

进化论者如何帮助神创论者论证观点（第三部分）

坚守 40 年前的秘密

1982 年 1 月 5 日，一位联邦法官驳回了神创论者的法律诉讼，这一判决的影响将持续多年。奥弗顿法官驳回了阿肯色州的一项法案，该法案规定“本州公立学校应平衡地教授神创论和进化论”。

¹ 这项判决，以及几年后美国最高法院的另一项判决，使得美国绝大多数新近受训的科学家无法在主流科学教育中接触到年轻地球创造论（YEC）的专业科学文献。

不出所料，鉴于这种教育限制，调查显示，超过 98% 的博士科学家接受进化论。

同样不足为奇的是，这一统计数据被用来反驳创造科学的有效性。例如，理查德·道金斯就指出：

进化论是事实，我的书将证明这一点。任何一位受人尊敬的科学家都不会否认这一点，任何一位公正的读者在合上这本书后也不会对此产生怀疑。3 [重点为笔者所加]

从某种意义上说，道金斯的论证是循环论证。进化论者一直积极试图禁止在课堂上教授年轻地球创造论的

观点。然后，他们又反过来利用这种禁令的结果来证明年轻地球创造论是不科学的。

可检验的预测

奥弗顿法官 1982 年决定禁止公立学校课堂教授神创论，其第二个连锁反应源于他的论证。他首先阐述了他对科学的评判标准：

科学的基本特征是：

1. 它遵循自然法则；
2. 它必须参照自然法进行解释；
3. 它可以通过与经验世界的对比来检验；
4. 其结论是暂时的，也就是说，不一定是最终定论；
5. 它是可证伪的。4 [重点为 笔者所加]

然后他宣称：

创造科学……未能满足这些基本特征。5

进化论界四十年来一直重复着这种批评。例如，著名古生物学家奈尔斯·埃尔德雷奇在 1982 年指出：

创造科学根本就不是科学，创造论者也未能提出任何一条关于自然界的、具有逻辑说服力且可科学验证的论断。他们大量自费出版的书籍

和小册子中，至少有百分之九十五都在攻击传统科学。[创造论者]既没有提出任何可验证的假设，也没有做出任何名副其实的预测或观察。

6 [重点为笔者所加]

最近，一本权威的进化论教科书也用类似的逻辑驳斥了神创论者：

科学假设最重要的特征是可检验性……科学家无法检验全能上帝是否存在，或者祂创造了万物，因为我们不知道这些假设可能预测出哪些一致的模式。 7 [原文强调]

风水轮流转

我的书《取代达尔文》提出了可检验、可证伪的预测，未来的实验可以揭示这些预测的真假。

过去十年间，我和我的同事们发表了多篇论文⁸，从生物学的角度直面这一挑战。2017年，我出版了《取代达尔文》一书⁹，书中提供了主流科学界和法律界40年来一直要求的——可检验、可证伪的预测，未来的实验可以验证其真伪¹⁰。

对此，主流社会大多置之不理。鉴于过去40年来关于创造论/进化论的争论历史，我想我能理解其中的原因。

反驳年轻地球创造论

然而，一小部分年轻地球创造论（YEC）的批评者试图反驳 YEC 支持者的最新论点，包括我和我的同事发表的论文中的论点。他们的批评意义重大，原因有二。首先，他们代表了一群据称了解 YEC 技术性科学文献，却仍然拒绝接受 YEC 科学的 YEC 批评者。如果属实，这将反驳我的论点，即科学家拒绝 YEC 是因为他们被阻止接触到 YEC。其次，他们特别针对我们发表的可检验、可证伪的预测这一事实。

我此前已记录了¹¹，年轻地球创造论的主要反对者们最近是如何诉诸歪曲事实来支持他们的论点的。此外，当其中一位作者（大卫·麦克米伦，一位前年轻地球创造论者）被质问其学术不端行为的证据时，他不仅没有纠正，反而变本加厉地歪曲事实，并增添了更多内容。¹²

麦克米伦现在已经注意到这两篇文章，并在网上论坛上做出了回应（具体链接稍后奉上）。他的反应让我们得以窥见，对于进化论者而言，坚持“年轻地球创造论科学家无法做出可验证的预测”这一论断是多么重要。

初步提示

针对我最新发表的记录其不当行为的文章，麦克米伦再次歪曲了我的作品：

让森似乎异常愤怒。他无法相信我们读过他的作品却仍然不认同他的观点。¹³

事实上，我在他所回应的那篇文章中明确表达了相反的观点：

当然，年轻地球创造论者对麦克米伦问题的回答已经发表在麦克米伦屡次歪曲的第³⁸篇论文中。我相信他不会同意这个答案。但这可以留待以后讨论。更重要的问题是，麦克米伦拒绝准确呈现我们已发表的内容。他可以不同意我们的结论，但他不能屡次歪曲我们的立场，然后又称之为科学。如果你拒绝准确呈现某个立场，就不可能就此展开理性的科学讨论。¹⁴ [重点为笔者所加]

然后麦克米伦指责我歪曲了他的意思：

我们从未声称 Jeanson 和 Lisle 同意我们的反对意见。我们只是引用他们自己的话语指出，他们至少间接地意识到了他们模型的问题。

“Jeanson 和 Lisle (2016) 认识到后创造论范式面临的又一挑战。”既然我们引用的是 2016 年的论文，就不能断言他们在 2020 年的论文中同意这些反对意见。¹⁵

麦克米伦对自己论文的引用是否准确？以下是麦克米伦等人引用并回应 Jeanson 和 Lisle (2016) 论文的完整[上下文](#)：

事实上，Jeanson 和 Lisle (2016) 指出了后创造论（即 MacMillan 等人对现代年轻地球创造论观点的称呼）范式面临的另一个挑战：他们没有发现任何阻碍或障碍可以阻止物种最终出现，而这些物种如果进行比较，无疑会被视为代表不同的原始种类。他们指出：“因此，对于大量物种的起源，健全的年轻地球创造论解释不仅必须解释遗传机制如何产生多种表型，还必须解释这些过程如何没有将一种*种类*转化为另一种*种类*。”因此，后创造论者在试图展现科学严谨性的过程中，无意中揭示了恰恰证明了其模型相反的机制。如果他们无法找到任何障碍来阻止现代物种产生后代（按照他们的方法，这些后代似乎起源于不同的原始*种类*），那么他们就无法有效地论证他们目前认为代表不同*种类*的两个物种可能并非起源于同一个祖先分支。¹⁷

显然，MacMillan 等人引用了 Jeanson 和 Lisle(2016) 的论文来支持他们的观点。而且，正如我在之前的文章中指出的，MacMillan 等人错误地将我们并不持

有的观点强加于我们——而我们在他们引用的那篇论文中明确驳斥了这一观点。

尽管难以置信，但麦克米伦似乎认为我真的在试图论证詹森和莱尔在 2016 年就已经在预测未来，预料到批评家们会在 2020 年提出什么意见。（麦克米伦：“我们引用的是 2016 年的论文，却声称他们同意 2020 年论文中的反对意见，这实在说不通。”）我不确定除了那些有歪曲事实前科的人之外，还有谁能从我写的内容中得出这样的结论——我已经向麦克米伦证实了这一点。

麦克米伦随后试图回避我批评的主要内容——他声称我回避了他们批评的主要内容：

有趣的是，詹森并没有回应我们批评的实质内容，而是反复纠缠于这一个细枝末节的问题。

19

事实上，麦克米伦批评的主要内容已经得到了回应。我在本系列的第一篇文章中就此作出了直接回应：

此外，他们在论文中提出的许多科学观点早已被明确或隐含地探讨过。在他们论文末尾列出的长长的神创论参考文献中，明显缺少了《[取代达尔文](#)》（Replacing Darwin）一书——该书是专门为批评者撰写的，全面解释了年轻地

球创造论（YEC）物种起源的论述——也缺少了我之前在 BioLogos 网站上对达夫（Duff）提出的许多观点所做的直接[回应](#)，而这些观点也在论文中被重复提及。[20](#)

此外，如果麦克米伦所说的“微不足道”的问题真的如此无关紧要，他为什么不肯坦白自己的歪曲事实？我们已经就此问题进行了三轮交锋，他为何仍然拒绝如实转述我们的话？他的行为恰恰暴露了他对这个问题的轻视。

