

信息与物质的相互作用

——以人类语言与人脑的共同进化为例*

刘 艳 陈六君[†] 李小萌 陈家伟 狄增如

(北京师范大学系统科学学院, 100875, 北京)

摘要 以人类语言与人脑共同进化为例,阐述了信息与物质之间可能存在的一种相互作用.阐述了为人类语言与人脑的共同进化提供证据的已有研究结果,包括人类脑皮层语言区、人类语言和人脑进化过程、人类语言进化的遗传学基础.以此为基础,建立了一个动力学模型,刻画了人类语言发展和人脑发育的相互促进过程:语言发展水平可通过语言相关的基因突变所导致的脑功能进步来提高,而突变基因能否被正向选择取决于语言发展水平,只有满足一定条件的突变基因才能被正向选择.因此,人类语言和人脑经历了一个共同进化过程,该过程为分析信息与物质的相互作用提供了一个途径.

关键词 人类语言;人脑;共同进化;信息;物质

中图分类号 H0-09;Q981

DOI: 10.12202/j.0476-0301.2019273

物质、能量和信息是世界的3大组成部分.1905年,爱因斯坦提出了质能方程 $E=mc^2$,阐明了物质和能量之间的相互作用.现在人类已经进入了信息时代,既然能量和物质之间存在相互作用,那么信息和物质之间是否也存在相互作用呢?

虽然对信息的研究已经进行了一个世纪,但对信息与物质相互作用的研究却不多见.事实上,有一些案例可以看作信息与物质之间的相互作用.例如,核糖体将信使RNA携带的遗传信息翻译成氨基酸序列并合成蛋白质,这个过程反映了信息和物质之间的相互作用;再如,信息素会在同物种中引发社会反应^[1].信息素通过在个体间的信息传递引起同物种个体及其行为的改变,也可以看作是信息与物质之间的一种相互作用.

语言是人类用来交流和交换信息的主要媒介,因此,语言的本质是信息.人类脑皮层有几个语言区,包括布洛卡区(Broca's area)、韦尼克区(Wernicke's area)、角回(angular gyrus)和岛叶皮层(insular cortex)^[2].所有这些与语言相关的区域都表明了人类语言和人脑之间的密切关系.从人类的历史看,语言与人脑必然是相互作用和共同进化的.

本文总结了人类语言与人脑共同进化的一些证据,并在此基础上建立了一个动力学模型,用以分析人类语言和人脑共同进化的可能机制,从而将其作为一个例子来探索信息和物质之间可能的相互作用方式.

1 人类语言和人脑相互作用的证据

1.1 现代人类脑皮层语言区 现代人类的脑皮层有几个对语言和言语能力至关重要的脑区,这一现象可以作为人类语言与人脑相互作用的有力证据.

布洛卡区与语言的产生有关,也被认为与工作记忆相关,使人具有语言表达能力,布洛卡区损伤可导致运动性失语症(也称为布洛卡失语症)^[3].韦尼克区主要参与书面语言和口语的理解,通过神经通路与布洛卡区相连.该区域损伤可导致感觉性失语症(也称为韦尼克失语症)^[4].角回主要负责将视觉信息传递到韦尼克区,从而理解视觉感知的词语,同时还涉及与语言、数字处理、空间认知、记忆检索、注意力等相关的过程^[5].岛叶皮层与布洛卡区和其他语言中枢有直接联系,可能在协调语言和语音产生的高阶认知方面发挥重要作用^[6].

从进化的角度来看,语言与脑区之间的这种对应关系应该是语言与人脑共同进化的结果.

