

Matematiken som antidarwinistiskt tillhygge

Olle Häggström*

mars 2006

Abstract

En närmare granskning görs av de modellantaganden som William Dembski (2002a) behöver tillgripa för den tillämpning av NFL-satserna från optimeringsläran i vilken han påstår sig vederlägga den darwinistiska teorin om evolution medelst naturligt urval. Hans argument befinnes ej hålla måttet, och NFL-satserna visas sakna relevans för evolutionsbiologiska spörsmål.

1 Matematik på gott och ont

Naturvetenskapen, från Newton och framåt, har matematiken att tacka för mycket. I synnerhet fysiken är så genomsyrad av matematiska modeller och metoder att den knappast ens går att tänka sig utan dessa inslag – något som fått mer än en tänkare att fråga sig hur det egentligen kommer sig att den fysiska verkligheten är så oerhört väl lämpad för matematisk analys (Wigner, 1960; Omnès, 2005). Biologin genomgår för närvarande en matematisering som kanske eller kanske inte kommer att visa sig lika genomgripande som fysikens. Och även utanför naturvetenskapen breder det matematiska tänkandet ut sig: vi kan särskilt notera den rikliga förekomsten av matematisk formalism inom samhällsvetenskaperna (och då i synnerhet nationalekonomin), även om vi samtidigt kan konstatera att matematikens framgångar där har varit långt mindre överväldigande än inom naturvetenskaperna.

Dessvärre är inte alla tillämpningar av matematik inom andra ämnesområden av godo, och vissa är rätt och slätt skadliga. Förklaringen till att sådan ”ond” matematik kan förekomma, är att de flesta forskare har mycket

*Professor i matematisk statistik, Chalmers tekniska högskola,
<http://www.math.chalmers.se/~olleh/>

lite eller ingen alls utbildning i matematik på universitetsnivå, vilket gör att de är illa rustade att granska arbeten av de kollegor som behärskar – eller låtsas behärska – matematisk jargong. De senare kan därmed vinna obefogat gehör för sina tvivelaktiga eller direkt felaktiga tillämpningar av matematiken.

Förutom att sådant matematikmissbruk i sig utgör dålig forskning, så kan det ha indirekta effekter som är minst lika allvarliga. Om jag får tillåta mig att spekulera en smula, så tror jag att det till viss del är matematisk snobbism på olika håll som fått andra grupper – så kallade poststrukturalister och postmodernister – att som en motreaktion invadera stora delar av samhällsvetenskaperna och humaniora med en jargong som är än mer svårgenomtränglig än matematikens, men som i många stycken visat sig vara katastrofalt fri från substans; se Sokal och Bricmont (1997) för en underhållande och elegant avklädning av några av de värsta posörerna i den genren.

Jag menar att vi matematiker har anledning att ta ansvar för hur våra metoder används inom andra ämnesområden, inte bara genom att konstruktivt bidra med de matematiska delarna av tvärvetenskapliga projekt, utan också genom att kritiskt granska de tillämpningar av vårt ämne som inte håller måttet – ett slags vetenskapligt renhållningsarbete. Som ett bidrag i den senare riktningen ämnar jag i denna uppsats uppmärksamma ett ovanligt svårartat fall av matematikmissbruk på ett område som på senare år visat sig ha stor politisk sprängkraft i USA, nämligen den gren av antidarwinism som går under benämningen *intelligent design*. Vad jag mer specifikt har i åtanke är William Dembskis användning av matematik i sin bok *No Free Lunch* (2002), för att ”vederlägga” den gängse darwinistiska teorin om evolution medelst naturligt urval. Bokens titel syftar på den centrala roll som de så kallade NFL-satserna (där NFL står för just ”No Free Lunch”) i matematisk optimeringslära spelar i hans argumentation.

Upplägget i denna uppsats, som i mångt och mycket bygger på två tidigare texter (Häggström, 2005; Häggström, 2006) som jag skrivit för engelskspråkig publik, är följande. I Avsnitt 2 ger jag lite bakgrund om intelligent design-rörelsen. I Avsnitt 3 och 4 ger jag den nödvändiga matematiska bakgrunden om optimeringslära och NFL-satserna, varefter jag i Avsnitt 5 förklarar hur Dembski använder de senare i sitt försök att vederlägga Darwin. I Avsnitt 6 kastar jag nytt ljus över NFL-satserna genom att ge dem en probabilistisk (dvs sannolikheteoretisk) tolkning, och i Avsnitt 7 utnyttjar jag detta till att visa vad som fallerar i Dembskis resonemang. Därmed är uppsatsens ”kulmen” nådd, och den avrundas i Avsnitt 8 med att ge några kommentarer som ytterligare klargör hur irrelevant den påstådda evolutions-

biologiska tillämpningen av NFL-satserna är.

Jag är inte den förste att kritisera Dembskis *No Free Lunch*; se t.ex. Orr (2002), Shallit (2002) och framför allt Wein (2002a)¹. Dock är mycket av den kritik som riktats mot Dembski av mindre dödande slag än den hade kunnat vara med en bättre förståelse för vad det egentligen är som NFL-satserna säger (i Avsnitt 8 skall jag kort kommentera svagheterna i några av de argument som framförts). Min egen insats i sammanhanget består i att ge en matematikers förklaring av vad NFL-satserna betyder, och varför de inte är tillämpliga i ett evolutionsbiologiskt sammanhang.

För den matematiskt sinnade läsaren känner jag att jag redan nu bör påpeka att min uppsats inte bjuder på några som helst matematiska djupsinigheter. Snarare tvärtom: saker som framställts av andra såsom djupa och revolutionerande – och jag syftar här på den marknadsföring av NFL-satserna som förekommer exempelvis i Wolpert och Macready (1997), Kauffman (2000), Ho och Pevsner (2002) och Dembski (2002a) – avslöjas här vara tämligen triviala observationer. Den läsare som snabbt och enkelt vill bilda sig en uppfattning av vad NFL egentligen handlar om, kan kika i förväg på påståendet (6) i slutet av Avsnitt 6.

2 Intelligent design

Det är länge sedan kristna fundamentalister gav upp kampen mot den heliocentriska världsbild som hävdar att jorden rör sig i bana runt solen snarare än tvärtom. Däremot är det fortfarande vanligt att de ifrågasätter eller rentav förnekar den darwinistiska teorin om arternas uppkomst och utveckling genom naturligt urval. Och inte utan framgång: i USA har antidarwinisterna vunnit en rad segrar, i form av att domstolar och skolstyrelser på såväl lokal som delstatsnivå fattat beslut som går ut på att Darwins utvecklingslära skall presenteras som blott en av flera tänkbara teorier om hur arterna uppstått. Denna politik har till och med fått stöd från högsta ort genom president George W. Bushs uppmärksammade ställningstagande ”teach the controversy”.²

Antidarwinisterna har dock på senare år funnit att de mest bokstavstroende bibliska formerna av kreationism ofta är svåra att få gehör för i domstolar och på annat håll. Därför har många av dem valt att skifta strategi, på

¹Se vidare det efterföljande meningsutbytet mellan Dembski (2002b, 2002c) och Wein (2002b).