可检验的预测至关重要

麦克米伦随后开始揭示他如此强烈地抵制对神创论者所发表内容的真实描述的关键原因之一。

麦克米伦随后开始揭示他如此强烈地抵制对神创论者所发表内容的真实描述的关键原因之一。他的这番话解释了他许多行为的缘由。

我在之前的文章中揭露了他其中一个辩护理由的逻辑漏洞。他声称我的观点无法通过科学检验，尽管他刚刚发表了一篇论文，声称该论文已经证明了我的观点在科学上站不住脚。在网络论坛上，麦克米伦继续沿用这种自相矛盾的论调：

有很多荒谬的观点很容易被驳斥，但同时也缺乏可证伪、可验证、可检验的预测……詹森未能提出任何可验证、可检验的预测来验证他的模型，但这并不妨碍像@evograd 这样的人指出詹森模型的所有缺陷……年轻地球创造论最终是无法检验的，因为它基于信仰和对意识形态的坚持，而不是基于证据。然而，我们可以轻易地证明，年轻地球创造论提出的许多模型都彻底失败了。[21](#)

随后，麦克米伦不遗余力地捍卫他的观点，即我的论文不包含可检验的预测（鉴于后来在论坛上发生的事情，我已重点指出麦克米伦的一些关键主张）：

詹森反复强调（但徒劳无功）的观点围绕着我2016年的表述：如果他真的想证明他创建的杂合性模型有效，就应该用它来做出可验证的预测，但他并没有这样做。詹森辩称他确实做出了预测！当然，他所谓的预测不过是“我们预测新数据会像现有数据一样，因此可以用我们的模型解释”，这根本算不上什么有意义的预测。

詹森能否用他的模型做出实际的、有意义的、可验证的、可检验的、可证伪的预测？我不知道。我对此表示怀疑。然而，如果他真的做到

了，那么他的模型就很容易被证据证伪，而这并非他的初衷。他的“人为杂合性”模型似乎可以解释所有可能的数据，这意味着它实际上什么也解释不了。22

[N]他声称能够证明其模型稳健性的预测，实际上都无法证伪。23 [重点为笔者所加]

同一论坛上的一位神创论者强调了一点，任何读过我的论文或我的书《取代达尔文》的人都会明白这一点：

詹森做出了许多可进行科学验证的预测，并将它们写进了他的书中。24

麦克米伦加倍下注：

不，他没有。你能举出一个他做出的预测的例子吗？这个预测所预测的证据与主流模型不符，并且可以通过实际实验来证实或证伪。25

后来，麦克米伦进一步阐述了他的论点：

如果他想证明自己的模型稳健有效，他可以对尚未研究的物种进行突变漂移、碱基对差异计数等方面的预测。这些预测需要与主流模型的预测有所不同，并且必须是确定的。它们可以这样表述：“我的模型预测，一旦（此处插入两个物种）的基因组测序完成，我们将发现其

线粒体 DNA 碱基对差异约为 800 个碱基对，而不是（此处插入主流研究的实际结果）预测的约 50 个碱基对差异。”²⁶ [重点为笔者所加]

麦克米伦非常清楚地解释了他所说的“预测”是什么意思：

我们对“预测”一词的理解可能存在分歧。我在这里使用它的含义非常有限，**仅指预测未来的发现。**²⁷ [重点为笔者所加]

麦克米伦坚信我没有做出任何可验证的预测：

尽管让森已经连续四年提出相反的抗议，但他**并没有做出与主流模型不符的具体、明确且可检验的预测。**²⁸ [重点为笔者所加]

麦克米伦向年轻地球创造论的支持者们提出了挑战：

如果您不同意，请指出他**所做的预测**，**解释这些预测与主流模型预测结果有何不符**，并说明**哪些新的证据或发现可以证实或证伪这些预测。**²⁹ [重点为笔者所加]

麦克米伦对年轻地球创造论的观点态度坚决：

为了使一个新模型展现其解释力，其创建者需要证明它在某种可衡量的、现实世界的方式上

偏离了主流模型……这就是詹森所谓模型的问题所在。他只是重新定义了一堆东西，并塞入一些牵强的因素，拼凑出一个勉强能塞进他那短暂时间框架内的进化生物学版本，但他始终未能证明该模型的预测与主流预期存在偏差。他当然可以尝试证明这一点，但他并没有。我甚至提供了他可以如何证明的例子，但我不会替他做功课。他拥有哈佛大学的生物学博士学位；他应该有能力自己完成研究。30

捕捉

一位神创论者开始向麦克米伦指出，我发表的作品实际上确实做出了可检验的预测。

一位神创论者开始向麦克米伦指出，我已发表的作品实际上确实做出了可检验的预测。例如，摘自 Jeanson 和 Lisle (2016) 的论文：

对于那些绝大多数单核苷酸变异 (SNV，即单个 DNA 碱基变异) 无法用恒定突变率解释的物种，我们预测这些 SNV 最终将被证实具有功能性，而非无功能或功能中性。换言之，我们预测这些 SNV 将在分子水平上以某种积极的方式参与到每个生物体的生物学过程中。我们预期这些变异并非“垃圾”DNA、分子装饰物或对

生物体的生物学和功能有害，而是有助于生物体性状的发育、表达和/或运作。

相反，我们预期大多数突变衍生的变异（例如，在我们研究的大多数物种和“类群”中，SNV 仅占少数）在功能上是中性的或略微有害的。偶尔，其中一些突变体可能会参与物种形成过程（例如，参见 Lang 等人，2012），因此被视为“有益的”，但我们预计这些变异的主要影响是阻碍生物体的正常功能。

任何预测与未来结果之间的矛盾都会使我们的 CHNP（即，人为杂合性和自然过程）模型的某些方面受到质疑，并促使我们重新评估该模型。[31](#)

这些预测与未来尚未进行的实验有关；这些预测是具体的；它们是可证伪的；并且它们与进化的预期形成了鲜明的对比（例如，参见关于 DNA 功能进化预期的参考论文 [32](#)）。

值得注意的是，这些预测也来自我们三篇系列文章的主题——论文 [33](#)，而麦克米伦一再歪曲了这篇论文。

回溯

麦克米伦是如何回应的？承认错误吗？不。他说：

问题在于状语从句“对于那些绝大多数 SNV 无法通过随时间推移的恒定突变率来解释的物种来说……”

一开始就走偏了。这个条件语句允许他挑选符合条件的数据。这是个循环论证……预测不可能“错误”，因为它给了他选择要包含哪些数据的选项。34 [重点为笔者所加]