* 国家自然科学基金资助项目(71731002);国家自然科学基金青年科学基金资助项目(71701018)

[†] 通信作者:陈六君(1976—),女,副教授,博士.研究方向:复杂系统理论. e-mail: chenlj@bnu.edu.cn

收稿日期: 2019-10-15

1.2 人类语言和人脑在人类历史上的进化 人类语言产生的原因、时间及其如何演变成现代语言, 这些问题在“人类史前史”研究上有相当大的争议, 然而可以从解剖学和考古学研究中找到一些有意义的推论。

脑容量经常被用来描述人脑的发展(图1)。在390万年至290万年前, 南方古猿阿法种的脑容量约为390~550 mL。到了210万年至150万年前, 能人的脑容量约为510~690 mL, 比南方古猿阿法种的脑容量增加了约一半。直立猿人生活在距今180万至20万年前, 其脑容量约为690~1 200 mL。海德堡人生活在70万至30万年前, 其脑容量增加到约880~1 450 mL。尼安德特人生活在25万至4万年前, 其脑容量约为1 170~1 740 mL。智人生活在30万至1万年前, 其脑容量约为1 090~1 775 mL^[7]。

由图1可看出, 从能人到智人, 人类的脑容量经历了一个快速增长的时期。一些科学家指出, “能人或早期直立人的脑容量开始增大以及石器的首次出现是语言产生的刺激因素”^[8-9]。200万年前的能人可能就产生了原始语言, 因为在能人的头骨上发现了现代人脑的布洛卡区和不对称的大脑^[10-11]。

然而, 脑皮层的语言区只是人类具有语言能力的诸多生理条件的其中一个, 还有一个必不可少的生理条件是类似现代人类的喉结构。事实上, 能发出元音 [i]、[u] 和 [a] 需要一个完全下降的声道, 这是现代人类语言的基础。直到大约30万年前, 古代智人的颅底曲率达到了现代人的水平, 使得声道可以发出各种各样的人类语言, 这满足了人类获得语言技能的另一个关键要求^[12]。通过对尼安德特人的颅底和下颌的分析, 认为其喉部与婴儿和其他灵长类动物相似, 不太可能像现代人一样说话^[13-14]。复杂的语言能力被认为是智人相对于尼安德特人的优势^[15]。当现代人从4.5万到4.2万年前进入欧洲时, 他们与那里的尼安德特人竞争资源, 直到大约3.5万年前尼安德特人灭绝。

虽然关于语言的起源还没有一个普遍接受的理论, 但是研究表明人类语言的发展和人脑之间有着密切的关系, 人类语言能力的快速发展和人脑在人类进化过程中的快速增长是有可能相互促进的。一方面, 人类语言的发展促进了社会交流, 改进了生产技术, 刺激了脑的发育; 另一方面, 人脑的发展, 包括新的大脑区域的出现, 是语言和逻辑思维的生理基础。人类语言和人脑的这种共同进化可以看作是它们相互作用的一个重要方面。

1.3 人类语言和人脑相互作用的遗传学基础 越来越多的研究表明, 人类语言能力可能是遗传的。研究发现了与语言相关的染色体和基因。FOXP2 (forkhead box protein P2) 是第一个被发现与语言和言语能力相关的基因^[16-17]。进一步研究结果表明, 将人类 FOXP2 基因中的2个氨基酸替代引入到小鼠 FOXP2 基因中, 这样处理后的 FOXP2 等位基因对小鼠皮质基底神经节回路产生影响, 说明 FOXP2 基因可能对语言和言语能力的进化有重要作用^[18-19]。因此, FOXP2 基因突变可能对熟练语言和口语的出现至关重要^[18]。

目前研究认为人类和老鼠的共同祖先生活在大约7 000万年前, 从那时到现在, 人类 FOXP2 基因编码蛋白质的氨基酸序列只产生了3个变化, 其中2个发生在人类和黑猩猩分离之后, 该变化在人类语言出现前后加速了人类语言的进化^[20]。进一步研究表明, FOXP2 中2个氨基酸替代很可能改变了 FOXP2 转录因子调控对语言回路至关重要的基因表达网络的途径, 而该氨基酸替代在人类进化过程中得到了正向选择^[21]。

人类进化过程中 FOXP2 基因的突变对于语言的出现至关重要。FOXP2 基因的突变和正向选择有助于人脑适应语言和言语的习得, FOXP2 基因的进化也被证实对语言相关的皮层具有重要意义。目前的研究表明, 与人类语言能力相关的基因还有很多, 如 DCDC2、KIAA0319、ATP2C2、CMIP 等^[22-23]。此外, 脑皮层的发育在语言进化中发挥了重要作用。ASPM 和小头畸形基因是2种基因, 在这2种基因中, 突变会导致受影响的脑皮质尺寸严重缩小, 与 FOXP2 基因相似, 这2种基因在人类进化过程中都经历了强烈的正向选择^[24-25]。因此, 语言相关基因的突变及其进一步对人脑的影响, 可以被认为是人类语言与人脑相互作用的分子机制。

