

# 两类还原的划分:解释性还原与经验重构性还原

郭 垒

(国家教育行政学院,北京 102617)

**摘要:**在预备性讨论中提出,还原性解释的特征在于,这类解释的相关性条件在语义上必须符合“模型语义原则”,即被解释的理论或规律与进行解释的理论或规律之间,它们的模型在实在性意义上是具有层次结构的。然后,通过两个案例的分析,在还原性解释的相关性条件的基础上,提出两类还原性解释的划分——解释性还原与经验重构性还原。

**关键词:**还原;模型语义原则;相关性条件;解释性还原;经验重构性还原

**中图分类号:** N03      **文献标识码:** A      **文章编号:** 1003 - 5680(2003)03 - 0008 - 05

在科学解释的结构分析中,有一类解释被称谓“还原性解释”,简称“还原”。还原是解释的一种,是一个解释体系或理论对另一个解释体系或理论的解释。但是,我认为,还原性解释的特征在于,这类解释必须符合“模型语义原则”,即被解释的理论或规律与进行解释的理论或规律之间,它们的模型在实在性意义上(也就是物理模型)是具有层次结构的,进行解释的理论或规律的模型是较低层次的(一般是微观物理模型),被解释的理论或规律的模型是较高层次的(一般是宏观或可视的物理模型)。这样,还原性解释就意味着描述较低层次(或微观)模型的理论或规律解释了描述较高层次(或宏观)模型或世界的理论或规律。

在讨论之前,先明确两个术语的使用:“一级理论”指进行解释或还原性解释的理论,“二级理论”指被解释或被还原的理论。

## 一 预备性讨论:模型语义原则 与还原性解释的相关性条件

既然还原性解释属于理论之间的解释关系,那么,一级理论  $S_1$  与二级理论  $S_2$  之间就应该满足相关性条件。<sup>[1]</sup>但是,在还原性解释中,这种相关性条件还必须与模型语义原则相联系。

首先简要复述一下一个理论解释另一个理论的相关性条件。

当  $S_2$  的定律含有某个术语“ $A$ ”,而  $S_1$  理论中却未包含它且“ $A$ ”不是通过普遍有效的逻辑法则引进的,那么,从  $S_1$

到  $S_2$  的逻辑推演基本上是不可能的,除非构造出满足以下形式条件的相关性条件:在“ $A$ ”(在  $S_2$  中)所指称的事件或意义与  $S_1$  的理论术语所指称的意义之间,相关性条件假设了一种适当关系——以  $S_1$  的理论术语构造一个对“ $A$ ”的阐明;借助于这种关系,所有  $S_2$  的规律,包括那些含有术语“ $A$ ”的定律,必须能够从  $S_1$  的理论规律中逻辑地推导出来。可以通过两种可能的方式构造出满足上述形式条件的相关性条件:第一种构造方式,就是建立一个约定,相关性条件实际上就是通过这个约定在“ $A$ ”与  $S_1$  的某一初始理论表达式或由该表达式所表述的某一结构之间设定的一个“对应定义”。这样的相关性条件必须满足如下条件:如果“ $A$ ”是  $S_2$  的一个观察术语,那么,该相关性条件就把一个经验意义赋予了  $S_1$  的某一理论表达式,而这必须与已经进行过的赋值是相容的,或者,如果“ $A$ ”是  $S_2$  的一个理论术语,那么,该相关性条件就把一个在  $S_2$  中的理论意义赋予了  $S_1$  的某一理论表达式,而前者与后者已有的意义必须是相容的。第二种构造方式,是建立事实性的或经验性物理假说,它断言, $S_1$  中的某个理论表达式“ $B$ ”所指称的事件的发生,是“ $A$ ”所指称的事件发生的一个充分的、或必要的、或充分必要的条件。这样的相关性条件必须满足如下条件:“ $A$ ”和“ $B$ ”所指称的两个事件的各自发生,原则上必须能够获得相互独立的证据,使得指称它们的两个表达式各自具有可确认的意义。实际上,第一种构造方式中的“约定”或“对应定义”,如果具有事实或经验的支持,就变成了第二种构造方式了。<sup>[2]</sup>