如果你一直密切关注我们之前的交流，那么你可能不会对他的论断的答案感到惊讶。没错，那些“条件”在论文本身中都有明确清晰的定义。例如，对于人类，我们明确指出：

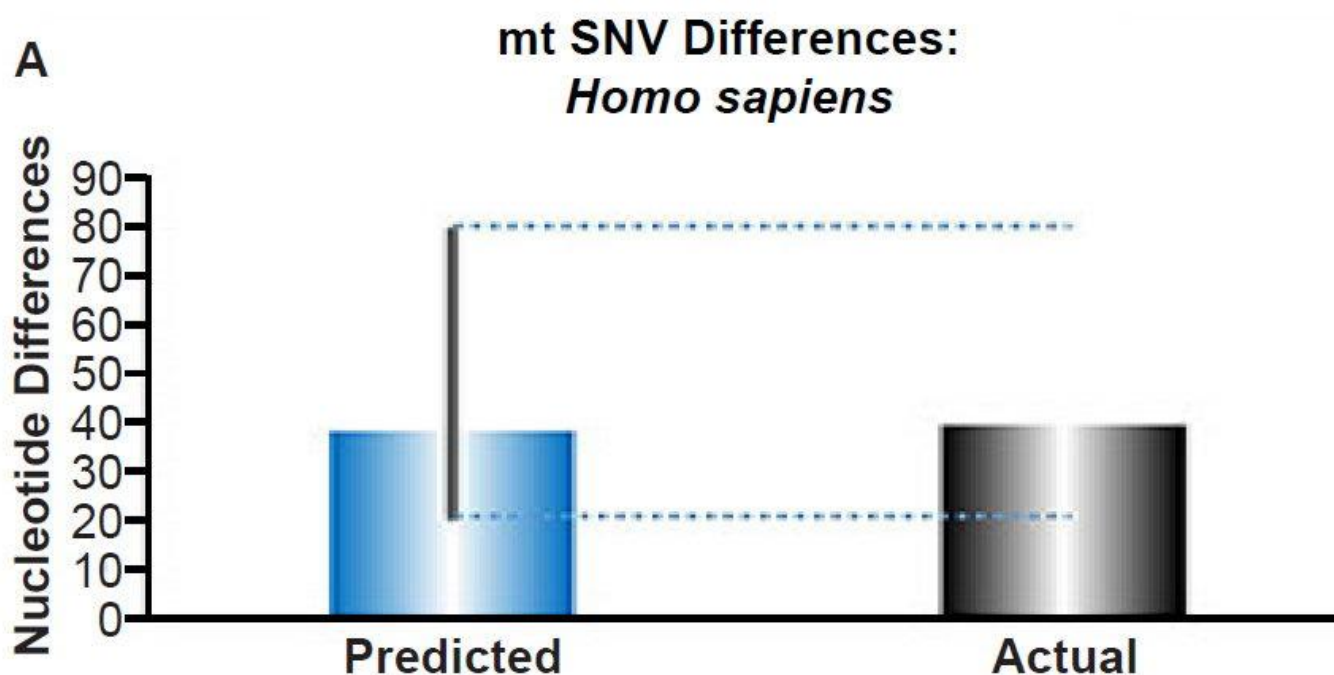
为了更清楚地说明，全球人类群体中已鉴定出超过 8400 万个 SNV（即单碱基 DNA 变异）位点（1000 基因组计划联盟等，2015）。根据定义，罕见变异占据了这 8400 万个位点的大部分。由于常见变异会在不同个体的相同位点出现，因此它们只占少数——虽然出现频率高，但对不同位点的总数贡献甚微。相比之下，每个个体平均仅存在 350 万至 430 万个 SNV，且单个个体中绝大多数 SNV (>80%) 为常见变异（1000 基因组计划联盟等，2012，2015）。因此，在每个个体中，超过 80% 的核单核苷酸变异（SNV）（按“常见变异”标准为 80%；按图 3B

为 98% 以上) 是由于在创世周期间亚当和夏娃通过神迹创造而产生的等位基因的遗传所致, 而个体中虽少但意义重大的核 SNV 则是由创世以来发生的突变造成的。

³⁵ [原文斜体; 粗体为后加]

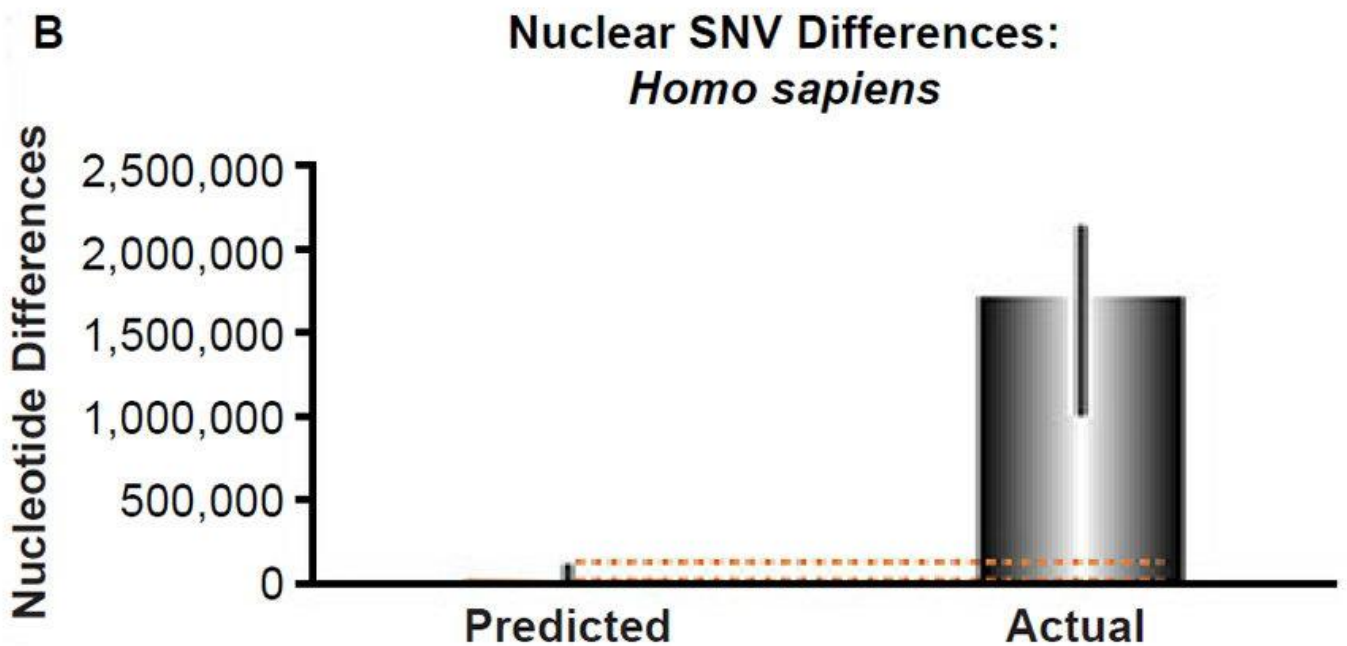
如果这还不够清楚, 我们进一步解释了“绝大多数 SNV”的含义, 即“无法用恒定的突变率来解释的 SNV”。例如, 请看右侧人类的结果——特别是该论文图 3 的 (B) 部分, 如下所示:

图 3. 人类 mtDNA 和核 DNA SNV 时钟之间的矛盾。



(A) 利用已测得的非非洲人群线粒体 DNA (mtDNA) 全基因组的单核苷酸变异 (SNV) 突变率, 假设 6000 年间 DNA 变化速率恒定, 预测了 mtDNA SNV 差异的数量。并将该预测值与非非洲人群当前的 mtDNA SNV

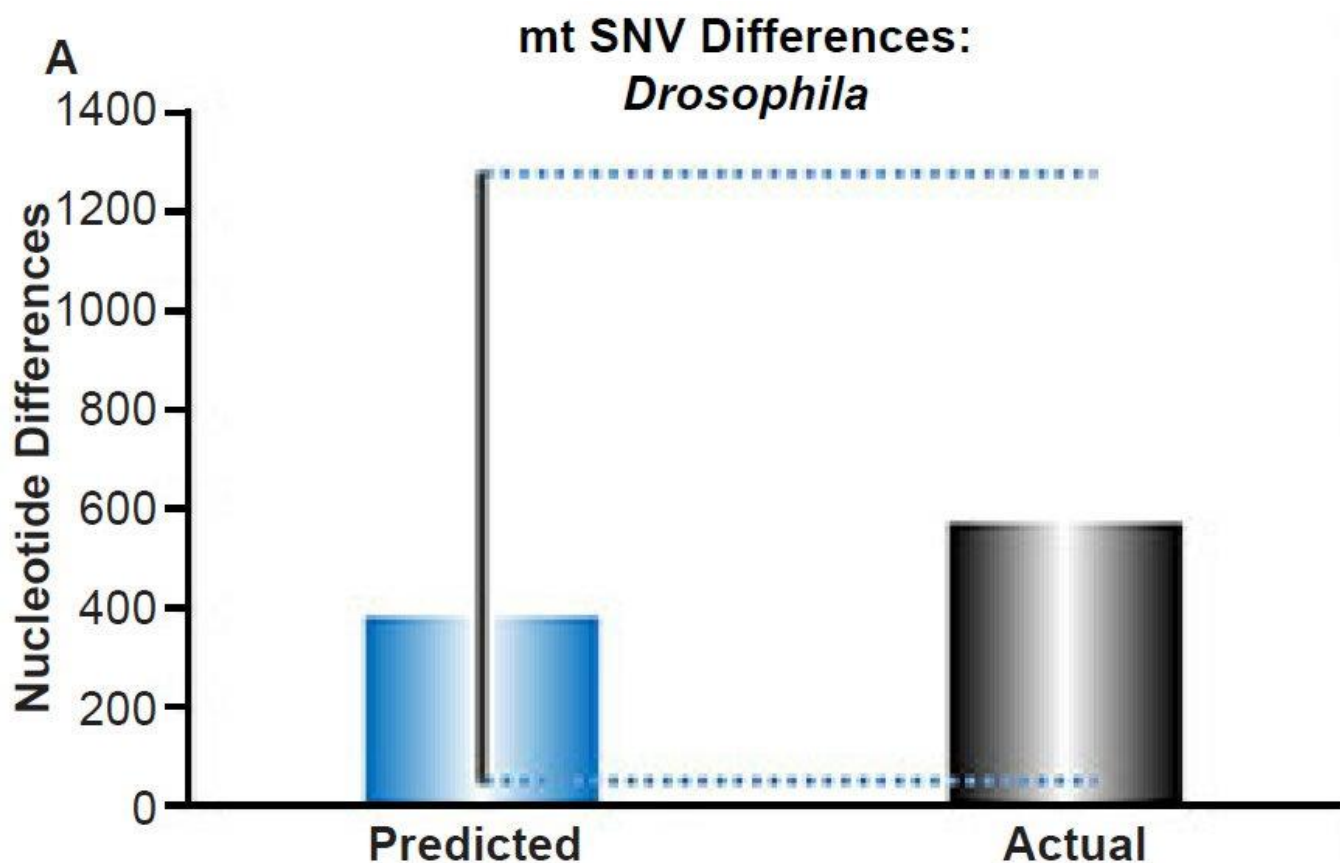
差异水平进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异，粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围下预测值的范围（“预测”柱状图）。如图中虚线所示，预测的差异数量与非非洲人群当前的差异数量存在重叠。改编自 Jeanson (2015b) 的图 1。