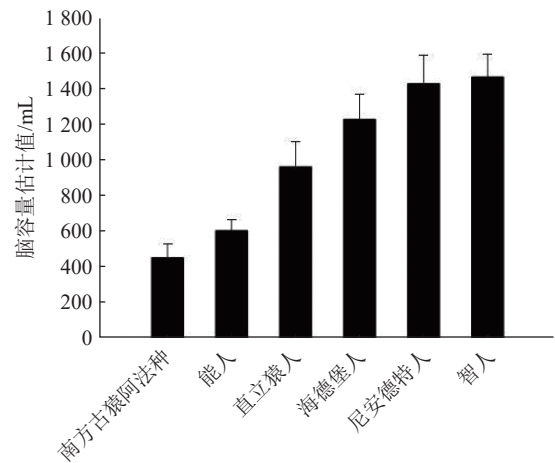


图1 人类进化过程中脑容量的增长^[7]

2 人类语言和人脑共同进化的模型

人类语言能力的发展和人脑的发展可能是相互促进的. 人类语言自出现以来经历了漫长的发展过程, 并逐渐演变为现代的形式, 具有相当高的复杂性. 在这一过程中, 社会习俗和生理结构都对语言发展产生了重要的影响. 具体来说, 社会习俗为语言交际提供了社会基础, 与语言能力相关的生理结构为言语和逻辑思维提供了物质基础. 反之, 人类语言的发展可以通过更多的脑力锻炼来刺激脑的发展.

2.1 动力学模型 建立了一个动力学模型来描述一个特定的人类种群的语言进化. 变量 x_L 描述语言发展的水平, 它也代表了语言的复杂性. 假设 x_L 按照 logistic 增长曲线演化^[26], 其上限受到各种因素的影响, 尤其受到与语言能力相关的社会发展水平和生理功能发展水平的影响. 其中, 与语言能力相关的社会发展水平用参数 S 来表示, 可以认为它对语言的发展有积极的影响. 例如: 语言可以在生产活动组织良好的社会中得到发展. 与语言相关的生理功能发展水平涉及脑容量的增长、布洛卡区的发育、声道的下降等方面, 本文主要关注脑的发育, 用变量 y_B 描述脑的发育水平. 为简化起见, 将 logistic 增长的上限设定为社会发展水平与脑发育水平的乘积. 所以, 语言发展水平的演化方程为

$$\dot{x}_L = \alpha \left(1 - \frac{x_L}{\eta y_B S} \right) x_L, \quad (1)$$

式中: α 为生长率参数; η 为量纲参数; 参数 S 设为定值, 它的动力学超出本文讨论范围. 脑发育水平 y_B 在人类进化过程中是提高的, 并且在此过程中基因突变可能发挥重要作用. 然而, 一个基因突变是否会对语言的发展水平产生进化影响, 取决于它能否在进化压力下被正向选择. 接下来模拟这些进化作用如何发挥它们对 y_B 的影响.

当一个与语言相关的基因发生突变时, 原来的群体会分化成无突变基因和有突变基因的 2 个群体. 设无突变基因群体的脑发育水平为 y_0 , 有突变基因群体的脑发育水平为 y_1 , 这 2 个群体的大小分别为 n_0 和 n_1 . 因此, 整个群体的脑发育水平可以通过以下方法平均得到

$$y_B = \frac{1}{n_0 + n_1} (n_0 \cdot y_0 + n_1 \cdot y_1). \quad (2)$$

脑发育水平 y_0 和 y_1 , 可以设成 logistic 增长的形式, 2 个群体有各自的上限值. 由于个体在给定基因组的前提下, 其生理功能的进化是非常迅速的, 所以这里忽略脑发育水平的动力学过程, 直接把它们设定在稳态, 也就是上限值. 设参数 K 为无突变基因群体的脑发育水平上限, δK 为基因突变引发的脑发育水平上限的额外增量. 在本文中, 只考虑了 $\delta > 0$ 的情况, 即只考虑对脑的发育有促进作用的基因突变. 具体地, 设定语言发展水平决定基因突变引发的脑发育水平额外增量的实现程度, 采用 Hill 函数 $f(x_L) = \frac{x_L^2}{L^2 + x_L^2}$ 表示, 其中 L 为参数. 因此, 脑发育水平可表示为

