹似乎都像拉链一样一分为二。花纹这样重新排列被物理学家们称作错位。错位现象在许多不同的系统中广泛存在，包括反应-扩散系统也不例外。说条纹像拉链一样分开是一种简化的比喻，这种比喻给我们留下的印象是，每一条条纹一分为二时，必然会形成Y形的分枝点。这种情况当然有可能发生（图61），但还有比这更为复杂的错位现象。例如，条纹可以通过断裂和再联的方式重新布局。绀户和利吉朝日也曾看到过这类图案（图62）。他们根据观察到的条纹间隔距离估算出假想的成形素应该以多大的速率进行扩散。由此得出的计算结果与人们的意料是吻合的，但前提是成形素是一种蛋白质分子。这一证据可能并非无懈可击，不过，就算整个过程不受反应-扩散方程的制约，那也肯定会有某种类似的规律在起作用。

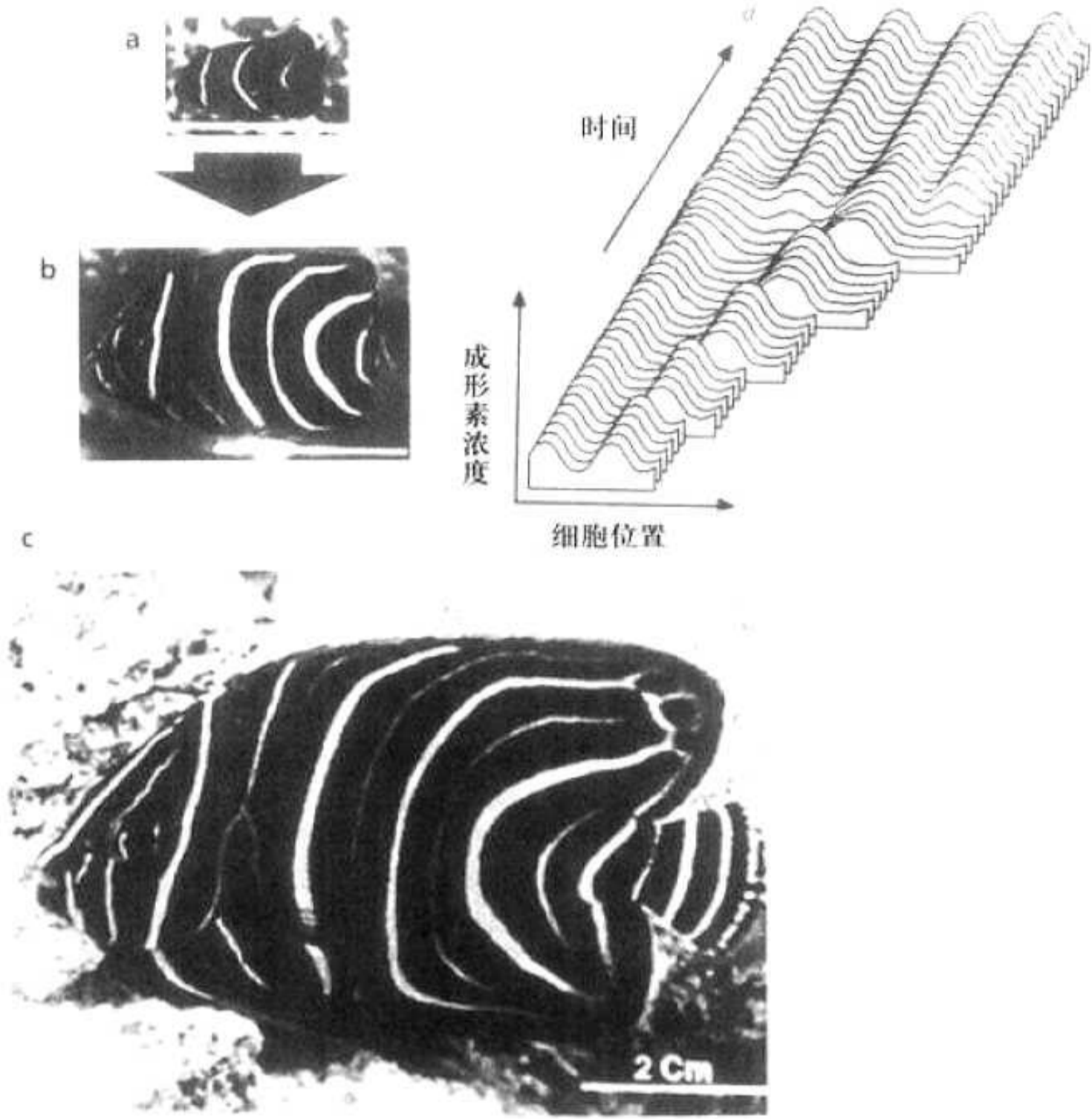


图 60 图灵图案中条纹数的变化

在此，请读者们把书翻回去几页。我曾经提到，生物学家们正在抛弃图灵的思想，转而采用一种新的理论。目前我们尚不清楚发育过程是如何部署的，但有一点十分明显，那就是必定存在着某种适应性很强的组织系统。为了寻找证据，我们不妨做这样一个实验：将老鼠或青蛙的胚胎拆开后再重新排列组合，或者移植某一部位，看看将会出现怎样的情况。如果在胚胎发育早期进行这种重排试验，那么胚胎往往还是会成功地发

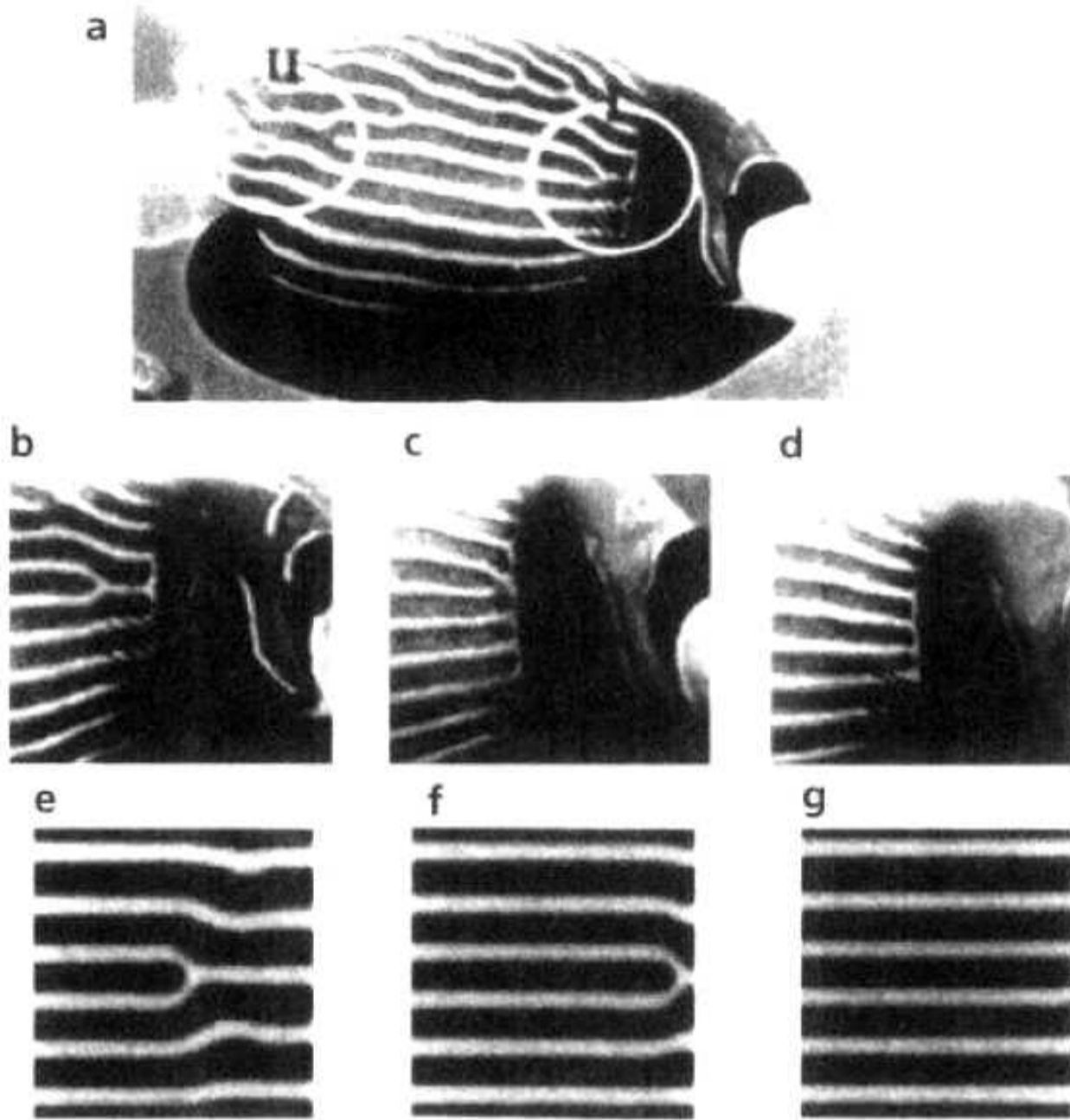


图 61 天使鱼条纹的Y形分枝点（上图和中图）及模拟的图灵模式（下图）

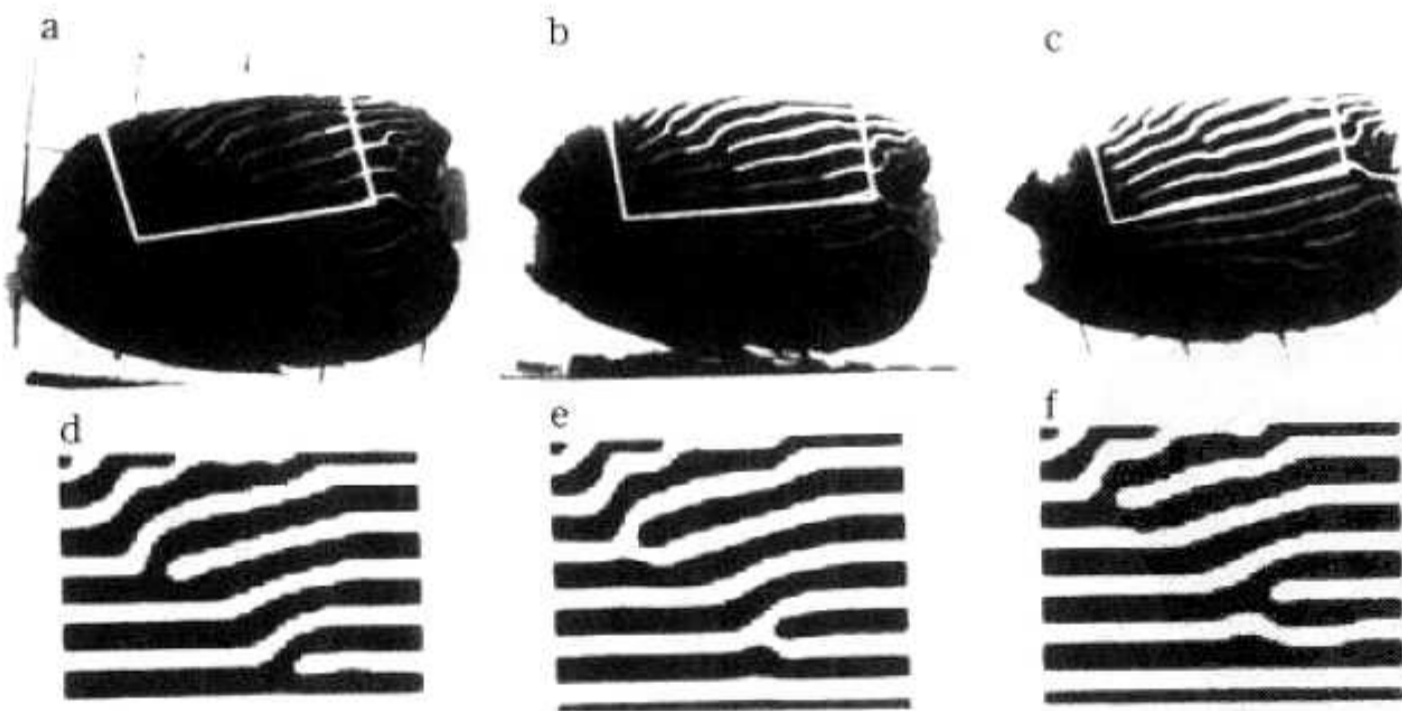


图 62 天使鱼身上条纹的断裂与再联（上图）及图灵模式对这种现象的模拟（下图）

育成完全正常的老鼠或青蛙。这就好比走进一家自行车厂，将自行车轮换成踏脚和手柄，又把链条包在前叉上，轮子装在踏脚上，刹车安在本该是齿轮的地方，然后难以置信地看着自行车慢慢将各种零部件重新排列到原先应处的位置。但如果我们在发育过程较后阶段进行移植试验的话，那就很可能出现异常的生物体——骨头多出几块，某些部位畸变，羽毛长错了地方……

在关于胚胎发育的理论中，最成功的要算是沃尔珀特\*的“位置信息”论了。该理论认为，化学信号使胚胎细胞在各个发育阶段都很清楚自己所在的位置。细胞在化学信号的引导下，根据各自不同的位置，遵循不同的演化路径。比方说，在应当是心脏的地方，细胞会向它的DNA请教应该如何构造心脏。简言之，细胞有一份地图（提供位置信息）和一本手册（提供DNA密码）。它们根据自己在地图上的位置，再翻阅一下手册，便知道应该怎么做。

位置信息理论不落俗套，颇受人们的欢迎。它在许多方面肯定与真理已经非常接近。尤其在解释移植试验的结果中，它为自己赢得了良好的口碑。移动后的组织仍然保留了自己原有的手册，但地图却已被打乱。这种经过移植的组织，既可能按新地图行事，也可能事先已对原有的地图作出了反应。移植试验中许多令人困惑的现象都可以用这种理论加以解释。不过，位置信息的机理是相当刚性的，地图预先已确定好，构建步骤

---

\* 沃尔珀特 (Lewis Wolpert)，法国生物学家。1969年，他提出了一个基因表达的模型：不同基因的表达由化学信号的浓度梯度打开或关闭，而浓度梯度可以通过扩散产生。他把这个模型比喻为绘制法国国旗——译者注

早在工作开始前就记录在手册上了。还有一些更为现代的理论，不但能够说明移植试验的结果，而且采用了更为动态的观点。这类理论也认为生物体有一本手册，但地图则是在发育过程中逐渐绘制的，而且在很多时候生物体不必查阅手册也会知道应该怎么做。尽管看似神秘莫测，但这类理论与生物体发育变化的自然进程却更为接近。因此我们有理由相信，这类理论能更好地反映发育的实际情况。

沃尔珀特理论与图灵理论一样，也是建立在类似成形素这种概念基础上的，他们所说的成形素都是指某种化学信号。当然，两种理论对化学信号的作用有不同的解释。在20世纪早期，遗传学家托马斯·亨特·摩尔根\*曾经提出，细胞能够察觉化学浓度的梯度变化（即某化学物质浓度增加的方向）。事实上，正是这种化学梯度告诉了细胞，哪里是幼虫的前端或后端，以及每个细胞的确切位置。沃尔珀特的想法是，整个系统中成形素的浓度梯度能够让细胞明白自己处于生物体内的哪个部位。细胞得到这一信息后，只需查阅自己的遗传指令手册并按照手册上所说的行事就可以了。该系统无所不能，它可以生成任何类型的模式——圆形、正方形，甚至还能复制蒙娜·丽莎的画像。

在电脑屏幕上，只要为每个像素确定色彩和亮度，我们就可以创造任何图像。在方格网栅上，为每个小方格涂上适当的颜色，就能模拟任何图案。利用三种不同的化学物质可以将生

---

\* 摩尔根 (Thomas Hunt Morgan, 1866 - 1945), 美国胚胎学家、遗传学家。他因发现了果蝇的遗传机制而荣获1933年诺贝尔生理学或医学奖。其主要贡献是发展了遗传的染色体学说——译者注



物体所在空间的任一点记为一个三维像素，由此DNA密码手册可以对任何图案或形态作出具体描述。当然，生物体实际生成模式的方式也许不会那么简洁。生物体利用的化学物质可能不止三种，还有一些化学物质是被用来检验和防止错误发生的。此外，也未必一定要用笛卡儿直角坐标网栅。有了这种系统和一本详尽的密码指令手册，你不但可以在动物身上画出蒙娜·丽莎，甚至还能塑造断臂维纳斯的立体雕塑。

在图灵理论中，模式是由物理学和化学定律创造的，化学物质根本不必知道自身的所在以及应当做什么，只要照着做就行了。沃尔珀特理论则认为，模式是按照指令手册的要求生成的，成形素的唯一作用就是告诉细胞它在地图上所处的位置。图63表明了梯度变化怎样促使生物体形成条纹图案的。虽然现实情况是三维的，但为了简单起见，我们只在一维空间上说明这个问题，以便将整个过程解释得更清楚一些。我们认为，化学物质的浓度应该可以分成许多等级。细胞的DNA指令手册知道，当浓度处于0和1之间时，就不应激活产生黑色素的基因；如果浓度介于1和2之间，那就应当激活产生黑色素的基因，如此等等。总之，化学物质的浓度介于奇数和下一数之间就激活，介于偶数和下一数之间就不激活。这很简单，也很有规律性。生物体各种复杂、易变和微妙的规则都被写进了指令手册，并不需要高深的数学原理。既然存在这样一种更直接和用途更广泛的方法，生物体又何必拘泥于图灵模式？

这种说法有一定道理，但是图灵模式在物理学和化学定律的作用下可以自发生成，且不用消耗能量。难道自然界会心甘

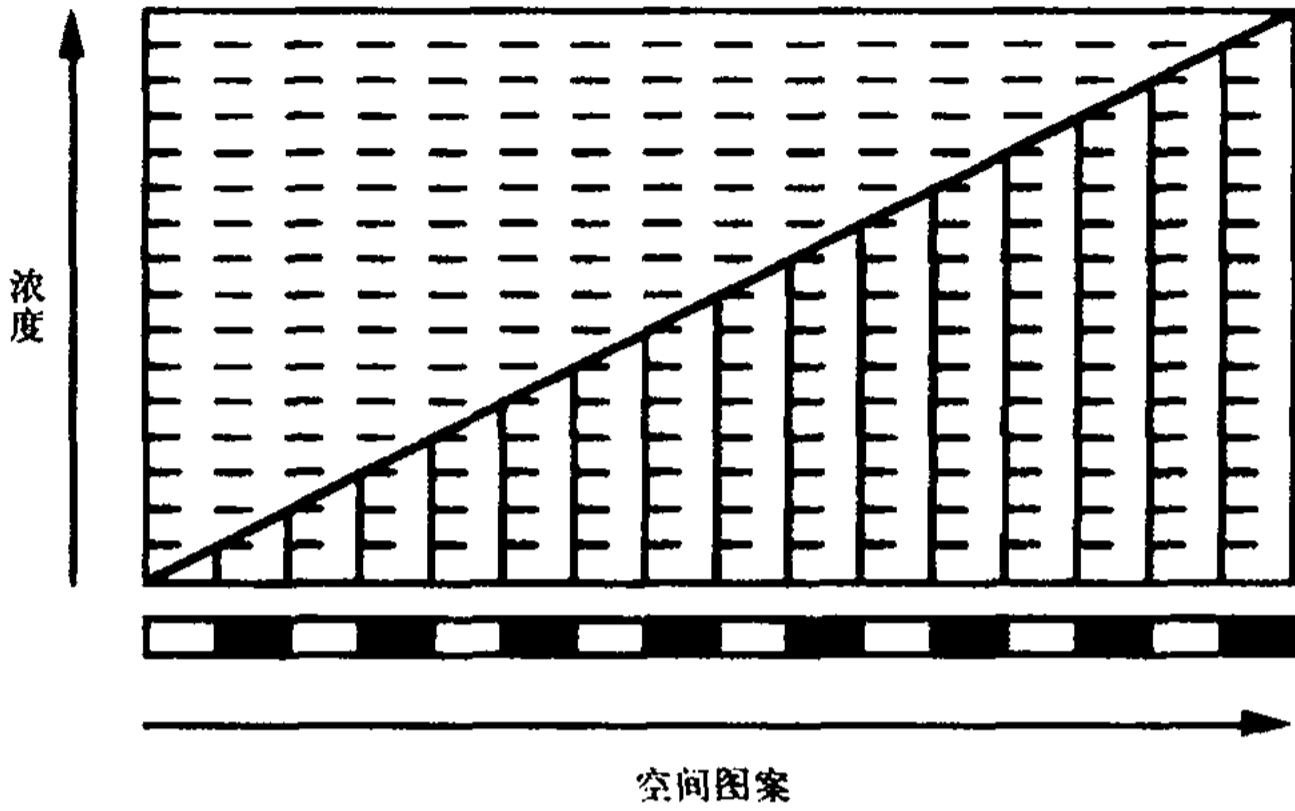


图 63 在单一梯度方向上产生条纹图案的原理

情愿地拒绝这种现成的模式吗？毫无疑问，实际情况是，生物体联合运用了DNA和自然定律。下面我们就来看一看，人类在这方面已经了解了多少。

尽管许多间接证据都支持成形素的说法，但一直到20世纪70年代以前，科学家们一直没有找到叫得出名称的成形素。在脊椎动物身上，最有希望成为这种化学物质的是一种名为维生素A酸的分子。它究竟是不是一种成形素，目前仍存有争议。说它是成形素的理由是，在鸡胚中可以观察到这种物质对翅膀的发育具有异乎寻常的作用。维生素A酸的浓度通常在翅膀后端较高，前端较低，从后至前稳定地递减。图64是翅骨的示意图。数字4、3、2表明维生素A酸浓度依次递减。如果我们对处于发育阶段的肢体进行移植，使维生素A酸浓度形成两端高中间低的分布状态，那么表示浓度等级的数字就会呈现异常情况（图64之下图）。从中间向上，数字反过来重复了一次，维生素A酸的浓度梯度发生了逆转，由此形成的一支翅骨构成

了另一支翅骨的镜像。

到此结束了吗？还早着呢！生物学真可谓奥秘无穷。最近，越来越多的实验表明，维生素A酸可能仅仅是一种触发器，并非化学梯度在发挥作用。也就是说，它只不过激活了胚胎中与肢体发育相关的某个系统。此外，某些基因并不对维生素A酸起反应。而根据沃尔珀特理论，一切基因都应对维生素A酸产生反应。所有的这类实验结果促使该理论成为前沿科学研究的出色课题，因为在这里，要求我们作出合理解释的现象层出不穷。它们将为最终的进步和认识指引前行的道路。不过目

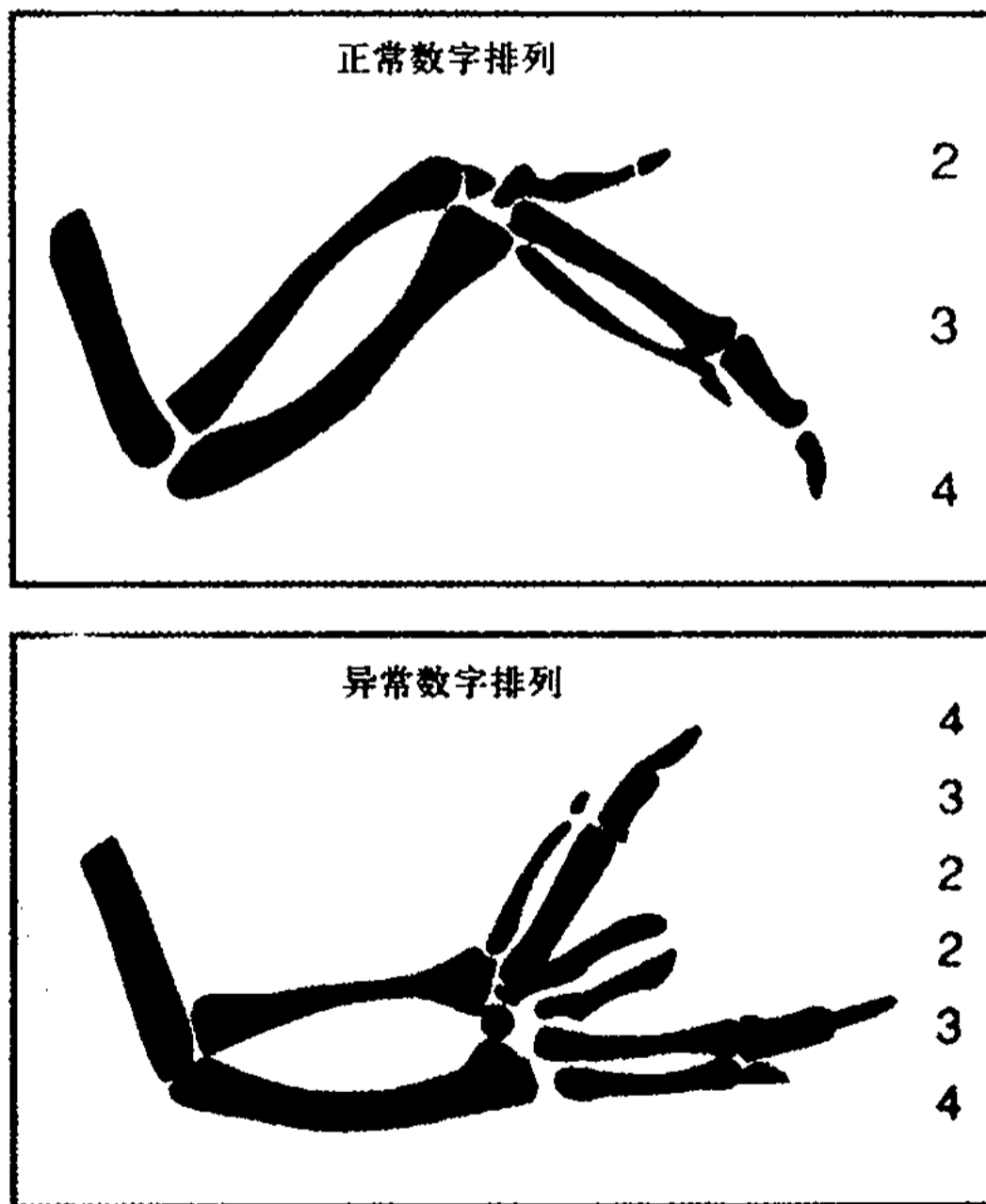


图64 鸡翅发育图（上图为维生素A酸浓度梯度正常的情况，下图为双向梯度的异常情况）

前，这方面的研究仍处于扑朔迷离和莫衷一是的阶段，我们无法声称已经发现了某种具体的成形素。

除了生物界以外，其他方面也有不少反对沃尔珀特理论的声音。说来奇怪，最早的反意见竟然是因为觉得这种方法过于无所不能。尽管有些动物身上的图案和形态的确具有相当大的随意性（比方说，鸟类身上的图纹），但其中大多数图案和形态的来源范围还是相当有限的，例如，斑点、条纹、斑块、泡痕、球体、圆盘、管形、叶形等等。这些形态有一个明显的数学特征：也许并不规则，但却有局限性。假如自然界真能像生成条纹图案那样方便地生成蒙娜·丽莎画像，那又为什么会有这么多动物偏要拘泥于条纹图案呢？

也有人存在这样的忧虑：为化学物质浓度设计某种栅格，编写一本指令手册用以规定各个像素的色彩，这对于人类工程师来说，也许并不太难，但对于生物界来说，一切都如此井然有序，是否过于神奇了？通过对像素的逐点扫描，电脑屏幕上可以显示出一条果蝇的幼虫，但这并不意味着自然界也是用同样方式繁衍果蝇的。

第三种反对意见与准确性有关。沃尔珀特经常使用如图63那样的图形来阐述他的理论，但却只用两个分界点将成形素的浓度划分为三个相邻区域。如果将这些区域分别涂上红色、白色和蓝色，得到的就是一面法国国旗。看到这面带有三个条状区域的法国国旗，我当然非常高兴。但是，斑马怎么办呢？你不得不把许多的条纹同时安排在一个浓度梯度方向上。在成形素分布的过程中，或者在细胞对成形素浓度进行识别的过程中，哪怕出现一点点细小的失误，条纹图案就

会变得乱七八糟，有些很粗，有些却很细\*。原来是想用浓度梯度画蒙娜·丽莎的，但我敢说，结果可能更像杰克逊·波洛克 (Jackson Pollock)。因此恕我直言，梯度方法作为一种简单方法，只能用来生成非常简单的图案。当然，这类简单图案也许可以用来构成某些更复杂的图案；但要做到这一点，你必须先将这些基本图案组织起来，那就意味着需要介入更多的成形素。

至此为止，我们介绍过的理论都有一个共同缺陷。它们都采用了同一种思路，那就是生物体的任何部分的位置都是固定的，而且从初始到终末永不改变。反应-扩散方程是在空间某个固定区域里定义的，沃尔珀特利用的是一种事先确定的栅格。但是，生物体在生长过程中，形态可能会发生急剧改变。在某种程度上说，为了自圆其说，我们可以认为，随着生物体的生长，地图或网格也在发生相应变化。不过，在这种变化过程中，组织细胞居然能够始终明确自身所处的位置，这难道不是有些不可思议吗？尤其，在生物生长过程中，部分细胞还可能死亡或退化。因此这样看来，更符合实际情况的设想应该是，形态和位置并不是在胚胎发育之初就确定下来的，而是在不断的生长过程中借助于一种自组织功能逐步形成的。

怎样才能做到这一点？潘凯·阿加瓦尔\*\* 引入了一个比

---

\* 我们知道，原始条纹，即斑马胚胎时期的条纹，哪怕发生再小的改变，成年斑马身上的图案也会因此而产生很大的变化；事实上，不同品种的斑马虽然具有相同的胚胎结构，但成年以后，它们身上的图案仍是各不相同的，彼此间的区别就在于发育时间相差了几个小时候——作者注

\*\* 阿加瓦尔 (Pankaj Agarwal)，美国计算机学家，现任杜克大学计算机研究中心教授。其主要研究领域为计算及组合几何学、地理信息系统、空间数据库及计算机生物学，等等——译者注



较复杂的系统，称为细胞程序语言（CPL）\*。在此我想将这一观点的简化版本介绍给大家。我不想一本正经地将其看作一种参与争鸣的学说，不过它的确证明了这样一个事实，即生命体中存在一种更高级的系统，该系统对于差错反应远不如梯度系统那么敏感。这种观点认为，我们不必将生物体细分为一个个像素，其实生物体本身早就这么做了，所用的是一个一个微小的细胞。由于传递信息和接收信息的分子可以穿过细胞膜，因此细胞得以通过化学途径与邻近细胞进行信息沟通。这种结构对于构建有一定规律的系统来说，是非常理想的。

在此我们可以举一个例子。为简单起见，我们设想有一排灰色的细胞，每个细胞都能转化为另外两种状态——黑色和白色。我们只规定一条原则：如果一个细胞左边的那个细胞处于白色状态，那么这个细胞就会变成黑色，反之亦然。开始时，我们先将最左面的细胞拨至黑色状态，然后来观察一下发生的情况（图 65 之上图）。一切都显而易见，不是吗？不光如此，而且该系统极为稳定。每个细胞可以改变自身大小、外形等特征，但只要其相对位置不变，生成的图案就一定相同。因此，构造生物体时发生的细小差错并不会对最终图案产生严重的影响。换句话说，非连续的开关规则产生的结果反而比连续梯度产生的结果更可靠。我们还可以更进一步：假定这种结构决定的不是色彩，而是生物体的大小和外形，如“黑色”被“大小相同”所替代，“白色”被“收缩”所替代，那么我们将得到另一种具有严密结构的组织，如图 65 之下图所示。同样，根据这种规则生成的模式也不会因细小的误差而受太大的影响。

---

\* CPL 即 cell programming language 的缩写——译者注

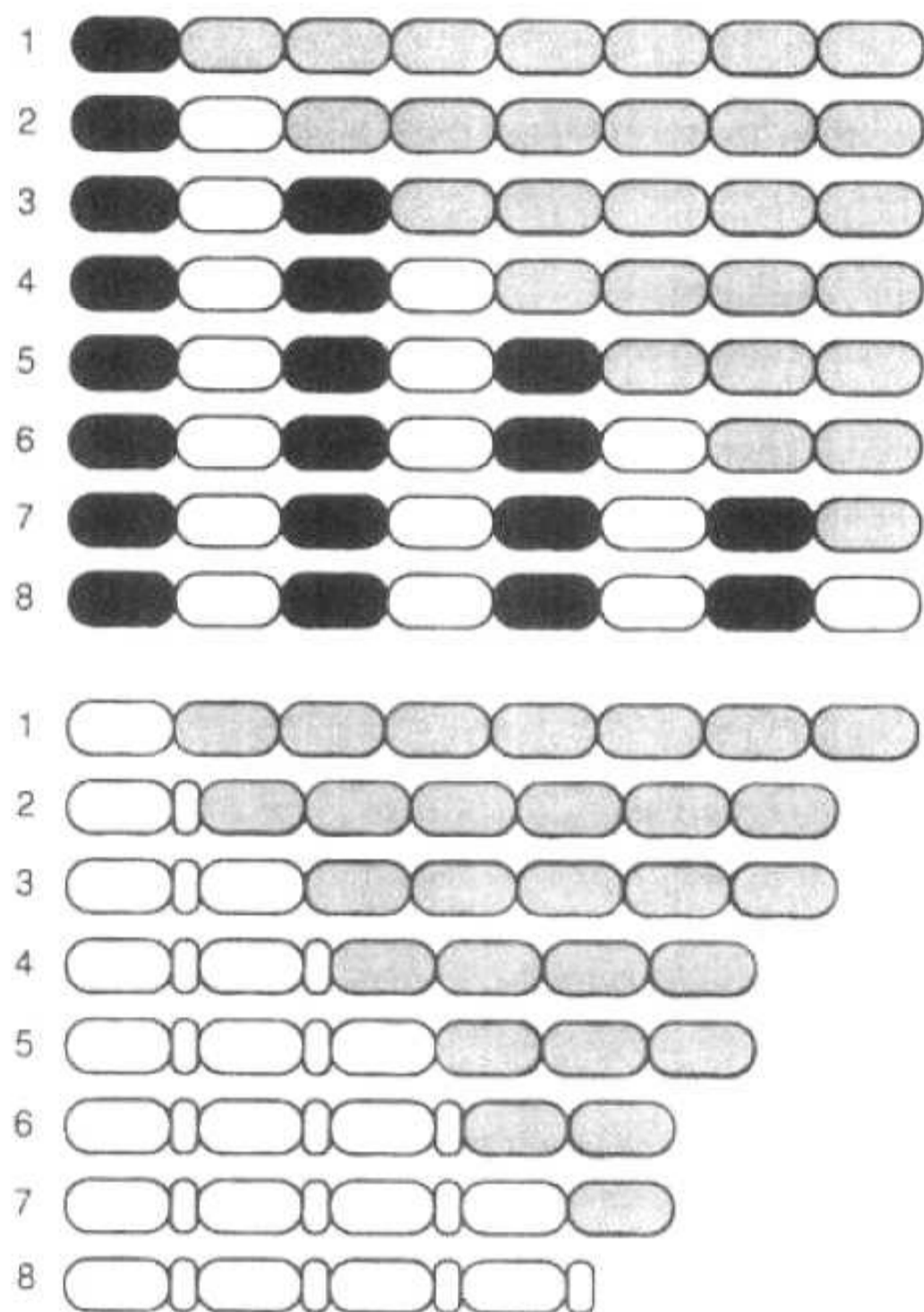


图 65 生成的条纹模式（上）和大小细胞交替的模式（下）

即使没有太丰富的想像力我们也可以得知,这种生命体构建系统是可能存在的。相邻细胞通过共有的细胞膜在彼此间传递化学信号,真实细胞采用的很可能就是这种形态生成方式。此外,使用这一方法生成图案和形态时,只需几条简单规则就足够了,根本不必求助于繁复的梯度阈值。这种方法极具高效性,不由让我对梯度法产生了最后一点担心:它的效率不高。应用梯度法,别说画出蒙娜·丽莎那样的复杂图案了,就是要确定由蒙娜·丽莎所包含的那么多像素构成的一般图案,也需