还原性解释区别于一般的理论对理论的解释的特点,在

【收稿日期】 2002 - 10 - 08

【作者简介】 郭 垒(1963 - ),男,国家教育行政学院副教授,哲学博士。

于一级理论  $S_1$  与二级理论  $S_2$  之间的相关性条件,是与模型语义发生联系的。针对具体的某个一级理论  $S_1$  与某个二级理论  $S_2$  来说,二者的模型是同一类实体模型的不同层次结构,例如,对宏观现象或高层次实体的理论描述向分子理论的还原。因此,还原性解释的相关性条件的构造,还涉及了模型语义的要求——实在性的物质组成的层次意义,即原子、分子、温度、热量,或原子、分子、流体(晶体),或原子、分子、DNA 和蛋白质等生物大分子、基因、染色体、细胞核和细胞器、细胞、组织、器官、生命有机体、种群、群落、生态系统,等等。从逻辑语义上来讲,由于还原性解释的相关性条件与模型语义联系在一起,使得一级理论的模型(指称、意义)成为二级理论模型(或概念)的内涵。这样,在实体结构的意义上,一级理论的模型就成为二级理论所指称的可观察现象的内在机制,例如,温度的内涵是分子的运动,经典遗传学基因的内涵是 DNA 分子。

由于模型语义原则,把同一模型层次的规律之间的解释归为还原性解释是不合适的。同一层次的导出性解释与不同层次的导出性解释(即还原性解释)的区别在于:在同一层次的导出性解释中,进行解释的理论定律中的谓词指称(如  $x$  是质点)与被解释的定律中的谓词指称(如  $x$  是行星)之间是类的隶属关系,而不是模型层次关系。如,牛顿定律与伽利略定律。而在还原性解释中,一级理论中的谓词指称(如  $x$  是分子的平均动能,或  $x$  是 DNA 分子)与二级理论或事件的概括性描述中的谓词指称(如  $x$  是温度,或  $x$  是基因)之间的关系是模型的层次结构关系,而这种层次性导致了微观实体的指称是宏观事件的内涵。

## 二 还原的两个案例

### 案例 1:统计力学还原解释热力学

热力学被还原为力学,更准确地说,被还原为统计力学和物质分子运动论,是还原的经典案例。

在 19 世纪的时候,关于热现象已经建立了一大批定律,并借助于几个普遍原理,使这些定律构造成一个理论体系,这一解释体系就是所谓的热力学。之所以被称为“热力学”,是因为该理论使用了力学的一些概念和定律,例如,体积、重量、压强等概念,以及诸如胡克定律和杠杆定律等。但是,热力学还使用了诸如温度、热、熵等特征性概念,以及并非属于力学范畴的原理性假设。因此,热力学明显区别于力学,它本身就是一个自足的系统,在无须引入任何关于热系统微观结构假设的情况下,它的概念、原理以及定律,就可以被理解和验证。但是,19 世纪早期的热功当量的实验工作,发现热现象与机械现象之间有着极为密切的联系,而不似热定律所表述的那样独立于力学。在还原的历史中,具标示性意义的理论构造是麦克斯韦和 Boltzman 用力学基本概念假设了理想气体的微观结构,从而给出了 Boyle - Charles 定律一个满意的推导(其他的热定律也同样可以推导出来);并且, Boltzman 能够把熵原理——该原理是热力学最具特征的假设,是热力学区别于力学的最重要的原理——解释为分子集体行为的统计规则性的一个宏观表述。其结果是,热力学被认为

失去了相对于力学的自主性,因而被还原为力学。

在此,只给出从分子运动论的假设到理想气体的 Boyle - Charles 定律的推导的简要概述,来说明还原是如何实施的,即通过什么样的推理,能够从一组理论假设推导出含有诸如“温度”、“热”和乃至“熵”这样术语的陈述,而这些术语又没有出现在作为前提的力学理论之中。<sup>[3]</sup>