²Se t.ex. Dawkins och Coyne (2005) för en välformulerad kommentar om Bushs uttalande och om de värden som står på spel.

så vis att de grövsta formerna av kreationism alltmer kommit att ersättas av så kallad intelligent design såsom varande det förespråkade alternativet till Darwin. Förespråkare för intelligent design accepterar stora delar av modern biologi och naturhistoria, men hävdar att avancerade livsformer såsom vi själva inte kan komma till stånd genom ”blinda naturkrafter”, utan visar tydliga spår av att vara produkten av en medveten och intelligent skapare. Som ett slags taktisk reträtt brukar de avstå från att gå in på frågan om denna skapares identitet: gud, utomjordingar, eller något annat?³

I detta avsnitt ämnar jag ge blott en mycket kort sammanfattning av några av huvudidéerna inom intelligent design, och hänvisar istället till Crews (2001) för en ypperlig kritisk granskning; se även Orr (2005). På svenska är litteraturen mer knapphändig, men se t.ex. Erkell (2006) och Rasmuson (2006).

Intelligent design marknadsförs som en vetenskap, men som sådan har den en del uppenbara svårigheter. Den enkla frågan “vem skapade skaparen?” visar att intelligent design knappast kan besvara frågan om hur liv och komplexitet kan ha uppstått, utan bara förflytta problemet ett steg längre bort. Och för dem av oss som tar Poppers vetenskapsteoretiska idéer om falsifieringens centrala roll på allvar, uppstår frågan: hur skulle man någonsin kunna *falsifiera* teorin om en intelligent designer? Men låt oss bortse från dessa svårigheter och istället ta en titt på vad de två ledande intelligent design-förespråkarna med vetenskapliga ambitioner har att säga: Michael Behe och William Dembski.

Det mest kända bidraget till intelligent design-litteraturen är Behes bestseller *Darwin's Black Box* (1996). Centralt i Behes framställning är begreppet *irreducibel komplexitet*. En favoritillustration till begreppet är en rättfälla uppbyggd av fem beståndsdelar, på så vis att om vilken som helst av dessa delar avlägsnas, så fås inte en manick som är aningen sämre på att fånga rättor, utan en som inte fungerar alls. På samma vis förhåller det sig med många biologiska system, som för att överhuvudtaget fungera är beroende av var och en av sina beståndsdelar. Hur kan ett sådant system ha uppkommit längs en darwinsk utvecklingslinje av gradvisa förbättringar? Detta, menar Behe, förefaller omöjligt, ty ända fram tills dess att den sista av beståndsdelarna är på plats är systemet fullständigt värdelöst, så att selektionstrycket för de gradvisa förbättringarna reduceras till noll.

Detta slags argument är naturligtvis äldre än Behes arbete: klassiska

³Skulle det rentav kunna vara på det viset att vi lever i någon annans datorsimulering, som i filmen *The Matrix*? Denna fascinerande idé förekommer inte bara i science fiction, utan har också försvarats på till synes fullaste allvar; se t.ex. Bostrom (2003).

exempel som diskuterades redan i evolutionsteorins barndom är ögat och vingen. Den huvudsakliga nyheten i *Darwin's Black Box* är en fokusering inte på organnivån som i de klassiska fallen, utan på mikroskopiska mekanismer inuti celler.

Behe har fått rejält med svar på tal från evolutionsbiologer och andra – se t.ex. Miller (1996), Dennett (1997) och Orr (2002) – och ett genomgående tema i dessa svar är att de system som Behe beskriver som irreducibelt komplexa inte alls framstår som onåbara längs vägar av små steg och gradvisa förbättringar, om man beaktar fenomen som exempelvis exaptation (dvs när ett system utvecklas för en viss funktion, men senare utnyttjas av organismen för någon helt annan funktion) och genduplicering. Ett annat fenomen som kan förklara hur (till synes) irreducibelt komplexa varelser kan uppstå, är att en beståndsdel som idag framstår som oundgänglig, kan ha blivit det först genom ett evolutionärt förlopp där andra komponenter förändrats eller fallit ifrån. Låt mig låna en pittoresk illustration av Orr (2005): det är rimligt att tänka sig att en bil anno 2020 inte kommer att gå att köra alls utan dess GPS-navigeringssystem, trots att när GPS-systemet infördes på dess föregångarmodeller så var det på intet vis oundgängligt utan blott ett stycke extrautrustning.

William Dembski har valt delvis andra vägar än Behe i sin kritik av den moderna evolutionsläran. Ett välkänt gudsbevis som går tillbaka till Paley (1802) och andra är följande: vi människor, liksom andra avancerade varelser, är så till den grad komplexa och så välförsedda med ändamålsenliga organ vilkas syften är uppenbara, att de rimligtvis måste vara skapade av någon som haft just dessa syften i åtanke. Detta argument torde ha varit synnerligen övertygande ända tills Darwin lade fram sin utvecklingslära, som ju visade hur blinda naturkrafter visst kan resultera i produkter som ser ut som hade de ett på förhand bestämt syfte, och därmed att Paleys argument inte håller. I sin bok *The Design Inference* (1998) söker Dembski återupprätta Paleys argument, i modern och matematiserad form. För detta ändamål inför han begreppet *specificerad komplexitet*, vilket han tänker sig stringent skall fånga just det slags komplexitet som han hoppas inte kan förklaras med annat än en intelligent skapare. Som Wein (2002a) utförligt visar och exemplifierar, så använder emellertid Dembski sitt komplexitetsbegrepp inkonsekvent och flertydigt, varför det inte blir mycket av den förmenta stringensen.

Uppföljaren *No Free Lunch* (Dembski, 2002a) är ett märkligt ambitiöst projekt. I förordet heter det att ”*The Design Inference* lade grunden, medan denna bok visar den darwinska mekanismens otillräcklighet för att åstadkomma specificerad komplexitet” (Dembski 2002a, s. xiii). I Avsnitt 5 skall

jag redovisa det centrala argument som avses bevisa denna den darwinska mekanismens otillräcklighet, och i Avsnitt 7 skall jag sedan visa hur felaktigt argumentet är. Det är i själva verket, vilket kommer att framgå, så till den grad feltänkt att medan Behe åtminstone kan berömma sig om att ha ställt en del intressanta frågor som kan stimulera och föra evolutionsbiologin framåt, så hör Dembskis resonemang hemma i papperskorgen.

3 Lite matematisk terminologi

För att i nästa avsnitt kunna diskutera matematisk optimeringslära och NFL-satserna, behöver vi först stifta bekantskap med lite grundläggande terminologi rörande mängder och funktioner.