要具备大量信息。人体细胞的数目要比人类基因组中的碱基数目多出好几个数量级，因此指令手册根本无法对生理地图上每一块区域都作出规定。要从根本上减少这类信息的需要量，最佳的途径决不是寻找某些更为巧妙的数据编码方法，而是要用能够生成这些数据的几条简单规则来替代它们。

从这一设想出发，我们可以作出如下预测：自然界中最常见的图案和形态可以借助最简单的细胞排序规则生成。单色区域也许是最简单的，接下来是条纹、斑块……然后我就无法进一步作出合理的猜测了。不清楚规则的语言，我们无法作出推断。不过，这种设想有一个优点，它不会生成一切模式，至少生成各种模式的可能性是不一样的。另外，这些规则采用的是细胞系统中固有的自然模式，充分利用了现成的信息。因此，只要用十分简洁的语言就能将这些规则叙述清楚。

早期有关生命体发育的数学方程离开现实的生物学实在太远了，因此我们不可能从中找到精确的模型。人们现在则过分强调DNA，走到了另一个极端。DNA可以解释蛋白质合成过程，却无法令人信服地说明蛋白质是怎样装配起来形成生命的。还有一点也十分重要，就是它无法解释为什么自然界会如此青睐数学模式。为了弄清这两种研究方法的区别，并说明两者都背离了现实，我们不妨设想有一辆车（相应于发育中的生命体），行驶在一个风景区（相应于生命体可能选用的各种形态，谷地相应于一般形态，山峰相应于稀有形态）。在图灵模型中，车辆一旦启动，就必然会行驶在地形图的等高线上。如果自然界的动力学机制决定了这辆车必须径直驶向最邻近的谷地，那么它就不可能突然改变方向往山上冲。相反，根据当前

对DNA作用的认识，发育被看作一系列随意的指令：“向左，前进100米；然后向右转，停10秒钟；后退5米；向左……”只要给出适当的指令，就能到达任何目的地，而没有哪一个目标会受到特殊偏好。

其实，我们应当将遗传指令与自由运行的动力机制有机地结合起来。如果某个特定景区中行驶的汽车受随意指令的支配，那就很可能开入湖中或坠下悬崖，顺利攀上山顶的可能性极小。另一方面，一辆由司机驾驶的汽车与一辆无人控制的汽车相比，在选择目的地时会有更大的自由度。同样，生命体也决不能采取任意的形态，形态的发生过程必然受制于该生命体的动力学机理。DNA指令能在多种不同的发育方向上进行随意选择，但所有这些发育方向必须首先符合动力学规律。最新的数学模型终于开始将有关生命发育问题的这两个方面结合起来了。单有DNA不足以控制发育进程，单有动力学规律也无济于事。发育的过程涉及这两方面因素的交互影响，这就好比风景也会随着过往车辆的不同而发生改变一样。





## 第八章

---

# 孔雀的故事

孔雀与蜂鸟娇艳多姿，琴鸟和锦雉楚楚动人。透过现象看本质，人们将其归之于雌雄两性展示的不同特点：一种性别表现为虚荣和骄傲，另一种性别则显得任性和放纵。

汤普森：《生长与形态》，第十六章

**说**起骄傲，很少有动物比得上开屏的雄孔雀。它的确有资本目空一切，不是吗？头顶梳理有序的五彩羽冠，身披绚丽华贵的蓝色羽服……尤其是那缤纷斑斓的尾羽，开屏时仿佛一幅巨扇，艳丽中闪耀出绿色光芒，惹眼的点点圆斑犹如颗颗宝石镶嵌其上，令人无法不为自然造化所深深折服。

但孔雀的智商好像很低。为什么要费那么大的劲，拖着臃肿可笑的尾巴蹒跚而行呢？这种尾巴非但不能帮助它飞翔，实际上反而成了飞行的累赘。尽管如此，可怜的雄孔雀还是不得不继续拖着笨重的尾巴来回走动。这究竟是因为什么？都是雌孔雀惹的祸。

雄孔雀千方百计吸引雌孔雀的注意，目的是与其交配，从而将基因传给后代。正如达尔文看到的那样，雄孔雀艳丽的尾羽乃是某种生物学过程的结果，这种生物学过程称为“性选择”。有关“性选择”过程的一般解释是，出于偶然的原因，绝大多数雌性动物都具有某种基因，这种基因促使雌性更喜欢与具有某种性状的雄性交配，而不具备这种特性的雄性动物在交配竞争中就会处于下风。过不多久，雌性基因发生的这种轻微失衡，将导致雄性动物身上长出华丽的羽毛，行为也变得十分张狂。少数雌性动物也许对于雄性的华丽外表不屑一顾，但作

为反馈的一个环节，它们最终会发现，要找到尾羽朴素的雄性动物已经越来越难。渐渐地，它们也开始迷恋雄性身上那种偶然带上的特征了。

不过，研究表明，雌性的偏爱并非总是偶然的。这是一种奇特的过程，一个由感觉、对称和性共同参与的过程。感觉在其中起到了一定的作用，因为雌性是根据自己对雄性的感觉选择配偶的。对称也是一个重要环节，只有当雌性识别出外界的真实图案时，它们的感覺才能有效地发挥作用，而外部世界的基础是物理学，物理学定律在深层次上又是对称的。至于性的作用，那更是不言而喻了。

这同时是一个关系到“涌现”的过程。涌现是一个哲学术语，用于描述“整体大于局部和”的现象。说得再清楚一点就是，由许多个体组成的某个系统表现出一种整体的特性，而这种特性显然不是个体原先所具备的，此时我们就说发生了涌现的现象。举例来说，人脑由无数神经元构成，但每个神经元显然连最初步的智能也不具备。人类智能乃是数十亿个神经元交互作用的结果，要是将单个神经元孤立出来进行研究，那根本找不到任何智能的痕迹。

复杂动物的多数感觉都是涌现的结果，雌性动物的性偏好（有时）也不例外。是什么规律支配着感觉的形式和功能？这些规律到底属于遗传学还是数学，抑或两者兼而有之？

感觉系统一般均有非常明显的数学结构，这是因为感觉系统需要迅速可靠地处理接收到的数据资料，以便从中萃取有关外界的信息。为此，感觉系统必须精心设计自己的运作方式，必须尊重外部世界的基本样式。例如，外界物体会四

处移动，因而视觉必须有能力识别处于不同距离和不同方向上的同一事物。这一要求对于大脑加工视觉信号是很重要的。感觉器官的设计必须在一定程度上体现数学规则的要求，否则就不能有效工作。另一方面，这些器官是进化的产物，因此我们不可能奢望与其有关的数学模式完美无缺，或无一例外。

大脑及感觉器官的基本单位是神经元。众所周知，大脑是由大量神经元构成的一个巨大网络，当然其中还有其他成分，但神经元占据了压倒优势（图66）。神经将感觉器官与大脑联系起来，并将感觉到的信号传至大脑，后者将信息加工成感觉。不过，有一点也许鲜为人知，神经元还有另一种活动方式，它能够将信息从大脑传至感觉器官，指导感觉器官选择感受那些被大脑认为是很重要的东西。因此，感觉是双向过程。

神经元具有细长的神经纤维，用于传导电信号，这些纤维有点像电话线。采用这种比喻虽然比较直观，但生物的电信号传导方式与普通的电信号传导方式是不一样的。这是艾伦·霍奇金和安德鲁·赫胥黎\*1947年在对鱿鱼的单个神经元进行研究时的发现。他们的工作是生物数学研究取得的初步胜利，并因此荣获诺贝尔奖。他们为神经脉冲的传导方式列出了方程，如今这一方程被称为霍奇金—赫胥黎方程。他们还发现，神经传导信号的方式与火星沿导火线前进的方式

---

\* 霍奇金 (Alan Hodgkin, 1914 - 1998)，英国生理学家。因在神经元对脉冲信号的传递与抵制方面的研究，与英国生理学家与赫胥黎 (Andrew Huxley, 1917 - ) 共同荣获了1963年诺贝尔生理学或医学奖——译者注



图 66 大脑的神经元网络

相似。这种信号传递并不是依靠电流完成的，真正起作用的是离子——一种带有额外电子或丢失了部分电子的分子。而且这些离子也不是在神经内部传递的，而是通过穿越神经纤维的细胞膜完成传导过程。某一段神经上的电活动可以触发下一段神经的电活动，就好像一段导火线燃烧后可以触发下一段导火线燃烧一样。真正向前传导的，只是电活动的部位。

单个神经元既能发出信号，也能对接收到的信号作出反应，但是（据目前所知），神经元并不能对这种信号作任何处理。高效的感觉系统，尤其大脑，应能通过某些过程对电信号



加以控制。从一定意义上说，感觉系统应该具备计算的能力，当然，不一定要像计算机那样进行计算。感觉系统将神经元链接起来，形成复杂的生物电路，并借此获得计算能力。完成计算的难度有多大？进化是否在其中起到很大的作用？1982年，约翰·霍普菲尔德\*为神经元组成的网络创建了一种简单数学模型，称之为“神经网络”。他还表明，只要将众多简单的神经元链接起来，它们就能获得计算的能力。我们可以设计类似的网络用于一些专门用途，就好像工程师为音响设备和计算机设计电路图那样。更令人吃惊的是，我们甚至可以随机地将一些神经元组合在一起，虽然并未经认真设计，但这种神经网络仍能进行有意义的计算。当然，到底进行的是哪一类计算，这就要取决于实际构造网络的类型了。

霍普菲尔德将这一现象称为“计算涌现”。这意味着，具有原始计算能力的神经网络可以通过普通的物理学过程自发形成。接着，进化会对这些网络作出选择，受到支持的网络所进行的计算应该能够增强生物体的生存能力。于是乎，神经所具备的特殊计算能力开始变得越来越复杂，最后终于出现了大脑。因此，根据霍普菲尔德的观点，产生大脑的基础是自发出现的，是有关神经网络的一般数学原理导致的结果。

霍普菲尔德的神经元模型可以处于应激（开）状态或静息（关）状态。神经元模型根据传入信号的强弱作出反应，并在

---

\* 霍普菲尔德 (John Hopfield)，美国分子生物学家，现任普林斯顿大学分子生物学教授。20世纪80年代早期，他创立了“神经网络”学说，在他的“神经网络”中，所有的神经细胞既是输入神经元，又是输出神经元，每一个神经细胞与网络中的其他神经元之间都存在着联系——译者注

两种状态间来回切换。生理学家唐纳德·赫布\*于1949年发现，“同时受到刺激的细胞同时生长”。根据这一规则，神经网络可以通过调整彼此间联系的强度，获得从经验中不断学习的能力。换言之，同时受激的细胞，彼此间的联系有增强的趋向；而非同时受激的细胞，其联系则会逐步减弱。联系又可分为两种：兴奋型和抑制型。当神经元接收到的兴奋型信号超过某一阈值时，它才会处于应激状态。而当神经元接收到抑制型信号时，无论这种抑制型信号是什么，该神经元都会立即停止工作。大量神经元相互联系，就能完成比较复杂的任务。当某个神经元处于应激状态（开）时，会向其他神经元发出信号。接收到信号的神经元于是也进入了应激状态。如此，就有一系列的受激和静息信号在神经网络中穿梭。计算机便是根据这种原理工作的，只不过其中使用的是微型电子开关，我们称之为“逻辑电路”。原则上讲，神经网络能够完成计算机能够完成的一切任务。

为了更好地解释霍普菲尔德神经网络的特性，我们不妨用几何图形来表达它所处的状态。设想所有的神经元都身处一维空间——网络的相空间，相空间中的每一个点都可以代表网络所有神经元的活性水平，该点的每一个坐标值所表达的是每一个神经元的应激程度。举例来说，如果相空间的某点坐标是

---

\* 赫布 (Donald Hebb, 1904 - 1985), 加拿大生理学家、心理学家。1949年, 赫布出版了《行为的组织》一书, 书中提到: “当细胞A的一个轴突和细胞B很近, 足以对它产生影响, 并且持久地、不断地参与对细胞B的兴奋, 那么在这两个细胞或其中之一会发生某种生长过程或新陈代谢变化, 以致于A作为能使B兴奋的细胞之一, 它的影响加强了。”这个机制以及某些类似规则, 现在称为“赫布律”——译者注

(1, 0, 1, 1, ……)，那么这就意味着，1号神经元处于“开”状态，2号神经元处于“关”状态，3号神经元处于“开”状态，4号神经元处于“开”状态……依此类推。因此，我们根据神经元之间联系的强弱程度，就能确定相空间的适应性地形图。地形图上的高度代表神经网络需要经过多少次运算才能得出正确答案。如果某点在地形图上处于低谷，那么答案很快就可算出；而如果某点处于峰顶，那么所需的计算时间就比较长了。因此，神经网络的计算目标就是由峰顶滑入低谷。为此，霍普菲尔德为他的神经网络确定了规则。这使得他的神经网络就好像一只在山间滚动的皮球，它从山顶上滚落，然后在低谷处停下来。滚动的球体总是要落到低谷的，于是神经网络最终计算出了答案。

后来，霍普菲尔德和大卫·汤克 (David Tank) 将这一思想进行了推广。他们认为，神经元的状态是连续的，而不只是开和关。这种网络仍然具有简单的开关网络所具有的全部计算能力。但除此之外，它还能更加迅速地求解比较复杂的问题。

现在，我们来作一下总结。从由物理学定律决定的普遍数学形态到大脑这样的复杂器官，其间存在着一条自然演进的路径。大脑具有神奇的功能，如处理、存储和检索外来信号，将不同记忆联系起来，控制机体运动，等等……启动进化过程的基本因素乃是大型网络的自发性涌现功能，这种功能可能属于生物学的范畴，也可能属于数学的范畴。霍普菲尔德在大型随机网络中观察到的计算能力并没有注入单个神经元中，这些神经元只是起到了开关的作用。事实上，计算能力的获得乃是神

神经元彼此联系、涌现的结果。支持涌现这一说法的证据是，要预测任何一种具体的神经网络具有的特性几乎是办不到的，我们只能运行该神经网络，然后看看会发生怎样的情况——这是对“涌现”的另一种描述。因此，神经网络普遍的数学特征为进化过程提供了一整套计算工具。进化过程只要有了立足点，一切便都在它的管辖之中，因此首要的问题就是找到这样的立足点。

当然，这并不能说明大脑是如何进化的，有关大脑进化的问题要复杂得多，也有意思得多。我们对于大脑网络的实际工作原理还不太清楚。大脑中约有100亿个神经元，每个神经元平均与另外1万个神经元发生联系。因此，我们不可能画出完整的线路图。事实上，哪怕要画出很小一部分电路图也决非易事。因此，研究对象只能换成相对简单的生命体。克里斯·萨利（Chris Sahley）和艾伦·盖尔珀林\*选择了普通的花园鼻涕虫来进行研究。鼻涕虫喜食胡萝卜，但不喜欢奎宁。萨利和盖尔珀林发现，只要经常把胡萝卜的气味与奎宁的气味混合在一起，鼻涕虫便会开始讨厌胡萝卜。并且，如果鼻涕虫不喜欢吃拌有奎宁的胡萝卜，它也不会吃拌有胡萝卜的任何食物。因此从某种意义上说，鼻涕虫不光学到了拒食奎宁的本领，而且会把一切被它们的神经系统认为是与奎宁相关的东西全都拒之门外。鼻涕虫可以利用自己的神经网络进行计算，萨利和盖尔珀林总结了这种神经网络的基本属性，并采用霍普菲尔德网络

---

\* 盖尔珀林（Alan Gelperin），美国生物学家。他曾经花费15年时间，对鼻涕虫的生物行为进行了深入研究。现任美国朗讯科技公司贝尔实验室研究员——译者注

对其进行了模拟（图67）。这一网络模型忠实地概括了鼻涕虫的学习能力。因此，尽管对于实际的神经计算过程来说，霍普菲尔德网络只是一种简化的粗糙模型，但它确实能够模拟神经网络的某些重要特性。

越是复杂的生物，其感觉也越复杂——听觉、视觉、嗅觉、味觉、触觉、温度觉……甚至还有位置觉。有关感觉的神经网络，一开始可能只是一些较小的随机电路。随着进化的发生，其变化必然受到外部限制因素的巨大影响。举例来说，如果被捕食者要在捕食者非常靠近时才能将其识别出来，那么这种视觉系统对于增加自身生存机会来说，是没有多大帮助的。因此，视觉必须借助于某种方式，将远处较小的捕食者影像与近处较大的捕食者影像划起等号来。

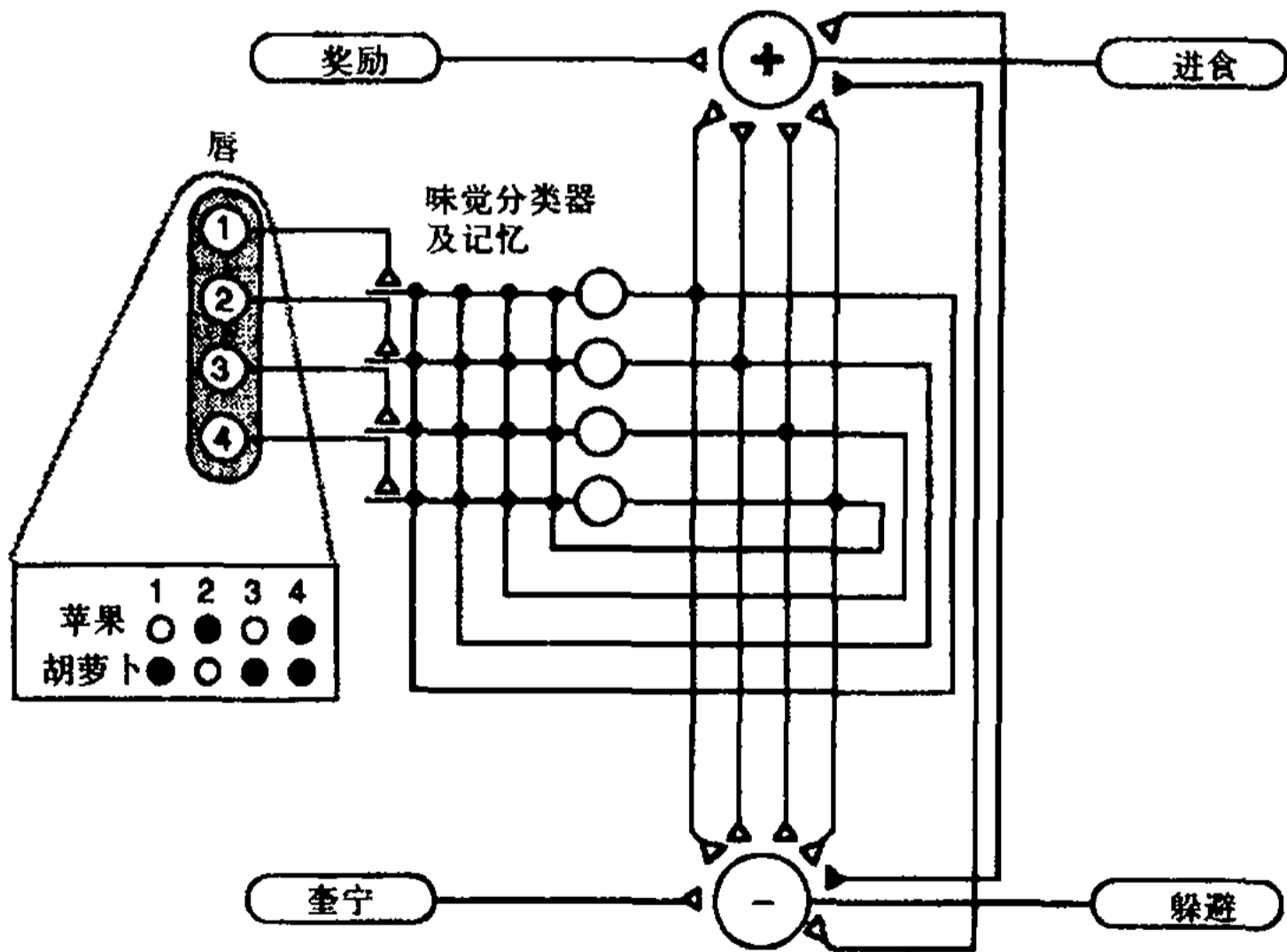


图 67 鼻涕虫神经网络的学习模式图



感觉通过大脑的神经活动形成了内部模式,而这种内部模式必须以某种形式与外界可见模式对应起来才有意义。因此,感知过程所采用的神经网络必须进行适当组织,以便反映外界的真实情况。从根本上说,外部世界是建立在对称基础上的。我们已经看到,对称性支配着一切,其中包括自然界的四种力,量子力学,空间、时间、物质和辐射的本质以及宇宙的形态、起源和命运。人的大脑以及感觉器官就是在这样一个神奇的对称性宇宙中共同进化的。为了能够在恶劣的环境中生存下去,我们在进化过程中逐渐获得了一种能力,这种能力使大脑能够觉察到周围发生的情况,并对即将发生的事作出预测。因此,宇宙的对称性必然会以这样或那样的形式深深地铭刻于我们的感觉系统之中。

我想说,无论是人眼视网膜感觉细胞的排列方式,还是大脑视觉皮层的结构,甚至包括因药物或缺氧造成的幻觉,这一切都是由对称性决定的。不过,我们的感觉器官并不会机械地复制自然界的对称结构。虽然感觉器官是由一些独立的生物细胞所构成,并因此受到一定的限制,但它们仍会尽其所能。我们马上就会发现,感觉器官受到的限制会导致这样的结果,即外界的连续对称性与感觉的离散对称性之间发生了十分有趣的相互影响。这也为感觉器官的某些奇异特征提供了数学解释。例如,视网膜上的感光杆细胞和锥细胞不完全一样,靠近视网膜中心的杆细胞和锥细胞非常小,且排列紧密,而远离视网膜中心的杆细胞和锥细胞就大一些,分布也较稀松。这种现象也许是在眼睛发育过程中偶然出现的,但进一步考察以后,我们就会感到其中不无道理了。因为如

此一来，视觉系统便能非常容易地将不同距离的同一物体识别得清清楚楚。连接外部世界和眼睛结构的是一种对称性——缩放对称性，也就是将视野中较近或较远的物体进行缩小或放大时所体现出来的对称性。

现在，我们简要地回顾一下有关对称性的数学原理。我们知道，经过变换后仍保持不变的物体是对称的。这样的变换包括：映射、旋转、平移、缩放（按比例变化）。缩放是“连续的”对称，即可用任意比例对某一物体进行缩放。旋转和平移也一样，映射则另当别论。但我们的视觉器官是由一个个离散的细胞构成的，因而不可能具有连续的对称性。无论发生哪种对称变换，离散结构只能跳过一定距离，或者转过一定角度，却不能连续变动。因此，自然界只能采取近似的方法。我们的视觉系统采用了一种妥协方式，它用近似对称取代了绝对对称。我的意思是，转换过程虽不在感觉细胞的准确位置上发生，但总体上还是邻近于原先那些位置的。可能会有一些不同，但一个细胞不在乎这个。

近似对称性这一概念可以适用于视网膜。在视网膜上，靠近视野中心的细胞排列得很紧密，体型也较小，而远离中心的细胞则较大。这种结构在旋转和缩放变换中是近似对称的。就离散系统而言，这是最接近绝对对称的结构。这种结构便于大脑对来自眼睛的信息进行加工。无论物体的方向怎样改变，或者在近处看上去大一些，在远处看上去小一些，大脑都能把它识别出来。大脑对外界形态的平移对称性进行加工的方式则有所不同：大脑要求眼睛对准观察的物体，让其影像落在视野中心，以便非常清楚地看到它。当眼睛盯着运动的物体时，整个

视野也跟随着物体发生平移。因此，视网膜上的细胞排列方式没有必要去考虑平移对称的特性。这是一件十分幸运的事，因为离散细胞无论怎样排列，都不可能同时对三类对称性（不包括映射）做到良好的近似。20世纪90年代中期，计算机科学家西蒙·克利平格戴尔（Simon Clippingdale）、罗兰·威尔逊（Roland Wilson）以及数学家彼得·梅森（Peter Mason）经过研究后表明，虚拟的神经网络经过训练以后，能够掌握生成近似对称结构的方法。具体做法是，将这种虚拟网络随机置放在相当于外部世界的对称环境中，然后根据网络所作的反应调整其结构。另有证据表明，生命体发育过程中，视网膜上细胞的位置确实经历过调整，这种调整过程很可能非常类似于上述训练过程。

视觉皮层（大脑中接收和加工来自于眼的信息的部位）也具有对称性，但这种对称性与视网膜的对称性很不相同。在视觉皮层中，占据压倒地位的是平移对称。因此，我们的感觉系统必须将视网膜上的影像投射到视觉皮层上。这一过程需要借助一种名为“复对数”的数学变换才能完成（图68）。这种变

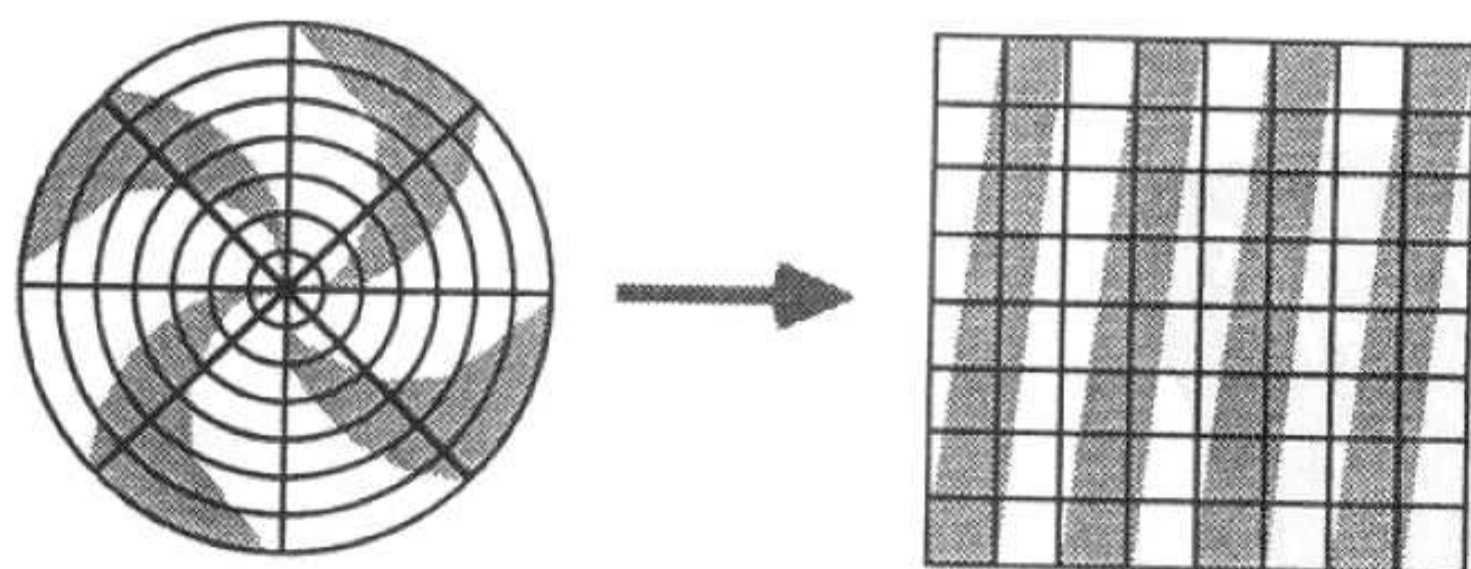


图 68 视网膜影像经过复对数变换形成的视觉皮层模式

换将视网膜上圆形和螺旋形转化为皮层上向不同方向伸展的直线。螺旋线是一种常见的幻觉，经过对数映射后，它变成了一组平行线（图69）。最早注意到这一现象的是杰克·考恩（Jack Cowan）。于是，我们立即明白了幻觉的形成过程：平行电波穿过大脑皮层时，就像海浪翻滚着冲上海滩一样。我们的视觉将这种电波误认为是撞击在视网膜上的螺旋形信号。因此，大脑在制造平行波，我们却以为看到了螺旋形图案。现实世界对我们大脑的影响是直接的，并不需要通过感觉系统，因而我们看到的景像与实际存在的景像有所不同。

对称性在感知过程中起到了关键作用，因为负责处理感觉信息的神经网络必须具备获取外界重要模式（如空间几何形态等）的能力。于是，在研究雌性的性偏好时，对称性登台亮相了。前面我们曾经说到，达尔文已经认识到，有性繁殖开通了一条新的进化途径：性选择。雌性偶然的偏好可能会促使整个雄性（以及雌性）群体形成一种难以动摇的时尚，雄孔雀的尾巴便是一例。但达尔文并没有解释，这种偏好最初是如何形成的。费希尔在1930年指出，这可能是反馈回路失控导致的结果。促使性偏好出现的因素正位于反馈回路的某个环节上，而该环节前后连接的是雌性对雄性伙伴的感知和选择。造就华丽尾羽的雄性基因与偏好华丽尾羽的雌性基因相互强化，只有当某种因素对生殖过程产生更为强烈的影响以后，这种强化过程才会停滞下来。最初偶然的偏好激发了整个反馈过程；要是雌性一开始就偏好细小的尾巴、弯曲的喙喙或者肥大的双脚，那么现在又会是另外一番景像了。极乐鸟喜欢炫耀自己奇异、精致、多彩而无用的正羽、翎颌和翻羽；园丁鸟忙于收集一堆堆



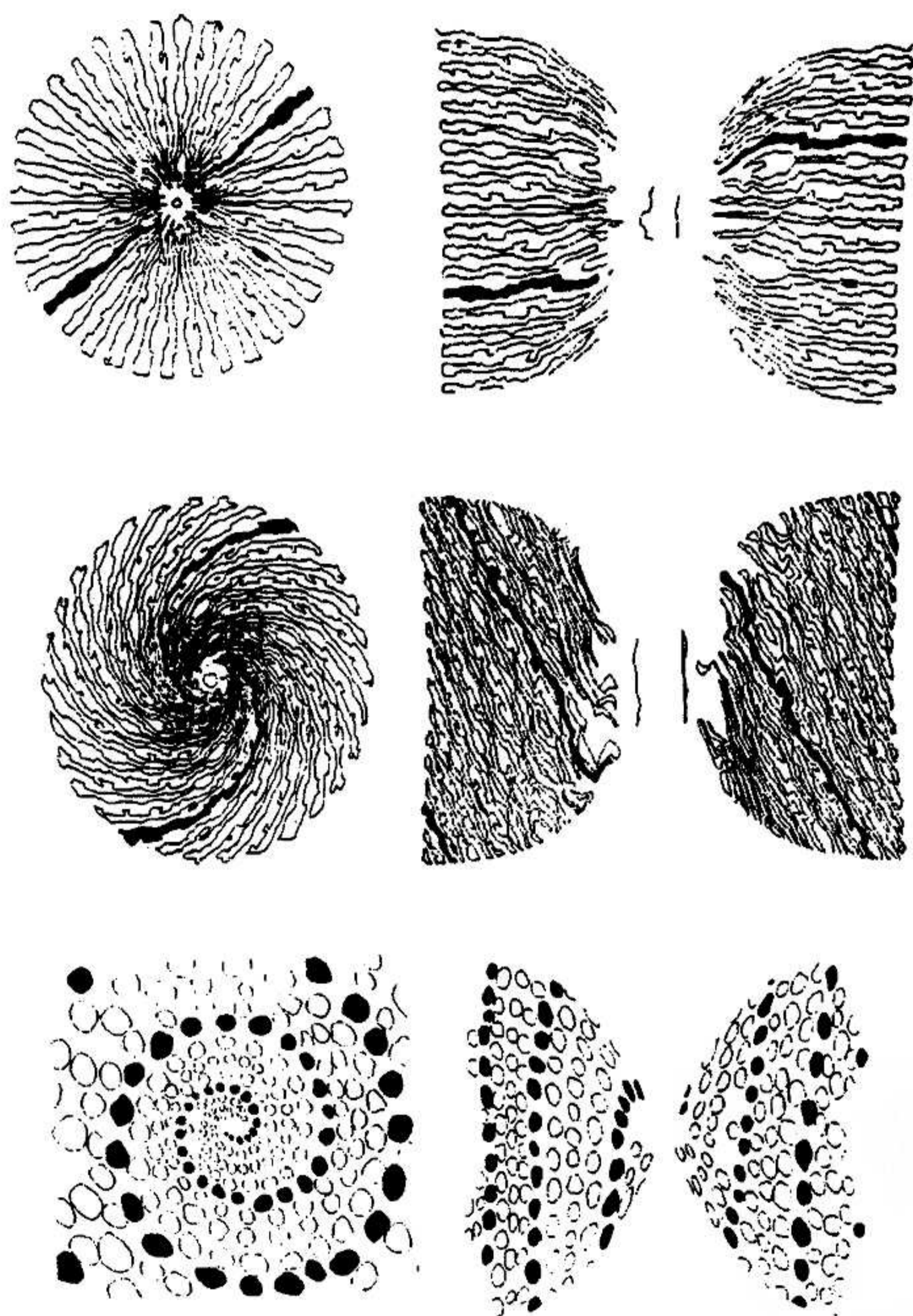


图 69 普通幻觉经变换以后在大脑皮层上的平面波



中看不中用的废物，它们的的目的都是为了吸引雌性的注意。这些例子在一定程度上说明了反馈结果可以具有很强的随意性。

不过对孔雀来说，这种反馈结果并不具有随意性。外观欠佳的短尾是否同样会得到雌性的青睐呢？阿莫兹·札黑维\*的回答是否定的。他认为，大型尾羽给雄孔雀带来的麻烦正是引起雌性偏爱的原因。因为只有那些具有优质基因的雄孔雀才能承受笨重尾羽的煎熬。与这类雄性交配的雌性会把这种优质基因遗传给下一代，而不具备这种基因的雄性就享受不到这份幸运，它们的后代在竞争中仍将处于劣势。小尾巴永远成不了时尚，因为对任何鸟类来说，不管有没有优质基因，都能摆弄小尾。札黑维的意见在很长一段时间里一直没有得到重视。后来，艾伦·格拉芬\*\*等数学家用模型研究了这类系统以后才发现，札黑维是正确的。雄性动物承受压力的本领确实反映了某种优质基因的作用。但如果存在“欺骗”的话，那么所谓“压力理论”仍无法成立。