假设某理想气体占有一个体积为  $v$  的容器,这一气体是由大量的完全弹性的球形分子所组成,而这些分子具有相同的质量和体积,但分子的直径与各分子之间的平均距离相比可以忽略不计;再假设,这些分子总是处于相对运动状态,其运动状态仅受分子间及分子与容器壁之间的完全弹性碰撞的影响。根据这些假设,容器中的分子组成了一个孤立或保守体系,并可以根据牛顿力学的方法来分析这些分子的运动。接下来的问题是计算分子运动的特征与气体对容器壁的压强之间的关系式,而这一压强是由分子对容器壁不断地撞击而产生的。然而,单个分子的瞬时位置实际上是不可确定的,因而不能应用经典力学的数学处理方法。必须引进新的假设,即关于分子的位置和动量的统计假设。这个统计假设采取如下形式:把气体体积  $v$  细分为大量较小的体积,它们的大小相等却比分子直径要大;把分子所具有的速度最大分布范围划分为大量相等的区间。现在,把每一个小体积与所有可能的速度区间联系起来。一个体积与一个速度区间联系起来而形成的复合单位称为“状态单元”(Phase - cell)。那么,统计假设就是,对于所有分子来说,它们处于给定的某一状态单元的概率是相等的,而同一个分子处于任何状态单元的概率也相等,且这两个概率相等;某一分子处于某一状态单元的概率不受任何其他分子是否处于该状态单元的影响。

除了这些假设之外,如果再假设,分子在任何时刻施加在容器壁上的压强  $P$  就是该时刻从分子到容器壁动量传递的平均值,那么,就可以推论,压强  $P$  以非常明确的方式与分子的平均动能  $E$  相关联,即  $P = 2E/3V$ ,或  $PV = \frac{2}{3}E$ 。但是,如果把这一等式与 Boyle - Charles 定律(即  $PV = rT$ ,  $r$  是对一定质量气体的常数,  $T$  是气体的绝对温度)作一比较,那么,可以看出,如果温度以某种方式与分子运动的平均动能相关联,就可以从以上所提及的假设中演绎推导出 Boyle - Charles 定律。由此引入  $\frac{2}{3}E = rT$  这个假设,即某一理想气体的绝对温度与组成该气体分子的平均动能成正比。这个假设就是前面提及的相关性条件,该假设提出之始,只是一个约定的假设,尔后,随着理论和实验技术的发展,这个约定变成了可以被实验检验的物理性假设。

在这个案例中,通过给出气体分子组成的假设、分子运动的统计假设、以及分子的平均动能与温度这个经验概念之间关系的假设,使得 Boyle - Charles 定律成为力学原理的一个逻辑后承。

案例 2:染色体遗传学对孟德尔遗传定律的还原和分子生物学对经典遗传学的还原

在遗传学中,存在着可以清晰确认的两个理论或定律体

系,一个是分子遗传学,一个是非分子的经典遗传学。生物学家还公认,这两个理论都描述和解释了已被很好地证实了一些经验规律性,可以用来预测和解释生物学现象;而其中的分子遗传学至少解释或描述了引起经典遗传学所表述的规律性的部分机制。因此,关于遗传学的还原论主要围绕着以分子生物学还原孟德尔的基因分离定律和自由组合定律而展开。

分离定律的主要内容是,在有性繁殖的物种中,每一亲本提供了每一基因座上的一个基因,而子代从一个亲本中的某一基因座上获得基因的概率与从另一个亲本中的同一个基因座上获得基因的概率相等。在孟德尔遗传学中,每个基因座上有两个基因,称之为等位基因。对孟德尔分离定律比较普遍表述是,在形成配子时,等位基因发生分离。

自由组合定律的主要内容是,在有性生殖的物种中,一个亲本中的任何一个基因座上的基因分离,与该亲本上任何其他基因座上的基因分离无关。该定律的较普通表述是,形成配子时,分离后的各个等位基因进行自由组合。

这两个定律,对于杂交实验、人工选择以及野外观察中的表现型特征的分配和传递的诸多现象给予了很好的统一解释。如果对这两个定律能够给出一个分子水平的解释,那么,上述的那些现象也就还原为分子生物学了。

现在,所有生物学家都已认可,孟德尔基因由 DNA 长链组成,DNA 构成染色体,而染色体在减数分裂和有丝分裂中的行为导致了孟德尔所发现的基因分离,而细胞核内各个染色体相互之间的独立性保证了孟德尔的自由组合,当然除了位于同一条染色体上的基因之外。但是,这仅仅是一个框架式的描述,而还原的问题主要在于我们前面所提到的有关形式条件和语义条件的细节问题。因为还原所要达到目的是,把孟德尔遗传学或者经典遗传学中的规律性陈述还原为分子遗传学的定理或特例,或者作为分子生物学语言所描述的遗传定律的合理近似。