En *mängd* är en samling objekt, kallade mängdens *element*. En mängd kan vara ändlig eller oändlig. Som exempel på ändliga mängder kan vi ta mängden S_1 av alla positiva heltal upp till 3, eller mängden S_2 av alla nordiska länder: $S_1 = \{1, 2, 3\}$ och

$$S_2 = \{\text{Danmark, Finland, Island, Norge, Sverige}\}.$$

Som exempel på en oändlig mängd kan vi istället ta mängden S_3 av *alla* positiva heltal: $S_3 = \{1, 2, 3, \dots\}$. Definitionen av en mängd är oberoende av i vilken ordning dess element skrivs upp, så att exempelvis $S_1 = \{1, 2, 3\} = \{2, 1, 3\}$.

Ett vanligt matematiskt skrivsätt för påståendet "elementet x finns med i mängden S " är kort och gott $x \in S$. Sålunda är påståendena $1 \in S_1$, $\text{Sverige} \in S_2$ och $792 \in S_3$ alla sanna, medan däremot $792 \in S_1$ är falskt. Ett annat vanligt beteckningsätt är att antalet element i en mängd S skrivs $|S|$, så att exempelvis $|S_1| = 3$, $|S_2| = 5$, och $|S_3| = \infty$; $|S|$ går under benämningen *kardinaliteten* hos S .

En *funktion* är en regel som för varje element ur en given mängd V anger ett element ur en annan given mängd S . Skrivsättet $f : V \rightarrow S$ används för att betona att f är en funktion som för varje element ur mängden V anger ett element ur mängden S ; f sägs då vara en funktion *från* V *till* S . Exempelvis skulle $f : S_2 \rightarrow S_3$ kunna vara den funktion som till varje nordiskt land anger dess folkmängd per den 1 januari 2006. Inget hindrar att två element i den första mängden tilldelas ett och samma element i den andra, vilket i det här exemplet skulle vara fallet om Danmark och Finland råkade ha exakt lika många invånare.

Om V och S är mängder, så kan vi bilda mängden av alla tänkbara funktioner från V till S . Denna mängd betecknas S^V , en beteckning som delvis

förklaras av att om V och S är ändliga med respektive kardinaliteter $|V|$ och $|S|$, så har S^V kardinalitet $|S|^{|V|}$. Låt, som exempel, $V = \{1, 2, \dots, 100\}$ och $S = \{0, 1\}$. Då är varje $f \in S^V$ en funktion som till varje heltal mellan 1 och 100 anger ett binärt värde (0 eller 1). Funktionen definieras av sina värden $f(1), f(2), \dots, f(100)$, och det är därför naturligt att tänka sig den som en sekvens bestående av 100 bits (en bit är en nolla eller en etta), där $f(1)$ specificerar den första biten, $f(2)$ den andra, och så vidare. Därmed kan mängden

$$S^V = \{0, 1\}^{\{1, 2, \dots, 100\}} \quad (1)$$

uppfattas som mängden av alla tänkbara binära sekvenser av längd 100, och kardinalitetsformeln $|S|^{|V|}$ säger oss att det finns exakt 2^{100} sådana sekvenser.

För en mängd S och ett positivt heltal n , är det kutym att skriva S^n som förkortad beteckning för $S^{\{1, 2, \dots, n\}}$, så att exempelvis mängden i (1) av alla binära sekvenser av längd 100 kan betecknas $\{0, 1\}^{100}$. Som ett annat exempel kan vi ta $\{A, C, G, T\}^{1000}$, som alltså är mängden av alla möjliga DNA-sekvenser av längd 1000, och det existerar exakt 4^{1000} sådana sekvenser.

4 Optimering och NFL-satserna

Grundläggande rekvisita i diskret optimeringslära är en ändlig mängd V och en funktion $f : V \rightarrow \mathbf{R}$ som till varje $x \in V$ anger ett reellt tal (som brukligt är betecknar vi mängden av alla reella tal med \mathbf{R}). Uppgiften består i att finna ett element $x \in V$ som gör att $f(x)$ blir så stort som möjligt. Detta kan synas vara en trivial uppgift: eftersom V är ändlig, så kan vi helt enkelt gå igenom samtliga element $x \in V$ i tur och ordning och beräkna $f(x)$ för vart och ett, samtidigt som vi håller reda på det högsta värde vi stött på hittills.

Anledningen till att denna *brute force*-metod inte alltid duger, är att mängden V ofta har så många element att varje rimlig tidsbegränsning sätter stopp för ambitionen att gå igenom dem alla. I typiska fall växer antalet element i V exponentiellt (eller ännu snabbare) i någon parameter n som på ett naturligt sätt beskriver problemets storlek. Exempelvis skulle V kunna vara mängden av alla binära sekvenser av längd n , så att antalet element $|V|$ blir 2^n . Eller också skulle V kunna vara mängden av alla permutationer av n objekt (dvs alla möjliga ordningar i vilka man kan ställa upp dem på led), vilket ger $|V| = n!$. I båda fallen blir metoden att gå igenom samtliga element i praktiken omöjlig redan för t.ex. $n = 100$.

Av detta skäl behövs andra, mer tidseffektiva, algoritmer. En viktig och vanlig metod inbegriper så kallad *lokal sökning* i V , vilket till att börja med förutsätter att vi inför något slags ”geografisk” struktur i V . Detta åstadkoms genom att man postulerar *länkar* mellan vissa (men inte alla) par av element $x, y \in V$. Två element $x, y \in V$ som på detta vis länkats sägs vara *grannar* till varandra. Länkstrukturen kan väljas på många olika sätt, men viktigt är å ena sidan att varje x får ett hanterbart (dvs inte alltför stort) antal grannar, och å andra sidan att mängden V som helhet blir i någon mening välsammanhängande. I specifika fall finns kandidater till länkstrukturer som mer eller mindre föreslår sig själva: om t.ex. V är mängden av binära sekvenser av längd n så kan vi införa länkar mellan de sekvenser som skiljer sig åt bara i en enda bit, eller om V är mängden av alla permutationer av n objekt så kan vi införa en länk mellan två sådana om den ena kan fås från den andra genom att exakt två av objekten byter plats.

Givet länkstrukturen, går den enklaste lokala sökalgoritmen till på följande vis. Starta i något godtyckligt element $x \in V$, och beräkna f för x och för alla dess grannar. Flytta därefter till den granne y som ger det högsta f -värdet (undantaget då de alla ger lägre värden än $f(x)$, då vi stannar kvar i x). Detta upprepas sedan, så att vi går vidare till det element z som maximerar f bland y och alla *dess* grannar, och så vidare gång på gång tills vi slutligen fastnar.

Låt oss kalla denna algoritm för *bergsbestigaralgoritmen*, en terminologi som blir uppenbar om vi tänker oss den som en vandrare i ett kuperat landskap, som alltid fortsätter i den brantaste riktningen uppåt, ända tills toppen på en kulle eller ett berg nåts. Detta fungerar ofta ganska bra, men en stor nackdel med algoritmen är att den kan fastna på toppen av en mindre kulle utan att notera att det finns ett betydligt högre berg lite längre bort.