说来也巧，雌性动物最常见的一种偏好就是对称性。许多实验和观察的结果都证实了雌性往往倾心于对称的雄性。例如，安德斯·莫勒\*\*\*在1992年试图证实雌燕喜欢与长尾雄燕交配。他发现，实际情况确实如此，他甚至还发现，雌燕更喜

---

\* 札黑维 (Amotz Zahavi)，以色列生物学家，曾任以色列特拉维夫大学自然保护研究协会动物学教授。其主要成就是为达尔文提出的“性选择”理论给出了数学依据——译者注

\*\* 格拉芬 (Alan Grafen)，英国数学家、生物学家，牛津大学生物学教授。其主要课题是利用数学及逻辑学方法研究有关进化的问题，其中包括动物语言、性选择、亲族选择及亲族识别，等等——译者注

\*\*\* 莫勒 (Anders Møller)，丹麦生物学家。他对许多鸟类进行过长期研究，并对鸟类的行为学及生态学研究作出了巨大贡献——译者注

欢对称的尾巴，这是他未曾想到的。还有更让人想不到的呢！兰迪·桑希尔\*发现，雌性日本蝎喜欢体型对称的雄蝎发出的气味，甚至在看不到雄蝎模样的情况下也是如此（难道好闻的气味也是优质基因造就的吗？我对此仍然有点纳闷）。蜜蜂似乎也偏爱形状对称的花朵，花瓣当然要美丽，且数目最好为偶数。至于人类呢，事实表明，对称与美也是联系在一起的。无论男性还是女性，都喜欢漂亮的配偶。完全对称的脸庞是最理想的，甚至还有人通过研究发现，如果性伴侣的脸型比较对称的话，女性经历性高潮的感觉也会更加强烈。

为什么对称性会得到如此普遍的偏好呢？这种特殊的偏好也许不太会是偶然的吧？对称乃是许多生物发育过程中一个引人注目的特点。大多数动物都是对称的，通常是轴对称。在发育早期，出现这种对称性也许是因为发育机制本身是对称的。但随着胚胎的生长，生物体中对称的各个部分要保持同步发育，难度将会愈来愈大。但成年生物体仍有必要保持对称，比如一匹马如果一边腿长，一边腿短，走起路来就会很别扭。同样，如果鸟的左翅比右翅短，就不能像样地飞行。因此，基因中很可能含有大量指令，保证了胚胎在发育过程中保持对称。对称性也许提供了一种有效的方法，用来检验遗传系统是否能够正常地发挥功能。毫无疑问，遗传机制有缺陷的动物往往容易显示出不对称的形态，比如，一条长歪了的尾巴。

进化促使雌性选择对称的雄性伙伴进行交配，因为那是一

---

\* 桑希尔 (Randy Thornhill)，美国生物学家，现任新墨西哥州大学生物学教授。其主要研究领域为昆虫行为生态学、人类行为生态学以及进化心理学等等——译者注

条捷径，可以让后代有幸继承这类优质基因。我认为，在这里如此强调遗传的作用，可能有点过分，所以我想提出另一种观点供大家思考。也许促使成年动物严重畸形的最常见原因并不是劣质基因，而是意外伤害。如果遗传基因有问题，动物根本就不可能生存至成年。但无论什么物种，只要雄雌双方合作养育后代，配偶如果受到伤害，子女生存的可能性就会大大降低。

这些理论十分有趣。不过最新研究表明，性选择也许就不是隐藏在对称性偏好背后的首要因素。那么，还有什么因素是需要考虑的呢？答案是：感知。

1994年，马格努斯·恩奎斯特\*和安东尼·阿拉克(Anthony Arak)表明，动物对于对称配偶的偏好，也许是大脑神经网络在执行感知过程中产生的一种副作用。这种神经网络学会了对某些特定的刺激产生反应，而对其他刺激却无动于衷。可以设想，现在有一个神经网络正在学习识别尾巴(我们必须这样考虑，然后才谈得上对特定种类的尾巴是否存在偏好的问题，对不对?)。在进化过程中，感觉的神经网络受到各种不同刺激，其中有些来自于类似尾巴的形态，有些则不是。一条尾巴可能以各种不同的角度呈现在动物眼前(这也体现了自然界的物理对称性)。如果这是一条偏斜的尾巴，那么识别系统面前就可能同时出现左偏和右偏的两条尾巴，然后它

---

\* 恩奎斯特(Magnus Enquist)，瑞典博物学家，现任斯德哥尔摩大学动物学教授。其主要研究课题为动物和人类的行为进化过程及机理。1994年，他与另丹麦生物学家阿拉克共同撰写了的一篇名为“对称、美丽与进化”的论文，其中的主要论点正是本段所提及的内容——译者注

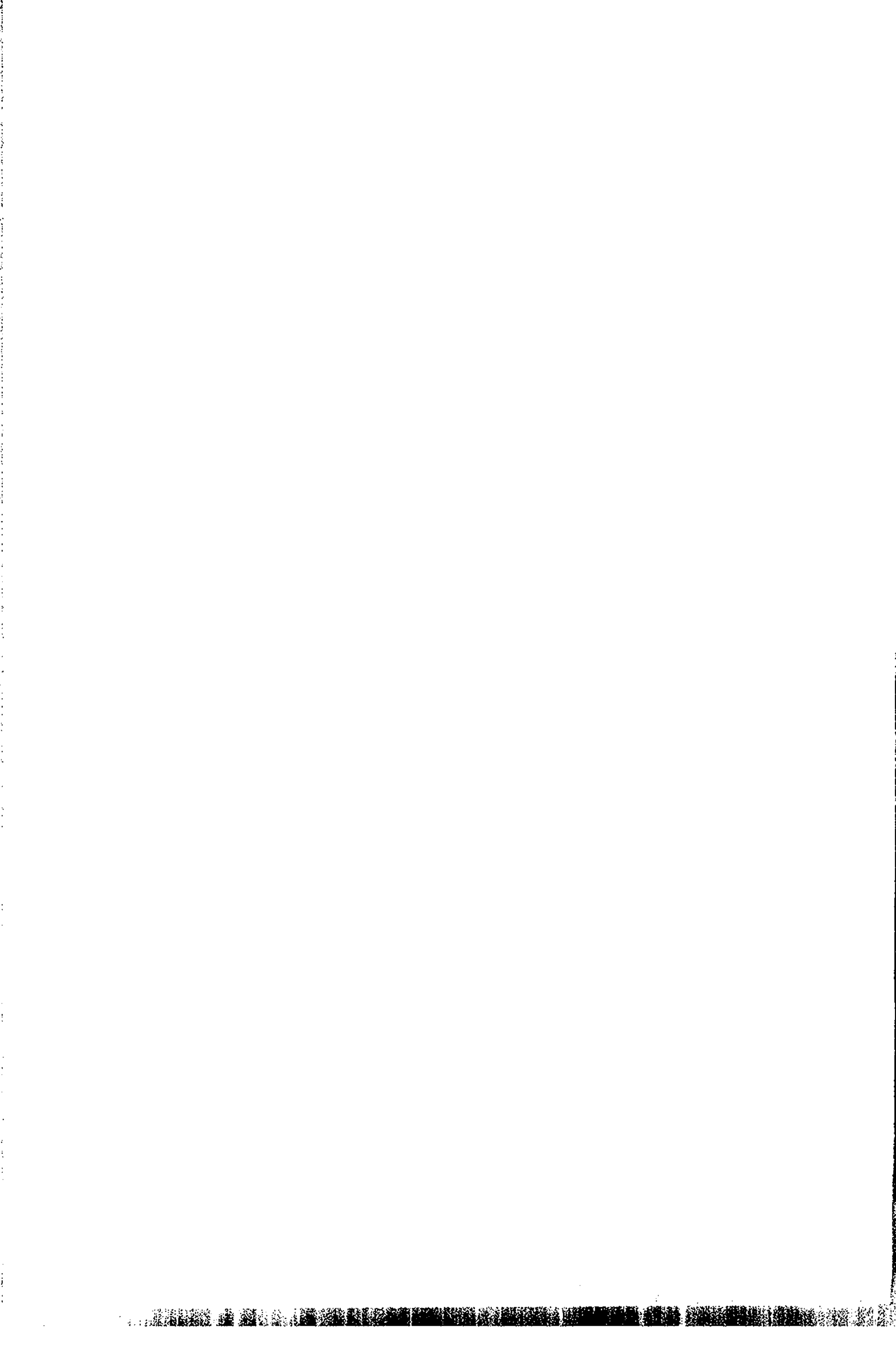
就学会了对偏向于任何一方的尾巴作出强烈的反应。现在再来想一下，如果识别系统面前放着的是一条对称的尾巴，它与左偏或右偏的尾巴都有相似之处，这时又会发生怎样的情况呢？根据神经网络对刺激的反应方式，如果两种刺激同时存在，神经网络作出的反应就会更加强烈。恩奎斯特和阿拉克在计算机实验中证实了这一论点。几乎同时，鲁弗斯·约翰斯通\*也进行了类似试验，并得出了完全一致的结论。所以，动物之所以偏好体态对称的配偶，完全可能是识别配偶过程中的一个意外结果。

该理论与性选择并不相左，它仅仅表明了这样一个事实：动物对于对称的偏好，未必是偶然的时尚，而更可能是无法避免的。这一理论还用新的眼光重新审视了人类喜欢对称或近似对称的审美习惯。进化出一个能在对称的宇宙中发挥功能的大脑是一种普遍而必然的结果。如果事实果真如此，那么也许性和美就不像人们原先想像的那样直接联系在一起。就连阿佩罗贝特尼斯（Apellobetness III）设想的无性涡状胶质外星人也会钟情于对称之美了。

当然，我们首先必须假定，这种外星人对于美是有感受能力的。

---

\* 约翰斯通（Rufus Johnstone），英国生物学家，现任剑桥大学行为生态学讲师。其主要研究领域为博弈论以及不同社会生态环境中的动物行为模式。他于1994年撰写了“雌性偏爱对称雄性是配偶识别选择过程的副作用”一文——译者注





## 第九章

# 动物行进的步法

所有这类结构使得鸟类的骨架具备了弹簧的特性，当它们起飞或降落时，各种冲击力得到缓冲。鸟类、野兽和人类在不同程度上都具备这种弹性。轻盈的步伐洋溢着青春气息，而当这种步伐逐渐消失时，衰老便悄悄地来到了我们身边。

汤普森：《生长与形态》，第十六章

几年前，我曾到英国一个海滨城市参加数学研讨会。宾馆距离会场有一段路，时值美丽的春天，我决定徒步前往。这段路不算很长，是条笔直的山道，坡度也较平缓，路边栽种着两排行道树。鸟儿在空中歌唱，四周春意盎然，我的心情舒畅极了。

一条拉布拉多猎犬走在我的前面，同样一副兴高采烈的样子。至今，我仍能回忆起那条狗的模样：它沿着山路自由自在地小跑着，毫不在乎世界上发生的一切。每当它的身体向一侧移动时，尾巴就偏向另一侧，四只脚在地面上敲击出轻快的节拍。我不知道这条拉布拉多猎犬是否也有诗人的情怀，它也许算不上世界上最有风度的狗，但它确实具备了一条狗应有的特性。路很直，天气也不错，这条狗走路的节拍可以在好几分钟里保持不变。路面十分平坦，没有任何障碍物会刺激大脑的高级控制中枢采取行动以躲避灾难。因此，这可以算是动物王国中完美而典型的自由步态。仔细观察，我甚至可以看清它的四只脚点击地面的先后次序：左后脚，左前脚，右后脚，右前脚。它始终迈着整齐的步伐，不断重复同样的模式。

这真的可以称得上是一种模式。请读者们看着下面这几个字，心里默读它们的发音，同时用手轻拍桌面：后，前，后，

前，左，左，右，右。我们可以用两种相互交织的数学序列概括狗踱步的规律，当然，狐狸、马、大象以及其他四足动物的步态也概莫能外。

直到我落笔描述这种步态时，我才真正意识到，其时我本人也正迈着悠闲的步伐，漫步在这条悠长而笔直的山路上——这乃是动物王国中两足动物的一种完美无缺的运动方式。不过，我的步行模式要简单一些：左，右。动物行走的模式（学名“步态”）一直都是动物学家们颇感兴趣的课题。他们之所以希望了解动物的步态，有各种各样的原因。原因之一是，这方面的知识将有助于我们及时发现人工髋关节的异常情况：人工髋关节发生脱臼的一个征兆，便是步态的改变。另一个原因与现代化机械设计密切相关。认识动物行走的机理，能为有足机器人的设计者提供有益启示。许多环境对人类来说十分危险，比如，武器试射的军事目标区、等待拆除的失效核反应堆，甚至还有火星地表，等等，而带有轮子的机器人又容易被卡住。为了更稳定、更有效地运动，陆地生物很久前便进化形成了腿。许多机器人设计师就是从动物的运动中受到了启迪。毕竟，腿是现成的，用不着再去发明。

生物体运动受到的约束来自于物理学。如果使用的是腿，那么腿就必须非常强壮，以支撑作用在上面的力（我曾看到有些机器人设计得非常糟糕，一走起路来就散架）。其他运动形式也一样，例如，游水的动物会受到流体力学规律的约束。物理学定律对于动物运动模式所产生的影响是显著的，一点也不值得大惊小怪。显然，生物体选择的各种运动模式都由数学提供，生物只是在借用而已。哪怕一种运动模式再怎么奇特，也

总会有它的用处。

物理学对生物运动模式的影响不仅广泛，而且深刻。没有神经系统的控制，腿就成了无用的摆设。运动模式与神经网络是共同进化的，而非分头演变。感觉神经网络需要模仿外界图案，运动神经网络也必须与动物身体运动的方式相似。我深信，这种共同进化的现象之所以会出现，或者说，之所以很容易出现，都是基于这样一个明显的事实：肢体摆动的自然模式与神经网络的振荡模式是相吻合的。动物的步态节律反映出一种普遍特性，即肢体与大脑以某种潜在的方式联系在一起，这种联系早在肢体或大脑进化成完整的生物学结构之前已经存在。也就是说，步态节律在生物体的进化空间中准备了某种模式，有待将来使用。

该模式确实得到了应用。几乎所有生物都会运动，甚至连相对静止的植物也存在向光弯曲生长的现象，最小的浮游生物会随潮汐而漂移。猎豹追逐猎物时的奔跑速度可达每小时110公里，那可称得上是真正的高速运动了。

生物体的运动方式可谓五花八门，各有千秋。细菌利用微小的螺旋推进器使自身在水中行进。草履虫等单细胞生物可以通过挥动鞭毛选择运动方向。这种运动模式的数学机理很有趣：草履虫的纤毛不断地作着波浪式运动，就像微风在玉米地里吹过一样。细菌的螺旋推进器比任何其他结构都更具有几何特点。蛇和黄鳝利用肌肉的收缩运动使身体像波浪一样向前推进（图70）。响尾蛇在灼热的沙漠中翻滚前行，样子简直就像一根盘旋起来的弹簧。尺蠖在前进时，首先将尾巴向前挪动，接触到头部，形成一种“n”字形状；接着移动前半身，让

全身放平，形成“一”字形。信天翁展开双翼，在天空中自由滑翔，偶尔懒洋洋地扇动几下翅膀。起飞时，它们用带蹼的双脚笨拙地拍打水面，憨态可掬却不失优雅。大象拖着笨重的身躯在热带草原上从容漫步，每次总是只抬起一条腿（图71）。这种运动模式与海边小镇上的那条狗十分相似。骆驼的行走方式略有不同：两只左脚同时向前移动，接着再同时移动两只右脚，就像醉汉一样左右摇摆。松鼠也有自己的运动模式：跳，停，再跳；一旦受到惊吓，就会省去“停”这个环节。轮蛛就像一只有8根辐条的轮子，在沙漠里滚动前行。世界上唯一一种会跳的蛆（它有一个更文雅的名字——果蝇幼虫）在行进时，首先将自己的身体扭曲成“U”字形，然后伸展开来（图72），跃入空中，画出一段美丽的弧线，就像以前的弹道学教科书中描述的那样。

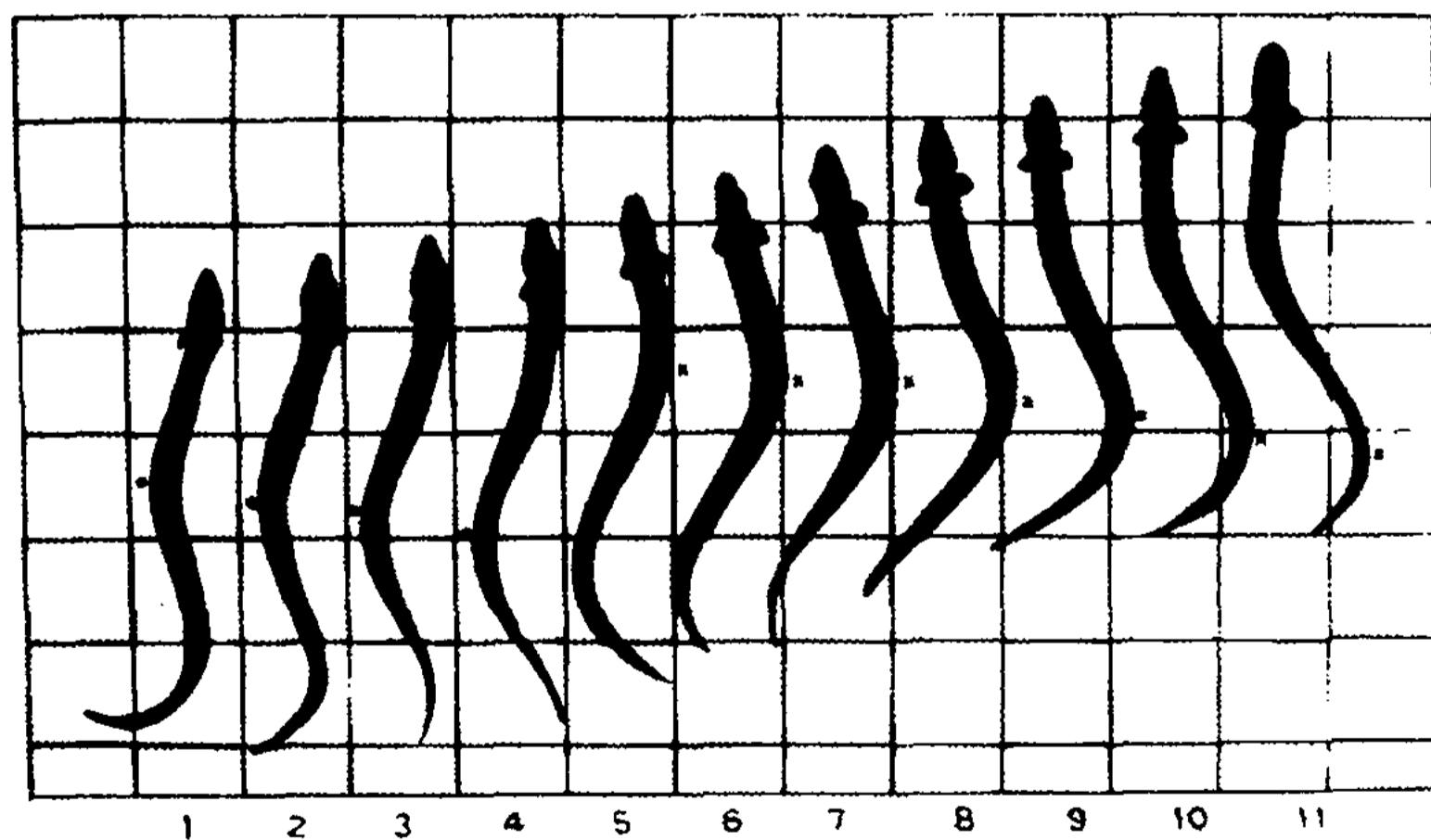


图 70 黄鳝肌肉收缩时形成的波形



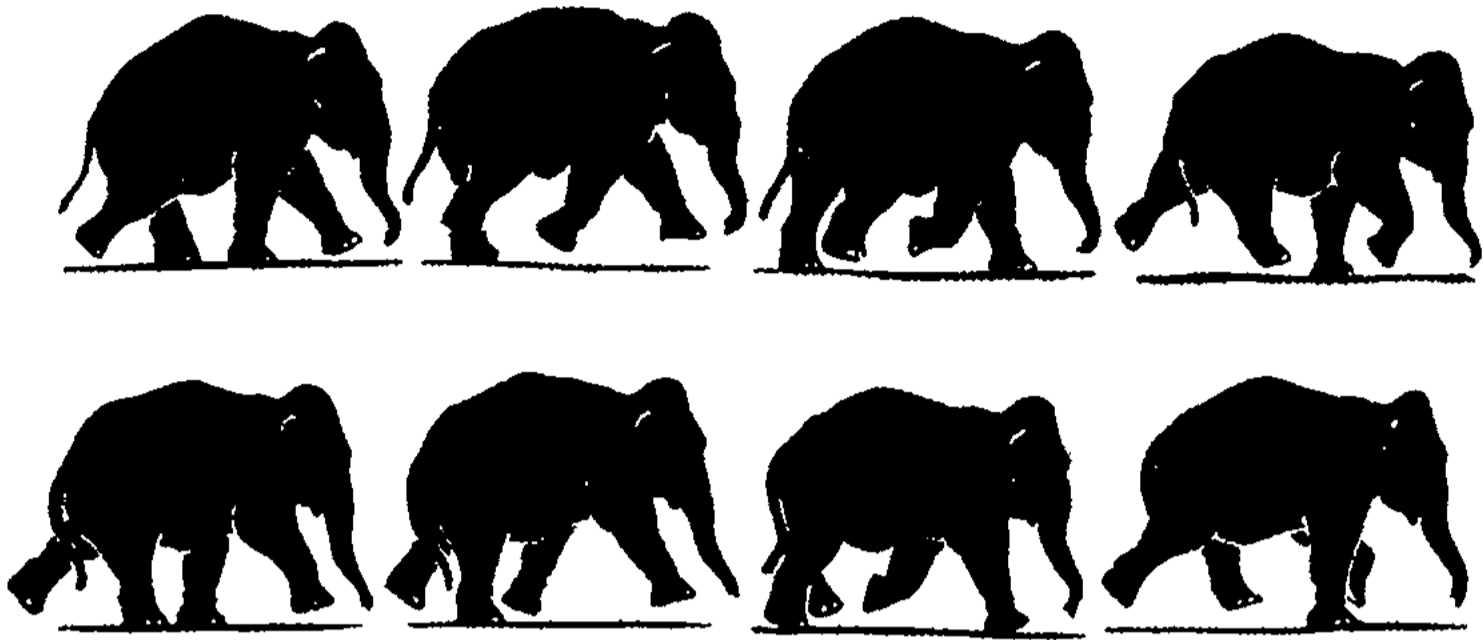


图 71 大象的步态

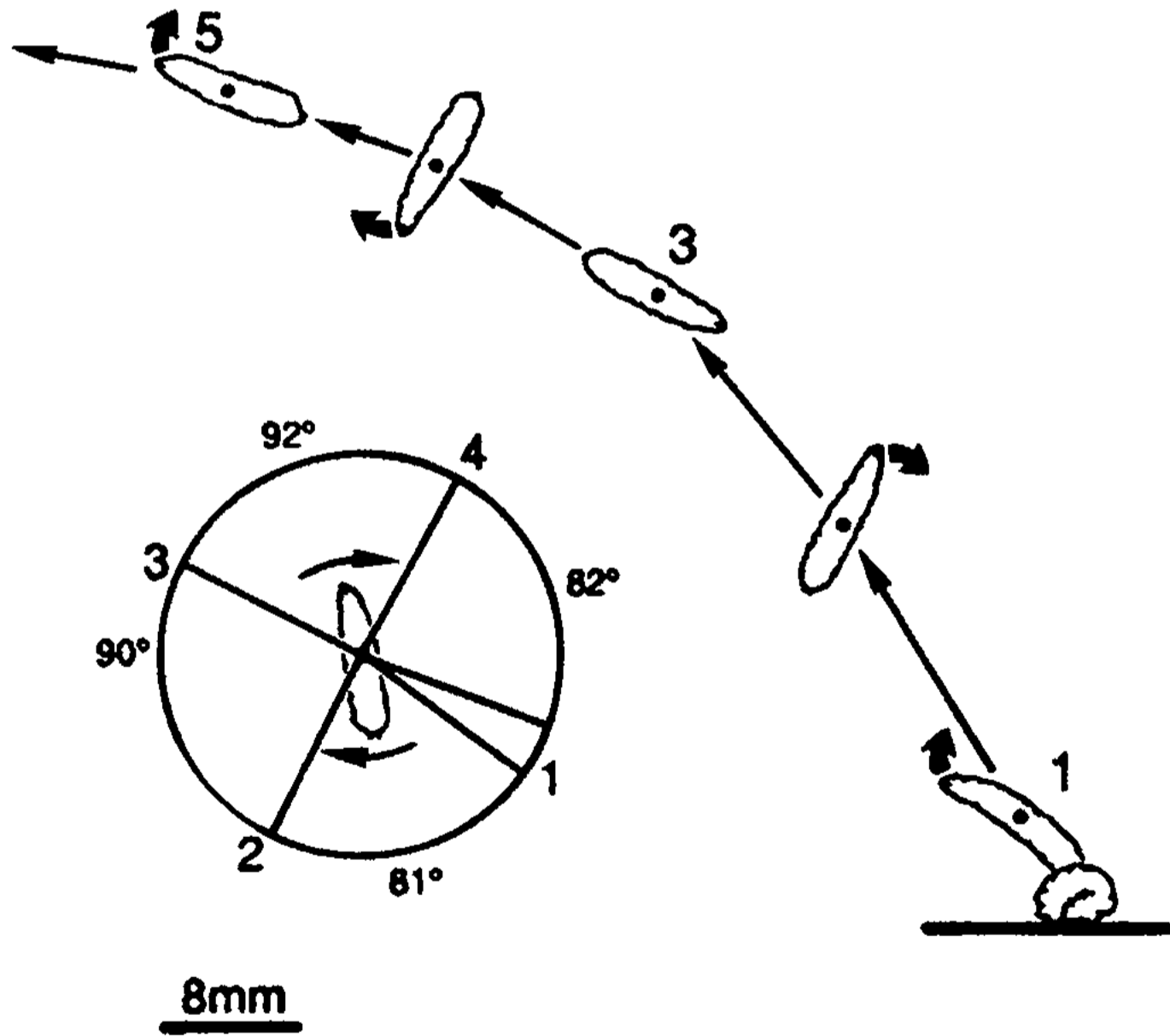


图 72 会跳的蛆

有关动物运动的数学模式不胜枚举，然而一段时期内，遗传学在这方面的研究却几无进展。真正重要的是动物运动的力学机理，确切地说，是机械电子学原理（力学加电子学）。这一术语最早来自于机器人技术，与人造机器有关，但同时它也抓住了动物运动的本质，即神经网络的电活动创造并控制节律，再加上肌肉、骨骼和壳质（构成昆虫外壳的材料），便产生了实际的运动。

如果将本书的剩余篇幅全部用来描述动物的运动模式，那么为使中心明确，我完全可以只谈有足动物，这会比较容易一些。但权衡再三，我还是觉得有必要向大家介绍一下“七鳃鳗”——一种形态与黄鳝酷似，常将自己的身体吸附于岩石上的鳗鱼。生物的运动模式可谓丰富多采、各不相同，这也正是运动数学的魅力所在。多数动物只采用一种步法，但也有部分动物可以改变步法，这有点类似开车时换排档。变换步法的目的是用不同速度行进。设想，要在10秒内跑完100米，将会是怎样的情况。马是以踱行起步的，当这种步法不够有效时，便转为疾走，达到最快速度时，就开始飞奔了。有些马还会走舞步，但不是所有的马都行，这得经过训练，好比我们要跳华尔兹舞也得先接受训练一样。尽管人类只有两条腿，但我们走路的方式也是多种多样的：走的速度比较慢，跑的速度就快多了。孩子们走起路来总是蹦蹦跳跳的，年青人甚至创造了许多新颖而复杂的步伐。

我已经说过，动物在行进时，需要神经网络与身体各部位协同作用，这类部位包括足、翅、肌肉、鳍等。对于生理学（也就是身上的肌肉和骨骼）我们已经了解了很多；但对神经学，

对控制运动的神经网络，我们却知之甚少。我们甚至还不清楚神经控制电路究竟在哪里。不过，对于脊椎动物来说，已有足够的证据表明，这种电路并不在大脑中，而是在脊柱中。人们相信（但尚未彻底证实），是一种被称为“中央程序生成器”（central pattern generator，简称CPG）的原始神经网络在决定着自由步态的基本节律。所谓自由步态，就是不受地形变化制约的行进方式，本章开头提到的那条黑犬在笔直的坡路上的行进方式便是一例。

问题在于，我们至今仍无法将复杂的神经系统划分为一块块具体的区域，更无法准确说出各个区域的作用。当然，目前人们已经有了些合理的推测，能够说明CPG电路看上去会是什么样子。例如，有些推测就颇有价值，能够为设计步行机器人提供新的思路。接下来，我将详细介绍这类推测的具体内容和来源。数学自然是不可或缺的，实验生物学的作用也不小。但总体来说，遗传学所起的作用很小，这也许是因为很少有人会对运动的遗传学基础发生太大兴趣。但我相信，这种兴趣会逐渐增大。

步法的一个基本数学特征是周期性：如果不受地形变化及其他外界因素影响，并且周围也不存在其他动物的话，动物不会改变其行进速度，它会一而再再而三地重复同样节律的运动。步法的另一个重要数学特征乃是对称性。1965年，美国动物学家米尔顿·希尔德布兰德（Milton Hildebrand）着重指出，对称性普遍存在于各种步法之中。比方说，动物在跳跃时，两条前腿是一起运动的，两条后腿也一样（图73）。这个动作的对称性源于动物身体的左右对称。有些步法的对称性更为精



图 73 长尾西伯利亚地松鼠的跳跃方式

妙。例如，骆驼走路时，左半身与右半身的移动姿态是一样的，但相位上相差半个周期，即移动滞后的时间等于步法周期的一半（图 74）。这是一种在时空上都对称的步态，同时包含着在空间和时间上的变化。为什么步法是一种时空模式呢？这个问

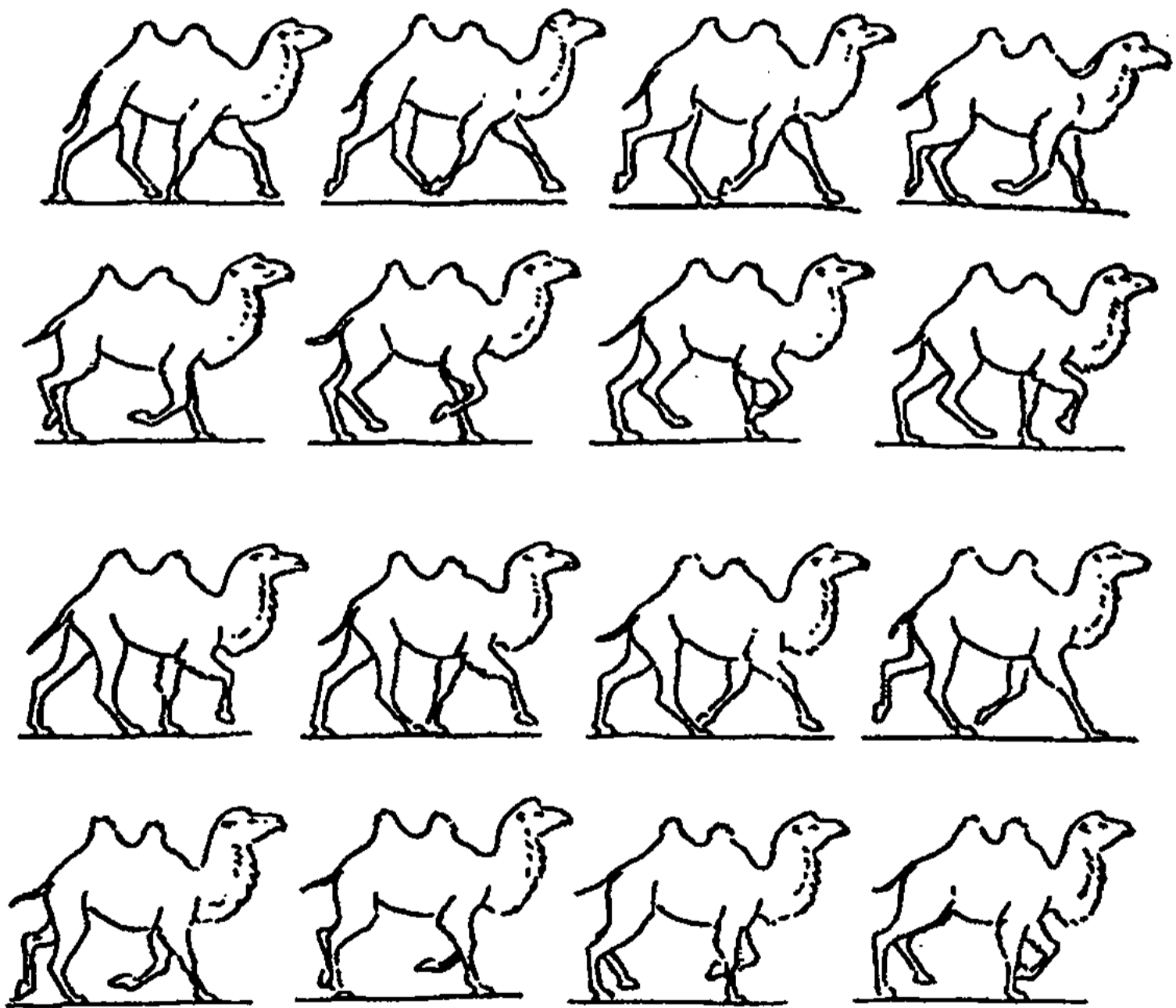


图 74 骆驼的步态

题的答案似乎与振子（周期性变化的事物）的数学原理有关。动物的步法与简单振子中普遍存在的周期性模式有着惊人的相似之处。这种相似性表明，步法乃是动物生理或神经电路自然产生的结果，它为我们研究神经控制电路的组织结构提供了一些线索。