就这两个孟德尔定律的表述来说,不含有任何关于基因是什么的预先假设,而仅仅是描述了对于基因来说发生了什么,即基因是由这两个定律陈述隐含定义的。因而,在孟德尔遗传学中,基因的结构、组成等完全是未决的。因此,关于有机体中基因的结构、组成、位置分布以及发生作用的机制方面,留给了后来遗传学极大的发展空间。

在孟德尔遗传学基础上发展起来的经典遗传学,就是在探索和揭示基因的结构、性质、定位及作用机理的道路上起始的。育种杂交实验揭示出遗传差异的效应,而细胞核研究揭示出在染色体上有着与这一效应并行的差异。通过二者相互印证,基因被定位于染色体上。在杂交实验中,很快就表明自由组合定律是错误的。从逻辑上就可以推知,如果某些基因位于同一条染色体上,那么,这一错误就是必然的。而基因在染色体上的分布,可以从杂交实验中基因组合的频率推断出来。对染色体的进一步形态学研究使研究者能够在染色体上标出杂交实验所揭示出的那些基因的特定位置,因为这些基因与可探测的染色体异常联系在一起。在孟德尔定律再发现之后的 50 年里,生物学家获得了大量的孟德

尔基因的结构、组成、定位等方面的知识。这个过程实际上是摩尔根遗传学(也可以称染色体遗传学或细胞遗传学)对孟德尔定律的还原和修正。可以将孟德尔遗传学和摩尔根遗传学合称经典遗传学。

染色体遗传学对孟德尔遗传学的还原、分子遗传学对经典遗传学的还原,其中一个必要条件,就是在各个理论中的基因概念之间构造一种相关性——类似于气体与组成气体的分子之间的那种关联,使得演绎推导可行。

在孟德尔遗传学中,孟德尔遗传因子或称为孟德尔基因,其实验操作意义等同于表现型,实际上是表述了基因的功能,但并未给出基因的结构、组成或性质,以及发生作用的机制。而在染色体遗传学中,基因就被拓展为三项含义:基因是表现型测定的最小单位,是突变的最小单位,是重组的最小单位。这三项意义也同样是表述了基因在生命有机体中的功能。但是,虽然前两个意义仍然反映出了经典基因这个概念对表现型这一概念的依赖关系,即在杂交实验中根据表现型来识别经典基因(这是因为对野生型基因及其突变的识别必须要诉诸于可观察的异常),然而,第三个意义即重组的最小单位在反映了表现型的差异的同时,又反映了基因在染色体的定位。也就是说,通过基因的这个功能,可以表述基因的定位和染色体上基因排列顺序。在减数分裂的第一次分裂期间,通过染色体物质的交换,基因发生了重组。染色体遗传学中,有一个这样的假设:一条染色体上的两个基因,其重组率与两个基因相隔距离相关,距离越近,重组率就越大。这使得经典遗传学中对染色体上的基因距离不是用空间单位来量度和表示的,而是用杂交实验中基因的表型同时出现的频率(重组率)来量度和表述。这样,就以染色体上的基因定位、基因排列以及染色体的行为、基因的行为对孟德尔基因或表现型乃至孟德尔定律进行了还原性解释。

接下来,需要科学家对染色体、经典基因的这些特性给出分子水平的说明,这实际上是分子遗传学对经典遗传学的还原。但是,从经典基因到 DNA 分子的还原过程显示,不存在同时具有上述经典基因所具有的三种意义或功能的 DNA 分子片段单位,具体地说,在突变中牵拖到 3 个核苷酸,而在重组中仅涉及 2 个核苷酸,而在基因表达中则是 900 到 1500 个核苷酸。含有不同数量核苷酸的 DNA 片段分别行使了经典基因的三种功能,因此,用分子术语对孟德尔基因的任何定义或描述不得不采用选言式或析取式陈述。