För att komma till rätta med denna nackdel, har en lång rad olika modifieringar av bergsbestigaralgoritmen föreslagits och prövats; se t.ex. Aarts och Lenstra (1997). Dessa kan t.ex. inbegripa randomisering (dvs användande av slumpalsgeneratorer), på så vis att de tillåter enstaka steg nedåt (som i den berömda *simulated annealing*-algoritmen) eller enstaka längre skutt i landskapet. Många av dem är tämligen sofistikerade.

Dessa algoritmer används inte bara för det renodlade optimeringsproblem vi talat om hittills, utan också (i själva verket oftare) för det mer modesta syftet att hitta ett någorlunde högt värde på f , som dock inte behöver vara det allra högsta. Målsättningen kan t.ex. vara att hitta ett $x \in V$ sådant att $f(x)$ överskrider något visst värde t . Algoritmen fortgår då tills den stöter på något element i mängden T bestående av alla $x \in V$ sådana att

$f(x) > t$. Noga taget borde problemet att hitta ett sådant $x \in T$ kallas för ett *sökproblem* snarare än ett optimeringsproblem. Mängden T går under benämningen *målmängden*, och skrivs med gängse matematisk notation som

$$T = \{x \in V : f(x) > t\}. \quad (2)$$

Mer generellt behöver vi inte alltid vara i situationen att ”ju större värde på f desto bättre”, och det är därför rimligt att tillåta målmängder som inte nödvändigtvis är på formen (2) utan som istället ställer andra krav på vilka värden på f vi vill se. I intressanta sökproblem utgör T blott en mycket liten andel av elementen i V , något som vi uttrycker med att T är *gles*.

Vi börjar nu närma oss Wolpert och Macreadys (1997) NFL-satser, som säger att i en viss medelvärdesmening – när vi medelvärdesbildar över alla möjliga funktioner f – så är ingen sök- eller optimeringsalgoritm bättre eller sämre än någon annan. Detta kan låta överraskande, så lät mig förklara mer i detalj vad Wolpert och Macreadys basala NFL-sats säger.⁴

Wolpert och Macready inskränker sig till situationer där f endast kan anta värden i en på förhand angiven ändlig delmängd S av \mathbf{R} . Denna inskränkning är naturlig eftersom datorimplementeringar av de algoritmer vi intresserar oss för gör att alla storheter blir diskreta vare sig vi vill det eller inte.

Så snart den mängd V i vilken vi söker, och mängden S av tillåtna värden för funktionen f , är givna, så vet vi från Avsnitt 3 att det finns exakt $|S|^{|V|}$ möjliga funktioner $f : V \rightarrow S$. Vanligtvis är antalet $|S|^{|V|}$ kopiöst stort, med tanke på att redan $|V|$ brukar vara mycket stort. Den basala NFL-satsen rör ett medelvärde över alla dessa olika funktioner.

De algoritmer som Wolpert och Macready befattar sig med är av följande typ. Först väljs ett element $x_{(1)} \in V$ ut enligt någon regel (som, liksom de följande, får lov att om så önskas inbegripa randomisering), och $f(x_{(1)})$ beräknas. Därefter väljs $x_{(2)} \in V$ enligt någon regel som får lov att ta hänsyn till $x_{(1)}$ och $f(x_{(1)})$, varefter $f(x_{(2)})$ beräknas. Och så vidare: när algoritmen så småningom har valt ut k element $x_{(1)}, \dots, x_{(k)}$ och beräknat värdena $f(x_{(1)}), \dots, f(x_{(k)})$, så väljs ännu ett element $x_{(k+1)}$ med hjälp av en regel som får lov att bero på allt som hänt hittills, och $f(x_{(k+1)})$ beräknas. Det enda ytterligare krav som ställs på algoritmerna som den basala NFL-satsen uttalar sig om, är att inget element $x \in V$ får besökas mer än en gång.

⁴Merparten av det följande kommer för enkelhets skull att behandla just denna NFL-sats, men se Avsnitt 8 för en indikation om varför pluralformen ”NFL-satsterna” använts ovan.

Antag nu att algoritmen har gått k varv, så att vi noterat de k första f -värdena $f(x_{(1)}), \dots, f(x_{(k)})$, och definiera någon händelse E_k enbart i termer av dessa; det grundläggande exemplet är att låta E_k vara händelsen att minst ett av de noterade värdena $f(x_{(1)}), \dots, f(x_{(k)})$ gör att motsvarande $x_{(i)}$ tillhör målmängden T . Den basala NFL-satsen säger nu att

sannolikheten för händelsen E_k blir, om vi medelvärdesbildar över alla de $|S|^{|V|}$ olika funktionerna f , densamma för varje val av algoritm.

Exempelvis är ingen algoritm bättre än någon annan på att snabbt hitta ett element ur målmängden T . Och som ett specialfall får vi slutsatsen att ingen algoritm är bättre än den som brukar kallas *blind sökning*: välj $x_{(1)}$ på måfå från V enligt likformig fördelning (vilket betyder att varje element $x \in V$ har samma sannolikhet att bli valt som varje annat), välj $x_{(2)}$ på måfå enligt likformig fördelning bland de övriga, och så vidare. Om V i vanlig ordning är en mycket stor mängd, och målmängden T är mycket gles, så kommer blind sökning med överväldigande sannolikhet att ta hopplöst lång tid på sig att hitta något element x i målmängden T .

Den basala NFL-satsen tycks alltså leverera följande beska besked: oavsett hur fiffiga vi är, så kan vi inte utforma någon algoritm som gör bättre ifrån sig än den hopplöst primitiva och ineffektiva blinda sökningen.

I praktiken är situationen som regel inte fullt så katastrofal. Vi har nämligen i konkreta fall nästan alltid någon kunskap att på förhand tillgå rörande hur funktionen f (troligen) varierar över V , och sådan kunskap kan utnyttjas i konstruktionen av smarta och effektiva algoritmer som fungerar långt bättre än vad NFL tycks medge. Skälet till att vi kan kringgå den basala NFL-satsens dystra besked är att den befattar sig med just ett medelvärde över *alla* f , och inte bara de slags f som vi råkar känna som mer troliga.

Sensmoralen i Wolpert och Macready (1997) – den som inspirerade dem till slagordet No Free Lunch – är sålunda att vi inte kan räkna med att kunna konstruera effektiva optimerings- eller sökalgoritmer *med mindre än att vi utnyttjar någon känd specifik egenskap hos f* . I Avsnitt 6 ämnar jag kasta ytterligare ljus över deras resultat, men innan dess skall jag förklara hur NFL påstås motbevisa Darwins evolutionslära.

