

Научная статья

УДК 343.98; 575.113

DOI 10.33184/pravgos-2022.1.2

**Аминев Фарит Гизарович¹, Гарафутдинов Равиль Ринатович²,
Чемерис Алексей Викторович^{2,3}, Михайленко Константин Иванович^{2,4},
Сагитов Александр Муфазалович⁵**

¹Башкирский государственный университет, Уфа, Россия

¹faminev@mail.ru

²Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Россия

²garafutdinovr@mail.ru

³chemeris@gmail.com

⁴const@mail.ru

⁵ООО «Рост-консалт», Уфа, Россия

⁵amsbon@mail.ru

О ВОЗМОЖНОСТЯХ ПРИМЕНЕНИЯ НОВЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ В ЦЕЛЯХ ВСЕОБЩЕЙ ГЕНОМНОЙ РЕГИСТРАЦИИ НАСЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Аннотация. Актуальность рассматриваемой темы заключается в том, что в условиях сложной ситуации в стране (рост организованной преступности, экстремизма и терроризма) повышается роль одного из видов криминалистической регистрации – геномной регистрации. В статье рассмотрены актуальные проблемы формирования, накопления и использования геномной (ДНК) регистрации с применением новых технологий ДНК-идентификации, показано отношение различных слоев населения к всеобщей геномной регистрации в Российской Федерации, разработаны рекомендации по решению этических, организационно-технических, методологических и финансовых проблем при проведении геномной регистрации, показаны возможности повышения качества раскрытия и расследования преступлений в результате проведения всеобщей геномной регистрации населения России. *Целью* данной работы является анализ и разработка возможных путей решения правовых проблем за счет применения новых технологий для ДНК-идентификации личности при проведении всеобщей геномной регистрации населения Российской Федерации. *Методы:* эмпи-

© Аминев Ф.Г., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В., Михайленко К.И., Сагитов А.М., 2022

рические методы сравнения, описания, интерпретации; теоретические методы формальной и диалектической логики; частнонаучные методы: анализа результатов полимеразной цепной реакции и оцифровки нуклеотидов, социального опроса и толкования правовых норм. *Результаты:* исследование позволило выявить современное состояние различных направлений ДНК-анализа и разработать пути решения правовых проблем применения новых технологий для ДНК-идентификации личности в целях всеобщей геномной регистрации населения Российской Федерации.

Ключевые слова: ДНК-идентификация личности, всеобщая геномная регистрация, генетические технологии, нормативные правовые акты, оцифровка генетических данных, штрих-код

Финансирование. Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках реализации научного проекта РФФИ-мк № 18-29-14076 (Башкирский государственный университет).

Для цитирования: Аминев Ф.Г. О возможностях применения новых технологий ДНК-идентификации личности в целях всеобщей геномной регистрации населения Российской Федерации / Ф.Г. Аминев, Р.Р. Гарафутдинов, А.В. Чемерис, К.И. Михайленко, А.М. Сагитов // Правовое государство: теория и практика. – 2022. – № 1. – С. 30–41. DOI 10.33184/pravgos-2022.1.2.

Original article

**Aminev Farit Gizarovich¹, Garafutdinov Ravil Rinatovich²,
Chemeric Alexey Viktorovich^{2,3}, Mikhailenko Konstantin Ivanovich^{2,4},
Sagitov Alexander Mufazalovich⁵**

¹Bashkir State University, Ufa, Russia

¹faminev@mail.ru

²Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Russia

²garafutdinovr@mail.ru

³chemeric@gmail.com

⁴const@mail.ru

⁵Rost-Consult LLC (Ufa),

⁵amsbon@mail.ru

ON THE APPLICATION OF NEW DNA IDENTIFICATION TECHNOLOGIES FOR UNIVERSAL GENOMIC REGISTRATION OF THE POPULATION OF THE RUSSIAN FEDERATION

Abstract. The relevance of the topic under consideration lies in the fact that in the conditions of a difficult situation in the country (increased criminal activity, extremism and terrorism), the role of one of the types of forensic registration – genomic registration is growing. The article considers the current problems of the formation, accumulation and use of genomic (DNA) registration using new DNA identification technologies; the article shows the attitude of different segments of the population to universal genomic registration in the Russian Federation. Recommendations are developed to address ethical, organizational, technical, methodological and financial problems in genomic registration. The possibilities of improving the quality of crime detection and investigation as a result of universal genomic registration of the Russian population are shown. The *purpose* of this work is to analyze and develop possible ways to solve legal problems through the use of new technologies for DNA identification of individuals in the conduct of universal genomic registration of the population of the Russian Federation. *Methods:* the authors use empirical methods of comparison, description, interpretation; theoretical methods of formal and dialectical logic. Specific scientific methods are used: methods of analyzing the results of polymerase chain reaction and digitization of nucleotides, methods of social survey and interpretation of legal norms. *Results:* the study reveals the current status of various areas of DNA analysis and develops ways to solve legal problems of using new technologies for DNA identification of the individual for the purpose of universal genomic registration of the population of the Russian Federation

Keywords: DNA identification, universal genomic registration, genetic technologies, regulatory legal acts, digitization of genetic data, barcode

Financing. The work is carried out with the financial support of the RFBR as part of the implementation of scientific project RFBR-mk No 18-29-14076 (Bashkir State University).