(B) 利用人类全核 DNA 基因组的 SNV 突变率，假设 DNA 变化速率在 6000 年间保持恒定，预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与来自几个不同非非洲族群个体的杂合度估计值进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异，粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围下预测值的范围（“预测”柱状图）。对于“实际”柱状图，粗黑线代表目前已报道的非非洲族群核 DNA 差异的范围。如虚线所示，预测值明显低估了实际差异。

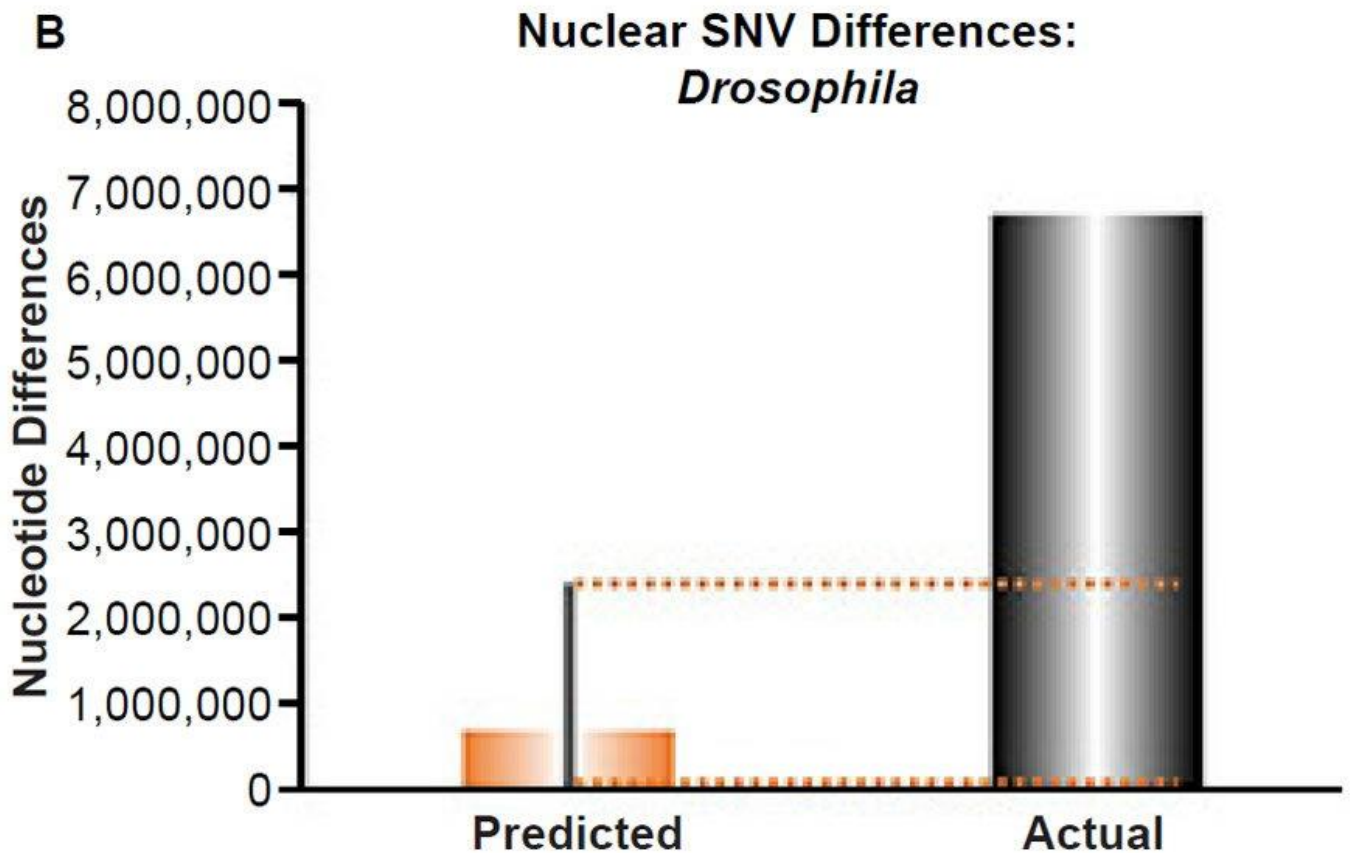
对于果蝇，请参考 Jeanson 和 Lisle (2016) 的图 4 的 (B) 部分：

图 4. 果蝇线粒体 DNA 和核 DNA SNV 时钟之间的矛盾。



(A) 利用果蝇 (*Drosophila melanogaster*) 整个线粒体 DNA (mtDNA) 基因组的实测 SNV 突变率，假设 DNA 变化速率在 6000 年间保持恒定，预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与果蝇和拟果蝇 (*D. simulans*) 之间当前的 mtDNA SNV 差异水平进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异，粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围下预测值的范围 (“预测”柱状图)。如虚线所示，预

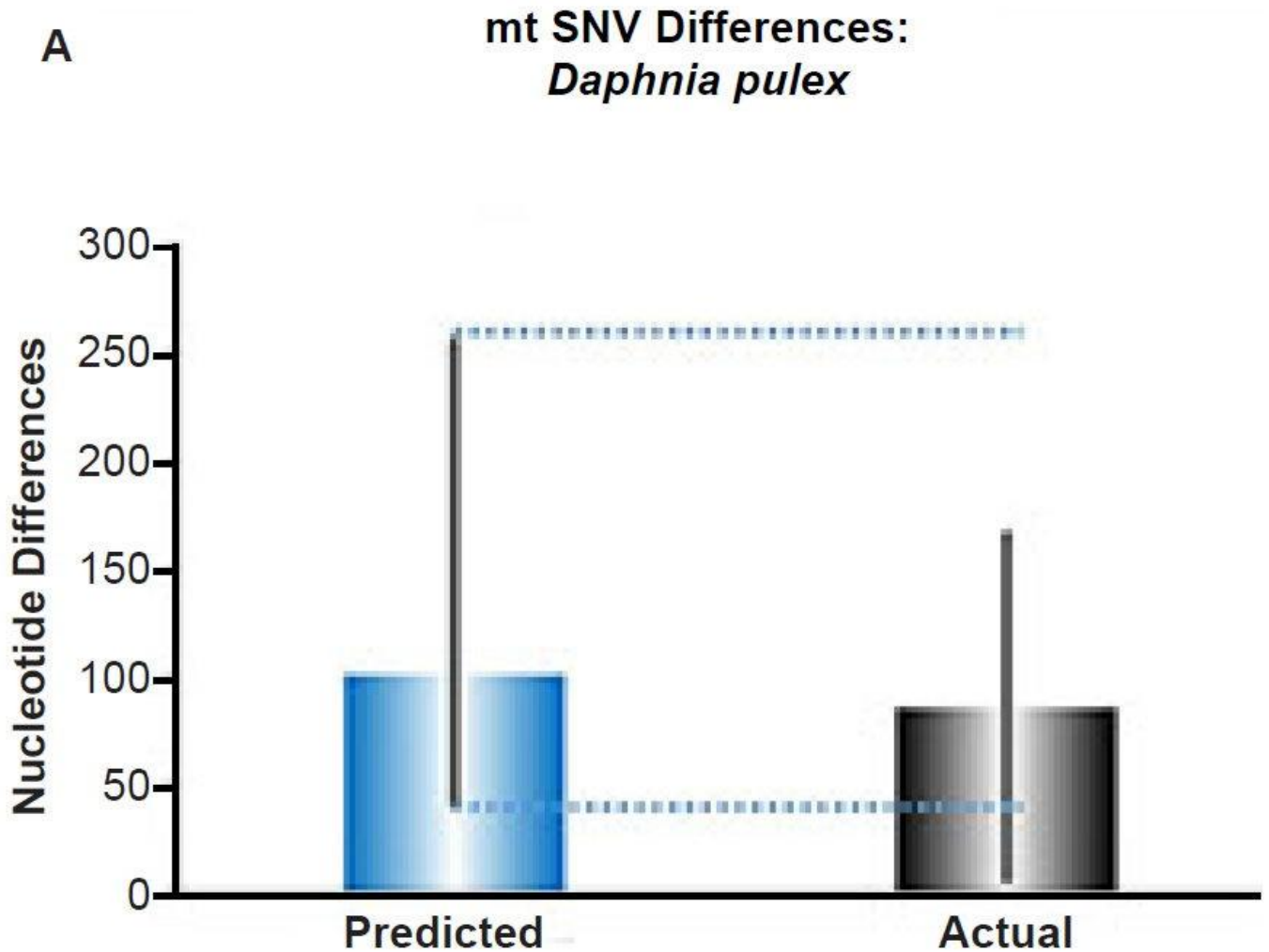
测的差异数量与这两个物种之间当前的 mtDNA 差异水平相符。改编自 Jeanson (2015a) 的图 9。