$$\begin{cases} y_0 = K, \\ y_1 = K(1 + \delta f(x_L)). \end{cases} \quad (3)$$

2 个群体大小的进化是由无突变基因群体和有突变基因群体之间的生存竞争驱动的, 微分方程可以设定为经典的生存竞争模型^[27, 28]:

$$\begin{cases} \dot{n}_0 = \beta_0(\phi_0 y_0 - n_0 - \rho n_1)n_0 - \gamma_0 n_0, \\ \dot{n}_1 = \beta_1(\phi_1 y_1 - n_1 - \rho n_0)n_1 - \gamma_1 n_1, \end{cases} \quad (4)$$

式中: β_0 和 β_1 为与生长相关的参数; γ_0 和 γ_1 为死亡率参数; ϕ_0 和 ϕ_1 表示从脑发育水平到可获得资源的转化率; $\phi_0 y_0$ 和 $\phi_1 y_1$ 分别表示 2 个群体各自的可获得资源 (假设每个群体的脑发育水平线性地决定它们的可获得资源, 例如, 更高脑发育水平意味着更高的资源搜索和收集能力, 或可以获得的资源类型更多); ρ 表示 2 个群体之间的竞争程度, $\rho = 1$ 为完全竞争, $\rho = 0$ 为不竞争.

图 2 为人类语言与人脑之间的相互作用示意图, 语言发展水平一部分由脑发展水平决定, 即脑发展水平为语言发展水平提供了“生理基础”. 与语言相关的基因突变引发了群体的分化, 使其分化为有突变基因群

体和无突变基因群体, 这 2 个群体之间相互竞争. 整个群体的脑发育水平是这 2 个群体的平均值. 有突变基因群体能否战胜无突变基因群体, 突变基因是否能被正向选择, 都受到当前语言发展水平的影响, 这种语言发展水平对脑的影响在图中表示为“选择”.

2.2 参数分析与模拟结果 下面来分析一个与语言相关的突变基因是如何被正向选择的. 在第一阶段, 群体中的所有个体共享相同的基因组, 没有基因突变. 语言发展水平接近于相应稳定态 $x_L \rightarrow \eta KS$. 然后在某个时刻 t_m , 一个与语言相关的基因在一个给定个体中发生突变, 并随后传递给他/她的后代. 这种基因突变能否被正向选择, 进而刺激语言的发展, 取决于有突变基因的群体能否在生存竞争中获胜.

为了关注如式 (4) 所示的生存竞争可能产生的结果, 将变量 y_0 和 y_1 设为常数, 这样稳定解就有 4 种:

- A. $n_0 = 0, n_1 = 0$;
- B. $n_0 = 0, n_1 = \phi_1 y_1 - \gamma_1 / \beta_1$;
- C. $n_0 = \phi_0 y_0 - \gamma_0 / \beta_0, n_1 = 0$;
- D. $n_0 = [\phi_0 y_0 - \gamma_0 / \beta_0 - \rho(\phi_1 y_1 - \gamma_1 / \beta_1)] / (1 - \rho^2)$,
 $n_1 = [\phi_1 y_1 - \gamma_1 / \beta_1 - \rho(\phi_0 y_0 - \gamma_0 / \beta_0)] / (1 - \rho^2)$.

A 解对应物种灭绝的状态; D 解代表 2 个群体长期共存的状态; B 解中, 有突变基因群体战胜无突变基因群体, 即突变基因被正向选择; C 解的情况与 B 解相反. 系统会到达哪个稳定解取决于参数集, 因此, 若想确保该动力学系统能到达 B 解, 即突变基因被正向选择, 有突变基因群体相对于无突变基因群体的竞争优势必须足够显著.