只需罗列各足的相对相位，我们就能概括出步法的定性形态。特定足的相对相位是指从参考足点地到特定足点地的时间间隔在整个步法周期中所占的比例。举例来说，人类步行时，右脚踩地要比左脚晚半个周期，因此如果将左脚作为参考足的话，那么右脚的相对相位就是0.5，而参考足的相对相位总等于零。两足动物有两种基本步法。一种是，两腿相位不一致，一般相差半个周期，也就是说，两腿的动作是一样的，但点地的时间相差半个周期（对于人类而言，走路和跑步就属于这类情况）。另一种情况是，两腿相位一致，同时做出相同的动作（例如，双足跳）。当然，人类还有其他一些步法，比如单腿跳跃，等等。不过，这些都是次要的步法。

四足动物的步法更为多样。图 75 总结了四足动物最常见的八种步法以及四条腿相应的相位关系。不同动物喜欢采用的步法也不同。大多数动物漫步（walk）时速度不快，随着速度逐渐增加，它们开始选择疾走（trot），骆驼则通常由漫步改为踱步（pace），角马甚至能从漫步直接过渡到小跑（canter）。爬行动物也会小跑，有些蜥蜴还可以用后腿直立跑。幼鳄能运用两种奔跑方式——四肢交叉序奔跑\*（transverse gallop）和四

---

\* 原文字面的意思是“横向奔跑”，但它描述的动物奔跑形式是四肢的起落采取左前—右前—左后—右后的顺序，故译为“四肢交叉序奔跑”——译者注



肢时针序奔跑\* (rotary gallop), 但成年以后就不行了。

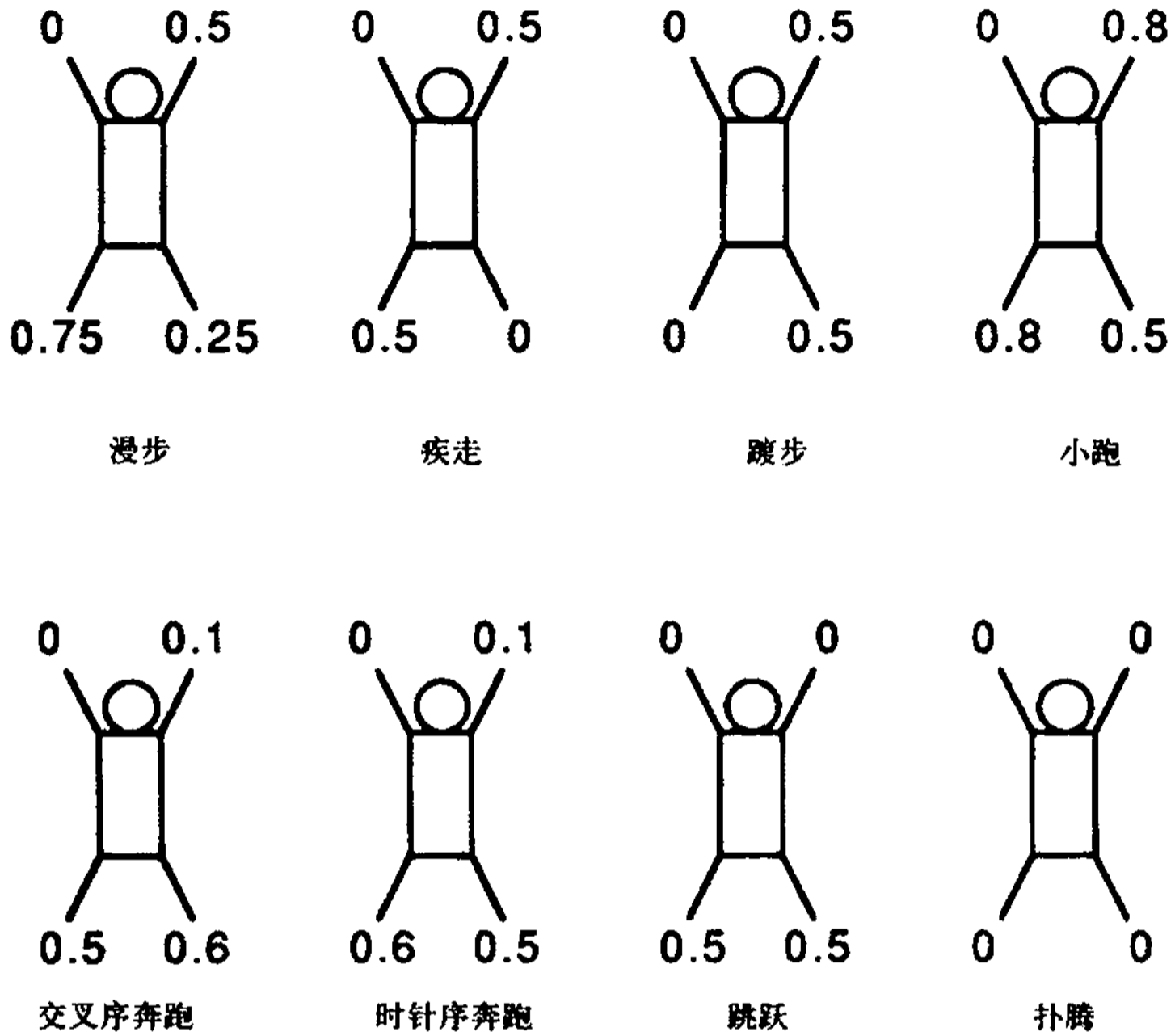


图 75 四足动物八种常见步法及四足的相位关系: 漫步, 疾走, 踱步, 小跑, 交叉序奔跑, 时针序奔跑, 跳跃, 扑腾

20世纪90年代初, 舍纳 (G. N. Schöner)、杨 (W. Y. Yiang) 以及斯科特·凯尔索\*\* 经过观察发现, 可以根据时空

\* 原文的字面意思是“旋转奔跑”, 但它描述的动物奔跑形式是四肢的起落采取左前-右前-右后-左后的顺序, 由于这种顺序和时针的走动顺序移植, 故译为“四肢时针序奔跑”——译者注

\*\* 凯尔索 (Scott Kelso), 美国心理学家、生物学家, 现任威斯康星州立大学心理学及生物学教授。其主要研究课题为生物的共济协调、大脑与行为的联系, 等等——译者注

对称性对步法加以分类。杰姆·科林斯\*和我在各自独立的研究中，也得出了相同结论。空间对称针对的是腿的运动顺序，比如“先前腿再后腿”。而时间对称指的是相位的改变。例如，四足动物的跳跃就有两种基本的对称性：

- ◇ 先左腿再右腿，前后均如此。
  - ◇ 前后腿动作交替进行，相位相差半个周期。
- 踱步也有两种对称性：
- ◇ 先前腿再后腿，左右均如此。
  - ◇ 左右腿动作交替进行，相位相差半个周期。

研究这类问题的数学称为“群论”，不过在此我们不必过多地纠缠于细节内容。我们只需要知道，存在某种机制，它不但能对各种步法的对称性进行分类，而且还能分析形成这种对称性的原因。

上述各类步法中，对称性最强的是扑腾。扑腾时，动物反复跃起，四肢同时离地。当然，我们也会产生这样的疑问：标准的扑腾动作要求四足完全同步，这种步法难道会被经常使用吗？对称性稍差一些的是跳跃、踱步和疾走，而两种奔跑以及慢跑则是对称性最弱的步法。人们发现，这种分类完全符合振子振荡器网络的动力学原理。对称性较强的步法是本步法，也就是说，这种步法只需对步法模式进行一次数学变换就能产生。而奔跑和慢跑则是次要步法，需要经过两次变换。从某种意义上说，次要步法是本步法的组合产物。

---

\* 科林斯 (Jim Collins)，英国生物动力学家，现任波士顿大学生物医药工程系教授。其主要研究课题是非线性动力学与统计物理学在生物功能研究中的应用——译者注

对称性源自何处？动物大脑在控制运动时，通过神经元发送电信号。我已经说过，部分间接证据有力地表明，动物运动的基本模式是由 CPG 决定的。CPG 是一种神经电路（它不一定存在于大脑中），能够产生节律性行为。节律是神经网络的灵魂，正如它赋予普通电路活力一样。其实，神经和电路的数学原理是极为相似的，从许多方面讲，两者可以使用同样的模型。工程师们都知道，最基本的电路之一就是振子，它是一种电压由正变负再变正的电路，这样的转换每秒要经历许多次。有些振子生成的是无线电和电视信号，还有一些振子可以对信号进行调节，将一些可识别信号整合到自己的波形中去。

CPG 需要的不只是一个振子，而是由多个振子组成的完整体系——每条腿至少需要一个独立的振子。具体思路是：动物的腿本身就是振子，当然是机械性振子，与复杂的钟摆并没有太大区别，它们也以一定的模式来回摆动，并听从 CPG 振子指挥。无论 CPG 传出怎样的节律信号，腿都会按部就班地付诸实施。CPG 中的各个振子必须连接起来，形成回路。这样，每个振子都很清楚其他振子在做什么。CPG 振子的工作速率应该是大大低于无线电发射器的，因为要使动物的腿每秒移动成千上万次是不可能的。此外，CPG 电路应该比较灵活多能，因为腿的运动模式多种多样，针对动物不同的行进速度，都有一种最佳的步法与之对应。

要在动物体内找到一条具体的神经电路，这比大海捞针还难。因此，尽管大家都相信 CPG 的存在，但直接证据仍少得可怜。许多人试图通过对动物步法的观察推断 CPG 电路图的结构，并希望搞清楚，究竟是哪一类电路在控制着步行的模

式。然而，也有人对七鳃鳗的游水动作进行了颇有意义的研究。那是一种貌似黄鳝的鳗鱼，人们掌握了一些有关这种动物神经系统的线索，并由此推测出它们是怎样运动的，本章末尾还要对此作具体介绍。有趣的是，两种研究方法似乎有着异曲同工之妙，得出的电路图结构也大体一致。

首先，我想从两足动物讲起，因为这既是大家感兴趣的话题，也是最简单的情况。对于两足动物来说，可行的最简网络具有两个相同的组成部分，两腿各占其一。这两个组成部分本身可能就是相当复杂的神经电路，但在这里，我们对内部结构并不关心。我们只需要知道，对于两条腿来说，这两个组成部分没什么两样。我们也无法肯定实际情况一定如我们所想像。不过，考虑到动物的左右对称性以及其它种种因素，这种推测也许还是颇有道理的。此外，振子网络具有坚实的数学基础，也应该能够适用于所有这类 CPG。最基本的振子模式有两种：

◇ 同相模式，两个振子具有同样的波形。

◇ 异相模式，两个振子具有同样的波形，但相位上相差半个周期。

两类信号正好产生了两足动物的两种基本步法（由步行状态转变为蹦跳状态时，会出现一种附带的现象，即所谓的“周期加倍”。我之所以要在此提到这一点，是因为有些专门分析动物步法的学者认为我不知道儿童还会蹦跳）。

那么，四足动物的情况又怎样呢？最自然的假设是，它们的 CPG 涉及 4 个振子，这也是科林斯和我曾经作过的假设。直到 20 世纪 90 年代末期，我们才得以表明，由 4 个振子组成的各种网络能够模仿四足动物所有常见的步法，只有小跑是一个

例外。但这一结论在技术上碰到了一些麻烦，其中最让人感到疑惑的是，这样的网络如果能够生成疾走和漫步这两种步法的话，那么在相同条件下应该也能生成踱步的步法；然而事实上，骆驼只会踱步而不会疾走，大多数马能够疾走，却从不踱步\*。此外，还有一个让人伤脑筋的问题，就是我们为“漫步”设计的网络模型居然还会生成一些稀奇古怪的步法，但这类步法似乎从来没有在真实的动物身上出现过。

如何解决这些问题？这些问题到底有多重要？我们不是很有把握。于是，我们又把注意力转移到六足动物身上，六足动物主要是指昆虫。几个世纪以前，人们已经对昆虫的步法发生了兴趣。在17世纪初叶，伽利略用自己发明的新式显微镜发现，这些多足动物能够在反重力的情况下运动。有些昆虫可以倒挂过来，利用吸垫或足上的小爪在物体表面行走。不久以后，也就是1680年，乔万尼·博雷利\*\*在他的著作《动物的运动》一书中指出，昆虫在行走过程中，每侧的三条足是按着“后足，中足，前足”的先后次序移动的。有意思的是，博雷利这一断言并非来自实际观测。他在论证时用到了—条原理，即为使虫体前移，后足必须先行启动，然后其他足才可以抬离地面。博雷利是否因此值得称道，还不好说。但实际证明，他的这种推测多少还有些道理。

昆虫最常见的步法是鼎移(图76a)。使用这种步法行走时，

---

\* 不过，美国有一些专门饲养的马匹只会踱步，从不疾走——作者注

\*\* 博雷利(Giovanni Borelli, 1608 - 1679)，意大利数学家、生理学家。他在专著《动物的运动》(De Motu Animalium)一书中，用滑轮和杠杆等机械装置解释了生物肌肉、骨骼系统的活动原理——译者注



动物一侧的前足和后足以及另一侧的中足相位是一致的，其余三足也是一同起步的，而后一组足的相对相位与前一组足相差半个周期。各由三条腿组成的两组足交替落地支撑躯体，形如宝鼎，“鼎移”因此而得名。当昆虫中速或快速行进时，这种步行模式十分典型；但在速度较慢时，它们往往会采用“波移”的步法（图 76b）。采用这种步法时，足的运动犹如波一样从昆虫的后身移向前身，同侧相邻两足的相位相差  $1/6$  周期，而左右相对的两条腿在相位上相差  $1/2$  周期。以上两种步法最为典型，但也不能排除其他可能性，事实上，昆虫不光会用六条足行走。

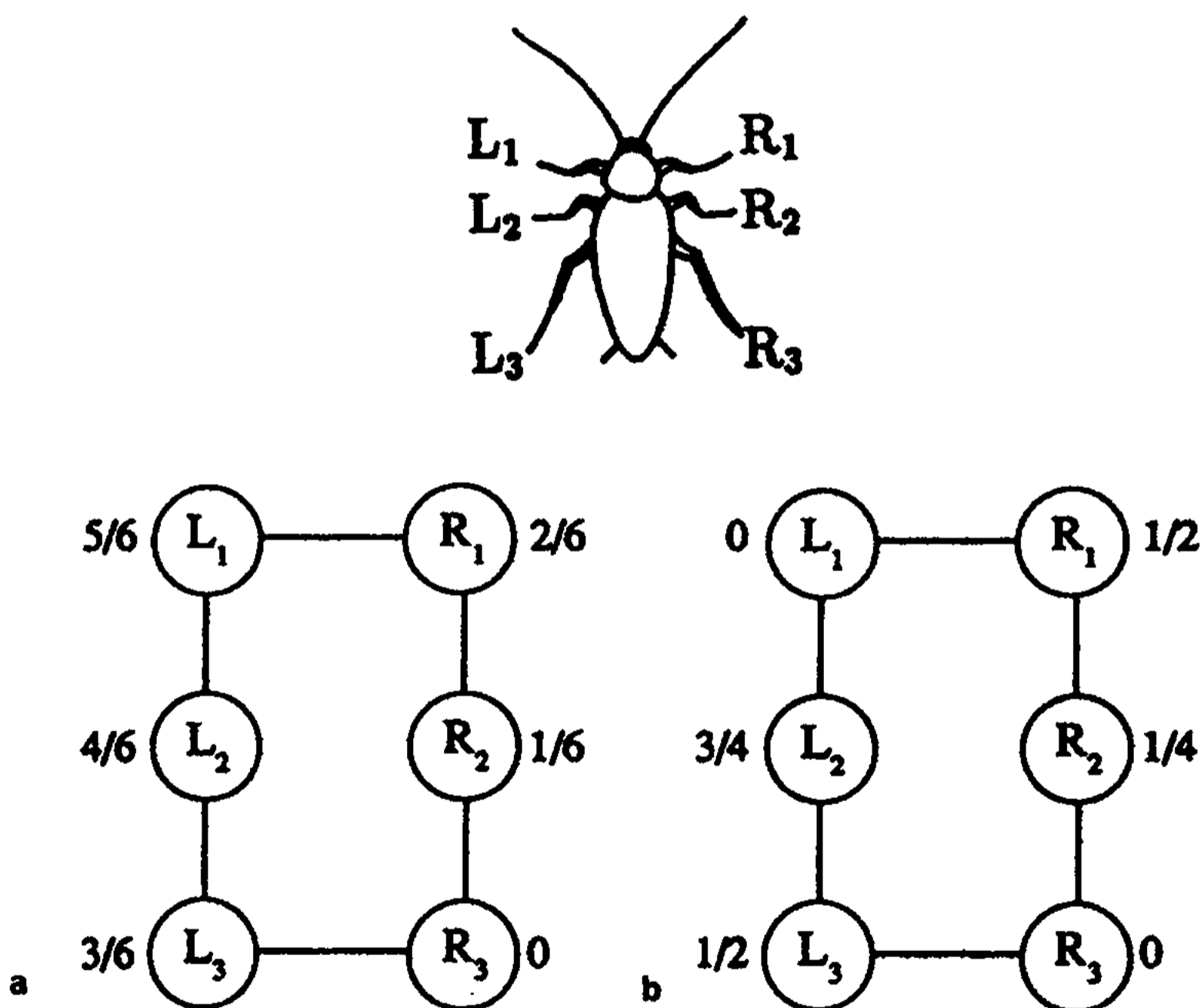


图 76 两种常见的昆虫步法：(a) 鼎移，(b) 波移

1990年代中期，加州大学伯克利分校的罗伯特·富尔（Robert Full）和迈克尔·杜（Michael Tu）发现，当美国蟑螂快速爬行时，它们可以改用四条腿甚至是两条腿的步法。

柯林斯和我顺着研究四足动物的思路，发现了一种简单网络，它由6个相同的振子相连形成环路，借此可以生成多种经典的六足步法。这个结果令人鼓舞，不过，有关四足动物的理论仍然存在着某些技术性难关，其中有些问题同样影响到关于六足动物的理论。1996年下半年，即本书撰写过程的最后阶段，我在休斯敦度过了一个月。在这一个月中，我与美国数学家戈卢比茨基一起工作，他是我多年的好友。他使我相信，这些问题非常重要。于是我们着手重新设计这种网络。我们花了几天时间，试图找到一种普遍适用的网络，它可以同时模拟四足动物、六足动物乃至蜈蚣的步行方式。这种网络能生成所有我们希望得到的步法，最好又不要生成任何我们不需要的步法，并且可以将疾走和踱步严格区分开来。

我们最初的设想显然偏离了正确的方向：因为对于四足动物而言，任何由4个振子组成的网络都不可能让人完全满意。我们很快就认识到，自然界是不会受到限制的，为什么有几条腿就一定要配上几个振子呢？明白这一点以后，我们没费多长时间就设计出另一种网络，它比原先的那种网络优越得多。其关键就在于，我们想到了将多个振子连接起来构成环路。尤其值得一提的是，这是个有向网络，每个振子的活动都将影响到下一个振子，但却不会对上一个振子发生作用。我们为什么要规定方向呢？原因很简单：动物的前后两个半身有所不同，多数运动模式都可以看作一种自后向前推进的运动波，而相反方

向的推进模式几乎不存在。在此之前，人们在研究过程中所用的都是双向网络，我们认为，这很可能是一种失误。

这个有向网络可以产生一组典型的行进波。为了便于解说，我们不妨考察一下由6个振子组成的回路（图77）。图中，圆圈代表振子，各圆圈之间的直线表示振子间传递信号的方式。信号沿箭头方向传递。对于6个振子组成的环路来说，共有6种基本模式。环路上相继出现的相位从0开始（亦即保持同步），然后依次为一个周期的 $1/6$ ， $2/6$ ， $3/6$ ， $4/6$ 和 $5/6$ 。这些模式具有非常清晰的数学结构，如下所示：

模式1：0，0，0，0，0，0

模式2：0， $1/6$ ， $1/3$ ， $1/2$ ， $2/3$ ， $5/6$

模式3：0， $1/3$ ， $2/3$ ，0， $1/3$ ， $2/3$

模式4：0， $1/2$ ，0， $1/2$ ，0， $1/2$

模式5：0， $2/3$ ， $4/3$ ，0， $2/3$ ， $4/3$

模式6：0， $5/6$ ， $2/3$ ， $1/2$ ， $1/3$ ， $1/6$

这张表是怎样列出的呢？首先选定一个相位，比如 $1/6$ ，然后依次用0，1，2，3，4，5与其相乘，并记下相应结果。请记住，相位1和相位0是相同的。要完整地列出此表，我们在选定初始相位时就应考虑到所有可能的数字：0， $1/6$ ， $1/3$ ， $1/2$ ， $2/3$ ， $5/6$ ，然后再逐一进行上述计算。这样，任务就完成了。

所有这些模式（除模式1外）都代表着某种行进波。例如，应用模式2时，环路上依次出现的相位是0， $1/6$ ， $1/3$ ， $1/2$ ， $2/3$ 和 $5/6$ 。行进波从振子1开始，依次到达振子2，3，4，5，6。同样，如果采用模式3，相位就依次为0， $1/3$ ， $2/3$ ，0， $1/3$ ，

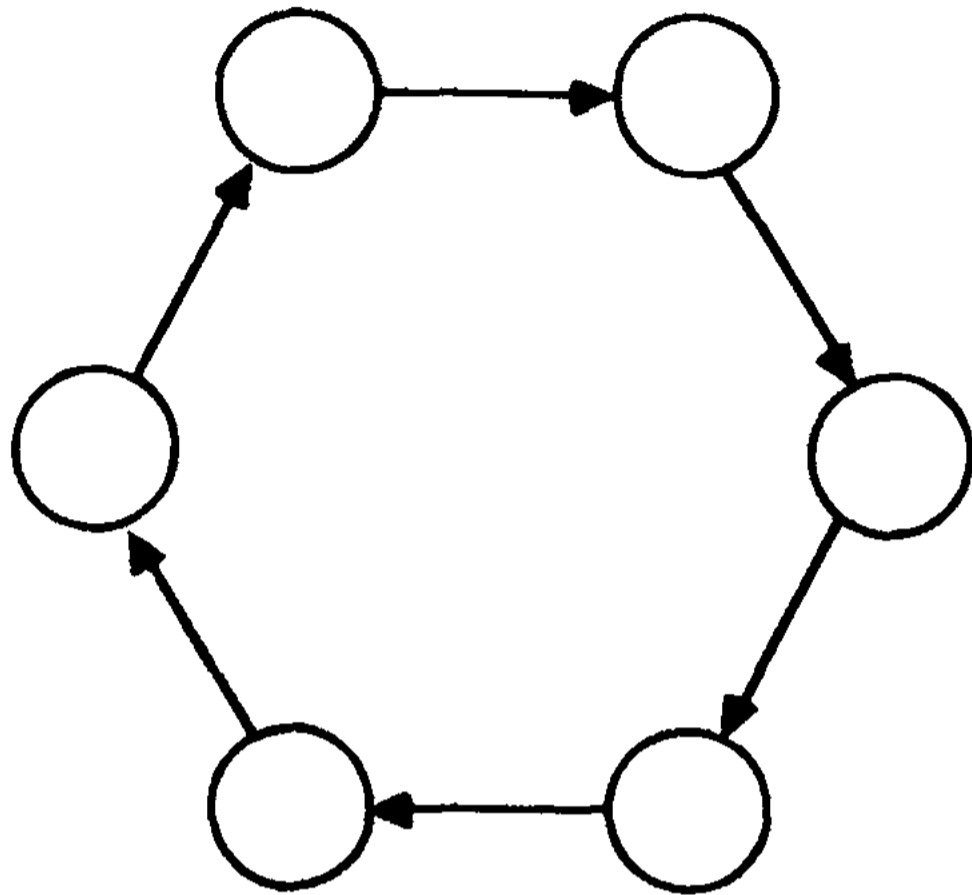


图 77 6 振子环路: 圆圈表示振子, 箭头表示振子间的联系

2/3。因此, 振子 1 与振子 4 是同步启动的, 然后振子 2 与振子 5 又同步启动, 接着是振子 3 与振子 6, 如此等等。模式 4 将足分为两组, 每组由 3 条足组成, 两组间相差半个周期的相位, 恰好与鼎移步法相似。这令我们信心大增, 因为大多数动物的步法都是一种由前至后的行进波, 而左右两侧的相位差往往是  $1/2$  (如果不是  $1/2$  的话, 那么两侧的相位通常就是相同的)。这提醒我们应当采用 2 个振子环, 一个用于左侧的足, 另一个用于右侧的足。事实表明, 如想惟妙惟肖地模拟四足动物的实际步法, 则最好选用由 8 个振子构成的两条环路, 每条环路上各有 4 个振子, 并且两条环路间互有联系 (图 78)。其中只有 4 个振子对足产生真正的驱动作用; 另 4 个振子的作用则是传递由前至后的行进波, 保证各足动作在时间上合拍, 维持彼此间的相位关系。再进一步, 对于昆虫这样的六足动物来说, 就

需要用12个振子，构成各由6个振子连接而成的两条环路。足更多的情况可依此类推。

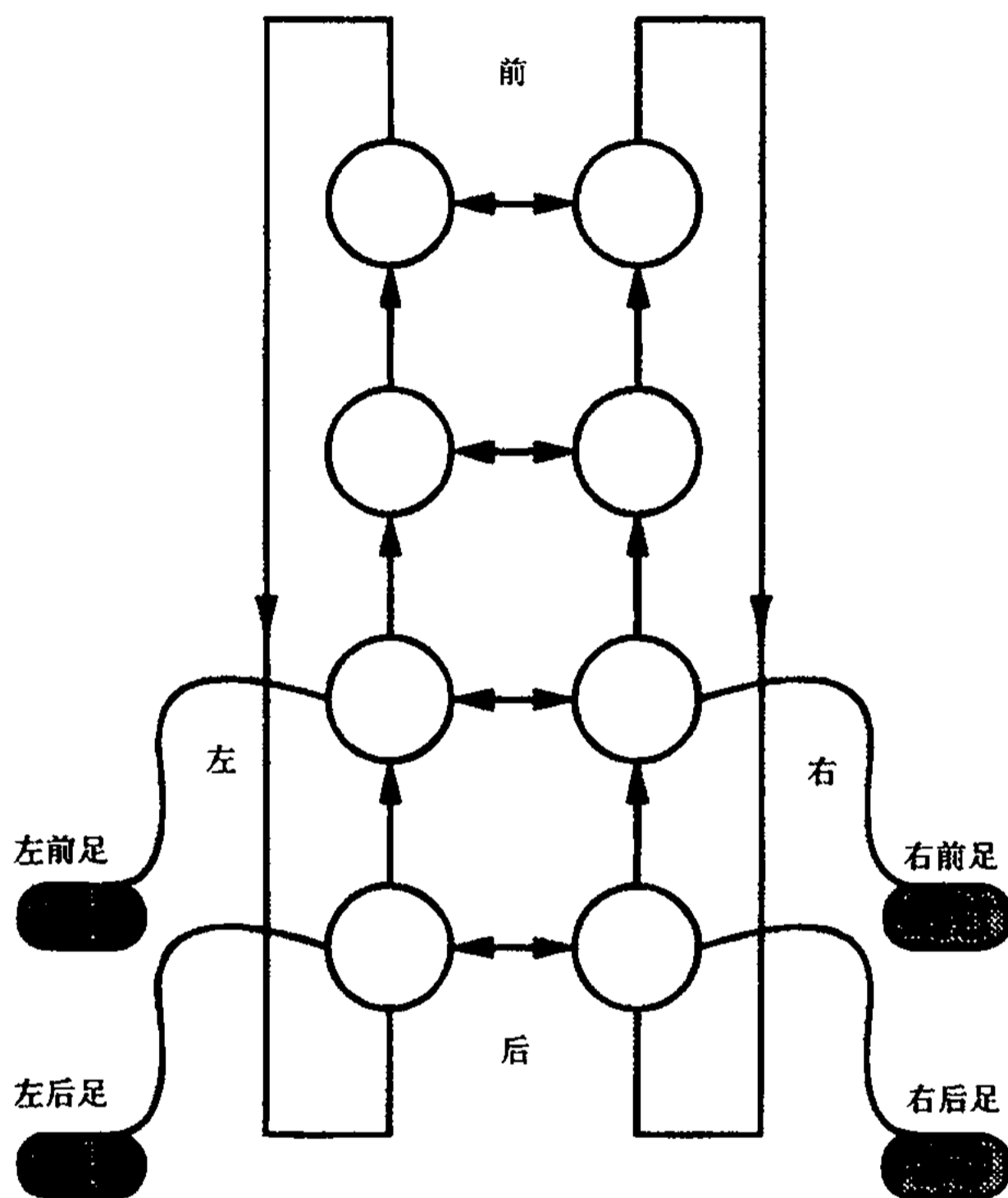


图78 用各由4个振子组成的两条环路模拟四足动物的步法。其中一条环路控制左侧足，另一条环路控制右侧足。只有4个振子与足直接相连，另4个振子用于构成信号回路

因此，我们在最初的研究中实际上遗漏了另一组振子。而现在，一切都可以安排得井井有条了。图79所显示的，就是由该模型模拟的四足动物的各种基本步法。同样，要为六足动物画出类似图形也不会很难。让人高兴的是，这些结果与实际



观察到的步法非常吻合。

如有必要，这一思路可以推广到足数更多的动物身上。多足类动物（蜈蚣和马陆）的足更多，这些足的运动往往采取一种波状模式（图 80）。这种波状模式同样可以通过上述网络模型逼真地再现。当然，此时振子的个数仍是足数的 2 倍。顺便提一句，这种模型已经可以程式化了：对称性相同的网络，生成的步法种类也一定相同。就在本书的撰写过程中，露西亚

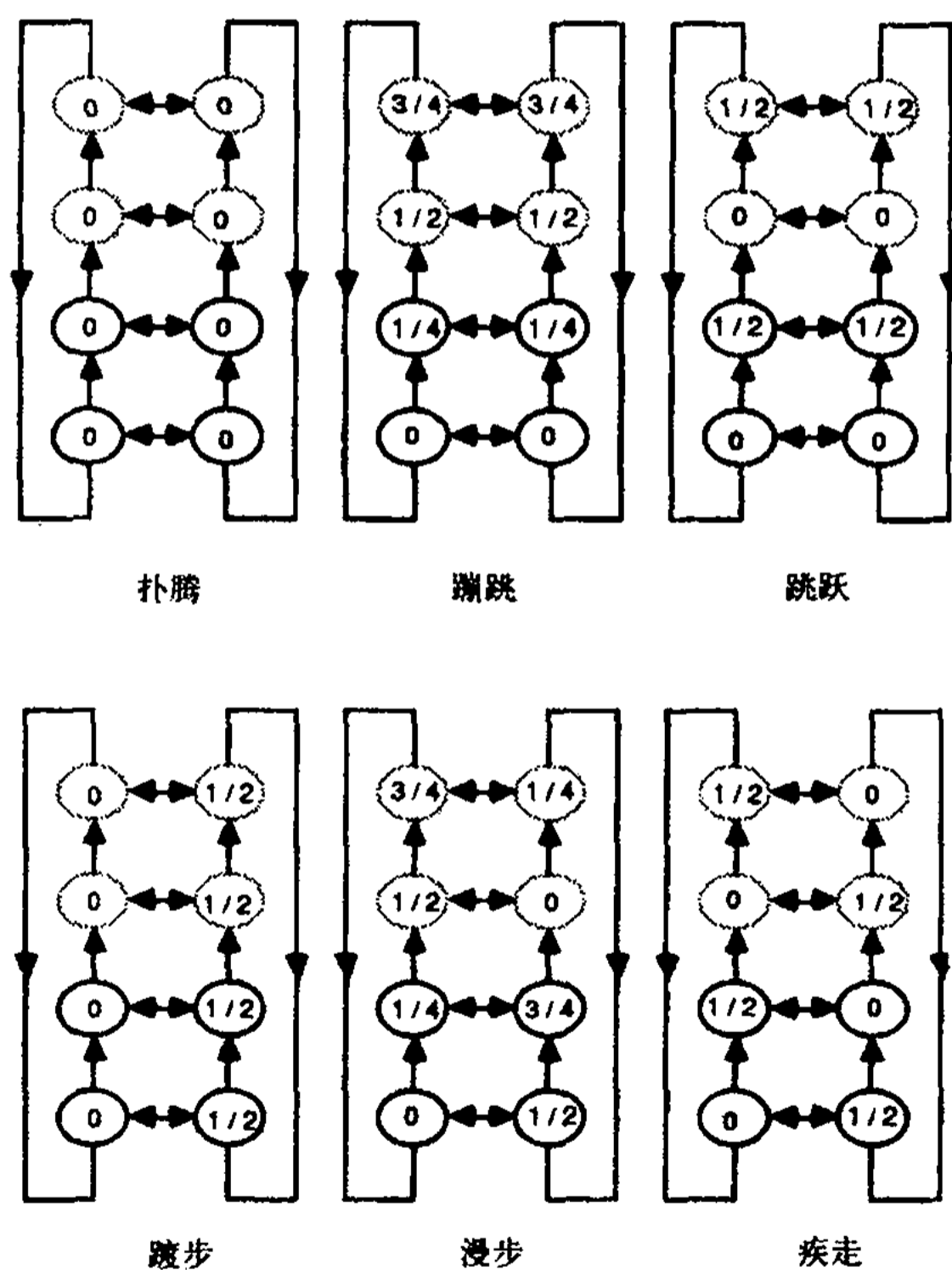


图 79 以 8 振子网络模拟的四足动物基本步法，数字代表各足的相位关系

诺·布诺 (Luciano Buono) 又发现, 如在网络中添加更多的对称连接, 将有助于更方便地生成稳定步法。

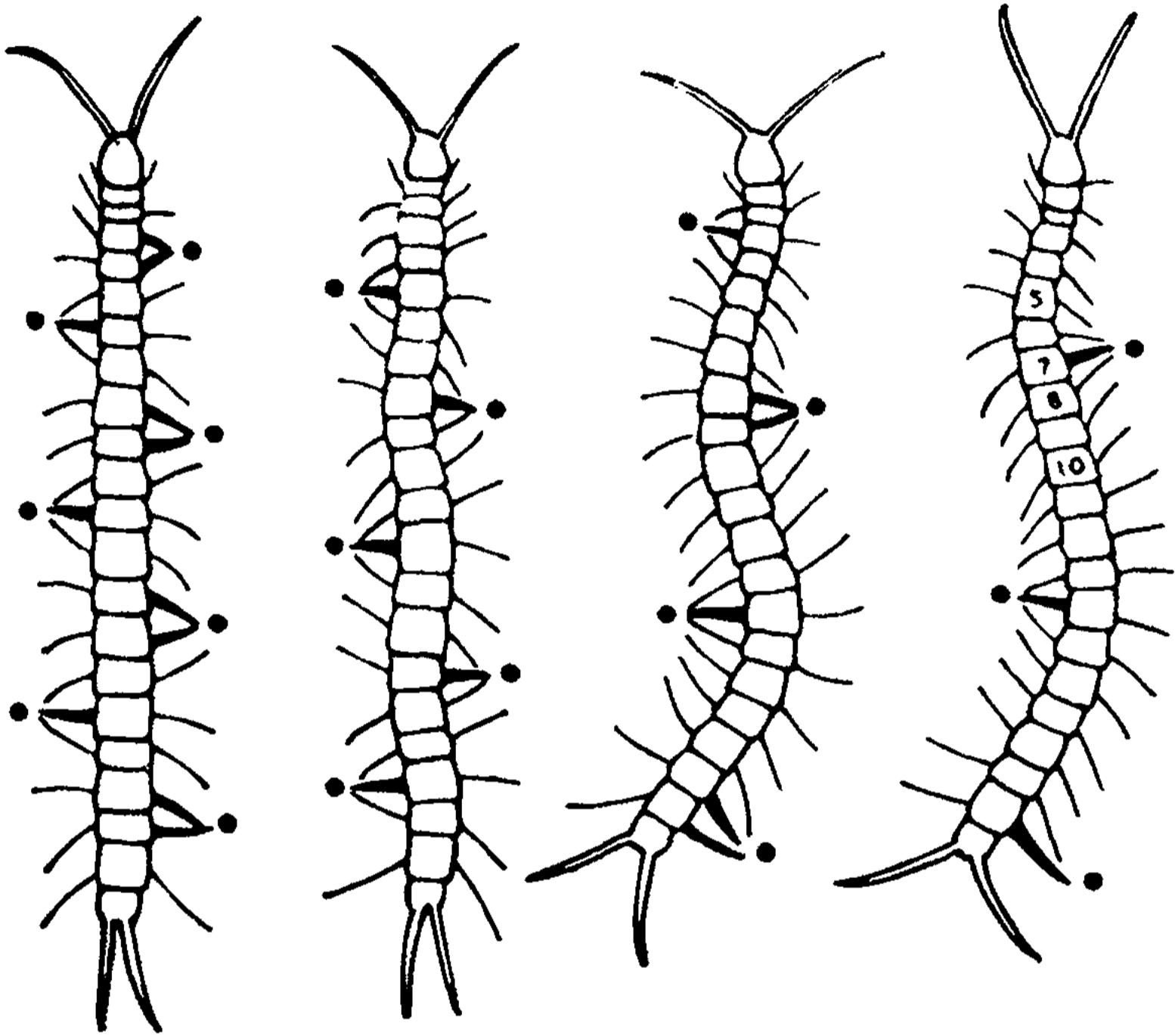


图 80 蜈蚣行进的波状样式

再回过头来看看那些次要的步法, 我们会有意想不到的收获: 为四足动物设计的网络模型同样也能模拟两种不同的奔跑方式以及小跑步态, 而后者是以往任何模型都无法模拟的。这些步法是以复合体的面目出现的, 其中夹杂着两种不同的基本步法的相位关系。四肢交叉序奔跑是疾走和跳跃的复合体; 四肢时针序奔跑是疾走和踱步的结合产物; 小跑则是漫步和蹦跳