例如,果蝇的红眼基因,是一个经典基因,是一个可突变为白眼的遗传单位。这个基因控制着一个可观察性状的表达并能与其他孟德尔基因重组。对这个基因的分子水平的描述必须要使用如下的析取式或选言式:如果 R 是一个孟德尔基因,那么,或者 R 是 DNA 链之间能够进行重组的最小数目的核苷酸——即 1 个或 2 个核苷酸;或者 R 是这样一些最小数目的核苷酸聚合体,对其中一个碱基的替换将产生一个突变并改变遗传信息——密码子——即 3 个核苷酸;或者 R 是能够为一个表现型编码的最少数目的核苷酸聚合体——即 900 个或更多核苷酸。<sup>[4]</sup>因此,经典基因与 DNA 分子之间并不是一对一关系,而是一对三关系,而我们通常所说的分

子基因只是简单地认同为最后一个析取式即一个表现型编码的 DNA 片段,而这个相关性条件,对于构造分子遗传学与经典遗传学之间的相关性来说,是不充分的。

20 世纪 50 年代,经典遗传学的发展,使 Seymour Benzer 打造了三个术语:“突变子”(muton)——突变的最小单位,“重组子”(recon,或称交换子)——重组的最小单位,“顺反子”(cistron)——表现型表达的最小单位。用这三个概念替换经典基因概念,就可以与上面所述的含有不同数量核苷酸的三种聚合体(同时具有不同功能)之间建立一一对应。在此,孟德尔定律被重新解释为是对未连结在一起的顺反子的分离和自由组合所进行的陈述。这样,从孟德尔定律和染色体遗传学中剔除“基因”这一术语,以顺反子取而代之,使我们至少原则上从分子生物学理论推导出经典遗传学定律。DNA 核酸酶和聚合酶的作用足以产生构成顺反子的 DNA 片段,导致半保留复制,通过半保留复制产生多核苷酸双倍体;从由化学规律所支配的 DNA 螺旋交叉互换,能够推演出重组现象。再假设突变是由于组成遗传密码或遗传信息的核苷酸发生了替换而引起的,这样,我们原则上就能够解释经典遗传学定律,也能解释经典遗传学定律所解释的那些经验现象,例如杂交实验,同时,也解释了摩尔根所发现的连锁互换对于孟德尔定律的修正。

### 三 解释性还原与经验重构性还原

根据上面的案例,可以把还原性解释划分为解释性还原和经验重构性还原。解释性还原是指,一级理论在还原性地解释二级理论的理论定律的过程中,借助于相关性条件,后者一般成为前者的逻辑推论或定理,从而也就解释了二级理论的经验规律。经验重构性还原是指,一级理论所解释或推演的不是二级理论的理论定律,而是二级理论的经验规律甚至是经验材料和现象,这种还原实际上首先是一级理论用自己的术语或概念对这些经验和现象进行重组和重释、重新定义,又对经验规律重新概括和重新表述。这样,当经验重构性还原实施之后,原来的二级理论中的理论规律往往就被认为是被重组和重释、重新定义和重新表述的经验规律、经验现象的近似的、不精确的理论解释。在经验重构性还原中,一级理论和二级理论之间往往是使用着相同的术语,但却表述了不同的概念或意义,如经典遗传学的“基因”与分子遗传学中的“基因”。

针对上面的两个案例,可以做出如下的划分:案例 1 的分子运动论还原热力学属于解释性还原;案例 2 中,染色体遗传学(摩尔根遗传学)、还原孟德尔遗传学属于解释性还原,而分子遗传学还原经典遗传学(染色体遗传学与孟德尔遗传学的综合)属于经验重构性还原。

在以往的还原问题的讨论和研究中,许多学者在研究生物学中的还原问题时,总是把“分子生物学还原经典遗传学”类比为“分子运动论还原热力学”。我认为这不是一个合适的类比,至少是不精确的。可以与“分子运动论还原热力学”相类比的是“染色体遗传学还原孟德尔遗传学”,即染色体基因理论解释性地还原孟德尔的表现型基因理论;而分子遗传