(B) 利用果蝇 (*Drosophila melanogaster*) 全核 DNA 基因组的实测 SNV 突变率, 假设 DNA 变化速率在 6000 年间保持恒定, 预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与果蝇 (*D. melanogaster*) 和拟果蝇 (*D. simulans*) 之间当前的核 SNV 差异水平进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异, 粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围下预测值的范围 (“预测” 柱状图)。如虚线所示, 预测值明显低估了实际差异。

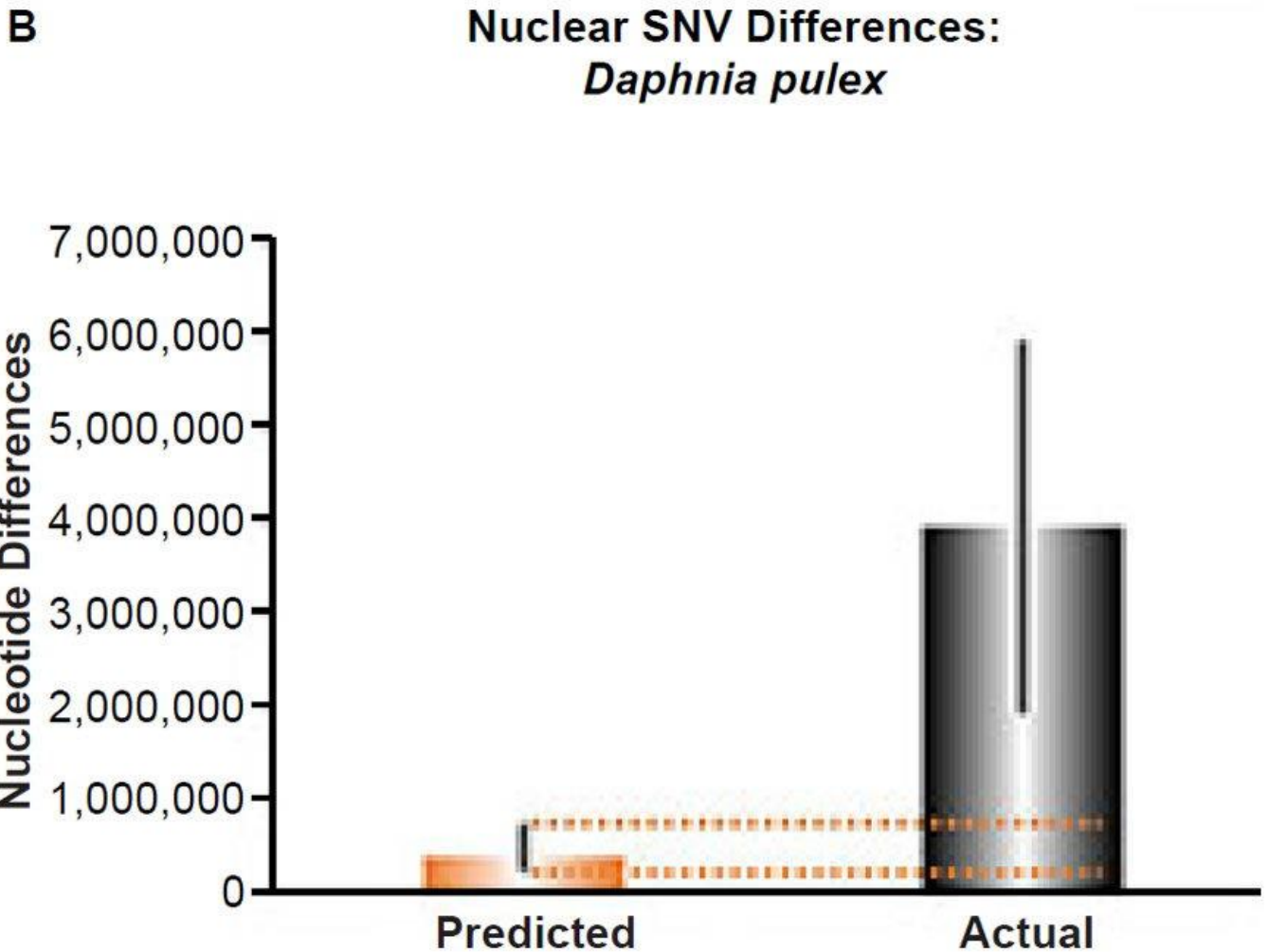
至于水蚤, 请参考图 5 的 (B) 部分:

图 5. 水蚤 (*Daphnia pulex*) 中 mtDNA 和核 DNA SNV 时钟之间的矛盾。



(A) 利用水蚤 (*Daphnia pulex*) 整个线粒体 DNA (mtDNA) 基因组的实测 SNV 突变率, 假设 DNA 变化速率在 6000 年间保持恒定, 预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与水蚤个体间的最大 SNV 差异进行了比较。图中每个彩色柱状图的高度分别代表平均 (“预测” 柱状图) 或最大 (“实际” 柱状图) DNA 差异, 粗黑线代表 95% 置信区间 (“预测” 柱状图)。如图中虚线所示, 预测的差异数量与这些个体间