的混合（蹦跳是一种新的步法，样子很像跳跃，但有短暂的停顿，比如款款而行的松鼠用的就是这种步法）。

我们已经证明，在振子网络的数学中，存在着许多普遍适用的模式，这些模式与动物的实际步法极为相似。看来，我们有理由相信，动物的CPG结构中含有这类模式。我们估计，从总体上说，动物CPG中的神经回路应当能与我们设计的这些程式化数学网络对应起来。

这一预测是否正确？要回答这个问题，我们必须进一步掌握更多有关CPG的知识。不过，我们也可以通过间接的办法进行更深入的分析，看一看当一种步法过渡到另一种步法时，会发生怎样的情况。这样，我们就有可能作出一些新的预测，然后再与实际的动物实验进行对照。附带说一句，我们只需观察动物的行进步法，不会对它们造成任何伤害。事实上，到了20世纪90年代，有的科学家遵循类似的思路进行了一系列研究，他们的有关预测确实得到了实验的证实，这是振子网络模型的重大成果。南希·科佩尔\*和巴德·埃门特鲁特\*\*是此类研究工作的始作俑者，他们的预测与七鳃鳗的CPG有关。也许并非出于巧合，他们的网络与我们的网络也有不少共同点，不过他们得出这种网络模型的方法与我们略有不同。七鳃鳗没有足，它的运动是通过对称肌肉的一阵阵收缩完成的，这些肌肉的分布很像蜈蚣的足。简单地说，七鳃鳗的对称性与四足动

---

\* 科佩尔 (Nancy Kopell, 1942 - )，美国数学家，现任波士顿大学数学教授。她对于物理和生物系统的自组织现象很感兴趣，目前主要研究课题是动物的神经网络对于节律性运动的控制原理——译者注

\*\* 埃门特鲁特 (Bard Ermentrout)，美国数学家，现任匹兹堡大学数学教授。其主要研究领域是动态系统神经网络的振子模式——译者注

物相同，因此类似的思路也是适用的。

早在佩尔和埃门特鲁特之前，也就是在1982年，阿维斯·科恩\*、菲利浦·霍姆斯\*\*和理查德·兰德 (Richard Rand) 就曾采用一系列耦合振子模拟七鳃鳗的脊髓。而科佩尔和埃门特鲁特继续对七鳃鳗进行了研究，并以联合会耦合原理为基础建立了属于他们自己的模型。在该模型中，哪怕两个振子的活动完全一致，彼此间也会产生相互影响。他们的联合会耦合模型与前面我们讨论过的四足动物网络模型一样，也是单向的，并能产生行进波。当网络一端受到刺激（即遭受到一种外来的周期性脉冲）时，将会发生怎样的情况呢？两位学者对此作出了预测。他们的预测在生物学家卡伦·西格瓦特 (Karen Sigvardt) 和塞尔马·威廉姆斯 (Thelma Williams) 对七鳃鳗脊髓所作的实验中得到了证实。不多久，科佩尔和埃门特鲁特又作出了一个更让人吃惊的断言。他们认为，如要生成所需的运动波，那么从尾至头的耦合一定会比从头至尾的耦合更有效。生物学家们根本没有料到会有这样的事，因为一般在游泳时，波的行进方向是从头至尾的。然而实验表明，数学家是正确的。

我刚才提到过，振子模型的另一个优点在于能为不同步法间的过渡类型提供一种自然的生成机制。人们通常认为，每种步法都需要一套独立的CPG。以蟑螂为例，根据这一假设，当

---

\* 科恩 (Avis Cohen)，美国神经生理学家，现任马里兰州大学生理学教授。其研究领域主要分为两个方面：一是神经系统的工作原理；二是神经系统的再生问题——译者注

\*\* 霍姆斯 (Philip Holmes, 1945 - )，英国数学家，物理学家，现任普林斯顿大学机械及航空工程学教授。主要研究领域为动态系统和非线性力学——译者注

行进方式由鼎移转变为波移时，它需要在两套不同的 CPG 网络间进行切换。而对称破缺的分析告诉我们，动物在变换步法时没有必要采用不同的 CPG 网络。事实上，只要采用一套固定布线的 CPG 网络就能生成并控制某种动物的所有步法（在固定布线的 CPG 网络中，网络的线路图不会改变，只是某些参数可以改变，比如振子间的连接强度，等等）。具有不同对称性的步法可以通过具有单一对称性的 CPG 生成，具体办法是改变内在的某些动力学参数，或者改变致使其振动的外来信号。模式的改变源自于分歧现象的数学机理。发生分歧现象时，系统能自动抛弃非动态稳定的模式，进而锁定那些稳定的新模式。有关参数决定了到底哪些模式是稳定的，哪些模式是不稳定的。因此，改变参数，也就改变了稳定模式，这同我们在自然界中直接看到的情况是一致的。这种研究方法不但揭示了振动的一般模式，也解释了各种模式间的过渡现象。我们能从 CPG 模型中进行预测，并且看到它们与振子的内在动力学原理以及耦合的本质没有关系，所得的结果一般只与网络的对称性有关。事实上，要设计这样一个 CPG 网络，使之能在不同步法模式间进行切换，只需简单地改变驱动信号的属性就行了。这种驱动信号很可能来自于大脑。

这种办法不但比在各个独立的 CPG 之间设置切换开关来得简单，而且也为动物的步法进化提供了一条更加切实可行的途径。一种动物已经具备一套成熟的 CPG 用于散步，如果再为它重新设计一套用于疾走的 CPG，那又怎能给它带来竞争优势呢？再说，切换开关又是如何进化的呢？从另一个角度讲，如果疾走能在同一 CPG 中与散步一起自发产生，那么这两种



步法及其完整的切换系统就可以用一种完全自然的方式共同进化。

因此，在那条黑色猎犬的神经系统中，很可能存在一个简单的神经网络，这一神经网络就是产生行进节律的源泉。猎犬的四肢以及控制四肢运动的神经元，使用了一种由来已久的模式，即振子网络的节律模式，这种模式自从生物体内进化出现第一批神经网络时就已经存在了。现在，这种网络继续发挥着功能，当这条小狗悠闲轻盈地漫步在海滨小山的坡路上时，神经网络对它的欢快心情并不会产生一丝纷扰。

## 第十章

---

# 博弈的荣耀

一群火烈鸟渐渐消失在远方，玫瑰色的前胸，火红的双翅，在朝阳或夕阳的映照下，酷似灿烂的红霞。

汤普森：《生长与形态》，第五章

1996年元月，在去蒙特卡罗访友的途中，我目睹了有生以来看到的最为奇异的景象。我爬上高耸入云的塔楼，双脚站立在一块塔石上。楼的下方便是这个袖珍王国的宝贵土地。我朝着港口方向眺望，海面上满是豪华游艇，在夕阳的余辉中闪闪发光。街道两旁，高楼大厦鳞次栉比，一棵大树上挂满的并非累累硕果，而是成千上万只鸟儿。这些鸟看上去像是椋鸟——我不能肯定。它们在空中来回盘旋，寻找夜栖的处所。鸟的数量实在惊人，人们做了许多稻草人吓唬它们，以防鸟儿把树皮啃个精光。

那么多鸟聚集在这弹丸之地，已经够让人吃惊了，但还有比这更令人惊讶的事。这些鸟不时地掠过地面，或在高空中盘旋，整个鸟群逐渐形成某种规则的次序。开始时，鸟儿似乎只是随机地聚集在一起，就像天空中散布的一些小黑点。然而，随着太阳西沉，鸟群慢慢变成一个整体，仿佛一个浮游在空中的巨型生物体。鸟群在天空中盘旋翱翔，轮廓分明，是一团快速移动并具有集体意识的云。而每只鸟似乎都知道自己应该怎么做，整齐划一的行动令人叹为观止。偶尔也有小群从大群中分离出来，它们开始以自己独特的方式盘旋飞舞，但不久以后，又会重新回到主群中去，就好像有一块无形的磁铁吸引着

它们。几只孤鸟漫无目的地扑动着翅膀，显然是在寻找加入鸟群的时机，但一时又拿不准最佳路线。绝大多数的鸟行动保持一致。接着，令人不可思议的事发生了，鸟群忽然间四处散开。舞蹈表演谢幕了。

当地人告诉我，这样的景象在冬季的傍晚天天都能看到。

动物的大型群体中的确存在着一些令人惊叹的现象，尤其是它们所表现的目标一致性。我们尚不清楚其中的奥妙，动物个体怎会知道整个群体将要采取的行动呢？我们也不明白它们在集体行动中如何扮演各自的角色。并非只有鸟类才具有这种引人注目的集体行为（彩图16）。鱼群在热带海洋中来回游动，发出各种绚丽的光芒，令人眼花缭乱。它们有时会停顿下来，继而又突然启动，但谁都不会离群而去（彩图17）。非洲草原上的庞大兽群，沿着已有数百万年历史的迁徙路线，艰难地跋涉数百公里。一队数量庞大的野牛群刚刚还在美洲平原上徜徉。雨林中，蚂蚁排着长长的队列往巢穴中搬运食物或建筑材料。有些地方的白蚁能够在地下深处制造出奇形怪状的扇叶，安装在巢穴之中，权作通风设备。

在群居动物这种奇特行为的背后，是什么力量在起作用呢？它们的行为似乎受到了某个指挥者的操纵，但究竟是什么因素促使这些动物如此富有团队精神？如果要使用“本能”那样的笼统词汇进行解释，那么事情只会变得更加扑朔迷离。这种语言解不开这个谜。况且本能又为何物呢？小小的白蚁怎会有如此神通广大的本能，作为群体的一分子，居然懂得在巢穴中建造通风装置？在此，起作用的决不是本能，而是规律。千百万年来，是进化根据自然界的抽象数学规律自发形成了群体

行为的模式。进化将这些模式注入动物的基因和群体行为之中，其中有些习性也许是通过学习而不是通过遗传获得的，至少高等动物是这样。当然，进化没有直接构造有关模式。“形成群体”，我猜想，鸟类的遗传学指令中不会有这样的语句，真正可能存在的是促使鸟类群集的数学规则。进化从遗传和教养两方面限定了鸟类行为的范围，从而迎合这些规则。

我为什么认为，进化支持规则本身（而不是规则的结果）呢？有四方面的原因。首先是有效性。就总体而言，规则比由其生成的行为要简单。几条简单的规则，加上与生俱来的应变能力，就可以囊括动物在许多情况下表现的各种行为。因此可以简单地说，规则需要的信息量较少。

第二个原因是一致性。如果鸟类所有的行为都列在一份清单上，以此确定在特定情况下采取怎样的行动，那么基因的改变将轻易地改动清单上的任意一项内容，从而出现与其他内容不相协调的情况。譬如，一个离群基因突变可能会在遇到河流的阻隔时发挥作用，那么候鸟群集的现象就会受到无情的干扰。鸟类要在进化过程中保持行为的内在一致性，最好的办法就是对潜在规则作相应修正，从而适应环境的改变。

第三个原因是适应性。规则的细微改变将导致行为的急剧变化。因此，行为的进化可能更为迅猛，但生物体间却能保持一致，因为习性乃是行为长期累积的结果。

第四个原因在于，要理解个体如何预测群体行为特征并据此采取相应行动，那是非常困难的。难道鸟类基因中含有这样的指令——“看到天敌时应当紧密地聚集起来”？实在难以想像。果真如此，那么每只鸟都必须时刻了解整个鸟群所处的状



态；而且，只要有一只鸟看到了捕食者，其他所有的鸟就都应该马上知道。看来更有可能出现的情况是，每只鸟都遵循着如下规则：“靠近身边的同伴！”“看到捕食者时，相互间要靠得更紧一点！”甚至还包括：“如果身边的同伴比平时靠得更紧，你就得小心捕食者的进攻！”执行这些规则，对每一只鸟来说，并不需要具备任何不切实际的能力，因此是比较合理的。

间接证据也支持这一论点。我们知道，人群中的每个人一般并不清楚人群的整体行为；事实上，人群有时面临危险而人们却一无所知，等到有人意识到这一点时却已为时过晚。许多国家都发生过由于人群非理智行为造成的悲剧事件。尽管处于人群中的每个人是明智的，但可惜他们看到的只是身边的情况，无法了解得更多。我们还可再举一例，就是英国警察常说的“高速公路疯狂症”，即许多汽车在浓雾中反而会超速行驶。我认为这是一种群体性疯狂，而不是某个人的疯狂。每一位汽车司机都陷入车流之中，因而只能随波逐流。虽然前方迷雾中可能会有障碍物，但此时身后尾随着一辆高速行驶的卡车，这是肯定的。如果减速，身后的卡车很可能将你撞得车毁人亡。于是你只能保持原先的车速前进，虽然车速相对于恶劣的天气条件来说是快了点，但是考虑到其他车辆的行驶速度，这么做也许反倒会使你更安全一些。

如果希望认识生物的群体行为，那么数学工具是必不可少的。为什么？因为群体行为不仅涉及生命体本身，而且还与生命体之间的相互作用，亦即系统的行为有关。数学告诉我们，这类行为往往是有规律可循的。因此，在规则与其导致的行为之间存在一片广阔的理性区域，数学家们认为这是他们大有作

为的地方。我们对于动物群体的行为模式，当然不可能像动物自己了解得那样清楚。但是，我们已经开始认识到，许多动物行为都具有一定的数学基础；这种数学基础看上去并没有什么让人不可思议的地方。只需要一系列数学规则再加上动物神经系统中固定的网络结构，就能产生超乎想像的有趣行为。

因此，本章所要讨论的主题便是规则。如果严格遵循的只是为数不多的几条规则，那么我们将得到怎样的行为？在生物群体行为中，又有几条可以用这样的生成方式加以解释？

自称为“机器人生理学家”的马克·蒂尔登\*是设计机器人的一把好手。他在洛斯阿拉莫斯的实验室中建立了一个“机器人侏罗纪公园”，里面约有200个小型太阳能机器人。他设计、制造的这些机器人，会在屋子里跟着阳光跑。在有太阳光线的地方，机器人睡觉。光线移开后，它就会醒来，在周围搜寻一会儿，然后朝着有阳光的地方走去，当光线再次洒在它身上时，它又睡着了。这种机器人个头并不大，但却有追日的本领，这在一只猫的眼里可是件了不起的事。看过它的表演以后，你也许会想，要让机器人学会跟踪光线，肯定要用到非常高深的电子学原理和巧妙的程序设计方法。因为它首先要能够识别光区的边界，计算怎样才能走进这片光区，以及随着太阳在天空中移动，光区位置不断变换，怎样跟踪它。其实不然。这种机器人并不聪明，甚至连阳光为何物都不知道。它们只是不断检查来自阳光的电能输入情况，并同时遵循以下三条规则：

---

\* 蒂尔登 (Mark Tilden)，美国机器人学家，现任美国洛斯阿拉莫斯国家实验室研究员。蒂尔登制造了无数机器人，并努力使机器人向着小型化、智能化方向发展——译者注

1. 当太阳能电池产生的电能低于某一阈值时，随机地转动一个方向，然后向前移动 10 厘米。

2. 如果电能高于阈值的时间不足 5 秒钟，则继续沿着原来的方向，用均一的速度移动。

3. 如果电能高于阈值的时间超过 5 秒钟，则停下。

就这么简单。

在找到光影之前，机器人遵循的是规则 1，它旋转、移动、再旋转、再移动，在地上随机地走来走去。最后，它终于找到了光线，此时规则 2 开始起作用了，机器人则继续朝着原来的方向移动。如果几秒钟以后，它仍处于这片光区之中，规则 3 便启动，机器人开始睡觉。随着光线的移动，这种随机的寻找过程将从头来过。有时，机器人恰好穿过光区的一个角，又回到阴暗处，于是这样的过程只好重新开始。

这种机器人能够追随光线移动，看上去似乎具备了智能和很强的适应力。实际上它的行为无非遵循了 3 条规则而已。有些单细胞生物对光线很敏感，它们依靠的可能也是类似规则。而另一些单细胞生物则对化学梯度敏感，它们向某种化学物质的高浓度区域聚集，就像猎狗能够跟踪某种特殊气味一样。其中的道理是相同的。

不要小看规则的作用。下面我要举的这个例子将更接近于真实的生物体，它是动物学家弗里兹·弗拉斯\*的研究成果。这次，我们观察的对象并非群体，而是个体：一只蜘蛛。不过，这个实验同样可以说明行为的一般规则与某些特殊行为之间的

---

\* 弗拉斯 (Fritz Vollrath)，丹麦生物学家，现任丹麦奥胡斯大学生物学教授。主要研究课题是蜘蛛泌丝结网方式的进化过程——译者注

关系,而这些特殊行为只不过是一般规则运用于特殊环境所导致的结果。

我们大多数人在生活中可能都看到过这样的现象:聪明的蜘蛛在灌木丛或草堆里分泌细丝,编织美丽的蛛网,诱捕那些粗心的飞虫。弗拉斯认为,自己已经弄清了整个过程。

和一位名叫蒂默·克林克(Thiemo Krink)的学生一起,弗拉斯创造了一种具有数学结构的“电脑蜘蛛”,这种电脑蜘蛛在一些规则的指导下能够编织出蛛网来。它们并非真正的机器人,只是电脑中的虚拟动物而已。当然,只要设计合理,你也完全能够造一台能捕捉机器飞虫的机器蜘蛛,不过前提是,你得让那些微小的机器飞虫飞起来,可惜目前的技术水平还做不到这点。弗拉斯一面观察真正的蜘蛛,一面在计算机上不断试验,终于为虚拟蜘蛛确定了行为规则。

蜘蛛的本领真叫人吃惊,各式各样的蛛网简直比时装店寄来的产品图目还漂亮。有定制的网,现成的网,还有根据不同环境条件编织的网。最多见的环形蛛网看上去就像一只飞镖盘(彩图18),它是络新妇蛛的杰作。除此之外,还有不少其他式样的蛛网(图81):棍蛛是一种热带蜘蛛,喜欢垂丝“钓”虫;三角蛛是极简派抽象主义的信徒,它编织的蛛网呈三角形;梯网蛛可是一位多才多艺的能工巧匠,一听它的名字,你就会联想到,这种蜘蛛编织的蛛网就像一把竹梯;球腹蛛编织的蛛网有点像小猫睡觉用的摇篮;鬼脸蛛面目可憎,它把自己挂在一根蛛丝上,头部冲下,两条前腿间张开一张小网,谁敢靠近就套谁,这让我们想起了海滩边拿着渔网捞鱼的孩子。流星锤蛛长得像颗大药丸,总是挂在一根蛛丝上晃呀晃,头部前端还

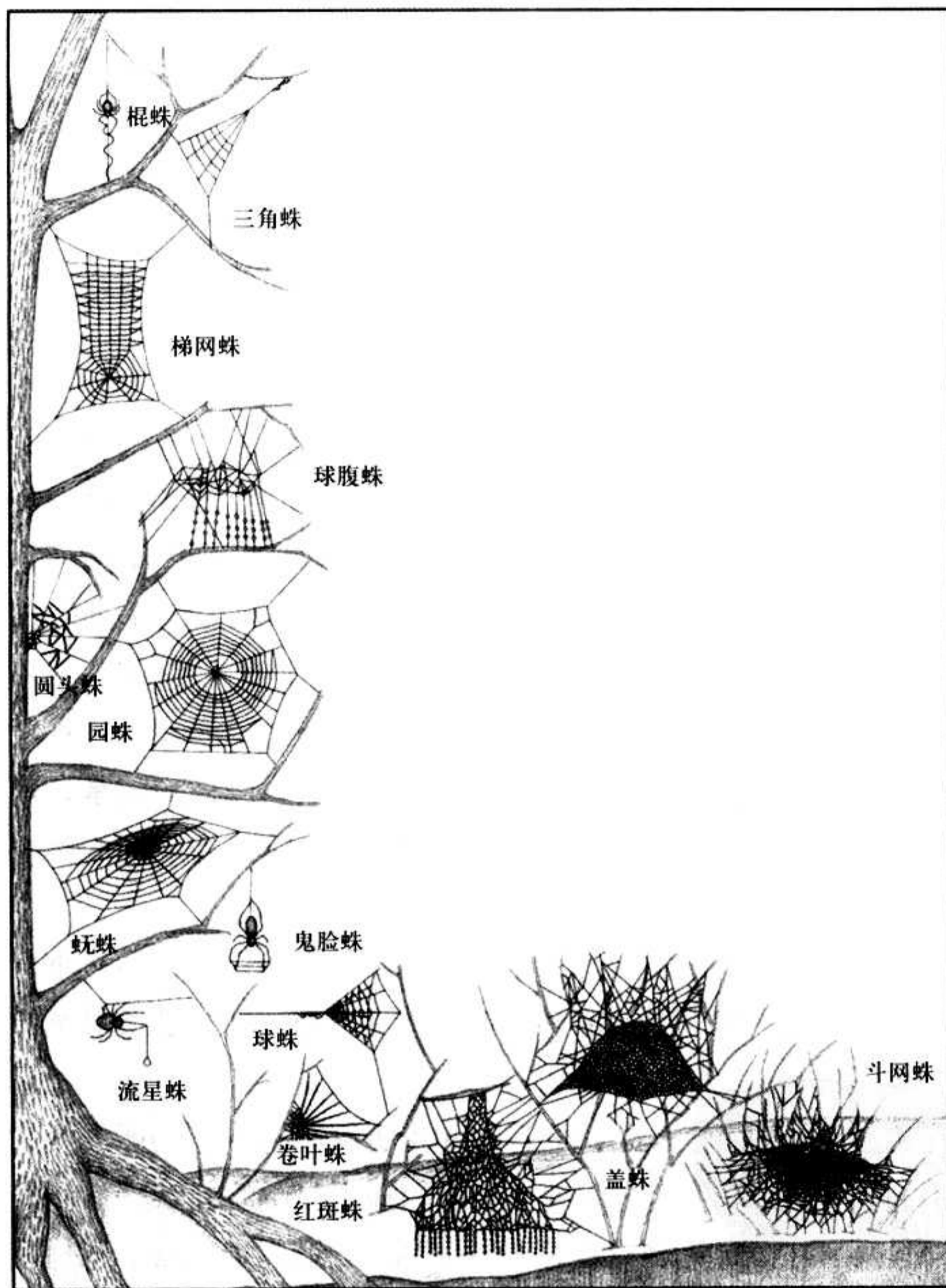


图 81 各种不同的蛛网



悬着一颗液滴，份量不轻，活像秘鲁草原上的牧羊人；红斑蛛也就是声名狼藉的黑寡妇，它编织的网套顶小底大，一直垂到地面，仿佛是专门为那些可怜的冒失鬼准备的一口棺材；斗网蛛编织出漏斗形的蛛网，然后就等着战利品自己掉进去；八纺蛛又称陷门蛛，它织出一口陷阱，盖上活络板，然后在四周铺设几根黏黏的绊索，作为预警装置。八纺蛛是活化石，早在3.8亿年前，它的祖先就已经开始编织类似的蛛网了。人们认为，那种蜘蛛是所有现代蜘蛛的共同祖先。

它们是永不言倦的织工。大多数蜘蛛每天都要编织新的蛛网。这也是不得已的事，因为掉进蛛网的昆虫会拼命挣扎，这对原本十分脆弱的蛛网造成了巨大的破坏。花园中最常见的一种蜘蛛是园蛛，短暂的一生中，它要织近200张蛛网，而每张蛛网各有巧妙不同，要根据周围环境而定。这些形态不同的蛛网说明，蜘蛛的编织系统具有很大的灵活性。这种灵活性甚至无法用蜘蛛基因中的行为密码加以诠释。但是，规则就另当别论了。蛛网的形态乃是探索蜘蛛行为规则的重要线索。

下面，我把弗拉斯的想法介绍给大家。我仅仅描述一下最常见飞镖盘状蛛网的编织规则，其他类型的蛛网也是遵循类似规则编织出来的。蜘蛛首先在准备织网的地方转上一圈，身后拖着细细的蛛丝。场所选定以后（其实它们对织网场所的要求不高），它便两根叶芽或枝条之间挂上一根蛛丝，然后沿着蛛丝爬到中间，再将自己慢慢往下放，一直垂到地面，这样便形成了一个“Y”字形蛛网。“Y”字形交点处将是整张蛛网的中心，而三条臂就是这张蛛网最先形成的三根轮辐。接着，蜘

蛛重新爬回蛛网中央，开始围绕中心点转圈子。蛛丝盘绕起来形成了紧密排列的螺线形结构。与此同时，蛛网的轮辐也在不断增加。此时，蛛丝的螺线形排列比较宽松，这些其实只是临时的脚手架，在蛛网即将编织完工时，它们会被拆除。至此为止，所用的蛛丝都是不带黏性的，因此蜘蛛可以在这张未完工的蛛网上自由来去。但是，没有黏性的蛛网是捉不住飞虫的，蜘蛛必须分泌具有黏性的蛛丝，这种蛛丝吸收空气中的水分以后，会变得又黏又富有弹性。接下去，蜘蛛就要开始用它的黏性蛛丝编织一张真正能够捕获猎物的蛛网了。它首先从最外围开始，而且通常是在蛛网的底面。蜘蛛沿着临时脚手架来回爬动，不断分泌粘性蛛丝，不断向内圈靠拢，同时把用不着的脚手架拆除。快到蛛网中央时，蜘蛛开始绕着中心点转圈。最后，蜘蛛还要站在蛛网的中心调整一下整张网的松紧度，然后便翘起二郎腿等着小飞虫自投罗网。

大致过程就是这样。但如果想在更深层面上作一些研究，我们就必须问一问，蜘蛛是如何策划整个编织过程的？为什么轮辐的条数总是固定的？蛛丝的空间排布具有什么特点？弗拉斯找到了内在的规则。比如，在决定铺设多少根辐条时，蜘蛛不愿让辐条间的夹角张得太大，于是它会加铺一些，直到自己满意为止。蜘蛛还会用两条前腿测量蛛丝间的缝隙，就像裁缝用尺量布一样。

基因可以很容易地为蜘蛛限定某些行为规则，比如通过重排蜘蛛神经系统的组织结构。什么样的基因起着怎样的作用，这是遗传学所要讨论的问题。但是，基因对行为的影响与规则对其结果的影响，两者之间究竟是一种怎样的关系呢？要回答

这个问题，就必须求助于数学。通常，它们之间是一种伙伴关系。弗拉斯的理论告诉我们，哪些规则是基因必须加以编码的。

由基因编码的规则也会发生进化，同样，要得知最终的模式是什么样子，我们也要依靠数学。在研究“蜘蛛的行为规则最初是如何发生进化的”这一问题时，弗拉斯利用了一种名为“遗传算法”的数学技术。“遗传算法”中的形容词“遗传”说明数学只不过假借了基因的某些作用方式，而并非直接与基因一起发挥作用。

所谓算法，乃是在计算机上解决问题的一种方法，也就是为了达到一定的计算目的而设计的一系列精确的计算程序。此外我们还必须保证，一旦得出正确答案，这种计算便会立即停止。许多问题可以通过各式各样的方法加以解决，而计算机程序所要做的，就是找到最佳算法，即用最少的内存在最短的时间里解决问题，而且还要符合一定的标准。经典的例子便是所谓“邮递路线问题”。邮递员要去每个小镇投递信件，但经过这些小镇的先后次序让他很伤脑筋。怎样的路线走路最少呢？要解决这个问题，一种办法便是将所有的路线都罗列出来，然后挑选一条最短路线。但当小镇个数很多时，这一方法就不实用了。因为各种可能路线的数目太多了。要找到这类问题的准确答案（或者说近似答案），必须求助于另一种方法。在现实生活中，与其花费大量时间去找一条最短路线，还不如用较少的时间找一条比较短的路线。在此，我们不妨用一下遗传算法。首先，随机选取几条路线，然后在这些路线中再随机选出两条。看看是否有可能将这两条路线的优点结合起来，从而形

成一条更短的路线。也许其中一条路线在科罗拉多州的行程远比另一条来得短，而在犹他州的行程却比另一条长许多。如果是这样，我们就可以将这两条路线合二为一，使得邮递员在两个州所走的路都缩短一些。实际上，这种方法综合了两条路线的优点，新路线的优势是显而易见的。较短的路线得以保留，较长的路线则被砍掉（排除在考虑范围之外）。这种算法刻意模仿了达尔文的自然选择，并且得到了同样的效果。只要反复进行相同的过程，接近于最优的路线便会出现。

当选择范围很大时，要侥幸找到最优方案几乎是不可能的。此时，遗传算法就能体现其优势了。这种算法在现实中运用得很多。例如，活跃于金融市场的公司经常会采用这种算法。它们帮助资金操作者寻找最有效的买卖策略，尽可能地赚取利润。

为了弄清受规则约束的蜘蛛能在多短的时间内找到有效的织网方法，弗拉斯将遗传算法运用到他的虚拟蜘蛛身上。他先后与尼克·戈特斯\*、彼得·富尔斯 (Peter Fuchs) 等人合作，为虚拟蜘蛛载入了属于它们的“基因”——代表织网规则的电脑程序。然后，弗拉斯让这些蜘蛛进行“交配”，同时又加入了一种自然选择过程，即能够比较有效地织出蛛网的虚拟蜘蛛得以生存，并将“基因”遗传给下一代；织不出像样蛛网的蜘蛛则被淘汰。运用遗传算法以后，弗拉斯发现，不消50代，便会出现织网本领极强的虚拟蜘蛛。不过我想，金融企业要盈利可能会相对慢一些。

---

\* 戈特斯 (Nick Gotts)，英国计算机科学家。其主要研究方向为“空间定性表述”。此外，他对人工智能、认知科学以及生物学也颇有研究——译者注

看到这样的结果，数学家们自然精神振奋，而生物学家们只好保持沉默了。显然，复杂而灵活的动物行为模式完全可能来自于简单而严格的行为规则。进化选择的基础乃是蛛网的有效性，选择的结果却是使某些蜘蛛就此消亡，因为根据这些蜘蛛的织网规则，织不出像样的蛛网。

促使蜘蛛进化的是规则，而不是蛛网。这同样适用于其他的生物行为，无论这种生物是独居还是群居。这样的结果既让我们高兴，也令我们遗憾。高兴的是，我们终于有可能用数学语言解释复杂的生物行为。牛顿找到了一种特殊的数学工具——微积分，用它把一度显得杂乱无章的星体运动描述得清清楚楚。或许生物的行为也可以用某种类似于微积分的数学工具加以解释。令人遗憾的是，大自然也许并不像我们原先想像的那样神奇。

弗拉斯的理论也为生物学研究指明了方向。如果描述生命体行为的果真是规则，而不是规则的结果，那么对于DNA的认识就只能算在生物行为研究道路上跨出的第一步。虽然规则可能由DNA“决定”，但是由规则生成的行为充其量也只能说是与DNA密码有牵连而已。要真正破解其中的奥秘，首先必须掌握有关行为的微积分。这会是一种怎样的数学工具呢？由规则推断行为模式的过程，从定义上说乃是数学的任务。也许我们目前还无法找到这样的数学工具，但单纯依靠DNA排序、蛋白质合成或其他分子学机理，你永远也别想解决有关生物行为的难题。

在我们努力了解动物群集现象时，基于规则的生物学系统真正体现了自身的价值。在研究黏菌这种相对简单的生命体



时，我们观察到一种让人不可思议的现象：为了繁衍后代，黏菌为自己创造了比较舒适的环境，这一过程严格遵循着某些数学规则。接着，我们将观察一种更复杂的生物——蚂蚁。最后，为了做到真正的客观和公正，我们还将进一步研究地球上最复杂的生命形式，即我们人类自身。