现在再来看 y_0 和 y_1 , 这 2 个变量遵循式 (3). 要使突变基因能被正向选择, 参数集需要满足 2 个先决条件:

1) 基因突变对脑发育水平的影响足够显著. 根据式 (3), 在基因突变时, 语言发展水平 $x_L(t_m)$ 必须达到一个相对于 L 足够高的水平, 使 $f(x_L) \gg 0$. 如式 (1) 所示, 由于基因突变发生时 x_L 已接近稳定态 ηKS , 这意味着社会发展水平 S 和脑发育水平 K 必须足够高, 以确保突变基因能够发挥潜在技能. 想如果一个基因突变发生在社会和脑发育水平很低的社会中, 个体没有机会运用与突变基因相关的新的潜在技能, 那么即使稳定态 ηKS 已经足够高了, 但如果基因突变发生时语言的发展水平远未达到稳定态, 最终 $f(x_L) \rightarrow 0$ 也是有可能的, 所以基因突变的时机是至关重要的.

2) 基因突变引发的脑发育水平额外增量足够大, 使得有突变基因群体的生存竞争优势足够强. 也就是说, 可利用资源 $\phi_1 y_1$ 必须比 $\phi_0 y_0$ 多足量. 如式 (3) 所示, 这一先决条件要求表示脑发育水平额外增量幅度的参数 δ 必须足够大, 这样才能使 y_1 相对于 y_0 有显著提高, 同时还要求表示从脑发育水平到可获得资源的转化率的比率 ϕ_1 / ϕ_0 必须足够高.

以下给出一个突变基因被正向选择并随后驱动语言发展的模拟结果. 图 3-a 显示了有突变基因群体和无突变基因群体之间的生存竞争过程. 初始条件为 $x_L(0) = 80, n_0(0) = 1000, n_1(0) = 0$. 首先, 语言发展水平向其极限值方向缓慢升高. 假设在 $t = 300$ 时发生了一个基因突变, 这时 n_1 设为 1, 表示一个语言相关的基因在一个个体中发生了突变. 这里参数设置为满足突变基因被正向选择的前提条件: $\alpha = 0.01, \eta = 1, S = 1, K = 100, \delta = 0.3, L = 50, \beta_0 = 0.0001, \beta_1 = 0.0001, \phi_0 = 20, \phi_1 = 20, \rho = 0.8, \gamma_0 = 0.08, \gamma_1 = 0.08$. 这样, n_1 稳定增长并最终达到全部人口.

图 3-b 显示了语言发展水平的进化过程. 根据式 (2) 可知, 有突变基因的群体在生存竞争中获胜, 将促使整个群体的脑发育水平 y_B 向更高水平发展. 进而, 语言的发展水平 x_L 也将达到更高水平.

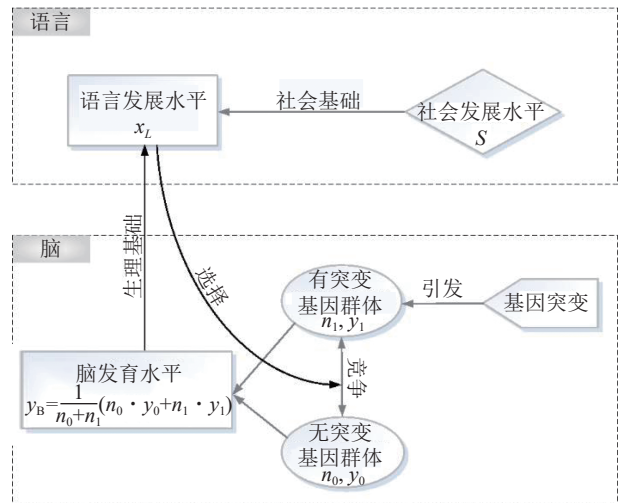


图 2 人类语言和人脑相互作用示意

3 结论

如果不考虑信息的影响,就无法理解复杂系统的很多性质.对于许多社会和生物系统来说,个体的学习和适应、它们之间的相互作用以及它们对环境的反馈等都是由系统内部信息决定的.信息与物质之间的相互作用是构成世界的主要成分之一.然而,不同于物质与能量之间的紧密联系,目前还很少有研究讨论信息与物质之间的相互作用.