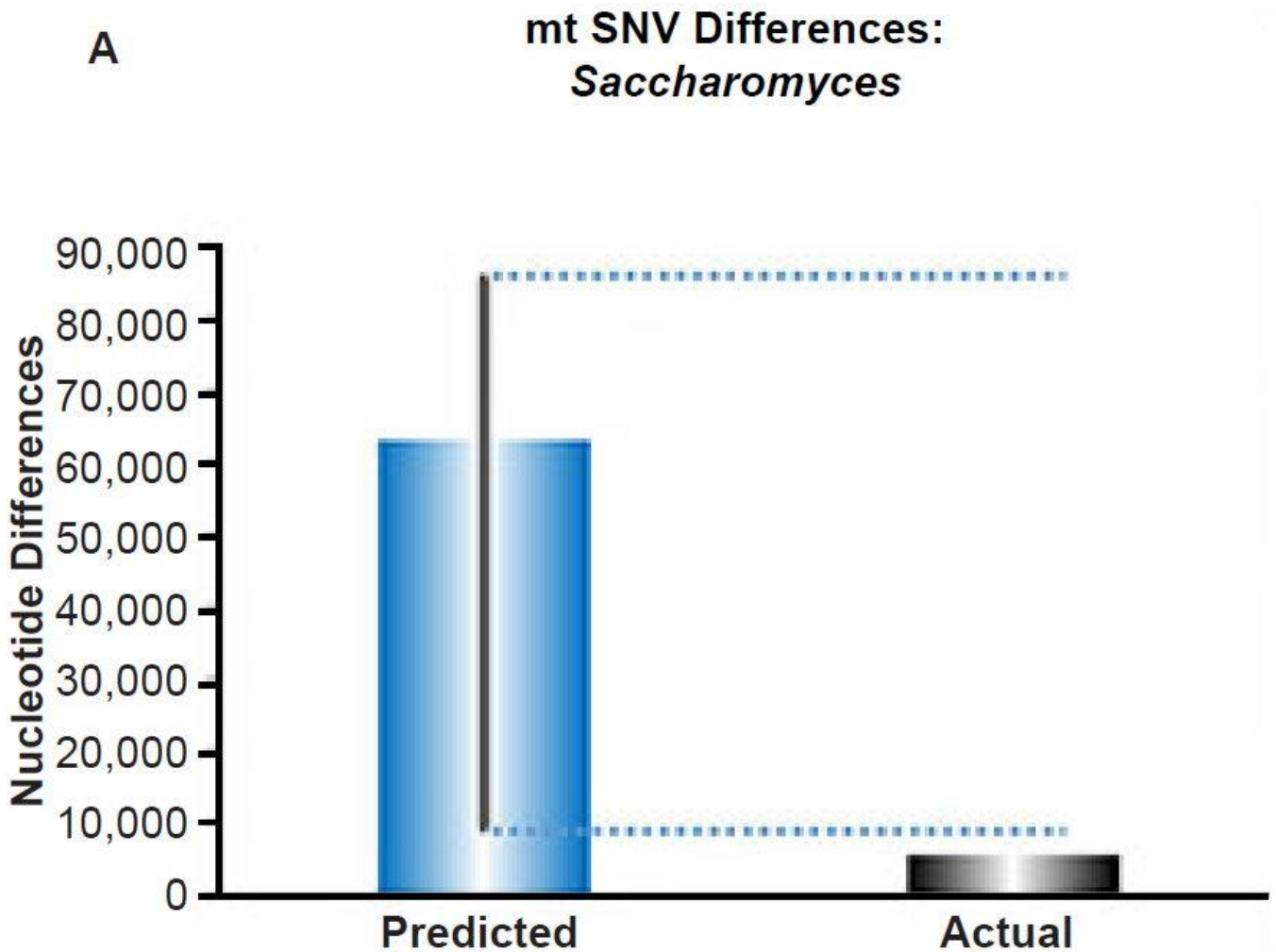
mtDNA 差异的当前最大值基本吻合。改编自 Jeanson (2015a) 的图 10。



(B) 利用水蚤 (*Daphnia pulex*) 全核 DNA 基因组的实测 SNV 突变率, 假设 DNA 变化速率在 6000 年间保持恒定, 预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与当前水蚤个体间核 SNV 差异水平的估计值进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异。粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计值范围 (“预测” 柱状图) 或已知水蚤个体间杂合度水平范围下预测值的范围。如虚线所示, 预测值明显低估了实际差异。

至于酵母，请参考图 6 的 (B) 部分：

图 6. 酵母中 mtDNA 和核 DNA SNV 时钟之间的矛盾。

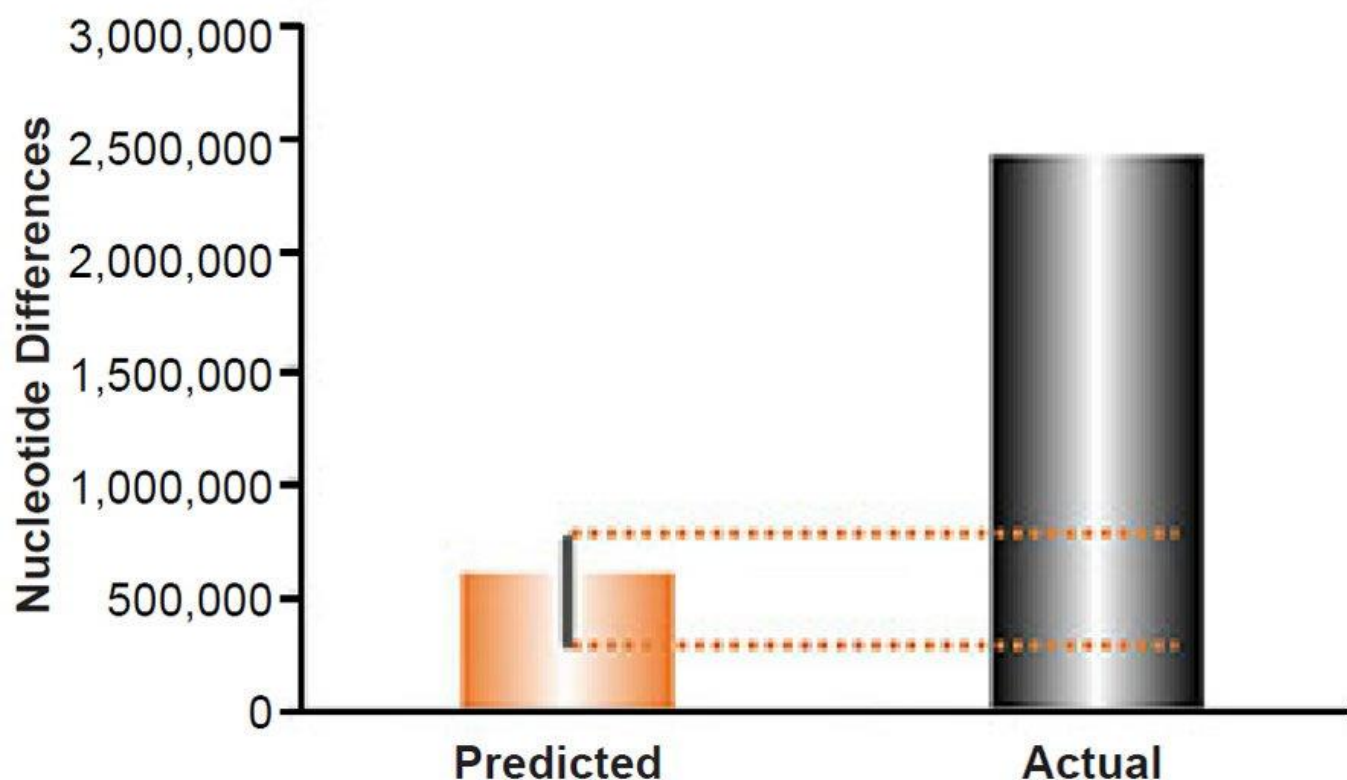


(A) 利用酿酒酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) 整个线粒体 DNA(mtDNA)基因组的实测 SNV 突变率，假设 DNA 变化速率在 6000 年间保持恒定，预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与酿酒酵母和奇异酵母 (*S. paradoxus*) 之间当前 mtDNA SNV 差异水平的估计值进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异，粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围下预测值的范围 (“预测”柱状图)。如图

中虚线所示，预测的差异数量高估了这些物种之间当前的 mtDNA 差异水平。

B

Nuclear SNV Differences: *Saccharomyces*



(B) 利用酿酒酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) 全核 DNA 基因组的实测 SNV 突变率，假设 DNA 变化速率在 6000 年内保持恒定，预测了 SNV 差异的数量。并将该预测值与酿酒酵母和奇异酵母 (*S. paradoxus*) 之间当前核 SNV 差异水平的估计值进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异，粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围的情况下预测值的范围 (“预测”柱状图)。如虚线所示，预测值明显低估了实际差异。