蚂蚁之所以引起我们的兴趣，是因为它是一种群居生物，能够建造庞大而结构严密的蚁穴。群居昆虫的筑巢水平似乎远远超出了它们自身的能力。白蚁在蚁穴中建造的通风设备就是一个很好的例子。道格拉斯·霍夫斯塔特\*于1987年揭示了“蚂蚁筑巢”的奥秘。他指出，蚂蚁大脑中具有的近10万个神经元可能根本不携带任何有关蚁穴结构的信息，但它们却能够建造庞大而复杂的巢穴。那么蚁穴又是如何筑成的呢？建巢的信息贮存在哪里？霍夫斯塔特认为，这种信息是通过某种形式存在于整个蚁群中的，只不过在不同分工和不同蚁龄的蚂蚁体内分布有所不同。我不知道，用“信息”这个概念在此是否有些不妥，我们似乎应当更加关注决定蚂蚁行为的内在规则，而这种规则所利用的正是由数学提供的模式。

1993年，古德温、里查德·索莱\*\*和奥克塔维奥·米拉蒙特斯（Octavio Miramontes）建立了一种模型，用以模拟蚁群收集筑巢材料的行为。他们将单个蚂蚁行为的数学规则和蚂

---

\* 霍夫斯塔特（Douglas Hofstadter），美国计算机科学家、认知科学家，现任印地安那州大学教授。其主要研究课题是为生物认知过程建立计算机模型——译者注

\*\* 索莱（Richard Solé），西班牙物理学家、生物学家，现任圣菲研究所客座教授。其研究课题主要是复杂系统理论，其中包括：自组织临界状态、理论生态学、RNA病毒的进化，等等——译者注

蚁间相互作用的数学规则以程序形式写入计算机中。从这一模型中得到的最惊人发现是，蚁穴中出现了蚂蚁的连续活动。起初，蚂蚁活动的频度很低，只有少数蚂蚁在移动，而且移动速度不快，路程也不远。随后，这种活动变得频繁起来，越来越多的蚂蚁开始在巢中快速爬动。这一现象还会进一步发展，最后，整个蚁穴到处都是忙忙碌碌的蚂蚁。经过一段时间以后，蚂蚁活动的频率又开始降低，直至蚁穴平静如初。蚂蚁的这种活动是有周期性的。如果将其描绘成曲线图，我们就会发现，曲线每次发生的波动都是相同的，而且发生波动的时间间隔也大致相当。蚂蚁的数量越多，这种现象就越明显（图 82）。

此类周期性活动确实十分奇特，我们一点也不清楚这种周期性是从何而来。因为，规则本身及其导致的直接后果起初并没有明显的周期性，也没有哪一只蚂蚁会遵循周期性的活动规律。我们不妨拿城市的交通状况与之作一对比。黎明以前，交通流量很小。然后，少数人开车上班了。又过了一会儿，成群的上班簇拥上街道，把交通堵得水泄不通。九点一过，车辆和行人一下子减少了许多。这种状态要维持整整一个白天，直到日近黄昏，车流和人流再度增加。然后，街道又慢慢恢复了平静。午夜以后，马路上基本上是空荡荡的。第二天，还是一样的情形。初看，这种模式很类似于蚂蚁筑巢的行为，但城市交通与蚂蚁筑巢有两个关键的区别。首先，每天交通的高峰段都有一定的周期性，因为大多数人是开车上班的，而且他们的工作时间也大致相同。其次，每辆车的出行也有周期性，同一辆车每天出门的时间总是基本一致的。因此，城市交通状况的周期变化是由内在规律决定的，每辆车的出行规律也具有一定的

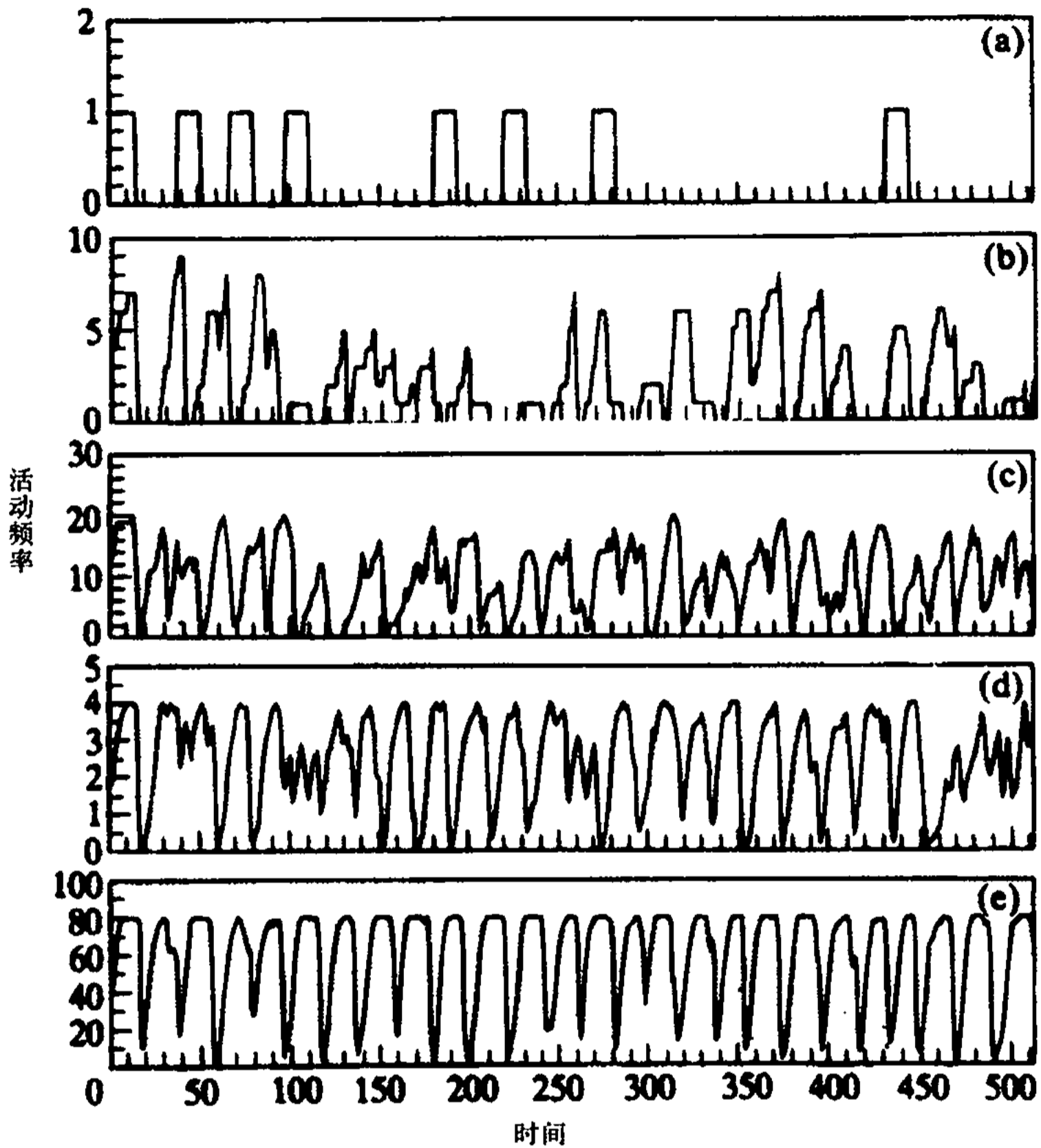


图 82 蚁穴中自发出现的振子模式

周期性。蚁穴中的情况就大不相同了。蚂蚁的行为规则中并没有规定明确的时间周期,单只蚂蚁的行为也没有任何周期性可言。蚁群的活动是一种涌现行为(无法从规则中预判),也是一种集体行为(整个蚁群的共同行为,而不是个别蚂蚁的单独行为)。

在真实的蚁穴中,我们也看到了这种令人费解的振子活

动。例如，福兰克斯(N. R. Franks)和布莱恩特(S. Bryant)在细胸家蚁[*Leptothorax (L.) acervorum*]的巢穴中就看到了大规模的周期性活动。科尔(B. J. Cole)利用数码相机对家蚁巢穴进行了观察。他发现，蚁群活动的频率是由弱至强、周期往复的，每个周期大约持续15~37分钟。单个蚂蚁的活动当然也不具有周期性。因此在现实蚁群中，这种周期性活动是涌现的集体行为，它非但不存在于每只蚂蚁的DNA中，甚至根本就不存在于单只蚂蚁的体内。振子活动模式是蚂蚁行为规则的一种特性，这种规则虽是与生俱来，但规则并没有告诉蚂蚁，必须采用周期性的活动方式。因为一只蚂蚁的行为规则只能制约这只蚂蚁的行为，却不能制约整个蚁群，故此蚂蚁的行为规则中也没有什么内容能指导整个蚁群采取周期性的活动方式。这种集体行为仍是涌现的，它与规则之间的因果关系是如此复杂，以至于人类很难理解其中的奥秘。

我相信，鸟类的集群行为也是涌现的结果。1987年，计算机学家克雷格·雷诺(Craig Reynold)曾经提出一系列疑问：为什么鸟类会聚集成群？难道这是由它们的DNA决定的吗？集群会不会是进化的需要（比如，这样会更安全）？集群特征是从鸟类行为的简单规则中涌现的吗？鸟类聚集在一起会不会还有其他原因？雷诺设计了一个计算机模型，在这个模型中，他让一种名为“博弈”(boids)的虚拟生命生活在虚拟环境中。“博弈”要在两种相互矛盾的行为间保持平衡，既不能撞到身边的同伴，又必须尽量地靠近它们，同时还要努力向群体的中央靠拢。雷诺模型中“博弈”的集群行为十分逼真，甚至可以看到它们是如何躲避障碍物的。在此基础上，杰西卡·

霍金斯\*和大卫·布罗根 (David Brogan) 找到了某种方式, 可以再现鸟类、鱼类以及其他集群生物的优美动作。他们制作了一批单腿机器人 (单腿的动作比较容易控制), 并为它们制定了必要的集群规则, 就像羊群那样。如果有些机器人被绊倒, 其他机器人就会站住不动, 或者绕行以避免前面的障碍物。霍金斯和布鲁根的目的是要寻找一种控制集群生物行为的算法。但最终, 他们得出的结论是, 集群行为是一种涌现现象, 它虽然来自于规则, 却没有被明确地写进规则之中。

前面我曾说过, 集体行为源于每个人的行为规则, 但个体本身又无法观察到群体所处的环境。为了证明这一点, 我还引用了一个有关人群移动的例子。有了这种观点, 我们不但能够理解而且可以预断人群的活动方式。研究人群的活动方式对于公共建筑的设计师来说, 是一门实用的课题。1989年4月, 英国的希尔斯伯勒 (Hillsborough) 发生了悲惨一幕。在一场足球赛中, 96名观众被活活压死在原本用于保护他们的隔栏边。如果能够掌握模拟人流的有效技术, 我们便可以预计可能发生的问题, 改变设置隔栏的位置, 将危险的部分拆除, 从而保证观众的安全。

莱晶模型是基思·斯蒂尔 (G.Keith Still) 的杰作。在互联网上, 人们常把斯蒂尔戏称为哈里·赛尔登 (Hari Seldon)。赛尔登原本是伊萨克·阿西莫夫\*笔下的一个人物,

---

\* 霍金斯 (Jessica Hodgins), 美国计算机科学家。其主要研究方向是动态系统的调节和控制。本书中提到有关机器人绕避障碍物的研究正是她博士后论文的内容——译者注

\*\* 阿西莫夫 (Isaac Asimov, 1920 - 1992), 科幻小说作家。他一生写下了500余部科幻小说, 其中包括著名的《基地》系列——译者注



在《基地》\*系列科幻小说中，他是个“心理历史学”天才。所谓“心理历史学”，乃是一门用数学方法预测人群行为的科学。而这正是莱晶模型所做的事，该模型是一种基于规则的数学系统，主要用于预测人流的活动模式。“莱晶”这个名字出于《圣经》——“我的名字叫莱晶，因为我们不是孤立的。”但斯蒂尔为他的模型取这样一个名字并不具有什么宗教色彩。其实，他是受到一部英国科幻喜剧《红色矮神》的启发。在这部电视剧中，《圣经》中的原句被改成了“我的名字叫莱晶，因为我不是孤立的。”尽管有悖于《圣经》，但《红色矮神》中的这句话对我们来说却更可取，因为它强调了一个事实，即一群生物可以像一个整体那样活动。

建立莱晶模型的初衷始于1992年的一场摇滚音乐会。斯蒂尔与其他歌迷一样，在温伯利大球场三号门外的阶梯上足足等了4个小时还未能入场。温伯利大球场是著名的足总杯年度总决赛的主赛场，不过眼下在这里举行的是一场为艾滋病人募捐的慈善音乐会。观众多达7万人，而人群流动的速度却不是很快。实际上斯蒂尔觉得，即使这么说也不够恰当。在他站立的地方，人们根本就无法走动。回到家后，斯蒂尔仍难忘当时的场景，这促使他萌发了设计人群流动模型的想法。他认识到，人群是一个复杂的系统，而每个人的简单行为规则综合起来，就形成了整个人群的活动模式。也许我们还不清楚其中的原理，那么不妨让电脑来执行这些简单的规则。这样我们便能发现，由这些简单规则所导致的群体行为中，存在着有趣的规

---

\* 《基地》系列科幻小说，其中包括《基地》、《基地与帝国》、《第二基地》，乃是阿西莫夫的经典三部曲——作者注

律性。斯蒂尔就是这样进行研究的。最后，他成功解决了有关人群行为的问题。

一开始，斯蒂尔试图在虚拟环境中模拟人群。然而他所采用的算法只够模拟几百个人，区区数百人尚不足以构成真正意义上的人群。他面临一个让人头痛的问题，即电脑程序不好驾驭。虚拟系统中的物体移动时，不能出现互相重叠的现象。要做到这一点，必须在每个物体的移动过程中，不断检查该物体与其他物体的相对位置。因此，每当屏幕画面改变一次，电脑就要对屏幕上的任一对物体作一次位置比较。随着物体总数的增加，这样的物体对数越来越多。比如说，10个物体可以形成45种不同的两两组合，而100个物体则会形成近5000对这样的组合。这类问题多数属于“N-P Complete”问题，即所有人都相信它无法解决，但谁也给不出证明。幸好，斯蒂尔还没有到走投无路的地步。他发现，当人们在一幢大楼中走动时，不会去关心大楼中每样物体的具体位置，而只会注意眼前。在多数情况下，人们寻找的是不存在任何物体的空间。因此，如果要在虚拟环境中移动物体，那么我们根本不必考虑物体与物体之间的位置关系，而是要考虑物体的附近是否有空间。

行进在人群中的每个人是如何决定自己下一步该往哪里走的呢？斯蒂尔对此几乎一无所知，这是他遇到的又一大难题。他只得暂时撇开人流，回过头去寻找潜在的规则。凝望着闭路电视屏幕上连续出现的镜头，斯蒂尔发现，他的脑海中闪过的却是一幅幅间断的画面。仿佛每个人在移动时都会在身后留下尾迹，而这些尾迹就可以表明此人刚才所处的位置。同一种人流模式会反复出现、消失、再出现、再消失……有时，相向而

行的两群人眼看就要撞上，但经过几秒钟的随机调整以后，他们却穿擦而过了，这就好像双手十指交叉一般。相反，在遇到障碍物时，如果每个人都必须跨跃过去，那么人群就会拥堵起来；只有在障碍物边缘的人们才能很快地散去，原因是他们可以绕路而行。从数学上说，这一现象与任何传统的流体现象（包括网络中的液体或物质流动现象）都很不相同。这是局部特征与普遍特征相混合的奇特现象。况且，有些成分是彼此独立的——比如人，但整个人群的行进方向却是连续的。这样的混合现象目前尚无法用任何已知的理论加以解释。

不过，有一点是明确的：无论发生的具体事件是什么，相同的场合总会出现相同的人流模式。人群活动的关键因素并不是人们复杂的心理状态，而是某种普遍的数学模式。这种数学模式是由许多在特定环境中活动并相互影响的个体所共同形成的。

其实，环境的几何特性至关重要。1994年3月，斯蒂尔开始研究辛几何学\*，这是一门抽象而重要的科学，是有关运动的自然几何学。斯蒂尔在电脑中输入了几条辛几何学公式，希望可以用来模拟人群活动。但是逼真的人群模型并未出现，斯蒂尔看到的是一种非常奇异的景象。突然间，屏幕上出现了一幅斯蒂尔从未见过的图案，迷人、神秘，清晰明了而又色彩绚丽（彩图19）。它们是一些大小不同的几何形片断，其中之一像一幅兰花图，因此斯蒂尔将这些片断称作“兰花片断”。兰花片断并不能用来解决现实中的人群问题，因为这些片断的运动规则很死板。不过，它暗示着人群的运动模式也能从简单规

---

\* 辛几何学 (Symplectic Geometry) 是一门研究辛结构的几何学，辛结构乃是一些具有特殊结构的微分流形——译者注

则中涌现。斯蒂尔受到兰花片断的启发，知道了应该怎样有效地设计人群的几何形状。兰花模式是一种自律形态，就像博弈一样，能够自行聚集成群，在计算机虚拟环境中可以气势恢弘地突破障碍物的阻拦，解散开来，继而又重新聚集起来……

当然，在兰花、人群以及博弈之间，仍存在着某些不同之处。它们所遵循的运动规则就大不一样，不仅在细节方面不同，即使在整体上也有很大出入。具体来说，博弈的行为规则隐藏在数学原理中，其中有一条明确的指令——聚集成群。自然界中的鸟类并没有得到这样的指令，但实际上它们那么做了。它们的聚集行为只是涌现于个体间的相互影响，鸟群整个行为没有共同目标。同样的道理也适用于人群的活动，作为整体的人群并不清楚自己当前的活动状态。

在人群中，每个人都有自己的目标，比如“尽量靠近楼梯”或者“去酒吧”。即使在同一人群中，个体间也互有差异，有走得最快的，也有走得最慢的，老人就不如孩子们走得快。他们同时遵循着相互间的规则，例如别人已经占据的空间就不能再挤进去，跨步的方向总得保持大致正确。最后也是最重要的一点是，所有人都是在环境中活动的，这种环境其实就是指周围建筑的几何形状。人群的活动模式是在这些条件下构筑起来的。斯蒂尔用了几周时间，将这些思想融入一个软件包——莱晶模型。莱晶模型可实时模拟一个包含 25 万人的人群。所有的人以及他们所处的环境信息都被贮存于电脑中。每个人对身边的空间先进行一番审视，确定那里站着一个人，竖着一堵墙，还是空空如也。然后再根据不同情况决定个体的行为。人群活动的具体规则是通过对人群的长期观察总结出来的，其中

涉及商业机密，在此尚难公开。莱晶模型认为，在现实世界中，尽管人群中每个个体的行为是不规则和不可预测的，但整个人群的行为模式不会因个体行为而发生改变。用以确定最佳移动方向的智能策略与随机策略能导致一致的人群流动模式，即使个体在两种不同情况下遵循的行为规则完全不同。关键的决定因素是周围环境的几何形态。

建筑师们已经抛开只能在电脑中展示的建筑物虚拟模型。现在，他们有了真正能够模拟现实的莱晶模型。假设候机大厅内一群小歌迷正争先恐后地等着与他们迟到的偶像见面，突然间，大厅起火了，或者围栏被人群冲倒了，这时情况又将如何？莱晶模型事先会把一切后果都告诉建筑师们。

莱晶模型这样的系统，正在开辟一片全新的科学领域，它的研究对象是集群生物涌现的集体行为。莱晶模型只需稍加改动，便能用以模拟兽群、鸟群和鱼群。用它模拟复杂的生态系统和生物的集体行为，是十分理想的。《基地序曲》中，赛尔登曾经有过这样的梦想：“有一种工具，它能区分什么对人类是有益的，什么是不利的。有了它，我们的决定才不是盲目的。”现在，莱晶模型已使梦想成真。



## 第十一章

---

# 珊瑚之战

一株蘑菇从橡树上冒出了头，它一夜间吐出的菌丝，比100年来从这棵橡树上落下的橡子还要多。一只细菌发育成熟后，便开始以每2小时翻一番的速度增殖。如果它的后代全部存活，那么在一天中，细菌的数量会达到4 000个。鳕鱼产下100多万枚鱼卵，其中只有一对能够存活，并取代它们的父母。

汤普森：《生长与形态》，第三章

太平洋的海底有这样一块地方。那儿的溶岩距离地表很近，火山岛从海床上突兀起来，一路攀升爬出海面。随着太平洋板块的漂移，岩浆不时地从各处喷涌而出。大约每隔20万年，喷发出来的溶岩便会形成一座新的岛屿。夏威夷群岛中的8个小岛就是在近期内以这样的方式形成的。在关岛至中途岛之间的2000公里海面上，约有130个这样的岛屿绵延相连。这些岛屿经历了烈火、浓烟和岩浆的洗礼。它们宛若一双双明亮的眼睛，眨呀，眨呀……然而，小岛的消亡却十分安详，在微风、波浪和细雨的侵噬下，它们逐渐风化、融解，最后悄悄地从海面消失。最年轻的岛屿是最高的，而那些年迈的小岛许多已经完全被大海吞没了。

毛伊岛是夏威夷群岛中的次新岛，严格地说，它是由一座次新岛及其邻近的先祖共同形成的。因为毛伊岛实际上是普库基和哈雷亚卡拉两座活火山喷发的产物。这两座火山曾经彼此分离，然而现在却被风化崩解的碎石连在了一起。

哈雷亚卡拉火山脚下遍布着一座座小火山，它们仿佛一根根通风管道，安全阀早已被冲入大海。离岸边3公里的海底，便是摩洛奇尼火山口。新月形的火山岩从火山口处陡然而起，直窜出翻滚着泡沫的海面，犹如一幢高楼矗立在凯阿

莱卡希基海峡上。附近的玛莱海湾中，驼背鲸正在尽情地觅食和嬉戏。

海平面以上，摩洛奇尼火山不仅是一堆火山岩，也是一片青草地、一片灌木丛。它是海鸟和其他野生小动物的天堂，但并不欢迎偶尔途经的拜访者。海面以下，到处是五彩斑斓的珊瑚，神秘莫测。这些珊瑚多呈扇形，易碎。海鳗和章鱼潜伏在珊瑚的缝隙中。海胆用贪婪的小嘴不断啄食海床，俨然一副雕刻大师的模样。七彩的小鱼在岩石间不停地来回穿梭，有的肩披彩虹（鸚鵡鱼），有的满身条纹（天使鱼），有的斑斑点点，还有一些海鱼遍体金黄，好似一颗颗压扁的柠檬……深蓝色的海鱼成群结队，就像正在珊瑚礁边巡逻的警察。细长身躯的喇叭鱼一口吞下一条色彩明艳的矮胖鱼后，它的肚子会臃胀好几天，就像一条刚吃完老鼠的蟒蛇。

珊瑚是有生命的，会生长，也会死亡。它首先是一片战场，不同的珊瑚种在巴掌大的无人地带中展开殊死搏斗，这种领地之战延续了数百万年，却没有一个战俘。换言之，这是一场非活即死的战斗。在长期进化过程中，珊瑚虫的消化系统内外翻了个面。它们把这种令人恶心的武器像鱼叉一样掷向敌人。除此之外，珊瑚虫还拥有化学武器，甚至还会入侵到敌人的体内。

欢迎加入珊瑚之战。

这儿的珊瑚受到了人类的保护，然而，大多数遍布于世界各地（主要是太平洋和印度洋）的其他珊瑚却被卷入了另一场战争之中——对人类的战争。来自陆地和船舶的污染严重威胁着它们的生存。人们大肆修建的游艇和码头，对海洋环境造成了破坏。有些亡命之徒为了捕捉热带鱼和其他海洋生物甚至不

惜炸毁珊瑚礁。他们将捕获的猎物卖给收购的老板们，只收取一些爆破费用，而零售商们却坐收渔利。

珊瑚可不简单。它是一个复杂的生态系统，是各种相互影响的海洋生物赖以生存的网络。生态学是生物学的一个分支，主要研究各种生物在自然环境中的相互影响。生态学乃是科学殿堂中一门比较新兴的学科。“生态”一词还经常被用来描述各种生物在特定环境中形成的系统，我们称之为“生态系统”。那么，珊瑚礁这种生态系统究竟是如何运转的呢？数百万年来，珊瑚虫不断建造着珊瑚礁。在某种程度上，珊瑚礁必定是能够抵御劫难的生态系统。生态网络是富有生命力的，而不是脆弱的，即使暂时露出水面，它仍能继续生存。那么，这种生态网络就算碰到再大的冲击也不怕吗？

如今，对于人类活动太过敏感的生态系统已经无法独善其身。具有讽刺意味的是，要使这类生态系统继续维持下去，唯一的好办法就是由人类施加更多的干预。

为什么不能任其自由发展呢？严禁一切人类活动，让时钟倒转，把自主权还给大自然。假如真能采用这种彻底的“绿色环保”方案，那可太好了。然而，自然的时钟终究无法倒拨。当然，我的意思是，很难。森林砍伐造成水土流失，山林不可能在短期内再生。面对大片蕴藏着丰富生态资源的茂密森林，拥挤的人类无法抗拒诱惑。我们应当设立保护区，设法阻止那些为了养家糊口而不惜炸毁珊瑚礁的亡命之徒。不管我们是否同意，保护自然遗产的最佳手段就是将它管理起来，停止一切危害自然的的活动，并对人类曾经和正在造成的破坏进行补偿。

当前，我们面临的的是一个十分严峻的问题。正如有些人所

说的，尽管意愿是良好的，但我们打开的却是一扇通往地狱的大门。人们试图帮助这些生态系统维持下去，但最终我们所做的，实际上是在有意无意之中将它们推向了毁灭。人类带着美好的愿望，将某种生物引入当地的生态系统，结果却是一团糟。这样的例子不胜枚举：澳大利亚的兔子与蟾蜍；新西兰的金雀花、鹿与负鼠；还有被引入南美的生性好斗的非洲蜂与当地蜂种杂交产出了杀人蜂，至今为止，其肆虐范围已经扩大到了美国南部……

要管理一种生态系统，必须先对它有所了解，不光要了解这种生态系统正在发生的变化，而且还要预测，受到人类干预的生态系统将会发生什么变化。简而言之，我们要为生态系统的相位空间画一幅地图。生态系统是非线性的，它们往往与人们内心深处的线性直感不相吻合。举例而言，在所谓的安全水位进行捕鱼作业，还是会破坏鱼类的产卵场所，从而导致它们濒临灭绝。因此，我们亟需创造新的认知工具，彻底更新观念。光向神圣的生命网络轻声祷告是不够的，我们还要揭示其内在奥秘，要懂得一旦人类介入，将会产生怎样的结果。

这类认知工具目前尚未出现。牛顿定律可以用来精确描述运动过程，但我们还没有找到精确描述生态系统的规律。我甚至怀疑是否能找到这样的规律。生态系统最重要的特征是定性特征。相关的计算能够精确到小数点后10位，这并不是我们的目标。新的认知工具不断涌现，旧的知识结构得到了更新，我们正在慢慢地揭开生态系统的神秘面纱，其深层动态模式也日渐清晰起来。

我们也会用到一些经典的学科工具，比如统计学和微分方



程等等。其他的工具则是全新的。在这些工具中，最成功的要算是“元胞自动机”技术了，它是数学与电脑游戏的结合产物。在这种游戏中，我们不像玩电脑游戏的孩子一样，奋力击倒对手从而获得高分；我们可以看着珊瑚虫吃掉另一种生物，看着海胆相互吞噬，而所得的分值显示的是生态系统内在的动态样式。有了这样的认识，我们就可以告诉我们的政府，应该如何将那些敏感的生态系统管理起来。

举例来说，1991年1月正值海湾战争，大量原油被倾倒入波斯湾内，破坏了那里的生态系统。但究竟严重到何种程度呢？海湾生态系统中最主要的成员是海藻、海胆和龙虾。龙虾隐居在海藻之中，主要以海胆为食，而海胆的食物来源则是海藻。如果海胆过多，它们就会把海藻吃光；龙虾和海胆找不到食物的话，在一段时间以后就会死去。海胆经常会受到某种海洋病毒的感染，从而大量死亡，不过外来的海胆又会重新进入这片海域。为了明确破坏的严重程度，我们首先必须弄清生物网络的相互作用关系。接下去，大家就会看到，新的数学工具为我们提供了一种简单而直接的模型，它可以用来模拟这种简化的海湾生态系统，并能明确指出，人为干预究竟会不会导致危害。由于海湾生态系统实际上还包含许多其他生物，因此对于从这种简化模型中得出的结论，我们还要多加考证。不过只要多花些精力，我们就能用同样的方法设计出更为复杂的模型。

元胞自动机技术诞生于1953年。当时，伟大的数学家冯·诺伊曼（John von Neumann）正准备着手破解生命的奥秘，或者说，至少是生命的奥秘之一——复制。他试图表明，复制能力并不是一种神奇而不可名状的生命规律，相反，它是普通

物质的一种相对直观和普遍的特性。只不过，这类物质通过一种特殊的组织隐藏了起来。他希望，他的观点能够有助于人类发现地球生命形式的复制机理——这比克里克和沃森的研究要早些。从某种角度上说，他如愿了。可惜冯·诺伊曼将自己的思想成书出版的时间太晚，生物学家所用的并不是他的理论，克里克和沃森占得了先机。

克里克和沃森发现了DNA的形态规律，并从中推导出它的复制机理。冯·诺伊曼走的是另外一条路，他抛开那些关于复制的普通问题，直截了当地发问：从理论上说，是否有可能制造出一台能够自我复制的机器？冯·诺伊曼试图创造一种有关复制的数学理论。他自己的回答是：完全可能。这将他引入了另一个抽象课题，即生物。至少在我们这颗星球上生物诞生的过程是由某种代码决定的，而它们又是通过怎样的方法，才使这种代码保留在自己体内呢？克里克和沃森通过研究将之归功于DNA；这其实是冯·诺伊曼理论在分子学上的表述。不过我认为，克里克、沃森以及其他发现这一奥秘的科学家们，即使不依靠冯·诺伊曼超凡的洞察力，同样也会得出相关的结论。

为了使他提出的问题更加引人注目，冯·诺伊曼必须将那些无关紧要的复制现象与真正的复制现象区分开来。每个复制体系都存在于某种环境之中，如果环境太复杂，复制体系的真正奥秘就会被假象所掩盖。举例来说，当你手头有一台复印机时，一封信也能成为一种自我复制的系统。要解决这样的问题，我们必须找到一种能够稳定而精确地自我复制的系统，并且它所利用的只能是环境中的原始材料。例如，一种机器人会

挖掘金属矿物，将之融化；会从沙石中提炼硅晶，制成芯片；会排布电线，制造其他元件；最后生产出一台与自己完全相同的机器人。这种“冯·诺伊曼式机器”将会非常复杂，除非它的设计比我的描述精妙几百万倍。“纳米技术”\*可能是一条出路，它需要在显微镜下利用超小型化机器来完成。但生命所涉及的尺寸比这还要小好几个数量级，它所用的是分子。冯·诺伊曼率先进入了这一研究领域，并且提出了一个关于复制过程的数学模式。这样一来，一个全新的数学概念应运而生了。

冯·诺伊曼复制机器具有两个重要部分。其一是制造器，只要给予适当的指令并提供充足的原材料，它就能造出一切。另一部分就是一张能建造自己的指令清单。乍一看，这很荒谬，原因如下：如果说，整台冯·诺伊曼机器都能用指令加以描述的话，那么我们一定能够在这台机器中找到这些指令；而在这些指令中，又必须包含能够描述指令本身的指令；继而，在这条用来描述指令的指令中，还必须存在描述指令的指令的指令……如此下去，显然是一种无限回归。好在冯·诺伊曼也认识到，这样的冗余度是没有必要的。既然你已经得到了所有的指令，为什么指令中就必须包含描述它们自身的指令呢？于是他在机器中加入了第三个部分——指令复制器。指令复制器并不理解指令的内容，也不负责翻译指令，更不会遵行指令。它只是复制指令而已。

---

\* 纳米技术(nanotechnology)，是在世纪之交出现的一门以众多现代先进科技为基础的新兴科学技术，是一门用单个原子或分子制造物质的科学技术，是现代科学(混沌物理、量子力学、介观物理、分子生物学)和现代技术(计算机技术、微电子和扫描隧道显微镜技术、核分析技术)相结合的产物。纳米技术将引发一系列新科技的诞生，例如纳米电子学、纳米材料学、纳米机械学等——译者注

现在我们的机器由三个部分组成：制造器，指令清单和指令复制器。制造器遵照指令清单的要求，制造出一个新的制造器和一台新的指令复制器，并将它们连结在一起。然后，它又将指令清单放入指令复制器中，复制出一张全新而相同的指令清单。最后，仍是根据指令的要求，再把这张新的指令清单摆放到新机器的适当位置。

避免无限回归的方法很简单，也很巧妙。在复制过程的两个不同阶段，对指令清单中的信息采取两种不同的处理方式。最初，制造器读取指令，并加以遵行。在这一阶段，指令清单上的内容是至关重要的：因为如果复制的指令存在错误，就会导致制造器发生故障。接下去，指令信息被复制。在这个阶段，指令的内容是无关紧要的。错误的指令不会影响到复制过程本身（尽管此时错误的指令尚未造成任何影响，但它已经潜伏下来，一旦新机器开始新一轮的自我复制，灾难就会爆发）。在细胞中，染色体正好具备了指令清单的这种特性。在生物的发育过程中，需要从染色体上读取基因指令；而在细胞的复制过程中，基因只是被简单地加以复制。

提出这一模型以后，冯·诺伊曼本来可以就此止步了，但一个残存的问题仍未得到解决，即“数学系统真的能够完成整个过程吗”。在另一位数学家斯坦尼斯劳·乌拉姆\*的建议下，冯·诺伊曼提出了一个新概念，这就是我们前面提到过的“元胞自动机”。最简单的元胞自动机是由一排方格构成，我们笼

---

\* 乌拉姆 (Stanoslaw Ulam, 1909 - 1984)，波兰数学家。其主要成就是解决了氢弹核聚变的触发问题，此外，他还设计了著名的“蒙特卡罗法”，使得许多数学问题得以用统计学方法加以解决——译者注

统地将之称为“元胞”。元胞在平面上排列开来，就像一张巨大的棋盘。事实上，冯·诺伊曼的元胞自动机只是一种二维模型，如果愿意的话，你也可以采用三维模型。无论元胞的几何形状如何，每一个元胞可取的状态种类是有限的。在实际运用时，我们可以很方便地用不同颜色对之加以标识。随着钟摆的摆动，某个特定元胞的状态也在发生改变，而这种改变遵循的规则是与邻近元胞相关的。比如，可能会有这样一条规则：“被一个黄色元胞和一个蓝色元胞夹在当中的粉色元胞必须转变为绿色。”虽然元胞自动机看上去十分简单，但其实，这种系统可以完成计算机所能完成的一切工作。它们的差别并不在于能力的高低，而在于所用时间的长短。