5 Dembskis tillämpning

Vad, kanske läsaren vid det här laget undrar, kan teorin om optimeringsalgoritmer ha med evolutionsbiologi att göra? En hel del, faktiskt. Många

av de förfiningar och förbättringar av förra avsnittets bergsklättrare algoritmer som tagits fram de senaste årtiondena har nämligen hämtat inspiration från evolutionsbiologin, och imiterat dess grundläggande mekanismer som reproduktion, mutation, och selektion. Analogierna mellan å ena sidan teorin för datoralgoritmer, och å andra sidan naturens evolutionsprocess, kom att bli alltmer uppenbara, och det visade sig att ett algoritmiskt perspektiv på evolutionen i olika sammanhang kunde vara belysande och värdefullt. Se exempelvis Dennetts (1995) välskrivna introduktion till evolutionsläran, där författaren konsekvent anlägger ett sådant perspektiv.

Även Dembski (2002a) betraktar evolutionen ur algoritmisk synvinkel. I detta avsnitt skall jag förklara hans NFL-baserade argument som påstås vederlägga evolutionsläran. Jag skall för enkelhets skull inskränka mig till fallet med en enda art som utvecklas i en oföränderlig miljö, därmed bortseende från de extra komplikationer som uppstår i en föränderlig miljö eller i samevolutionen mellan flera olika arter. Dembskis argument, liksom den vederläggning jag presenterar i Avsnitt 7, fungerar emellertid i princip likadant under dessa mer komplicerade omständigheter; se Avsnitt 8 för några korta kommentarer om dylika utvidgningar.

Som en uppladdning inför sitt huvudargument, noterar Dembski att den typ av blind sökning som diskuterades i förra avsnittet, omöjligt kan resultera i det som han kallar för specificerad komplexitet, såsom vi själva eller andra högre livsformer. Detta är helt riktigt. Det mänskliga genomet består av en cirka 3 000 000 000 baspar lång DNA-sekvens. Låt V bestå av alla DNA-sekvenser upp till den längden, och låt målmängden T utgöras av de DNA-sekvenser som resulterar i varelser som uppvisar specificerad komplexitet. Antalet element i V blir något i stil med $10^{1\,800\,000\,000}$ – ett synnerligen Mastigt tal (jag använder Mastigt som förkortning av Mycket större än ASTronomiskt, ett försök till översättning av Dennetts (1995) *Very much larger than ASTronomical*). Målmängden T är också Mastig, men viktigare att inse är att $|T|$ likväl är så mycket mindre än $|V|$ att om vi väljer ett $x \in V$ på måfå (enligt likformig fördelning) så blir oddset mot att råka få ett element i målmängden T också Mastigt. Dess mer precisa Mastighet är svår att uppskatta (delvis, men inte bara, på grund av svårigheten att precisera vad specificerad komplexitet är), men det förefaller ganska lugnt att hävda att $|V|/|T|$ ligger någonstans mellan 10^{1000} och $10^{1\,000\,000\,000}$. Under antagandet att detta stämmer, så får vi att sannolikheten att ett på måfå valt element ur V också råkar tillhöra T blir någonting mellan 10^{-1000} och $10^{-1\,000\,000\,000}$, vilket i sin tur innebär att antalet försök som blind sökning kommer att behöva för att hitta ett element i T med största sannolikhet hamnar någonstans mellan 10^{1000} och $10^{1\,000\,000\,000}$. Jordens ålder (eller

för den delen universums) är inte på långa vägar hög nog för att kunna hysa en så omfattande sökprocedur – och det hjälper inte ens att tillgripa den massiva parallellism som kan åstadkommas genom att söka längs många vägar samtidigt.

När väl detta faktum om den blinda sökning oduglighet för att åstadkomma avancerade livsformer fastslagits, så gör NFL, enligt Dembski, resten av arbetet.⁵ Naturligtvis hävdar ingen som vet något om modern biologi att den darwinska evolutionen fortskrider via den ovan skisserade blind sökningsalgoritmen. Den basala NFL-satsen säger oss emellertid att ingen algoritm, och därmed inte den darwinska evolutionsprocessen, kan prestera bättre än blind sökning. Undantag från denna slutsats medges endast om algoritmen är utformad baserat på någon förhandsinformation om den fitnessfunktion f som anger hur välanpassade individer med olika genuppsättningar är, eller omvänt om f manipulerats för att passa evolutionsalgoritmen. I båda fallen krävs (fortfarande enligt Dembski) inblandning av en intelligent designer.

Detta argument målas ut långt detaljrikare i *No Free Lunch*, och Dembski skulle otvivelaktigt om han läste detta hävda att min redogörelse är ofullständig. Den är emellertid inte avsedd som någon elak karikatyr, och den fångar kärnan i hans argumentation tillräckligt noggrant för att det skall stå klart att de två följande avsnitten vederlägger honom fullständigt.

6 En probabilistisk tolkning av NFL

I detta avsnitt skall jag presentera en sannolikheteoretisk tolkning av NFL-satsernas underliggande modellantaganden, något som kommer att få dem att framstå som långt mindre underliga och överraskande. Tidigare behandlingar av NFL har såvitt jag känner till inte gjort det ur denna synvinkel.⁶ Så t.ex. visar Dembski (2002a) inga som helst tecken till probabilistisk förståelse av NFL, även om han bland de matematiska rökridåerna i en uppföljningsartikel (Dembski, 2005) börjar tala om liknande ting i termer av sannolikheter.

⁵Idén om att NFL-satserna skulle kunna utgöra en utmaning för evolutionsbiologin hämtade Dembski från Stuart Kauffman, som skriver att ”NFL-satserna visar att, medelvärdesbildat över alla fitnesslandskap, ingen sökalgoritm är bättre än någon annan. [...] Och här står vi organismer, hänvisade till mutations- rekombinations- och selektionsmekanismer. Varifrån kom egentligen de 'goda' landskapen, de för vilka den darwinska gradualismen fungerar så väl i praktiken?” (Kauffman 2000, s. 197). Ett liknande Kauffman-citat återfinns i Dembski (2002a, s. 224).

⁶Figur 2 i Wein (2002a) antyder att Wein är medveten om förhållandet (3), som dock inte behandlas i hans text.

Den basala NFL-satsen inbegriper ett medelvärde över alla möjliga funktioner f . Så snart ett medelvärde eller ett viktat medelvärde dyker upp i ett matematiskt resonemang, kan man stanna till och fundera över om medelvärdesbildningen kan tolkas probabilistiskt, vilket vanligtvis går bra och allt som oftast är mycket klagörande.

Med notation och definitioner som i Avsnitt 4, så svarar medelvärdesbildningen mot att en av de $|S|^{|V|}$ olika möjliga funktionerna $f : V \rightarrow S$ väljs på måfå enligt likformig fördelning, vilket betyder att var och en väljs med sannolikhet $1/|S|^{|V|}$. En ekvivalent probabilistisk formulering av den basala NFL-satsen tillämpad på sökproblemet att hitta ett element ur målmängden T blir alltså följande: fördelningen för den tid det tar tills sökalgoritmen A funnit ett $x \in T$ är – förutsatt att funktionen f genererats av en slumpmekanism som väljer bland de $|S|^{|V|}$ möjliga funktionerna enligt likformig fördelning – densamma oavsett valet av A .