看看我们是如何定义“绝大多数 SNV”的，这些 SNV “无法通过随时间推移的恒定突变率来解释”，分别针对特定植物物种、黑猩猩和小鼠：

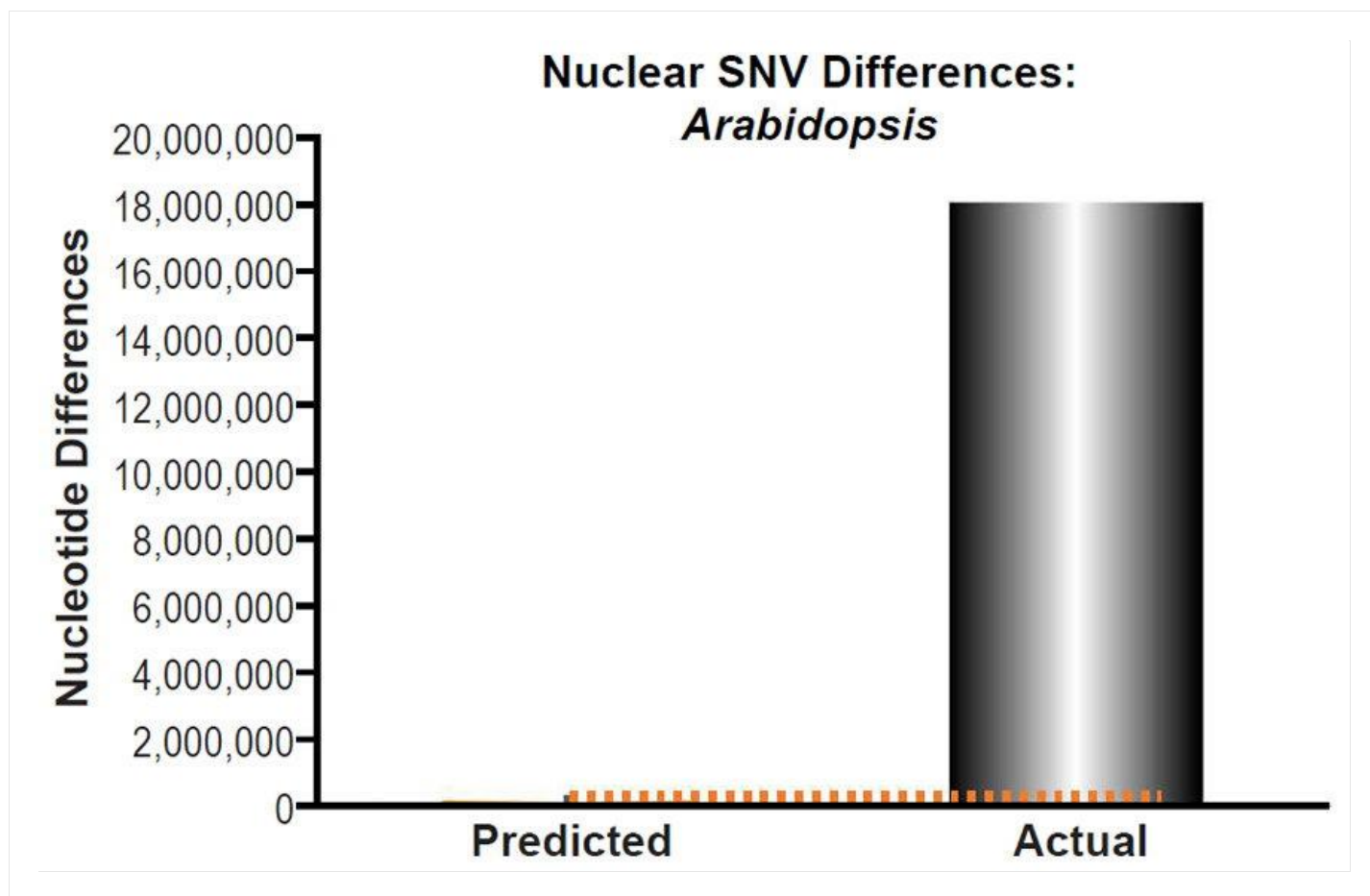


图 12. 突变无法解释拟南芥核单核苷酸变异 (SNV) 的差异。利用拟南芥近纯合个体整个核 DNA 基因组的 SNV 突变率，假设 DNA 变化速率在 6000 年内保持恒定，预测了 DNA 差异的数量。并将该预测值与拟南芥和琴叶拟南芥 (*A. lyrata*) 之间当前的核 SNV 差异水平进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异，粗黑线代表在给定突变率误差和世代时间估计范围的情况下预测值的范围 (“预测”柱状图)。如图中虚线所示，预测值明显低估了实际差异。

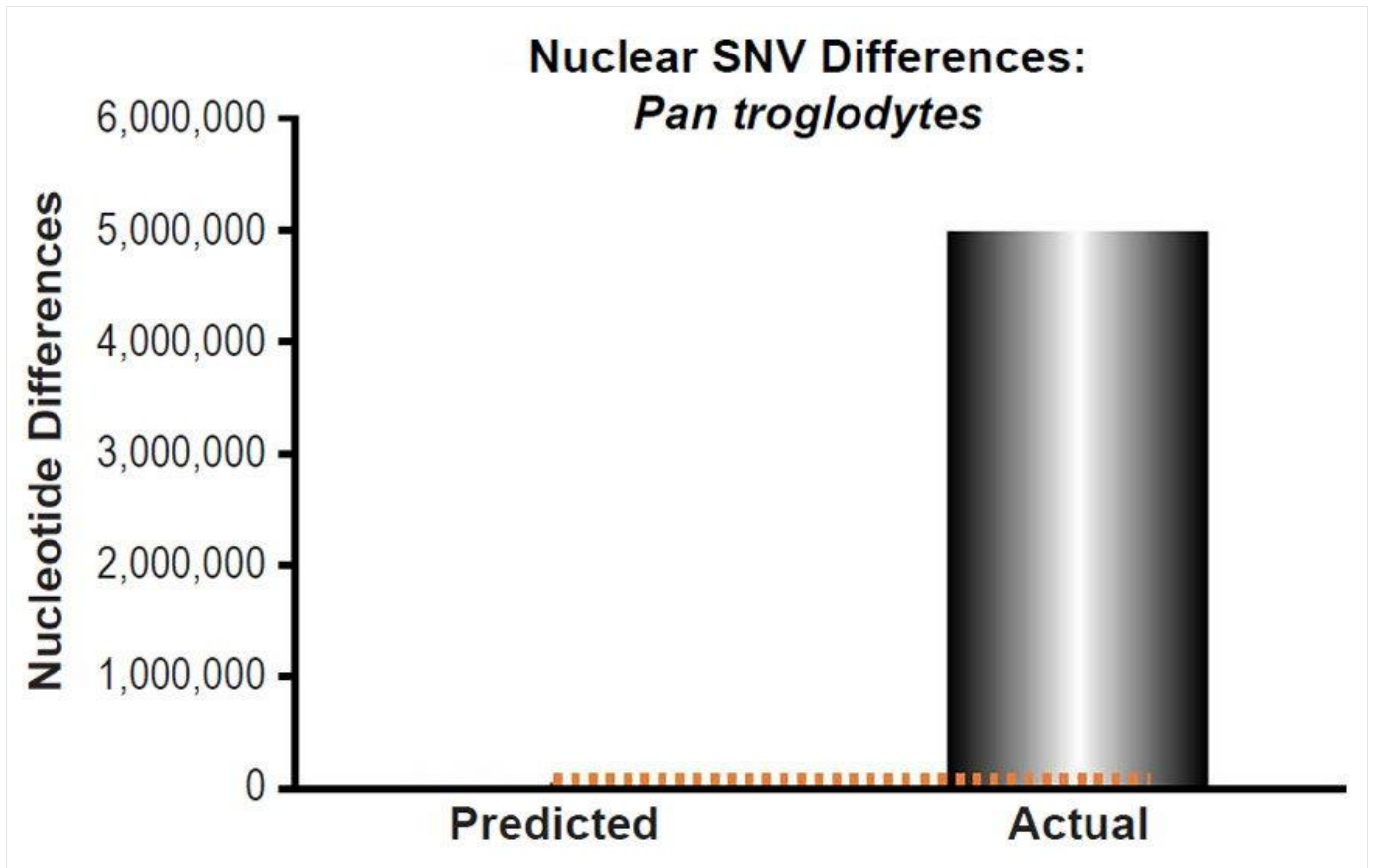


图 14. 突变无法解释黑猩猩核基因组单核苷酸变异 (SNV) 的差异。利用黑猩猩 (*Pan troglodytes*) 整个核基因组的实测 SNV 突变率, 假设 6000 年间 DNA 变化速率恒定, 预测了 DNA 差异的数量。并将该预测值与已发表的黑猩猩亚种个体平均 SNV 值中的最高值进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异, 粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围的情况下预测值的范围 (“预测”柱状图)。如图中虚线所示, 预测值明显低估了实际差异。