冯·诺伊曼发明的元胞自动机所用的是二维方格，每个方格具有29种不同的状态。他将这些方格放到一个具有20万个元胞的模板上。在这块模板中，有一片区域代表着制造器加指令复制器，其余的部分则是指令清单。制造-复制区根据自动机的规则，将长长的触角伸向空置的元胞（图83）。然后，它按照指令的要求进行自我复制。接着，再复制指令，并将其添加到新的机器中。这一过程完成以后，触角又缩了回来。

然而，这种元胞自动机又有什么作用呢？1984年，斯蒂芬·沃尔弗拉姆（Stephen Wolfram）（因开发Mathematica™系列软件\*而闻名于世）通过观察发现，由单排元胞构成的自动机可以产生四种（也只有四种）不同形态：

---

\* Mathematica™系列软件是美国沃尔弗拉姆研究公司（Wolfram Research）于1988年首次推出的全集成化科技计算机软件系统，也是当今世界用于科技计算的唯一一个完全集成的环境，一经推出就受到科技和社会各界的广泛好评和应用——译者注



◇ 第一种：元胞排列最终将形成一种固定形态，在这种固定形态中，所有元胞都具有相同的状态，而究竟取怎样的状态，与元胞最初的排列方式无关（图 84a）。

◇ 第二种：元胞排列最终将形成一种固定形态，或者周期性的重复几种不同的形态，而各个元胞的状态与它们最初的排列方式相关（图 84b）。

◇ 第三种：元胞排列将形成一种杂乱无章的形态，虽然这种形态是在某种规则制约下形成的，但它明显具有不可预知性（图 84c），

◇ 第四种：元胞排列将形成一种复杂的局部结构，自动机似乎在执行着某种运算（图 84d）。

第四种自动机尤其引人注目：它所执行的这类运算正是完善冯·诺伊曼机器的关键。我们不知道二维排列的元胞自动机会产生怎样的形态，三维元胞自动机当然更是无从谈起。但既然一维元胞自动机已能形成如此丰富的形态种类，那么我们

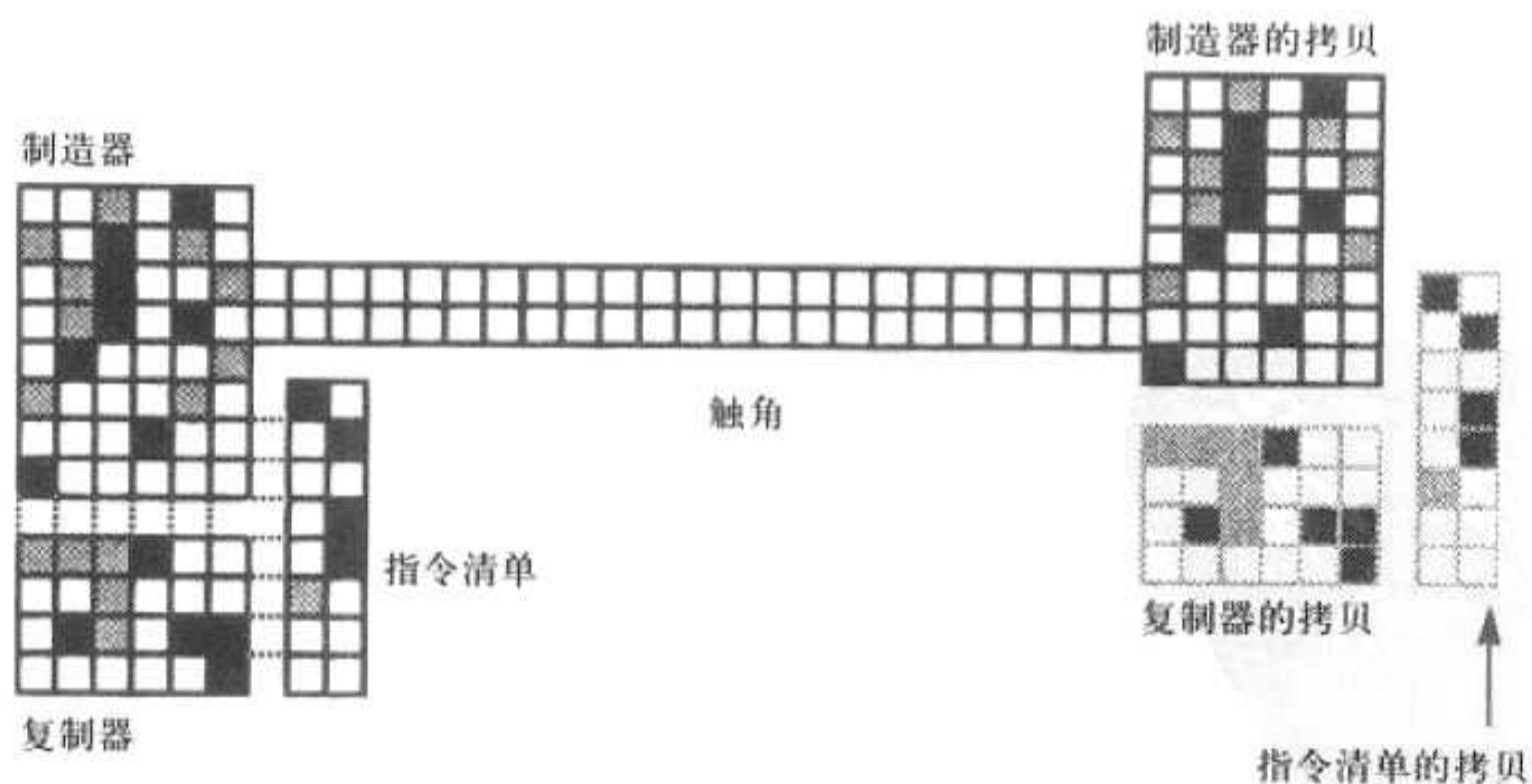


图 83 冯·诺伊曼的能够自我复制的自动机正在伸出触角

也有理由相信，更复杂的元胞自动机必然会具有更强大的功能。

元胞自动机之所以引起数学家们的兴趣，是因为它将具有时间和空间结构的复杂系统抽象地浓缩为一种简单而巧妙的模型（并且可以很容易地在计算机上进行演示）。元胞自动机清楚地解释了霍普菲尔德提出的“计算涌现现象”。所谓“计算涌现现象”是指某种基于简单规则的系统，具有与计算机一样的计算能力。不过我们现在要谈的并不是这些。我们先来看看，如何用元胞自动机模拟波斯湾中遭到破坏的生态系统。

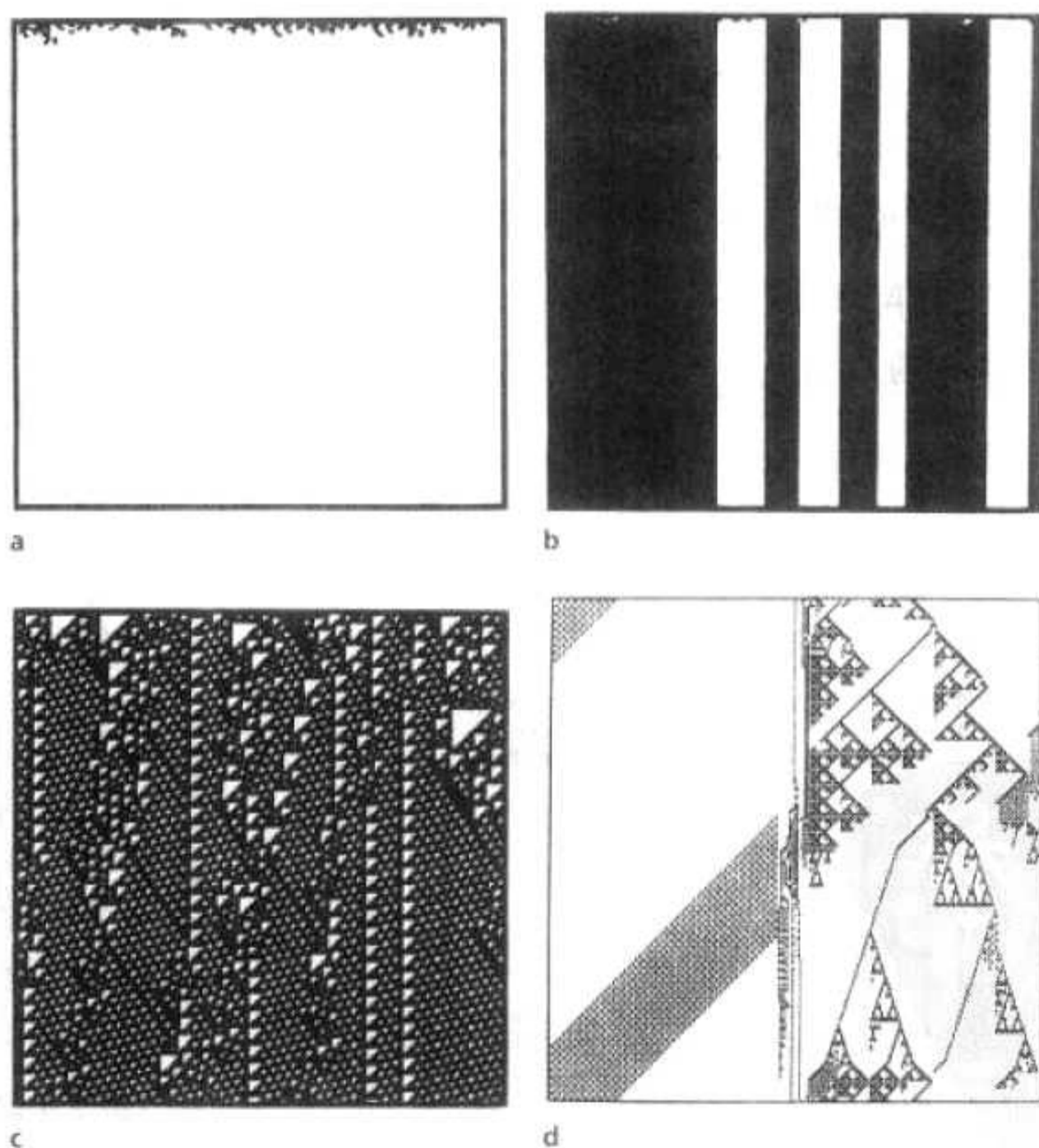


图 84 四种一维元胞自动机

1993年，杰奎琳·麦克格莱德\*和普赖斯(A.R.G.Price)尝试用不同的方法评估海湾战争对生态环境造成的影响，特别是倾倒大量原油带来的危害。他们的方法之一，便是用三种主要生物——海藻、海胆和龙虾构成一个简化的生态系统。他们将这三种生物置于一个预先设计好的二维自动机中。自动机的方格排列大致模拟了海湾的地理环境——海岸、港口、陆地和水域。而各个元胞可取的状态包括海藻状态、海胆状态以及龙虾状态。比如，如果某个元胞处于龙虾状态，那就说明相应的位置有一条龙虾。

电子游戏的原理是这样的：对于设计者来说，屏幕上的每个像素都有不同的状态，这种状态受到程序的控制，程序则是根据游戏规则编写的；对于玩家来说，每个像素的状态显示为不同的颜色，相关像素组合在一起，就形成了完成游戏的诸如“金牌玛莉”这样可爱的游戏人物。麦克格莱德和普莱斯采用了相似的技术：现实生态环境中的一切规则都可以添加到自动机中。

他们在自动机的方格中随机放入一些海藻，并依照实际的生物发育规律，在计算机中输入海藻繁殖法则。接着，他们输入相应程序，让龙虾栖身于海藻之中，并以海胆为食。然后，再将海胆取食海藻的规则写进电脑。当然还有其他规则，例如，当某一海域内海胆过多时，其周围的海藻就会变成裸岩，等等。

---

\* 麦克格莱德(Jacqueline McGlade)，英国历史学家，现任英国蒙默思大学(Monmouth University)历史学副教授。其主要研究课题包括：美国军史、二战后美国海外援助史、商业教育史以及美国跨国公司发展史，等等——译者注

彩图 20 显示的就是元胞自动机的一种状态，看上去就像一张彩色地图——海湾局部区域的俯视图，其中各种生物以及裸岩都用不同颜色的小方格加以表示。我们可以看到龙虾点缀在成片的海藻中，海藻则被海胆包围起来。前提假设是，只要模型的规则与现实世界遵循的规则相同，并且忽略除海藻、海胆和龙虾以外的其他生物，那么，伴随着电脑虚拟时光的流逝，这种生态模型所发生的变化与现实世界中的变化将是一致的。

根据这一模型在计算机上运行的情况——这是一个完全自然的过程——麦克格莱德和普莱斯表明，海湾生态系统将形成一种“捕食者—被捕食者”互相配对的模式。有的是龙虾与海胆配对，有的则是海胆与海藻配对。在这些区域中，生态系统简化至由两种生物组成。此时，种群动态变化也相对简单起来。生态系统的镶嵌结构有助于抵御其他生物入侵，即使看上去成功希望很大的外来生物在这时也会失败。另一个特别重要的发现是，我们只需观察一个物种（比如海藻）的生态变化情况，就能推测出另两个物种（海胆和龙虾）的生态状况。原因是，海藻的密度通过自动机的规则与其他两种生物密切相关。所以知道一种生物的数量以后，其他两个物种的数量也可以从中推算出来。当然，这也不是十分明显和简单的事，这要求我们在自动机运行的同时，注意观察其动态规律，然后才能找到各种生物在数量上的关系。

这一重要发现意味着，我们可以通过卫星照片分析海藻密度，进而对整个生态系统实施监控。尽管人造卫星看不到龙虾和海胆，但这两种生物的数量完全可以从海藻的密度分布状况

中推算出来。这种特殊的数学视角创造了一种新颖、实用而又有悖于普通直觉的方法，它能帮助我们更好地控制海湾的生态系统。不必担心龙虾和海胆，我们只需控制海藻的数量就可以了。在元胞自动机的帮助下，我们可以根据海藻数量推算整个生态系统的动态变化情况。于是，我们只要利用数学找到一种能够控制海藻数量的实用办法，就能使海湾的生态环境恢复到往日水平。同时，我们利用卫星对海藻实施远程监控，再也不必花费大量资金进行实地考察。

人类的愚蠢和无知对蓝色星球造成了巨大的危害，海湾战争只不过是沧海一粟。人类必须学会了解生态系统，这一点实在太重要了。我们为了生产纸张而砍伐森林；我们在大海中撒网捕鱼；我们组织旅游团潜水观赏珊瑚礁，并从那里捕捉热带鱼卖给水族馆老板；我们在美国的中西部密种小麦；为了增加耕地面积，我们填平沼泽；为了保证水源供应，我们筑坝围堤……这一切的一切极大地破坏了自然生态系统。此外，我们因为对生态系统缺乏足够的了解而犯下了许多其他类似的错误。我们砍伐山林，直到雨天发生山体滑坡，才感到惊恐万分。我们的麦地变成了久旱的荒原。我们盲目发展渔业，影响了鱼类的繁殖周期，以致鱼类数量锐减。

生命是一种高度互联、互动的体系，然而这种相互之间的联系究竟有什么作用？对此我们作过许多思考，但收效甚微。我们希望通过实地观察，了解生物的行为以及它们是如何互相作用的，然后再利用数学的方法推导出这种互相作用所产生的结果。数学真的能够处理诸如生态系统这样复杂的问题吗？如果答案是否定的，那可就糟了。不过，在把握互动系统的复杂



性方面，目前我还不知道有什么巧妙的方法明显地优于数学。如果要问有哪些方法不如数学，那倒能举出不少。动物学家们可以告诉我们许多有关自然生态的特点，但对受到人为影响的生态系统会发生什么变化，我们却难闻其详。遗传学能追踪基因的活动，却无法表达动物的行为。经济学告诉我们将为自己的错误付出多大代价，却不教我们如何避免类似的错误。计算机模拟是一种较好的方法，不过这种方法在很大程度上要依赖于数学。采用计算机模拟生态系统，要么是因为这类生态系统中存在着某种普遍的数学理论，因而可以模拟；要么则是因为在这类生态系统中找不到任何数学理论（但事实上应该有），因此要借助于计算机模型去寻找。所以我认为，计算机模型就是一种数学模型，或者说，是数学模型的雏形。计算机技术只是一种帮助人类进行数学思维的工具。我知道，这种观点还没有被广泛地接受，但我相信它经得起时间考验。

就算我是对的，仍有人会问这样的问题：数学能够解释有关自然生态系统的一切问题吗？是的，它能够。但你必须时刻牢记，任何一门学科的力量都是有限的。我不相信简单的数学理论能够阐明“珊瑚礁生态系统”的一切复杂特征，因此从这层含义上说，珊瑚礁生态系统现在不是而且永远也不可能成为一种纯数学的系统。好吧——但这并不妨碍数学成为一种理解生命的有效手段。同样，我也不相信用简单的数学理论可以阐明太阳系中所有物体的一切复杂行为。如果你研究的对象是整个太阳系，那么你就必须将太阳系中的一切物体纳入你的思考范畴，包括这些物体的相关特征，如位置、速率、形状和物质构成，等等。然而这样一件任务对于人类来说，实在太沉重了。

数学家们永远也不可能去研究真实的星体。虽然存在这样的局限性，但数学仍是研究太阳系活动的一种极为重要的工具。一种变通的办法是把实物放在一边，转而研究其简化的模型。正因为有了数学，我们才能把握住事物关键的特征。

在研究生态系统时，数学也（应该）起到同样的作用。我们的任务是建立一种简单模型，这一简单模型应当涵盖某些生态系统的重要特性。然后，我们要借助数学的方法从这些特性中归纳出一切可能的结论。然而，你肯定会发现，自然生态系统的某些现象与数学模型不相吻合。但如果因此就推翻一切结论的话，那说明你还不明白应当如何运用数学工具。我们不求完美，只求理解。我们的目标并不是严密地描述生态系统，而仅仅是想建立一种具有代表性的模型。

在生态系统中，最早引起数学家们关注的乃是动植物数量的增加或减少。汤普森的著作中详细描述了增殖的过程，充分地说明了这一点。如今，许多物种的生物数量骤减，有的甚至已濒临灭绝。于是，生态学再度引起人类的重视。人们关注的并不只是珍稀物种。渔业的过度发展导致鳕鱼数量急剧下降，这也是令人担忧的问题。要解决类似的问题，首先必须了解，鳕鱼数量与其被捕杀速度之间存在怎样的对应关系。这至少能够告诉我们，怎样的渔业规模才是可行的。科学只是问题的一个方面，政治因素同样不可忽视。但如果科学导向本身出现了偏差，那么政治就会把情况搞得更糟。

斐波那契数源自于一种数学化的群体模型，这是我所知道的最早的群体模型。比萨的莱昂纳多提出并解决了一个有关兔群增殖的有趣问题，不知何故，人们更喜欢将他称为斐波那

契。有理由相信，莱昂纳多当时是把它当作一个有趣的数学问题提出来的，而不是别的什么。然而即使如此，这个数学问题还是具有十分重要的意义。前面我们已经说过，采用林登迈尔的种系树理论也能解决这一问题。另一种方法就是几何学。借助于几何学，我们很快就会发现斐波那契数乃是问题的答案所在，甚至还可以将斐波那契数的生成规则（即每个数是前两个数的和）写成公式。该公式与黄金数有一定联系，其实这不足为奇，因为斐波那契数与黄金数本来就是密切相关的。由莱昂纳多模型得出的结论是，每季的兔子数量约是上一季的1.6倍。比如说，这一季有100只兔子，那么下一季的兔子数量就会达到160只左右。数字1.6就称作“增长率”。当增长率大于1时，生物数量就会增加。如果不加以控制，生物的数量是呈指数增长的，第 $n$ 代的生物个体总数与增长率的 $n$ 次幂成正比。

指数增长的势头十分迅猛。在120代以后，兔群的体积将会超过目前我们所知的宇宙容量。莱昂纳多兔子问题的背后隐藏着这样一个事实：当增长率高于损益点时，如果不从环境条件或兔子自身方面加以限制，那么兔子的总数就会呈指数级激增；同样，当增长率低于损益点时，兔子的数量又会呈指数级锐减。我所说的损益点是指，在长期的繁殖过程中，这一代的一对成年兔被下一代的另一对成年兔所取代，而兔子总数恒定不变。但在莱昂纳多的简单模型中，这种平衡是极不稳定的。

好在兔子的总数总会受到环境条件及兔子自身方面的限制；但如果这成了你弃用莱昂纳多模型的理由，那么你不会得出任何有益的结论。莱昂纳多模型所预测的指数级增长，是针对排除各种限制性条件的情况而言的，用这种指数增长的理论

可以解释许多现象。例如，为什么细菌感染可以迅速地得到控制；为什么一旦停止杀灭害虫（比如蟑螂），或者一旦害虫出现耐药性，它们很快又会大量出现。很显然，当环境条件产生限制作用时，生物数量的增加就会有所收敛。

最早描述种群增殖的方程称为“弗哈斯特方程”<sup>\*</sup>。该模型指出，简单的种群增殖是有上限的。假设种群增殖不受控制，生物数量便会呈指数增加。但这种增殖速度会随着资源的逐渐匮乏而减缓下来，此时生物数量达到了最大值。这类增殖曲线称为“对数曲线”<sup>\*\*</sup>，它也是汤普森引以为豪的成果之一。汤普森在其著作的第一卷中用了较大篇幅介绍这种曲线。虽然对数曲线由来已久，但时至今日，仍有不少工作在科学前沿的学者对其倍感兴趣。比如，大灭绝似乎就与此有关。

从化石研究结果来看，在大灭绝时代，物种的多样性似乎瞬间消失了，许多物种彻底灭绝。但此后，部分物种的消失似乎刺激并加速了剩余物种的分化。最著名的灭绝事件发生于6500万年前，恐龙灭绝后便出现了哺乳动物。不过，在此之前至少还发生过两次大灭绝：一次是在24000万年前的二叠纪末期，另一次则是在2亿年前的三叠纪末期。除此之外，类似的灭绝事件也许还发生过几次，但影响都不大。关于大灭绝的争论从来就没有中断过，因为化石的记载并不完

---

<sup>\*</sup> 弗哈斯特方程 (Verhulst model) 是一个用来描述单一种群在食物资源有限的环境中如何生存以及增殖的方程，最早由弗哈斯特于1838年给出——译者注

<sup>\*\*</sup> 对数曲线 (logistic curve) 在生态学中常音译为“逻辑斯蒂曲线”，用来表示物种数量的增殖过程。物种数量的增殖过程通常呈现对数增长的趋势，可将物种数量的增殖阶段分为“加速增长期”、“减速增长期”和“稳定期”。为了全文译名的统一，故在此用了“对数曲线”的译法——译者注

整。特别是大灭绝发生的突然性和广泛性究竟达到了何种程度，人们还不清楚。目前所知道的只是“许多物种几乎同时消失了”，人人都在期待能进一步了解大灭绝。为使定量模型与实际物种的数量更为匹配，很重要的一点就是建立有关古代生物的数据库，例如，它们生活在什么年代，又是在什么年代灭绝的。约翰·赛普考斯基\*于20世纪70年代末期曾经做过这样的工作，然而直到20世纪90年代中期，他的标准数据库仍未得到任何修订。赛普考斯基采用对数曲线表达物种的多样性，即不同物种的数量。他发现，这种研究方法相当有效。不过，到了1995年，他的结论受到了本顿\*\*的挑战。本顿建立了新的数据库，他记录的并不是物种数量。而是海洋生物种系的数量，（据其本人称）他的数据库表现出来的并不是对数增长，而是指数增长。1996年，库尔劳特（V. Courtillot）和戈德梅（Y. Gaudemer）对本顿的数据库进行了仔细的分析，得出结论：“在绝大多数时间内，物种的多样化决定于对数增长，而非指数增长；然而这种对数增长会被罕见而短暂的灾难性事件所中断……灾难乃是导致生物大灭绝的主要原因。”事实上，采用的时间标准不同，数据库显示的增殖特性也会不同。本顿也是正确的，因为他的数据库显示的是5亿年来发生的指数增长。但另一方面，他的数据

---

\* 赛普考斯基 (J. John Sepkoski Jr., 1948 - 1999)，美国古生物学家。其主要贡献是利用化石记录定量地研究了进化史上的物种多样性。去世前任芝加哥大学古生物学教授——译者注

\*\* 本顿 (M. J. Benton)，英国古生物学家，布里斯托尔大学 (University of Bristol) 地球科学教授。主要研究课题包括：生命的多样性、化石记录的可靠程度及生物种系进化发展史，等等——译者注



与完美的指数增长之间仍有相当大的差异，而且这种差异是系统性的。我们根据本顿的数据画一条曲线，然后用三次大灭绝的发生时间将曲线分割为几段。这样，曲线的形态就更加明朗了，每一段增殖曲线都具有对数曲线的定性特征。然而一旦物种数量达到饱和，那么迟早会出现曲线的突然下滑，即大灭绝。然后，一条新的对数曲线又出现了。库尔劳特和戈德梅找到了适用于这些对数曲线的最佳定量特征。他们表示（从图中也不难看出），尽管与单曲线相比，多曲线的表达方式会产生额外的自由度，但它与数据库的吻合程度却更好。

不过，本顿自己也说过，物种多样化的总体趋势是近似指数增长的。这一断言为库尔劳特和戈德梅发现彼此分离的对数

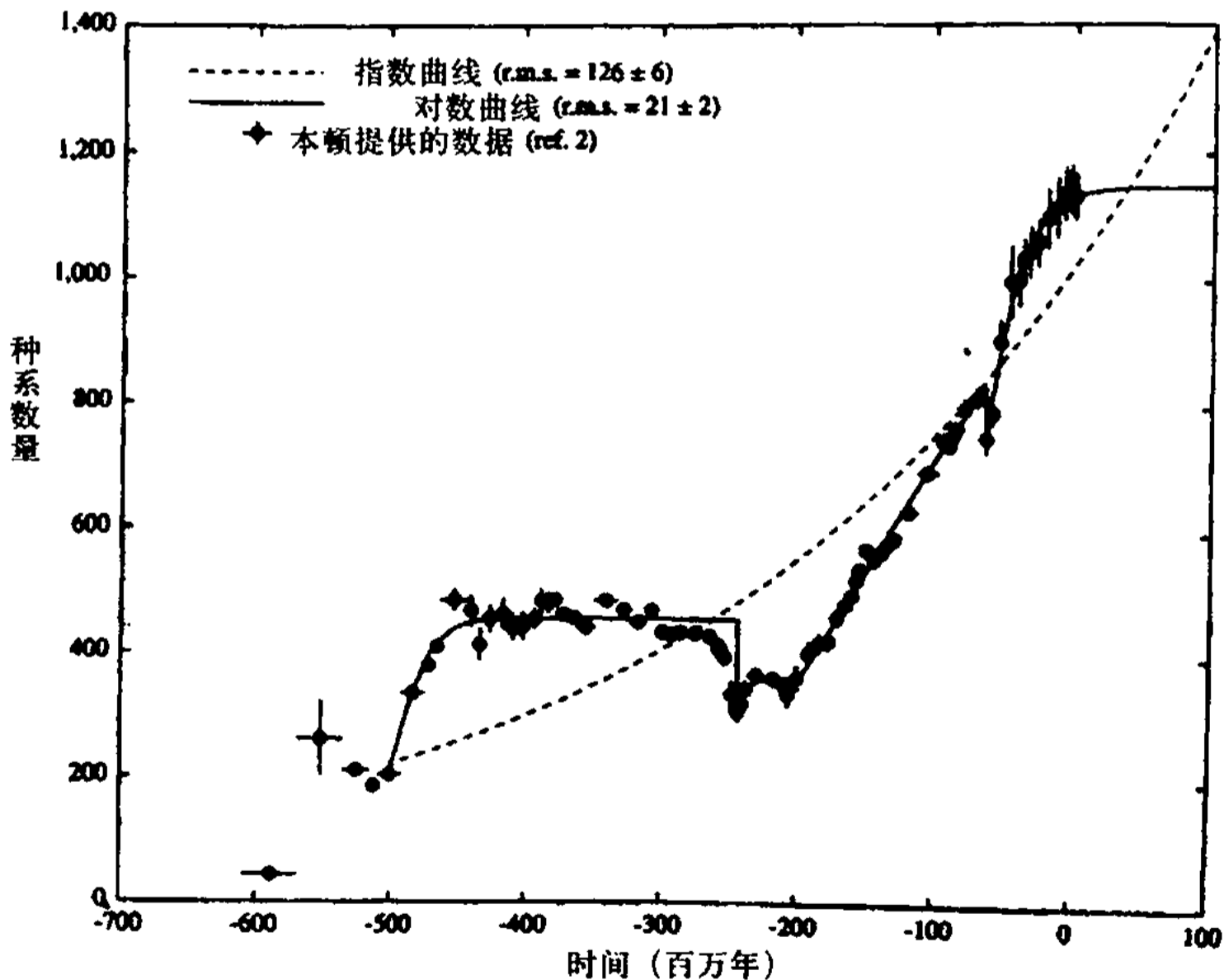


图 85 海洋物种的对数曲线以及指数曲线（虚线）

曲线埋下了伏笔。对于每一段连续的对数曲线来说，起始处的物种数量总比前一段曲线末端的物种数量要少。<sup>\*</sup>而且每段曲线上物种数量的增长速率都要比前一段曲线更快，这样便在曲线与曲线之间形成了顿挫。化石记录证实了上述论断，并促使我们去寻找内在的原因。旧物种的清除为新物种的出现创造了更多机会，这种说法似乎有一点天真。库尔劳特和戈德梅指出，如果之前的大灭绝较为惨烈，则随后曲线的增长率也会相对缓慢一些。但假如“旧物种清除理论”是正确的话，那么大灭绝的程度越是彻底，新物种获得的机会就应当越多，增长率也应当越快。因此，也许生态位并不是事先确定的，而是由现存物种决定的（就好像，如果没有狗，那就不会有狗栉头蚤可以生存的环境）。

在《真实的虚构》一书中，科恩和我以体育竞赛为喻，对有关进化的问题进行了探讨。我们区分了业余比赛和专业比赛的不同之处。业余比赛没有完整的比赛规则，选手们表现得十分糟糕。而在专业比赛中，竞争的策略就相对稳定一些。大灭绝对于整个生态系统来说是一种沉重的打击，因此在以后的一段时期内，进化的水平是比较“业余”的。新物种能拥有怎样的生态位，这部分取决于哪些旧物种得以幸存。因此就这一点而言，幸存的旧物种越多，所谓“业余级”的新物种可能拓展的生态位也越多（顺便说一句，在这种情况下，那些幸存的旧物种也成了业余选手，因为比赛的规则已经改变了，所有的竞

---

<sup>\*</sup> 原文是“the number of species at the start of that period must be bigger than it was the previous time around”，根据曲线的形状和前后文，估计“bigger”是作者的笔误——译者注

争者又站在同一条起跑线上)。但是,如果存活下来的旧物种太多,那么实际上大灭绝也无从说起,因此在这里,也有一个损益点的概念。

对数曲线也适用于单一物种。当然,在统计生物体数量时,它并没有对不同年龄层次的生物体作区分对待。较为复杂的种群模型则对不同年龄层次的生物体也进行了分组,甚至还能表达不同物种间的相互影响。这类模型往往是互动的,莱昂纳多的模型便是一例:某一季中某一年龄段的某一物种的生物体数量,是根据上一季中所有年龄段的所有物种的群体值演算得来的,演算的工具则是一种特殊的数学公式。人们曾经采用过各种不同的公式,每种公式都有一大群支持者,他们的目的都是为了抓住种群动态的某些特点。在这些特点中,有两条是经典数学家们十分熟悉的:

◇稳态,每一代生物体数量均保持相同水平,即稳定的生物数量。

◇周期循环,生物数量发生周而复始的变化。也就是说,生物数量由多至少,然后再回复到初始水平,如此循环往复,即生物数量的波动是有规律的,也是可以预知的。

当然,还存在着第三种特点。20世纪60年代末期,非线性数学被应用到迭代方程中,直到此时,这种特点才被科学界所认识:

◇混沌,生物数量的波动似乎是不可预知的,它具有较大的随机性。

事实上,混沌中潜在着某种规律,但这种规律十分微妙,不仔细观察很难发现。混沌行为在一定程度上也是可以预知

的，但只有在短时期内可以做到。如果大家想进一步了解有关混沌状态的问题，可以读一读《上帝投骰子吗？》这本书。“混沌”的观点改变了我们对生物数量发生不规则变化的看法。此前不久，我们还认为这种变化是由某种外界因素所导致的，并迫切希望找出这种外界因素。然而现在我们已经知道，这类不规则波动完全可能是由种群的自然动态变化所产生的，在它背后也许根本就不存在什么外力影响。一旦认识到潜在着“混沌”的可能性，我们就节省了许多无用的努力。

采用数学模型的最大好处就在于，它能让你详细地了解生态系统。在研究一个真正的生态系统时，你不可能把其他物种都赶走，只留下海藻、海胆和龙虾。因为这样一来，你就无法肯定，这些少量的物种是否已构成了生态系统的重要特征。相反，利用生态系统的数学模型，这一点完全能做得得到。我们对生态系统一步步地加以简化，同时观察其特性是否会发生显著变化。我们借助数学模型便能发现生态系统的深层动态规律，而将一些无关紧要的细节问题抛在一边。这些细节问题是生物学关注的对象，而数学家们则希望尽量避开它们，这两种研究态度是互补的。

数学让我们看到了一切存在的可能性，并能用系统的方法将它们联系在一起。我们甚至可以为方程添加新的参数，并观察随之而来的变化。如果新加的参数不能导致任何变化，我们就将它忽略不计。反之，我们就得到了有用的结果——这些结果可能至关重要。

有关珊瑚礁生态系统最初的数学模型帮助我们解开了一个谜团。我们暂且将人类的干预置之不谈，单将目光集中到不同

珊瑚虫种群间展开的生存竞争上来。在模拟竞争环境的过程中，你会发现，从理论上讲，只有一种珊瑚虫，即最适应特定环境的种群会成为胜利者。对于珊瑚虫来说，谁更快地入侵他人领地，谁就占据主导地位。在虚拟模型中，珊瑚虫的领地就像陀螺一样，高速旋转着，彼此首尾衔接。谁转得越快，谁的领地就越大。

然而现实中的珊瑚虫品种繁多，简直让人难以置信。难道我们为珊瑚虫种群动态设计的数学方程有误吗？不，这些方程完全正确。但要想让数学模型反映真实情况，我们还得付出一些努力。我们不妨在模型中添加一些可能比较重要的参数，然后再来看看情况会有怎样的变化。或许现实状态中的珊瑚虫之所以会形成各种不同种群，乃是因疾病造成。品种单一化的珊瑚虫容易罹患某种传染病。因此我们根据已知的几种珊瑚虫疾病增加了几个方程，用以代表病原体所造成的影响。品种单一化的趋势得到控制了吗？没有。