学对经典遗传学的经验材料进行了重新概括和重建其经验规则性(如将表现型可以确定在生物大分子水平上,即大分子表现型),并从分子水平给予还原性解释——经验重构性还原。

可以从模型语义的层次上来考察孟德尔遗传学、染色体遗传学(摩尔根遗传学)和分子遗传学之间的关系。染色体遗传学是关于较低层次基因粒子的遗传学,而孟德尔遗传学的模型是宏观的可视的表现型关系。染色体遗传学模型的低层次性表现在对基因的粒子单位的假设、它们在染色体上的定位、以及基因粒子的行为对孟德尔遗传学宏观现象即表现型规律的机制性解释,就像以分子的运动解释宏观热现象的机制一样。分子遗传学对经典遗传学的还原过程中,实际上对经典遗传学的染色体基因粒子模型进行了拆分和重组,建立了一个相对于 DNA 分子模型来说是较高层次的顺反子、突变子、重组子模型,而分子遗传学基因模型就是 DNA 分子双螺旋模型。

具体来说,例如,经典基因是对表现型如果蝇白眼、红眼这些经验材料的概括,即概括为一个基因对应于一个表现型,再进一步概括出基因或表现型(在此,基因的行为通过表现型现象特征来辨认)的分离、组合以及互换连锁等规律。而在分子遗传学中,将经典遗传学关于表现型的、染色体行为的经验材料,与生物化学经验材料融合在一起,进行了重建,重新构造出新的经验概括。孟德尔遗传学的经验材料被概括为表现型与基因的行为,其模型是宏观或生物个体层次的,而摩尔根遗传学或染色体遗传学,又将孟德尔的宏观表现型材料与细胞层次中染色体的连锁、互换、分离等材料融合,进行了新的概括,在此,摩尔根遗传学是在使用相同术语且相同的涵义的条件下,还原了孟德尔关于生物体宏观遗传现象的规律性陈述,这主要体现在二者的“基因”——经典遗传学所关注的主要对象和核心术语——的涵义是同一的。所以,这一还原是解释性还原。分子生物学,是在分子层次上进行了经验概括,在这一概括中,经典遗传学的“基因”被分解重构,经典遗传学的基因不再是一个独立同一的实体单位,而是被分解为三种不同的实体单位,使得在 DNA 片段或核苷酸多聚体与经典遗传学中的基因之间无法使用相关性条件给出一个定义,或只能使用前面所说的那种析取式方式,这就使得分子遗传学中的基因即为某种蛋白质编码的 DNA 片段与经典遗传学中基因不是同义的,其结果是,分子生物学对经典遗传学的还原是经验重构性还原,而不是解释性还原。这就意味着,分子遗传学还原经典遗传学理论是一回事,还原后者的经验和现象是另一回事。

### 四 对经验重构性还原的说明

由于“经验重构性还原”是由本文第一次提出来的,因此,在这里试图以案例 2 为依据给出一个较详细的说明。

在经验重构性还原中,一级理论与二级理论的相关性是以相关性条件的第二种方式构造的,即建立事实性的或经验性物理假说,相关性条件实际上是一个经验的发现。落实到遗传学上,经典遗传学的染色体基因定位是经验发现,而染

色体的 DNA 分子结构、它对遗传过程的决定性控制也是经验发现。这就是说,通过各自独立的实验发现,经典遗传学的基因与 DNA 分子具有共同的指称,即定位于染色体上的某种物质结构。但是,在这个相关性中,具有特点的是,正如案例 2 所指出的,经典基因与 DNA 分子不是一对一的关系,而是一对三的关系。进一步说,在分子水平上决定遗传性状表达的 DNA 片段与经典遗传学中的基因或顺反子相对应时,也是以经验上的发现来建立相关性条件。但是,经典遗传学中的基因或顺反子只能通过杂交实验中显示出来的表现型特征的分布和传递而得以辨识,即对经典遗传学中的基因或顺反子的操作性标识是表现型。因此,如果分子生物学想要针对经典遗传学的基因或顺反子给出一个分子水平的标识,并解释其分离及组合以及其他行为特征,它就必须首先联系于表现型这一概念。如果要解释某一特定的基因,例如果蝇红眼基因,那么,就必须联系于这个基因具体的表现型,即果蝇红眼的生理表达过程。但是,在分子基因或 DNA 片段与经典遗传学的表现型之间有一个复杂的生理过程,因而在二者之间难以找到一种可操作相关性条件,实际上,在 DNA 片段与具有特定生理特征的表现型之间,分子生物学在理论上给出了一系列的复杂的阐释,包括引进了许多经典遗传学中所没有的术语,例如,密码子、遗传信息、复制、转录、表达等术语对经典遗传学使用的基因、表现型、突变型等术语所描述的现象进行了经验重构,由此,给予了重构性解释。其中最引人注目的是“遗传密码”或“遗传信息”的这一功能性术语的引入。