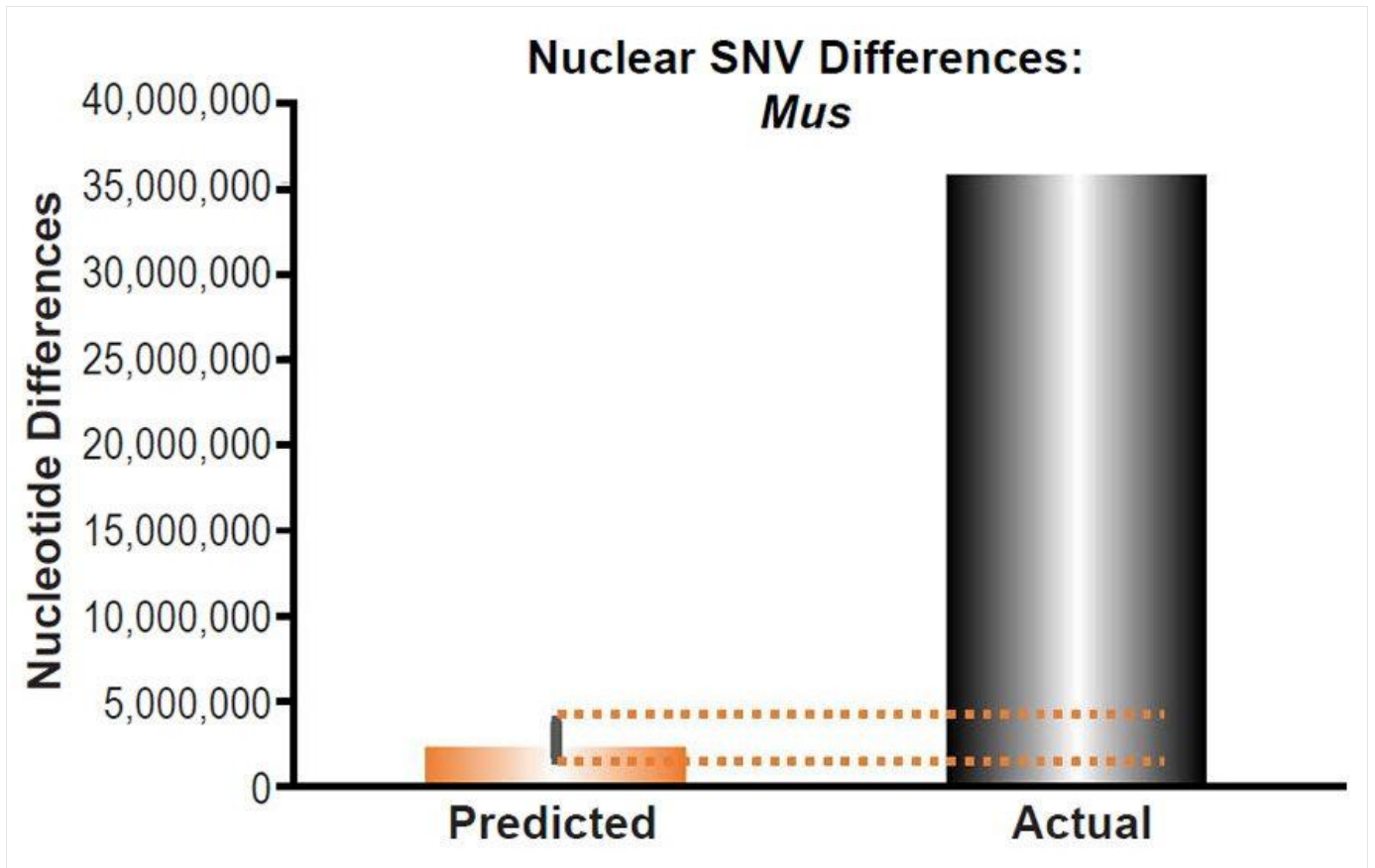


图 15. 突变无法解释小鼠核基因组单核苷酸变异 (SNV) 的差异。利用已测得的小鼠 (*Mus musculus*) 全基因组核 DNA 的 SNV 突变率, 假设 DNA 变化速率在 6000 年内保持恒定, 预测了 DNA 差异的数量。并将该预测值与实验室小鼠品系和源自欧洲野兔 (*Mus spretus*) 的品系 (SPRET/EiJ) 之间的 SNV 差异数量进行了比较。每个柱状图的高度代表平均 DNA 差异, 粗黑线代表在已知突变率误差和世代时间估计范围的情况下预测值的范围(“预测”柱状图)。如图中虚线所示, 预测值明显低估了实际差异。

具体详细数据请参见论文中的补充表 6。

³⁶ 请查阅该表, 看看能否发现任何定义不明确之处。

我们还可以继续举论文中的更多例子，但我认为这个例子已经很清楚地说明了问题。我们的论文对麦克米伦错误地声称是“条件性”和“循环论证”的术语给出了明确具体的定义，这些定义赋予了我们“选择他想要纳入哪些数据的权利”。

麦克米伦在第二个例子中也表现出了同样的行为。他面对的是我发表的另一篇关于年轻地球创造论的声明——一个清晰、具体、可检验、可证伪的预测，未来的实验可以揭示其真假——该预测是关于人类遗传学的：

我预测，非洲人群中最具多样性的群体，其线粒体 DNA 的突变率将比本文报道的快约 2 倍（例如，每代每个基因组发生 0.2 至 0.3 次突变，而不是每代每个基因组发生 0.16 次突变）。
³⁷ [重点为笔者所加]

麦克米伦试图以与反驳其他说法类似的方式反驳这一说法：

当然，他可以选择那些符合他预测的非洲群体作为“最具多样性”的群体，而如果考虑他添加的更多人为因素，他就会说任何不符合他预测的群体“实际上并没有那么多多样性”。一个

允许随意挑选数据的预测根本就不能称之为预测。38 [重点为笔者所加]

你能猜到“非洲最多元化群体”的定义出自哪里吗？没错，就在我上面引文的前一段（也是在做出可验证的预测之前）：

mtDNA 数据库中差异最大的人类之间的碱基对相差 123 个（Kim 和 Schuster 2013）39 [重点为笔者所加]

这个定义明确且有参考文献（即主流的 Kim 和 Schuster 2013 年论文⁴⁰）；它采用了 MacMillan 要求的术语（“碱基对”）；未来的观察可以揭示这一预测的真假。换句话说，这是一个可证伪的论断。

因此，即便矛盾的数据摆在麦克米伦面前，他也拒绝承认。他无法承认神创论者确实能做出可检验的预测。在这个问题上，他似乎根本不可能让步。

为什么？

终局

四十年来，进化论者一直坚决拒绝将年轻地球创造论（YEC）纳入主流教育课堂。他们认为，由于 YEC 无法做出可检验、可证伪的预测，因此不应在主流科学课堂上教授。结果，由于在教育过程中被排除在 YEC 的

理论之外，绝大多数主流科学家都支持进化论而非 YEC。随后，进化论者便利用这一事实来反驳 YEC 的有效性。

如果进化论者承认年轻地球创造论科学家已经发表了可检验、可证伪的预测，会发生什么？针对年轻地球创造论的法律诉讼就会崩溃。

附录

迄今为止，麦克米伦等人并非唯一对我的最初文章做出回应的年轻地球创造论科学批评者。有些人甚至发起攻击，试图揭露年轻地球创造论者同样犯有科学不端行为和其他所谓的罪行。然而，目前为止，他们中没有一人承认麦克米伦等人的错误和歪曲事实。这种沉默——以及他们的反应——耐人寻味。

未来，我们将发表一些简短的博客文章，回应一些更离谱的说法（参见[《为什么这么多人拒绝创造科学？》](#)）。

读完这篇文章，你心里是否有一些触动？有没有一些新的想法，或者值得你认真思考的问题？或许，你也开始重新思考自己的信仰和人生的方向。

如果你愿意，现在就可以向上帝祷告，打开心门，成为祂的儿女。祷告不需要华丽的言辞，只要一颗真诚的心。你可以这样祷告：

天父上帝，

今天我来到你面前，愿意立定心志，宣告我相信耶稣基督是我的救主，是我生命的主。我愿意离开过去那些不讨你喜悦的生活方式，求你赦免我的过犯。靠着你的恩典，帮助我学习顺服你、爱人如己，活出你所赐的新生命。求圣灵每天引导我、扶持我，使我一生荣耀你的名。奉主耶稣基督的名祷告，阿们。

如果你已经做了这个祷告，愿你知道，你并不孤单。信仰的道路需要陪伴和成长。鼓励你在自己居住的地方，寻找一间合适的教会，与弟兄姐妹一同聚会、学习和成长。

如果你有任何疑问，或在信仰上需要帮助，欢迎随时写信与我们联系。我们愿意倾听，也愿意与你一同前行。