Det är belysande att fundera över vad det innebär att f väljs enligt likformig fördelning på S^V . Jag hävdar att

$$\begin{aligned} \text{om en funktion } f : V \rightarrow S \text{ väljs enligt likformig} \\ \text{fördelning på } S^V, \text{ så är det detsamma som att för} \\ \text{varje } x \in V \text{ oberoende, välja } f(x) \text{ enligt likformig} \\ \text{fördelning på } S. \end{aligned} \tag{3}$$

Här och i det följande används ”oberoende” i betydelsen *statistiskt oberoende*, något som i detta sammanhang innebär att för varje uppsättning av element x_1, \dots, x_k i V och givna värden $s_1, \dots, s_k \in S$, sambandet

$$\mathbf{P}(f(x_1) = s_1, \dots, f(x_k) = s_k) = \mathbf{P}(f(x_1) = s_1) \times \dots \times \mathbf{P}(f(x_k) = s_k),$$

gäller.⁷ En användbar karaktärisering och intuitiv tolkning av detta oberoende är att ingen kunskap rörande f :s värden för någon given uppsättning element i V ger någon som helst anledning att avvika från uppfattningen att *övriga* elements f -värden vart och ett är likformigt fördelat på S . Påståendet (3) är välkänt i sannolikhetsteorin, och egentligen inget annat än en enkel generalisering av följande standardexempel från grundböcker i ämnet, rörande kast med två tärningar: om vart och ett av de 36 utfallen

$$(1, 1), (1, 2), \dots, (1, 6), (2, 1), \dots, (6, 6)$$

är lika sannolikt, så är det samma sak som att de båda tärningarnas utfall är oberoende, och likformigt fördelade på $\{1, 2, \dots, 6\}$.

⁷ \mathbf{P} (som i *probabilité* eller *probability*) utläses ”sannolikheten för”.

Låt mig ändå, för fullständighets skull, ge beviset av (3). Antag att V har m element x_1, \dots, x_m , och att S har l element s_1, \dots, s_l . Antag vidare att vi för varje $x \in V$ oberoende väljer $f(x)$ enligt likformig fördelning på S . För att visa påståendet (3) behöver vi visa för varje val av $s_1, \dots, s_m \in S$ att formeln

$$\mathbf{P}((f(x_1) = s_1, \dots, f(x_m) = s_m) = 1/l^m \quad (4)$$

gäller. Men oberoendeantagandet gör att vänsterledet i (4) faktorerar sig som

$$\mathbf{P}(f(x_1) = s_1) \times \dots \times \mathbf{P}(f(x_m) = s_m), \quad (5)$$

och eftersom var och en av faktorerna i (5) är lika med $1/l$ så är likheten (4) verifierad, och påståendet (3) är därmed bevisat.

När vi nu har (3) att luta oss emot, så blir den basala NFL-satsen lätt att förstå – och bevisa. För att göra det, låt oss tänka oss en algoritm A av den typ som studerades i Avsnitt 4, som efter k itereringar har besökt elementen $x_{(1)}, \dots, x_{(k)} \in V$, och observerat värdena $f(x_{(1)}), \dots, f(x_{(k)})$.⁸ Notera nu att vilket element $x_{(k+1)}$ som än väljs härnäst, så är, tack vare oberoendeegenskapen i (3), det värde $f(x_{(k+1)})$ som algoritmen hittar där, likformigt fördelat på S (oavsett vilka element $x_{(1)}, \dots, x_{(k)} \in V$ algoritmen besökt och vilka värden $f(x_{(1)}), \dots, f(x_{(k)})$ den funnit). Regeln för hur $x_{(k+1)}$ väljs ut kan därmed inte påverka fördelningen för vilket värde $f(x_{(k+1)})$ som återfinns. Eftersom k var godtyckligt innebär allt detta att sekvensen $f(x_{(1)}), f(x_{(2)}), \dots$ kommer att utgöra en följd av slumpmässiga värden som alla är oberoende av varandra och likformigt fördelade på S . Och eftersom denna slutsats följer oavsett valet av algoritm A , så följer alltså att valet av A inte har något inflytande på fördelningen hos följden $f(x_{(1)}), f(x_{(2)}), \dots$, vilket är precis vad den basala NFL-satsen hävdar.

I själva verket förser observationen (3) oss inte blott med ett enkelt sätt att förstå den basala NFL-satsen – den gör det också naturligt att tänka sig en del generaliseringar av satsen. Vi kan nämligen notera att det argument som skisserades i föregående stycke endast använder sig av att f -värdena i olika $x \in V$ är oberoende med en och samma fördelning, men inte att denna fördelning är just likformig. Slutsatsen i NFL-satsen gäller alltså även under detta svagare oberoendevillkor. Vi kan också försvaga villkoret ett steg ytterligare, till så kallad *utbytbarhet*, vilket innebär att den gemensamma (m -dimensionella) fördelningen för $f(x_1), \dots, f(x_m)$ är densamma som för varje permutation av dem (se t.ex. Kallenberg, 2005).

⁸Notationen är värd att betona: $x_{(i)}$ betecknar det i :te elementet som algoritmen besöker, medan x_i betecknar det i :te elementet enligt någon godtycklig med på förhand given numrering av V .

Med denna senare generalisering i åtanke, inser vi att den basala NFL-satsen inte är något annat än ett lite snobbigt (och mer generellt) sätt att formulera följande:

Antag att vi sprider korten i en välblandad kortlek med framsidan nedåt på en bordsskiva, och att vi genom att vända på ett kort i taget önskar att så snabbt som möjligt hitta spader ess. Då är (6) ingen strategi för i vilken ordning vi skall vända korten bättre eller sämre än någon annan.

Märkligare än så är alltså inte den basala NFL-satsen (eller någon av dess varianter). Ickedestomindre är Dembski inte ensam om att ha slagit på stora trumman för satsen. Wolpert och Macready (1997) bidrar själva med en del ganska bombastiska ord om sin upptäckt, men rekordet innehas förmodligen av Ho och Pepyne (2002) som med häpnadsväckande brist på perspektiv jämför NFL-satserna med ett av 1900-talets djupaste framsteg i matematiken: Gödels ofullständighetssats.

7 Dembskis fel

Låt oss nu skärskåda Dembskis tillämpning av NFL i ljuset av den probabilistiska tolkningen i förra avsnittet. För konkretionens skull kan vi låta V beteckna mängden av alla DNA-sekvenser upp till längd 3 000 000 000, och låta $f : V \rightarrow S$ vara något mått på fitness, så att alltså $f(x)$ betecknar fitness-nivån hos en organism med DNA-sekvens x . De flesta sådana DNA-sekvenser svarar naturligtvis inte mot någon organism överhuvudtaget, och för sådana x kan vi låta $f(x)$ anta sitt lägsta möjliga värde – säg, $f(x) = 0$.