本文通过对以人类语言和人脑的共同进化为例,讨论了信息与物质的一种可能的相互作用.从现代人类脑皮层的语言区、人类语言和人脑进化过程、人类语言进化中的遗传学基础等方面的已有研究中,总结了语言和脑相互作用的证据,并提出了一个人类语言和人脑共同进化的动力学模型.该模型刻画了人类语言发展和人脑发育的相互促进过程:一方面,语言水平可以通过与语言相关的基因突变所导致的脑功能进步来提高;另一方面,这些突变基因是否可以被正向选择取决于当前的语言发展水平.模型参数分析表明:只有满足一定条件的突变基因才能被正向选择,包括基因突变对脑发育水平的影响足够显著;基因突变引发的脑发育水平额外增量足够大,使得有突变基因群体的生存竞争优势足够强.

脑对人类的信息处理至关重要.随着脑科学的发展,信息与物质的相互作用可以得到更多研究.本文关于语言和脑共同进化的讨论实际上是在宏观层面上的,这个模型也只是一个宏观层面的模型.在微观层面,如突触可塑性,可能会发现更多关于信息和物质相互作用的证据.

4 参考文献

- [1] KARLSON P, LUSCHER M. Pheromones - new term for a class of biologically active substances[J]. *Nature*, 1959, 183(4653): 55
- [2] BINDER J R, FROST J A, HAMMEKE T A, et al. Human brain language areas identified by functional magnetic resonance imaging[J]. *Journal of Neuroscience*, 1997, 17(1): 353
- [3] RIJNTJES M, MUSSO M, GLAUCHE V, et al. Broca's area and the language instinct[J]. *Nature Neuroscience*, 2003, 6(7): 774
- [4] BOGEN J E, BOGEN G M. Wernickes region - where is it[J]. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1976, 280: 834
- [5] SEGHIER M L. The angular gyrus[J]. *The Neuroscientist*, 2012, 19(1): 43
- [6] OH A, DUERDEN E G, PANG E W. The role of the insula in speech and language processing[J]. *Brain and Language*, 2014, 135: 96
- [7] SCHOENEMANN P T. Hominid brain evolution[M]// BEGUN D. *A Companion to Paleoanthropology*. Chicester: Wiley-Blackwell, 2013
- [8] READER S M, LALAND K N. Social intelligence, innovation, and enhanced brain size in primates[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2002, 99(7): 4436
- [9] JONES S, MARTIN R, PILBEAM D. *The Cambridge encyclopedia of human evolution*[M]. Cambridge: Cambridge University Press, 1992
- [10] HOLLOWAY R L. Human paleontological evidence relevant to language behavior[J]. *Human Neurobiology*, 1983, 2(3): 105
- [11] LEAKEY R. *The origins of humankind*[M]. London: Weidenfeld and Nicolson, 1994
- [12] LAITMAN J, REIDENBERG J. Advances in understanding the relationship between the skull base and larynx with comments on the origin of speech[J]. *Journal of Human Evolution*, 1988, 3: 99
- [13] LIEBERMAN P, CRELIN E S, KLATT D H. Phonetic ability and related anatomy of the newborn and adult human, Neanderthal Man, and the Chimpanzee[J]. *American Anthropologist*, 1972, 74(3): 287