好吧，看来疾病不是关键因素。或许鹦鹞鱼吞噬珊瑚虫是一个重要原因。那么，我们先为鹦鹞鱼的种群动态设计一个完美的模型，再把这一原因添加进去。情况有所好转吗？没有。

嗯……环境因素会不会有什么讲究？难道奥秘并不在于珊瑚虫自身？热带海洋永远都不会风平浪静。暴风、飓风和龙卷风是家常便饭，甚至海底地震也会引起潮汐的波动。在我们观察珊瑚礁生态系统时，这些现象是随机出现的。于是，我们又增加了随机的环境影响，尽量使我们的数学模型能够逼真地模拟现实的气候条件。

这下，有趣的事情发生了。在珊瑚虫的生存竞争中，赢家



不再限于一个种群。一种珊瑚虫还没有来得及吃光其他珊瑚虫，龙卷风就来了。狂风扬起海底的沙石，将原先的珊瑚礁生态系统劈得四分五裂。有利于单一种群的生态环境转眼间不复存在了。随后，每当一个新的珊瑚虫种群即将独霸天下时，外界干扰就会出现，这样的过程周而复始，永无止境。

不断变化的环境条件，保证了珊瑚虫种群的多样性。飓风的破坏力反而成了维系珊瑚虫种群多样性的重要因素。几百万年来，珊瑚虫世界进化出许多不同种群，当外部条件发生变化时，总有一些种群可以适应新的环境。

如果我们不懂这样的规律，而总想着如何去管理珊瑚礁生态系统，那么飓风在我们眼里就可能成为一种破坏因素，或许我们还会想到建造高大的防风墙（我想谁也不会真正去实施这样的工程，因为毕竟代价太大了，但至少来说，这种念头会在人们的大脑中一闪而过）。新的证据表明，诸如此类的设想只会带来灾难，生命的多样性将遭到破坏，五彩的珊瑚从此不现。

在对森林生态系统的管理过程中，我们有一个真实的案例，它说明缺乏对生态系统的了解将使我们误入歧途。美国国家森林公园几十年来一直致力于森林大火的防范工作，但现在人们的观点已经彻底扭转过来。目前人们认为，应当在局部范围内人为地制造一些山火，去除发育不良的树种，让新的树苗拔地而起。否则的话，低矮树丛越长越密，终有一天，大火就会将整座森林毁于一旦。人类往往有着美好的意愿，但实际上……

我的意思并不是说，人类不应对自然界进行干预。事实上

我们已经干预了，而且还将继续下去，毕竟我们也是这个星球的一分子。我的意思是，如果用一种十分幼稚的方式去干预大自然（或者十分幼稚地决定不去干预），那么我们会得到大自然的回敬。生态系统的内在机理与我们的直觉往往会有出入。了解生态系统，而不是盲目地崇拜，要做到这一点，势必要开发一整套非正统的全新数学工具。我们的研究手段正在向数学靠拢，我们不敢冒险拿现实中的生态系统来做试验，除非我们已经十分清楚结果将会怎样。



## 第十二章

---

# 探索生命的奥秘

形态学是一门关于有机形态的科学，它的研究对象不仅包括现实环境中由各种物质形成的生命形态，从更广泛的意义上说，还应该包括一切我们能够想像的形态。

汤普森：《生长与形态》，第十七章

好吧，什么是生命？还是先让我来说说生命不是什么吧——生命不是DNA。

生物学界一度将关注的焦点集中在生命体上。那时人们利用显微镜研究动物学和植物学，并将生命的特性总结如下：复制行为，自主行为（比如，可以自由地决定做什么。或者至少表面上是这样），对环境的应激以及觅食的能力（和需要），等等。

如今，生物学的主要研究领域已经深入到分子水平。生物学家们开始研究分子化学和分子遗传学，并对DNA序列给予极大的关注。他们将生命的特性归因于染色体及其DNA密码序列——或者说，拥有DNA密码序列就是生命的特征。

与许多科学家一样，我对这种生物学进展所持的态度是十分复杂和矛盾的。一方面，人类正以前所未有的方式打开生命王国的大门。用以探索生命化学机理的新兴技术不断涌现——利用DNA指纹进行刑事勘验，试管婴儿，新的制药技术，甚至包括克隆羊多利。克里克和沃森的发现是一部伟大的诗篇，它彻底改变了我们对于生物学的看法，并且还会改变整个世界。

另一方面，人们对于DNA和基因的强调已经到了无以复



加的程度。DNA 就是一部生命手册，基因乃是生命唯一的重要特征，类似观点已经深深地植根于我们的脑海，然而这种思维方式未免太过简单。举例而言，我们经常可以从科学杂志上读到类似的报道，声称医学工作者已经为某些疾病作出了基因定位，其中包括阿尔茨海默症、肥胖和同性恋等等。然而，这种报道通常又会在几个月后被其他发现所推翻，要么这些基因并非总能导致疾病，要么还有其他基因参与致病。

在此，我们所犯的主要错误，就是将基因看作决定生命特征的唯一因素。偶尔这种观点也是正确的，例如，白化病的病因就是负责生成色素的基因出了错。但这种直接而简单的因果关系只是个别的例外情况，并非规律。我们所犯的第二个错误，就是认为所有疾病都应该有基因方面的原因——事实上，许多疾病并非如此，比如水痘。当然，我不应说“所有疾病”，因为医学工作者已经十分清楚水痘的病因。正确的提法是“除已知的非基因性疾病以外的所有疾病”。然而即使换一种提法，情况也够糟的。那就是说，凡是病因不明的疾病都是基因病。于是，人们开始寻找与这类疾病相关的基因。其实，找不到其他病因并不意味基因就一定是罪魁祸首。就在不久以前，我们还不清楚水痘的病因究竟是什么，难道凭此就能说它是一种基因病吗？当然不行。大约一年前，我还在电视里看到一位生物学家大谈他所设想的所谓“衰老基因”。他的观点非常明确，即衰老是由基因引起的一种疾病。噢！这种论调简直就是空中楼阁！他似乎从未想过，衰老与基因也许根本就是风马牛不相及的。衰老也许仅仅是一种默认选项，生命系统的瓦解崩溃可能是无法避免的自然结果。不管怎么说，汽车零件生锈总不会也

是基因的作用吧。就算衰老真的是由基因决定的，那么使我们青春常驻的基因又都跑到哪里去了呢？总不见得都被切断了吧。

以上所说的还只是科学家们的观点。在社会上，我们也经常会听到这样的说法：有些人养育子女是“为了将自己的基因传给下一代”。我想，遗传学家们在生儿育女时可能会有这样的念头，不过，当我决定要孩子的时候，我压根儿就没想过自己的基因会如何如何。所谓“自私基因”的理论虽然十分流行，但却是错误的，它认为人类生存的唯一目的就是将自己的基因不断复制下去。“自私基因”的概念能够巧妙地解释DNA序列的某些特性。例如，目前我们对于冗余DNA的作用尚不清楚，但它与染色体上的其他基因一样，也能被不断复制。然而，提出“从属基因”理论也是合理的，因为基因十分担心自己创造的生命能否存活下去（因为假如某种基因无法制造出具有生命力的生物，那么这种基因本身就会逐渐消失，不是吗？）。也许“自私基因”理论的前途比我想像的要好，但即使如此，它也还是停留在基因水平上的理论。基因寻求自我复制，并不能说明人也希望自身基因得到复制。坦率地说，我就不介意自己的基因能否遗传给下一代。我决定生育子女，是因为我是社会的一分子，是人类的一分子。我承认，在这种决定的背后，在我们的思想深处隐藏着某种原始的需要，这种需要在进化史上可以追溯到几百万年以前，因而是人类意识所无法触及的。进化关系到生存，而生存的能力则是通过基因代代相传的。不过，凭此就说人们在意自己的基因，那也是十分可笑的。人们真正在意的是自己的家庭。

人的自我控制力受到忽视现象在人类社会的其他领域内也是司空见惯的。站在法庭被告席上，越来越多的罪犯认为他们不应对自己的行为负责，基因才是导致谋杀、强奸、盗窃和殴斗的主要因素。在绝大多数案件中，这成了非常棘手的问题，因为罪犯们的申辩多少还有点道理。然而，认为犯罪倾向仅仅是基因造成的后果，那就完全是胡说八道了。犯罪是多种原因的综合结果，即使基因使道德的天平发生了轻微的失衡，正常人也应该有能力和自己的行为，抵制诱惑。不管怎么说，一旦基因成了罪犯的保护伞，那将是非常危险的：人成了基因的奴隶，以至于无法抵制自己的犯罪行为，那么让他们在正常社会中自由活动，就成了十分危险的事。“我无法自我控制，我只是一台受基因控制的机器。”假如我们认同这样的借口，那么犯罪就不是他们的错，当然也不是受害者的错，而是我们大家的错，是社会的错。而事实上，罪犯在对待其他人时，却把他们看作有自制力的人。

我之所以提出这些问题，并不是想与读者们探讨有关伦理方面的观点，而是要向大家表明，基因决定论在我们这个社会已经如此根深蒂固。反过来说，这种理论的思想基础是什么呢？即基因是生命的奥秘所在——而且是唯一的奥秘。我相信，基因只是一系列奥秘中处于最高层的一个。你可以将DNA放进试管，但它永远不会演化成生命形式，甚至连复制的能力也没有。只有将DNA密码插入由物理学和化学编织的复杂网络以后，生命才会出现——至少在我们这颗星球上是这样。生命的可能性自从宇宙诞生的那一刻起就已经存在，DNA恰好是实现这种可能性的途径之一。

但我确信，它并非唯一途径。因为最重要的问题并不是“DNA是什么？”，而是“DNA做了什么？”。让我们认真地看一看生命现象吧。生命形成乃是数学的结果，因此我们不妨想一想，要进一步理解生命现象，我们还需要哪些数学工具。我们首先将考察对象局限在一个特定范围内——假定生命只存在于地球上——以后再进一步深化拓展。生物由大量细胞组成，细胞间通过共有边界（即相邻的细胞膜）发生相互作用。就该特性而言，生物系统很像元胞自动机——但两者的区别主要有二。其一，细胞的内环境相对复杂得多，无法用黑/白或绿/红/蓝来表达。它是一个复杂的多维反应-扩散系统。但这种系统同时综合了多种离散的计算因素，如微管蛋白的自拆卸和重组能力。其二，真实细胞并不是生活在固定格子中的。它们彼此间具有网状联络，能够移动、生长、再生和死亡。此外，生物体还是一种复杂的反馈系统，不但外环境可以影响内环境，反之亦然。每个细胞都有自身程序——遗传学规律，这种程序会根据邻近细胞的行为进行自我调整，同时能够限制细胞的自身反应。

我们能否将这一思想用数学形式表达出来呢？在这方面，我所见过的最成功的范例乃是阿加瓦尔创造的“细胞程序语言”。可惜我们对这种形式体系所表达的一般现象知之甚少。对我们来说，目前最好的办法是根据类似原则选择相对简单的系统，并为其设定最简化规则，然后在计算机中运行，看看会得到怎样的结果。结果是诱人的，数学模型所表现出的灵活性令我们大为振奋。但我们不可能永远停留在模型阶段，光从模型中推导经验性定律是不够的。我们还必须从理性的角度去理

解此类结构，也就是说，我们应该用真正的数学方法进行研究。

同一数学模型既能表达微观结构，也能表达宏观结构。同一群细胞一样，细胞内部的每个过程也是相当复杂的，也是多种因素的综合结果。只不过，现在我们谈论的不再是细胞间的相互作用，而是一个细胞内的多种细胞器之间的相互作用。很显然，当观察的层面上升至整个生态系统时，我们所看到是不同生物间的相互作用，但此时环境条件的变化会来得更快。最令人费解的还是进化系统：它包含着从宏观到微观的一切组成因素，这些因素相互反馈，整个自然环境也被纳入其中。细胞的微观结构影响着整个生物体，生物体又与环境中的其他生物体发生相互作用，甚至还与气候、局部化学物浓度、洋流、高密度陨石等一切事物发生相互作用。另一方面，这种互相作用的结果决定了生物体微观结构是否能够通过复制过程得到延续。因此，反馈过程实际上是一种不断从微观结构到宏观结构，再从宏观结构到微观结构之间进行的过程。当我们用数学方法理解生物系统时，也必须把握生物系统在不同层面上的统一性，最好还要解释这种统一性产生的原因。

一般来说，我不会将基因当作一种解释，但基因的作用无疑是重要的，是不可忽略的。基因能够对数学系统的动态进行微调，因此数学模型中也少不了它。事实上，现代生物学中的遗传学领域内充满着数学气息。遗憾的是，由经典数学支撑的遗传学难以完美再现进化的历程。我们需要（并已经开始）建立真正的遗传学，找到某种非线性模型，从而恰当地反映基因的真实特性。在此，我所指的基因是生物体内的一切基因，而



不仅仅局限于某个固定的基因库。线性的平均化理论已经一去不复返，取而代之的是更为复杂的非线性理论。

除遗传学外，我们还需要一种有关表现型的完整理论——表现型是指生命体的形态与行为。然后我们将这两种理论结合起来，看看能得到怎样的结论。两者的结合具有什么深刻含义？要理解这一点，我们势必面对一个深层而普遍的问题，那就是涌现现象。一旦这两种多变的系统被揉合到一起，你便能体会到科恩和我所说的“协同作用”：这种结合的产物与每个单独的系统都是截然不同的，“协同作用”的出现是涌现的。我要再次申明，我们的困难并不是找不到任何因果关系，而是这样的因果关系实在太复杂，以至无法全部掌握。并且我们尚未发现有效的途径，以便将之压缩起来。于是，我们面前又出现了另一个问题，即：我们需要一种正式、合理的理论，用于说明涌现现象——该理论的原型就是我曾经提到的“模式天书”。

现在就来看看天书中的一些模式。克里克和沃森因为发现了DNA的形态而欣喜若狂，该模式表达了DNA是如何通过简单分子进行复制的机理。复制并非DNA的特权，它是宇宙的基本数学形式之一。冯·诺伊曼展示了一种绝对数学化的系统——元胞自动机，人们相信，这是一种能够自我复制的系统。然而类似的物理模型仍较粗浅。自然法则允许“万能复制器”（即能够对其他系统进行复制的系统）的存在。万能复制器启动以后，便开始自我复制。但自我复制的过程必须有一个尽头，这一点十分重要，因为自我复制一旦开始，复制器的数量就会呈指数递增。相反，当万能复制器复制其他系统时，拷贝数的增加则是线性的。也就是说，如果一台复印机一天可以

复印 1 000 份文件拷贝，那么一年就能复印 365 000 份文件拷贝。但假如这台复印机是真正意义上的万能复制器，那么它不但能复印文件，也能复制机器以至于复制自身。这样的自我复制过程每天只要进行一次，一年后便会出现  $2^{365}$  台相同的复印机，这个数字大致相当于  $10^{110}$ ——1 后面跟 110 个零。自我复制设备的复制能力会不断放大，因为随着设备本身的复制，其复制能力也得到了复制。

单纯的复制行为并不是生命的特征——但它是一个开始。这也是克里克和沃森对 DNA 双螺旋结构感到无比兴奋的原因。DNA 的另一个特征是能够对指令编码，这种能力同样也来自于物质世界。无论密码的真正含义是什么，某种输入—输出设备总能将其翻译出来。所谓指令，就是一排密码序列，当其被翻译以后，可以导致一系列相关事件的发生。首先，DNA 密码是指导蛋白质合成的指令，蛋白质又是建造生命体的分子材料。除此以外，我们对生物构成的了解就极为有限了。现在，科学家们已经十分确定，生物体内存在一种特殊的 DNA 序列，它决定着哪些蛋白质合成基因可以激活，哪些必须关闭。我们将这一特殊的 DNA 序列称为“同源框基因”。不过，蛋白质究竟是如何被添加到适当位置的，这仍是一个谜。当然，我并不是说，生物学家没有考虑这个问题，也不是说，他们对此一无所知——但我们对生物体内发生的实际状况的确知道得不多。

人们总把 DNA 说成生命的“信息”——难道脱离特定环境的信息有什么意义吗？具有讽刺意味的是，这种结果其实是由于数学模型过于简化和人们对这些数学模型误解所造成的。“信息”概念最早源于通讯技术，那是一门处理讯息（比如，一

连串字符密码)的科学。一条讯息中包含的信息量主要是指它的长度,长讯息表达的信息当然比短讯息多。不过,真正重要的并不是一条讯息所含的信息数量,而是其质量。“二加上二等于十七”虽比“ $2+2=4$ ”来得长,但却是错误的。更为微妙的是,“信息”是由字母构成的,我们必须拥有某种设备,可以用来解读这些字母。一张CD(光盘)中含有大量信息,在我们眼里,它是一个微型贮存器。但是,如果没有CD唱机,你永远都无法知道CD中录制的是什么曲子。甚至连这台贮存器中是否存在任何信息,也还是个未知数。

贮存器?什么贮存器?是指光盘标签上印着的一些讯息吗?我们现在将注意力拉回到DNA密码上。这就好比一个人想了解CD中的音乐,却不愿研究唱机的构造。我认为,CD贮存器本身十分简单,没有什么让人特别感兴趣的东西,重要的环节存在于CD唱机中。CD唱机才是使贮存器内容可以神奇地转化为音乐的原因所在。

如今,科学界流行的观点认为,从DNA角度对生命进行描述,要比描述生命的某些特征(如:再生和对环境的应激)更有意义。然而科学发展的道路总是循环往复的——并非回到原位,而是比原来高出一个层次,就像螺旋扶梯那样。当人们再次关注生命的行为而不是构成时,我们的注意力又会集中到生命系统的特性上来。不过这次我们所要做的不再是分类,而是理解。

考察一名工程师是否合格,并不是要看他能否制造出一台特定的机器,而是要看他是否理解机器的一般原理,并灵活地运用这些原理。同样,如果我们真的已经了解地球生命,就应

能说出生命的普遍法则，并且（在实际条件的限制下）应能想像甚至创造出新的生命形式，如机器生命体、计算机生命体、黏土生命体、奇异分子生命体以及胶质蜗状生命体等等。在此，我所说的“生命体”与普通生物一样，也具有丰富的行为和类似的基本特性。

即使明天有人带着一台机器人，开着飞碟来到我的面前，告诉我，凡是人类能做的事，这台机器人都能做——当然不是单纯的模仿，而是真正的自主行为，而且还会繁殖——我不会浪费时间与他争论，这样的机器人到底算不算人。类似问题的答案取决于你对“人”的定义，而机器人是不是人其实并非关键所在。更让我感兴趣的事，是弄清它的工作原理，因为这会给我们提供更多资料，帮助我们破解此类系统——其中也包括人。

换言之，我们可以从两个不同层面解决有关生命的问题。其一是当今分子生物学家们所热衷的，即研究生命的构成，并对其进行调节，然后观察情况有何改变，继而将研究发现运用到实际中去。然而我所感兴趣的层面与此有所不同。我希望了解，地球生命的哪些特征可以给我们以更多启迪？指导地球生命的深层规则究竟是什么？这些规则涵盖了诸如繁殖和自主行为这样的生命过程。DNA只是地球生命在遵循深层规则时所用的一种工具——而DNA本身并不是规则。

生命规则是数学性的，而不是生物性的。当然，数学家们可能会从当代生物学中学到不少东西，但两种学科看待问题的角度还是不尽相同的。数学家们喜欢将某个特定对象看作为普遍群体中的一个特例。画一个三角形放在他们面前，他们不会

去量每个角的度数，然后告诉你这是个怎样的三角形；他们关心的是，这个三角形的哪些性质是所有三角形的共性。给他们一只青蛙，他们不会去测定它的DNA序列；他们关心的是，这只青蛙的哪些方面可以代表一种更普遍、更抽象的生命系统。数学家们希望了解抽象的生命，而不是特定的生命体。

这才是生命的真谛所在。如果能够掌握它（我的意思并不是说，人类从来就未曾掌握过），人类就可以从更宽泛的角度去理解生命形态。这样的话，当Z星球的外星人来到我们面前时，我们就不必再劳神费心去修正有关生命的定义，以便让外星人也感到满意。因为据说这些外星人的生物化学基础不是DNA，而是ZNA（一种想像中的长链分子）。此外，我们还将清楚地知道，哪些属性是外星人和人类基因所共有的。这样，我们就不再会被两者的差别搞得晕头转向。

尽管我还没有告诉大家，生命到底是什么，但我希望读者们能够看出，我所寻找的是一种怎样的答案。现在我们再从更深层次去讨论这个问题。我曾经提到过，DNA最著名的两大特征便是复制和编码。奇怪的是，DNA似乎根本没有表现出生命最让人感到困惑的特性——自主性。物理和化学过程都没有明显的自主性。事实上，从哲学角度而言，任何基于规则的系统都不可能是自主的。因为系统的所有决定都必须服从于规则，它又怎么可能对自身行为作出选择呢？就我们目前所掌握的遗传学知识而言，也没有涉及到有关自主性的内容。

我猜想，自主性可以从两个不同层面加以定义。第一个层面乃是规则所在的层面，在这里，系统行为受到了严格限制。第二个层面相对开阔一点，亦即规则的涌现结果所在的层面。



由于结果是涌现的，因此人们无法从中逆向推导出相关规则。这种内在联系确实存在，自然界的涌现行为乃是遵循自身规则的产物——但人类却无法通过某种捷径找出其中的因果关系。在人类眼中，涌现行为与规则是毫不相干的，涌现行为的确定性、简单性和自主性不可能是规则的结果。不过，人类对外部世界的了解是通过感知过程完成的，这是人类的一大特征。因此从这层意义上说，有限的感知力使我们观察到的事物也变得十分有限。

几乎可以肯定，生命的自主性只是我们的幻觉而已，自主性的背后其实隐藏着十分严格的规则。但就生物体本身所处的层面而言，规则的作用就是产生具有自主特征的涌现行为。变形虫看似能够灵活选择是否觅食——事实也的确如此。但如果看得再透彻一点，我们就会发现，真正在进行选择的是那些隐藏的规则。规则与行为之间的联系是复杂的，就算你了解这些规则，也无法预测它们将导致怎样的行为。这就好比，我们虽然知道气候变化的规律，但由于混沌现象的存在，我们很难准确地预报四五天以后的天气情况。规则与自主性的内在联系是客观存在的，但我们的思想却无法与之同步。

假如用单一的数学工具就能阐明生命的一般定义，那么这种数学工具一定可以抓住自主系统的抽象本质，从中推导出系统的特性，并且它还将证明，自主性恰恰来自于系统特性。要是这样的数学工具果真存在，那么我们现在就可以开始为自主系统的动态过程寻找一种数学理论，用以阐明系统变化的普遍模式。

20世纪90年代中期，考夫曼在这方面跨出了一大步。自

主系统——即抽象的生命——的另一特征就是进化。进化往往会导致规则的彻底改变，这是进化最让人吃惊的特点之一。当氧气在大气中慢慢形成时，生命开始向一个全新的方向进化——真核生物。此外，直到飞行生物第一次出现在地球上以后，大气的存在才变得如此重要，空气动力学的物理定律也才得到运用。飞行生物不仅改变了自身生活方式，同时也改变了陆地生物的生存环境（举例来说，没有老鹰，田鼠的生活就将彻底改变）。

统计力学是一门以气体（即随机碰撞的分子群）为研究对象的物理学，其中有一条基本定律，我们称之为“热力学第二定律”。该定律认为，随着时间推移，一般系统即使不受外力作用，其内部结构也完全可能被打乱。因此我们将看到，系统结构被破坏，进而消失。但“第二定律”似乎无法适用于自主系统，自主系统总能自发且自然地使其结构逐步趋于复杂。考夫曼认为，随着时间的推移，自主系统的结构变得越来越复杂——这一过程会在瓦解前尽可能短的时间内完成。随着时间的推移，系统内部也将尽快趋于有序。

我对自主系统的“复杂化定律”所作的描述也许还不够准确，但它肯定比“热力学第二定律”更接近真理。第二定律只是一条统计学定律，它只能告诉我们，哪种情况发生的可能性最大，其前提假设是所有情况都可能发生。但自主系统的行为则表明，各种可能性并不平等。在第二定律的裂隙中，自主系统运行得很好——实际上，自主系统之所以能找到第二定律的缺口，是因为它们在开发这样的缺口。这有点像一个危机四伏的飞机场。也许你认为，最危险的机场（比如华盛顿国立机场）

事故发生率也最高。前一架飞机刚刚降落，还没来得及离开跑道，另一架飞机已经准备在这根跑道上起飞了。不过，飞行员们知道这样的机场很危险，因此都会加倍小心。这样事故发生率反倒不像你想像的那么高。这是一种十分有趣的观点。

1917年以来，生物学领域发生了天翻地覆的变化，但汤普森的主要论点依然保持着强大的生命力。他认为，生命是建立在物质世界的数学模式基础之上的。遗传学无非是利用了这些模式，并将它们组织起来，而真正使模式成为可能并对其加以限制的则是物理学。生命世界在形态、结构、图案、行为、相互作用以及进化等各个方面都运用了数学规律。DNA的分子脚手架，全球生态系统的进化过程，疾走的骏马，吞食海藻的海胆，美丽的雀尾，华丽的蝶翅，贝壳的花纹，向日葵种子的排列，蚁穴的结构……数学无处不在。有证据表明，许多更为深奥的问题也隐约表现出某种数学特征。如：中心体建造微管蛋白、胚胎发育、细胞分裂以及生态系统的动态过程等现象都提示我们，新的数学知识就在我们身边。只有不断开拓创新，我们才能体会到工作的兴趣和乐趣，才能感受到理性的挑战，才能在理论的实际运用中获得回报；墨守成规、照章办事只能使我们一无所成。

在这一研究领域，我们所面对的很可能只是挑战，而不是答案。但无论面临怎样的挑战，单纯求解一个生命方程是无济于事的。我甚至十分怀疑，世界上是否存在如此简单的事物。数学的任务并不是为终极规律的求得准确的解。数学在物理学中起的不是这样的作用，当然更不会在生物学中扮演如此的角色。数学的任务是分析各种模型的含意。借助于数学，我

们看到的将不仅仅是一个“真实而复杂的自然”，而是自然的本质——当然，丁尼生\*并没有将后半句话说出来。数学追求的是某些结构特征所导致的必然结果。例如，如果我们将一颗星球看作为标准的球体，那么它的引力场将是怎样的？如果光是一种波，那么当两束光波交汇时又会有怎样的情况发生？数学在生物学方面的应用也应当遵循这样的模式。在简单情形下，如果动物行为受到小型神经网络的自然振子模式操控，那么这种神经网络应该是怎样的？假如细胞的运动在某些情况下是受物理力量控制的，而与细胞内部结构（如线粒体）无关，那么此时细胞将采取怎样的运动方式？以这样的视角看待问题，我们就会发现，数学的作用并不是详尽地解释生物学现象，而是帮助我们区分，哪些生命特性是由无机世界的深层数学规律决定的，而哪些是由DNA密码决定的。

我们意欲何往？我们将要探索的是一个充满数学概念的未知空间，这些重要的数学概念可以很好地描述涌现的特性。我并不是要提倡开办专门学校，传授诸如混沌理论、复杂性理论、突变论、元胞自动机、神经网络、遗传算法以及对称破缺这类现代思想。这种努力的作用是相当有限的。但我认为，应当把我们的步子跨得更大一些。

从牛顿发现微分方程能够帮助人类认识物理科学，到微分方程的作用被人类彻底认清，期间经历了300年。那么，究竟

---

\* 丁尼生 (Alfred Tennyson, 1809 - 1892), 英国诗人、哲学家。肄业于剑桥大学。诗作题材广泛、想像丰富、形式完美、词藻绮丽、音调铿锵。其131首的组诗《悼念》被视为英国文学史上最优秀哀歌之一，因而获桂冠诗人称号。其他重要诗作有《尤利西斯》、《伊诺克·阿登》和《过沙洲》等——译者注

什么是微分方程？微分方程是一种数学工具，可以用来描述空间某个单点随时间变化的规律——这里所说的是单点。

几乎任何物体都有空间结构，每个原子都要占据一定的空间——形态就是这样形成的。微分方程可以用来解释这类问题，而现在人们又在微分方程的基础上提出了新的理论——偏微分方程。偏微分方程主要被用来研究流体、热、光、声和电，并且已经在这些领域中取得了巨大成功。当我们乘坐飞机，偏微分方程就开始发挥作用了。工程师们利用偏微分方程模拟气流对机翼的作用，从而保证了飞机的飞行高度和稳定性。然而目前，人们对偏微分方程的认识还远不如普通的微分方程。事实上，有关偏微分方程的一切问题都是在大型计算机上采用近似方法解决的。多数情况下，我们也不知道计算结果是怎样得来的。好在计算机可以保证，它的运算的确是最初方程的逻辑结果。这种方法很有效，也很实用，但它对自然界的解释不能令我满意。显然，自然界的行为是由偏微分方程导致的，但这样的研究方式并不能告诉我们，偏微分方程为什么能导致这些行为。我们并不知道利用一个新的偏微分方程去解决其他有关问题时会有怎样的答案。我们只能将问题再交给计算机，十分茫然地得到近似答案。“计算机的演算结果”也许可以解决某些特定问题，却无助于提高人类的认知能力。除非某一过程每次总能导致相同的结果，否则永远也不会感到满足，这才是一个真正的数学家所要达到的境界。数学家敬仰生物学中自然选择理论那样的成功。

我无意对研究偏微分方程的科学家表示任何不敬。他们创造了理解的奇迹。虽然这门科学极为深奥，但我仍希望从更深



的层面上去理解它（也许这种想法有点不切实际）。我相信，某种新的数学理论正在黑暗中向我们招手，而生物学则是突破口。如果真能找到这样的数学理论，我真诚地希望它能帮助我们解开各种生物之谜，其中包括生物的发育、繁殖，生态系统的动态演变以及进化等。无论成功与否，它必然会给数学家们带来不少难题，同时也将在自然科学领域内引发一大批分支学科。我甚至连它的名字都已经想好了：形态数学。起名容易，但我尚不知如何着手建立这门形态数学，更谈不上理解。牛顿的伟大成就之一是发现了一种新的数学工具——微积分，并且找到了许多实际的应用方法。我不敢奢望自己能成为牛顿。我无法找到新的数学理论，更惶论发展和应用了。

但我知道，它一定存在。我们不妨从现有的知识说起。我并不想用哲学的概念化的观点去讨论细微末节。认真听我解释，你会明白我的意思。

数学在总体上呈现的几何化趋势乃是这门学科最重要进步之一。在此，我所说的几何并不是严格的欧几里德几何学——能够被我们大脑看见的几何学。定性推理的方法正式登上历史舞台，成为一种精确的逻辑工具。物理学家欧内斯特·卢瑟福\*曾经说过：“所谓定性，其实就意味着无法定量”，这种对定性方法的贬损之词看来已经过时。有的实验需要用数字说话，在这种情况下，卢瑟福的观点是正确的。比如在天气预报中，我们可以说：“明天的降水量为67.3毫米”，也可以简单地预报为“大雨”，后

---

\* 卢瑟福 (Ernest Rutherford, 1871 - 1937)，新西兰物理学家。他对于放射性的研究，开拓了原子核物理学和原子物理学的新领域。此外，他还在卢瑟福散射和原子结构以及人工核反应的研究方面作出了杰出贡献——译者注

者给人们留下的印象显然不如前者那样深刻。但在很多情况下，定性信息对我们更为重要，而用定量的方法是无法捕捉到定性信息的。举例来说，对一座桥梁来说，最重要的是“它会不会倒塌？”。有人会用超级计算机精确地算出桥梁的破坏应变系数，然而对于一个是或否的问题，这种方法实在显得太复杂，也没有必要。

更值得我们注意的是，在许多情况下，过多而无用的定量信息反而使系统变得复杂不堪。如今，随着先进的实验仪器不断问世，科学家们要收集大量的数据信息已变得越来越简单。比如，当一个人闻到玫瑰花香时，或者看到一幅图片时，他的大脑中会呈现怎样的变化，我们完全能够将这种变化用图形记录下来。但对接下去遇到的问题：“这些数据所代表的含义是什么？”，我们却无法回答。所以，光有原始数据是无济于事的。我们必须从数据中总结出某种重要的模式，换句话说，就是要找到定量数据的定性特征。因此，“定性”这个词有两层含义。对卢瑟福来说，“定性”就是“模糊的普遍性”。而对当代数学家们而言，“定性”则意味着“一种比简单数据具有更深刻含义的特征”。

这种思维方式帮助我们认识了许多新概念，这些概念的形式十分简单，含义却非常深刻，例如相空间。所谓相空间，是指系统可能处于的一切空间位置，而不单指系统的当前位置。这迫使我们把个体和系统置于更加复杂多变的环境中，重新对其行为进行描述。以前，我们只观察一道水波，然后思考：水波为什么会形成，它是怎样形成的。现在，我们观察的是水的一切形态和一切运动方式，然后思考：简单的自然规则为什么

会选择这样的行为方式。现在，越来越多的生物学家开始关注不同生物所处的“形态空间”。他们将所有可能的DNA序列放在一起，希望从中发现彼此的相似之处，这种研究方法称为“DNA空间法”。我十分赞同采用这样的数学方法，并希望这种方法能够进一步发扬光大。

除此之外，生命体还有许多简单而深刻的特性，如：连续性、连通性、反馈、信息、有序、混沌、分歧、学习、自主性、涌现……其中一种与样式形成有关的深刻特性是对称性；宇宙从根本上说是对称的，因此我们生活在一个模式世界里。19世纪的数学家们发现了对称的微积分理论，并利用它推导出一般层面上的模式，至于模式的内在细节，他们则不必关心。这种思维方式使许多事情变得透彻，例如，B-Z反应中的模式和黏土模型中的模式是极其相似的。

这些重要、抽象而深刻的数学规律推动了形态数学的发展。生成模式的过程也许要通过某些复杂行为才能完成，但大自然会根据各种模式作用的大小决定取舍。在选择时，模式是被当作一个整体对待的。当一只猫蹑手蹑脚地接近一只小鸟时，它并不知道小鸟的基因是什么样的，但它肯定知道，这只小鸟在危险临近时是否会因为太慢而无法起飞逃跑。动作的快慢或许是由基因决定的，但猫所看到的仅仅是动作的快慢。

现在，我们已经对这些深奥的原理有了初步了解。我们渴望了解得更多，并且学会利用它们。同样，我们还希望数学能够被运用到更多的系统中。但是，正如我所说，我们的成果还相当有限。如果汤普森能够活到今天，他一定会备感欣慰，因为他的理论终于开花结果了。对于复杂性、混沌、分形、遗传

算法、神经网络以及元胞自动机这样的新鲜玩意，他一定会很感兴趣。我想，他甚至希望自己长生不老，直到看见人类最终掌握一种统一的数学理论，用以解释生物发育及生物形态的深层规律。

生命的奥秘另有所在。

只一会儿，我们就大有发现。