Låt oss vidare förse V med en länkstruktur såsom i Avsnitt 4. Närmare bestämt låter vi en länk mellan två DNA-sekvenser $x, y \in V$ föreligga om och endast om den ena kan fås från den andra genom att ändra, stryka, eller lägga till ett nukleotidpar var som helst längs DNA-sekvensen. En förflyttning från en DNA-sekvens till en granne svarar därigenom mot någon av de tre enklaste sorternas mutationer.⁹ Den reproduktion-mutation-selektionsbaserade biologiska evolutionsprocessen kan därmed ses som en eller annan variant av de lokala sökalgoritmerna i Avsnitt 4, med den angivna länkstrukturen. Och även om vi inte specificerat algoritmen i detalj, låt oss kalla den A .

⁹Detta val av länkstruktur ignorerar för enkelhets skull möjligheten till inversioner, genduplicering, och andra typer av makromutationer – en förenkling som inte har någon som helst betydelse för de slutsatser vi strax skall komma fram till.

Dembskis (2002a) tillämpning av NFL, sedd i ljuset av Avsnitt 6, säger att

om fitnessfunktionen f genereras av en slumpmekanism som väljer en av de $|S|^{|V|}$ möjliga funktionerna på måfå enligt likformig fördelning, (7)

så kan den darwinska evolutionsmekanismen A inte förväntas göra bättre ifrån sig än blind sökning, och kommer därför nästan bombsäkert att misslyckas med att producera några högre livsformer (oddsen mot att det skall lyckas är Mastiga).

Uttryckt på detta vis är Dembskis resultat på det hela taget riktigt. Dess relevans för evolutionsbiologin är emellertid avhängigt hurpass väl (7) speglar egenskaperna hos det verkliga fitnesslandskapet f . Om vi ville göra saken enkel för oss skulle vi redan här kunna avfärda Dembskis resultat som irrelevant, med tanke på att någon fysikalisk eller biologisk mekanism som motiverar (7) inte finns föreslagen.¹⁰ Det skulle emellertid, enligt min uppfattning, vara att göra saken *lite väl* enkel, ty trots att någon kandidat till sådan mekanism inte finns att tillgå, så skulle Dembskis NFL-argument likväl kunna utgöra en intressant utmaning för evolutionsbiologin om man kunde visa att det verkliga fitnesslandskapet liknar vad man skulle vänta sig att få under antagandet (7).

Ett minimikrav för att NFL-argumentet skall vara av värde, är att det verkliga fitnesslandskapet har åtminstone rudimentära likheter med de funktioner som (7) typiskt resulterar i. Men några sådana likheter föreligger inte: jag skall nu leda i bevis att varje någorlunda realistisk modell för det verkliga fitnesslandskapet resulterar i något som är synnerligen olikt sådant som antagandet (7) ger.

Med hjälp av karaktäriseringen (3) som erhöles i Avsnitt 6 inser vi att antagandet (7) medför att varje par av DNA-sekvenser (eller för den delen varje större uppsättning sådana) får oberoende fitnessvärden – ett fullständigt oordnat fitnesslandskap.

Å andra sidan måste varje realistisk modell för det verkliga fitnesslandskapet uppvisa stora doser av vad jag skulle vilja kalla *klustring*, med vilket jag menar att likartade DNA-sekvenser tenderar att ge likartade fitnessvärden i långt större utsträckning än vad modellen (7) predikterar. Om vi

¹⁰Det finns absolut inte någon anledning att *a priori* tro att "de blinda naturkrafterna" skulle skapa ett fitnesslandskap fördelat enligt (7). Var och en som är det minsta erfaren vad gäller sannolikhetsteoretisk modellering i naturvetenskaperna vet att likformiga fördelningar inte har någon särställning framför andra när det gäller att utgöra realistiska modeller för vad naturkrafterna resulterar i, och att de i själva verket ganska sällan utgör goda modeller för fysikaliska eller biologiska system.

exempelvis tar genomet till en organism med väldigt högt fitness-värde – låt oss säga du eller jag – och ändrar på ett enda nukleotidpar någonstans längs DNA-sekvensen, så kommer detta vanligtvis att resultera i en organism som alltjämt har ett högt fitness-värde. Detta förhållande står i bjärt kontrast mot vad som skulle hända under antagandet (7), nämligen att ändring av ett enda nukleotidpar är lika illa som att bygga upp ett helt nytt genom på måfå från scratch. Det senare har vi redan konstaterat att det med fullkomligt överväldigande sannolikhet resulterar i en DNA-sekvens som inte svarar mot någon organism överhuvudtaget. Givet den mutationsfrekvens som har observerats hos människan, skulle detta innebära att vi alla vore döda.

Därmed kan (7) avfärdas till förmån för fitnesslandskap som uppvisar kraftig klustring, något som i sin tur betyder att Dembskis NFL-baserade argument inte har någon evolutionsbiologisk relevans. Värt att notera i sammanhanget är också att det i hög grad är just klustringsegenskaper hos f som gör lokala sökalgoritmer så användbara. Poängen med att algoritmen tar steget från ett element $x \in V$ till en granne y med högre värde på f , är nämligen inte så mycket detta högre värde i sig, som utsikten att sökning kring y skall bereda vägen mot *ännu* högre f -värden – en förhoppning som det finns fog för just för klustrade funktioner f .

En mindre sak som berördes i slutet av Avsnitt 5 återstår emellertid att ta upp, nämligen idén att *om* det verkliga fitnesslandskapet f avviker i väsentliga avseenden från de egenskaper som typsikt fås under medelvärdesbildningen (7), så är det något så skumt med f att det endast kan förklaras med att en intelligent designer har haft ett finger med i spelet. En sådan tankegång antyds i Dembski (2002a, Avsnitt 4.4 och annorstädes). Men den klustringsegenskap som här framhållits för att påvisa irrelevansen hos resultat härledda under antagandet (7) kräver knappast den sortens mystiska förklaringar: en mycket rimligare ansats är att tänka sig den som en manifestation av fenomenet ”likartade förutsättningar tenderar att ge likartade konsekvenser” som genomsyrar större delen av naturvetenskapen (liksom för den delen våra vardagliga erfarenheter). Det känns lite fånigt att ödsla bläck på denna självklara poäng, men låt mig ändå, med anledning av att Dembski tycks ta sitt eget argument på allvar, säga ytterligare några ord om saken.

För att vara konkreta kan vi välja att betrakta en specifik aspekt av den starka klustringstendens som påvisats ovan, nämligen att majoriteten av mutationer på det mänskliga genomet inte tycks ha någon effekt *alls* på fitnessvärdet. Den biologiska förklaringen till detta är att större delen av det mänskliga genomet inte kodar för något alls (något som i sin tur kan förklaras i biokemiska termer, och så vidare nedåt längs naturvetenskapens vanliga reduktionistiska förklaringsbana). Dembskis förklaring, däremot, är

att det måste bero på att en intelligent designer har varit i farten. Jag lämnar det som en övningsuppgift åt läsaren att avgöra vilken av dessa båda förklaringsmodeller som hör hemma i vetenskapen.