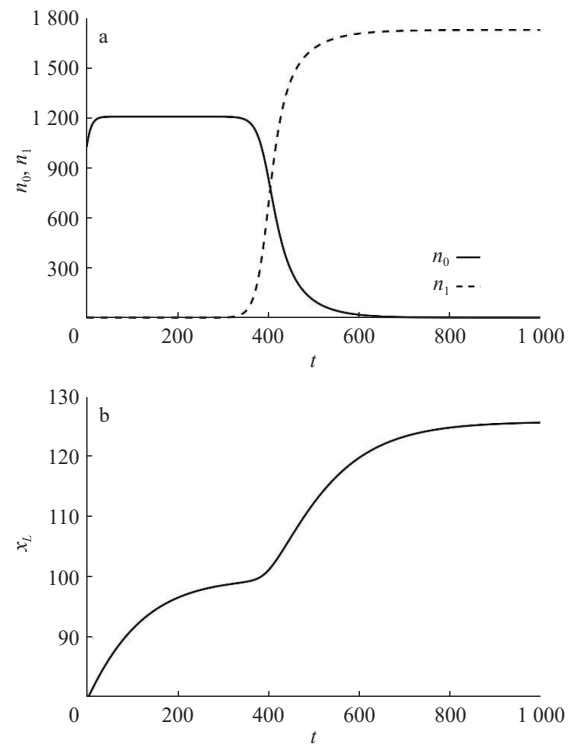


图 3 人类语言和人脑的共同进化模型模拟结果

- [14] LIEBERMAN P, CRELIN E S. On the speech of neanderthal man[J]. *Linguistic Inquiry*, 1971, 2: 203
- [15] LIEBERMAN P. *The biology and evolution of language*[M]. Cambridge: Harvard University Press, 1984
- [16] LIÉGEOISF, BALDEWEG T, CONNELLY A, et al. Language fMRI abnormalities associated with FOXP2 gene mutation[J]. *Nature Neuroscience*, 2003, 6(11): 1230
- [17] LAI C, FISHER S E, HURST J A, et al. A forkhead-domain gene is mutated in a severe speech and language disorder[J]. *Nature*, 2001, 413(6855): 519
- [18] SCHREIWEIS C, BORNSCHEIN U, BURGUIÈREE, et al. Humanized FOXP2 accelerates learning by enhancing transitions from declarative to procedural performance[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2014, 111(39): 14253
- [19] ENARD W, GEHRE S, HAMMERSCHMIDT K, et al. A humanized version of FOXP2 affects cortico-basal ganglia circuits in mice[J]. *Cell*, 2009, 137(5): 961
- [20] ENARD W, PRZEWORSKI M, FISHER S E, et al. Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language[J]. *Nature*, 2002, 418(6900): 869
- [21] KONOPKA G, BOMAR J M, WINDEN K, et al. Human-specific transcriptional regulation of CNS development genes by FOXP2[J]. *Nature*, 2009, 462(7270): 213
- [22] MOZZI A, FORNI D, CLERICI M, et al. The evolutionary history of genes involved in spoken and written language: beyond FOXP2[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 22157
- [23] SCERRI T S, MORRIS A P, BUCKINGHAM L, et al. DCDC2, KIAA0319 and CMIP are associated with reading-related traits[J]. *Biological Psychiatry*, 2011, 70(3): 237
- [24] EVANS P D, ANDERSON J R, VALLENDER E J, et al. Adaptive evolution of ASPM, a major determinant of cerebral cortical size in humans[J]. *Human Molecular Genetics*, 2004, 13(5): 489
- [25] EVANS P D. Reconstructing the evolutionary history of microcephalin, a gene controlling human brain size[J]. *Human Molecular Genetics*, 2004, 13(11): 1139
- [26] MAY R M. Simple mathematical-models with very complicated dynamics[J]. *Nature*, 1976, 261(5560): 459
- [27] RESCIGNO A. Struggle for life: I. two species[J]. *Bulletin of Mathematical Biophysics*, 1967, 29(2): 377
- [28] HIRSCH M W. Systems of differential-equations which are competitive or cooperative[J]. *Siam Journal on Mathematical Analysis*, 1982, 13(2): 167

The interaction of information and matter: a case study about the coevolution of human language and brain

LIU Yan CHEN Liujun[†] LI Xiaomeng CHEN Jiawei DI Zengru

(School of Systems Science, Beijing Normal University, 100875, Beijing, China)

Abstract Is there any interaction between information and matter? Coevolution of human language and brain as a case of interaction between information and matter is studied. First, evidence for possible coevolution of human language and brain as revealed by previous works is discussed. These include language-related areas in human cerebral cortex, evolution of human language and brain, genetic basis of evolution of language. A dynamic model is developed to examine mutual enhancement of human language and brain. Developmental level of language can be promoted by advances in brain function due to language-related gene mutations. Whether such mutations are positively selected can be influenced by developmental levels of language. Only mutations satisfying preliminary conditions are positively selected. Coevolution of human language and brain is a special case of interaction between information and matter.

Keywords human language; human brain; coevolution; information; matter