综上所述,两个理论中“表现型”概念及其与“基因”之间的关系不同,是导致分子遗传学对经典遗传学属于“经验重构性还原”的主要原因,具体论述如下:

(1)在经典遗传学中,基因是依靠表现型来识别的,实际上,表现型是基因的经验指称,而作为一个理论概念的基因,是通过表现型的计数和统计实验而被辨识和定义的。

(2)分子生物学意义中的表现型不再具有直接可观察的意义,分子生物学意义中的基因不再具有对表现型的计数和统计的意义。在此,表现型可以是生化合成途径的任何一个过程,也可以是这个过程任何一个产物。因而,表现型实际上是化学检验意义上的实验结果和数据,而不是经典遗传学意义的表现型。在经典遗传学中,对于表现型、表现型与基因之间的关系,有其特有的操作步骤和方法,例如,基因的单位、重组频率与基因排列等等,因而,就有着其独特的涵义;而在分子遗传学中,表现型与基因,都是化学意义上的概念,有着化学操作和方法的涵义,同时,也是重要的,表现型不具有经典遗传学那种直接的经验地位,不具有对基因概念

及其是否存在进行验证的地位。分子生物学意义中的表现型与基因有着同等的理论和经验地位和同等的涵义,并且是生物化学的。因此,在分子遗传学中,“表现型”这个概念是不必要的。正是由于对经典遗传学中的一些概念的废弃(以及对一些新概念的引入,例如“遗传信息”),才发生分子生物学对经典遗传学的经验内容进行了重建。

(3)对表现型概念及其与基因的关系的废弃,代之使用诸如启动基因、阻遏基因、结构基因、调节基因、遗传信息、mRNA、tRNA、核糖体 RNA、蛋白质、酶、复制、转录、合成等概念,使得在表述 DNA 片段或分子基因与经典遗传学表现型之间的关系时,有着并非是一对应一而是多对多(多个基因决定着多个表现型)的复杂的生理生化过程。例如,合成一个蛋白质(表现型)所需的基因类型有:决定蛋白质合成装置的基因(如核蛋白体 RNA 基因、转运 RNA 基因)、决定蛋白质一级结构的基因、决定基因复制和修复的基因(如连接酶、聚合酶的基因)、调节基因(如操纵子、启动子)。

### 【参 考 文 献】

- [1]参见 C. G. 亨普尔. 自然科学的哲学[M]. 上海科学技术出版社,1986. 和 Ernest Nagel 的《The Structure of Science》(printed by USA,1979)中有关“对应规则”、“相关性条件”以及“还原”的章节。
- [2]例如,气体分子运动论到热力学有关定律如 Boyle - Charles 定律的推导中,“气体的温度正比于气体分子的平均动能,温度是分子平均动能的宏观表现”这一相关性条件的构造,最初纯粹是一种理论上的约定。随着科学的发展和实验技术的进步,对于“分子平均动能”来说,逐渐获得了独立于温度的经验证据。例如,通过对气体实验数据进行计算而间接测量气体的分子平均动能,而不是对测量温度所获数据进行计算。这样,就可以经验地确定气体的温度是否正比于气体分子的平均动能,即这个相关性条件可以是一个事实性的或经验性物理假说,可以通过经验的发现确立起来,它所表述的事实可以由“温度”以外的经验证据来支持或检验。这个相关性条件由此属于上述的相关性条件的第二种构造方式。这个案例详细请参见 Norman. R. Campbell 的《Physics, the Elements》(Cambridge, England, 1920, page126)。
- [3]参见 C. G. 亨普尔. 自然科学的哲学[M]. 上海科学技术出版社,1986. 和 Ernest Nagel 的《The Structure of Science》(printed by USA,1979)中有关“还原”的章节。
- [4]Rosenberg, Alexander: The Structure of Biological Science, Cambridge University Press 1985, page95.

(责任编辑 袁 瑛)