8 Generaliseringar

Jämte Wein, hör den välkände amerikanske evolutionsbiologen H. Allen Orr (2002, 2005) till de främsta offentliga kritikerna av Dembskis *No Free Lunch*. Och även om Orr förtjänar erkännande för dessa mestadels utmärkta bidrag till diskussionen, så misslyckas han med att identifiera det allt överskuggande tillkortakommande hos Dembskis NFL-argument som jag redogjorde för i förra avsnittet, och en del av hans argument övertygar föga. Så t.ex. hävdas i Orr (2002) att NFL inte är tillämpligt då funktionen f tillåts variera över tiden (vilket svarar mot evolution i föränderlig miljö). Men Wolpert och Macready (1997) har just en sådan variant av sin basala NFL-sats för oföränderliga f , och denna variant passar lika bra in i Dembskis argument som den basala NFL-satsen. Denna utvidgning till tidsberoende fitnesslandskap antyds i *No Free Lunch*, men den (för Dembski) dystra sanningen är att detta saknar relevans för evolutionsbiologin av i stort sett samma skäl som dem jag skisserade i Avsnitt 7.

I Orr (2005) hävdas istället att NFL inte är tillämpligt i situationer där två eller flera arter samevolverar.¹¹ Men även om jag inte kunnat finna någon NFL-variant för denna situation i litteraturen, så är det en tämligen trivial matematisk uppgift att åstadkomma en sådan¹², och infoga i Dembskis argumentation. Men återigen blir kontentan densamma som för de föränderliga fitnesslandskapen: argumenten i Avsnitt 7 visar, *mutatis mutandis*, att inte heller denna utvidgning har något väsentligt att säga om evolutionen.

Referenser

- Aarts, E. och Lenstra, J.K., red. (1997) *Local Search in Combinatorial Optimization*, Wiley, Chichester.
- Behe, M. (1996) *Darwin's Black Box*, Free Press, New York.
- Bostrom, N. (2003) Are we living in The Matrix? The simulation argument, i *Taking the Red Pill: Science, Philosophy and Religion in The Matrix*, Yeffeth, G. (red.), Benbella, Dallas, pp 233–242.
- Crews, F. (2001) Saving us from Darwin, *New York Review of Books*, 4 okt och 18 okt.

¹¹Detta påstående tycks härröra från Wolpert (2002).

¹²Se Haggström (2005, Fotnot 19).

- Dawkins, R. (1986) *The Blind Watchmaker: Why the Evidence of Evolution Reveals a Universe Without Design*, Penguin, London. Svensk översättning *Den blinde urmakaren*, Wahlström & Widstrand, Stockholm, 1988.
- Dawkins, R. (1989) *The Selfish Gene* (2nd ed.), Oxford University Press. Svensk översättning *Den själviska genen*, Prisma, Stockholm, 1992.
- Dawkins, R. och Coyne, J. (2005) One side can be wrong, *The Guardian*, 1 sep.
- Dembski, W.A. (1998) *The Design Inference: Eliminating Chance Through Small Probabilities*, Cambridge University Press.
- Dembski, W.A. (2002a) *No Free Lunch: Why Specified Complexity Cannot Be Purchased without Intelligence*, Roman & Littlefield, Lanham, MA.
- Dembski, W.A. (2002b) Obsessively criticized but scarcely refuted, http://www.designinference.com/documents/05.02.resp_to_wein.htm
- Dembski, W.A. (2002c) The fantasy life of Richard Wein: a response to a response, <http://www.designinference.com/documents/2002.06.WeinsFantasy.htm>
- Dembski, W.A. (2005) Searching large spaces: displacement and the no free lunch regress, http://www.designinference.com/documents/2005.03.Searching_Large_Spaces.pdf
- Dennett, D.C. (1995) *Darwin's Dangerous Idea*, Simon & Schuster, New York.
- Dennett, D.C. (1997) The case of the tell-tale traces: a mystery solved; a skyhook grounded, <http://ase.tufts.edu/cogstud/papers/behe.htm>.
- Erkell, L.J. (2006) "Intelligent design" fick sin dom, *Folkvett* 1/2006.
- Ho, Y.C. och Pepyne, D.L. (2002) Simple explanation of the no-free-lunch theorem, *Journal of Optimization Theory and Applications* **115**, 549–570.
- Häggström, O. (2005) Intelligent design and the NFL theorems: debunking Dembski, <http://www.math.chalmers.se/~olleh/Dembski.pdf>
- Häggström, O. (2006) Intelligent design and the NFL theorems, inskickad för eventuell publicering i *Biology and Philosophy*, http://www.math.chalmers.se/~olleh/Dembski_2.pdf
- Kallenberg, O. (2005) *Probabilistic Symmetries and Invariance Principles*, Springer, New York.
- Kauffman, S. (2000) *Investigations*, Oxford University Press.
- Miller, K.R. (1996) Book review: Darwin's Black Box, *Creation/Evolution* **16**, 36–40.
- Omnès, R. (2005) *Converging Realities: Toward a Common Philosophy of Physics and Mathematics*, Princeton University Press.
- Orr, H.A. (2002) Book review: No Free Lunch, *Boston Review*, summer issue.
- Orr, H.A. (2005) Devolution, *The New Yorker*, 30 maj.
- Paley, W. (1802) *Natural Theology: Evidences of the Existence and Attributes of the Deity Collected from the Appearances of Nature*. Omtryckt av Lincoln-Rembrandt, Charlottesville, VA, 1986.

- Rasmuson, M. (2006) Deism mot darwinism, *Folkvett* 1/2006.
- Shallit, J. (2002) Book review: No Free Lunch, *BioSystems* **66**, 93–99.
- Sokal, A. och Bricmont, J. (1997) *Impostures Intellectuelles*, Odile Jacob, Paris.
Engelsk översättning *Intellectual Impostures*, Profile Books, London 1998.
- Wein, R. (2002a) Not a free lunch but a box of chocolates,
<http://www.talkorigins.org/design/faqs/nfl/>
- Wein, R. (2002b) Response? What response?
<http://www.talkorigins.org/design/faqs/nfl/replynfl.html>
- Wigner, E. (1960) The unreasonable effectiveness of mathematics in the natural sciences, *Communications in Pure and Applied Mathematics* **13**, 1–14.
- Wolpert, D.H. (2002) William Dembski's treatment of the no free lunch theorems is written in jello, <http://www.talkreason.org/articles/jello.cfm>
- Wolpert, D.H. och Macready, W.G. (1997) No free lunch theorems for optimization, *IEEE Transactions of Evolutionary Computation* **1**, 67–82.