For citation: Aminev F.G., Garafutdinov R.R., Chemeris A.V., Mikhailenko K.I., Sagitov A.M. On the application of new DNA identification technologies for universal genomic registration of the population of the Russian Federation. *Pravovoe gosudarstvo: teoriya i praktika = The Rule-of-Law State: Theory and Practice*, 2022, no. 1, pp. 30–41. DOI 10.33184/pravgos-2022.1.2. (In Russian).

Основной вектор государственной политики в обеспечении биологической безопасности населения на сегодняшний день напрямую связан с реализацией двух направлений: генетической паспортизации и всеобщей

геномной регистрации населения Российской Федерации. В нынешних условиях, когда решение вопроса о проведении генетической паспортизации населения России вошло в стадию практической реализации, явным образом актуализируется проблема обеспечения защиты прав граждан при использовании геномной информации. При этом необходимо понимание разницы между всеобщей геномной регистрацией населения (как части системы криминалистической регистрации) и медицинской генетической паспортизацией граждан России (как части биогенетики – геномной медицины).

Не вдаваясь в мельчайшие подробности различий этих двух, казалось бы, близких процессов, отметим главное: если в медицинском генетическом паспорте человека (конечно же, при его добровольном согласии и тем более при предоставлении его заявления в медицинское учреждение) содержится практически полная информация о нем, позволяющая диагностировать не только его морфологические данные (цвет глаз, волос и др.), но и болезни (что позволит начать лечение на ранней стадии заболевания, выбрать «правильные генотерапевтические методы лечения» [1, с. 146]), то в базе данных геномной регистрации содержится полностью нейтральная минимальная информация в виде штрих-кода, позволяющая только идентифицировать человека, без каких-либо иных сведений о нем. Соответственно, если генетический паспорт гражданин может оформить в медицинском учреждении (такой паспорт может являться дополнением к обычной медицинской карте пациента поликлиники), то штрих-коды граждан будут находиться в недоступной для третьих лиц базе данных специализированного учреждения.

Показательны результаты проведенного нами опроса молодежи Республики Башкортостан, согласно которым 53,2 % считают, что формирование, хранение и использование базы данных ДНК-регистрации всего населения России необходимо организовать в системе МВД, 28,3 % – в Министерстве юстиции, 13,4 % – в Следственном комитете, 2 % – в ФСБ РФ; остальные респонденты предложили иные органы и учреждения.

Согласно Указу Президента РФ от 11 марта 2019 г. № 97 «Об Основах химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу»¹ генетическая паспортизация и геномная регистрация населения России рассматриваются как важные меры по обеспечению биологической безопасности.

¹ Об Основах государственной политики Российской Федерации в области обеспечения химической и биологической безопасности на период до 2025 года и дальнейшую перспективу : Указ Президента РФ от 11.03.2019 № 97 // Собрание законодательства РФ. 2019. № 11, ст. 1106.

Для формирования генетического профиля населения путем генетической паспортизации, проводимой в медицинских учреждениях, необходимо создание единой базы данных, что может послужить «питательной средой» для неправомерного использования генетической информации. Поэтому неслучайно в Основах государственной политики обращается внимание, прежде всего, на необходимость эффективной защиты прав граждан в целях недопущения причинения вреда неправомерным использованием их генетической информации. Так, ученые выражают обеспокоенность по поводу «криминализации» использования генетической информации, заложенной в генетических паспортах медучреждений, возможности ее утечки и искажения, вероятность которых повышается в связи с появлением частных баз данных генетической информации [2, с. 31; 3, с. 17]. Мы полагаем, что сведения, содержащиеся в таких базах персонализированной медицины, являются конфиденциальными и должны использоваться только в медицинских целях и только по просьбе пациента «для осуществления персонализированного лечения» [4, с. 22].

Как известно, в настоящее время имеют место попытки отдельных государств получить доступ к генетическим базам данных медицинских учреждений, появляется все больше заинтересованных лиц в получении генетической информации конкретного человека (клиента, работника и др.) для своих целей, что может привести к злоупотреблениям с их стороны [5, с. 60]. Такой интерес может проявляться со стороны банков и иных кредитных организаций, страховщиков, некоторых работодателей и др. Тем более что такая практика уже имеется в других странах.

Также создается множество компаний, стремящихся получить доход от работы по расшифровке ДНК человека, а при отсутствии соответствующей нормативно-правовой базы их деятельность может привести к крайне негативным последствиям, в том числе к утечке генетических данных. Вполне обоснованны опасения относительно создания биологического этнического оружия против россиян, для чего требуется знание их геномов (которые при слабо организованной защите генетических паспортов могут быть получены из медицинских учреждений). Все это свидетельствует о настоятельной необходимости создания не только согласованной нормативной правовой базы в сфере использования генетической информации, но и реформирования существующих технологий использования геномов граждан для целей ДНК-паспортизации, ДНК-идентификации и кодирования геномов при создании системы всеобщей геномной регистрации.

В научных кругах обсуждается вопрос о том, каким образом структурировать генетическую информацию с учетом соблюдения конфиденциальности генетических данных граждан. В этой связи для целей ДНК-идентификации предлагается технология кодирования неполных геномов

граждан. То есть для генетического штрих-кодирования используется нейтральная информация о полиморфизме ДНК (на базе исследования снипов – однонуклеотидного полиморфизма ДНК) конкретного человека, для чего необходимо исключение из нее сведений личного характера, например о болезнях.

В судебной практике интерес к снипам постоянно растет. Причина такого внимания заключается в том, что они имеют ряд характеристик, которые важны для идентификационных исследований. Во-первых, они имеют очень маленький процент мутаций, и это играет существенную роль при идентификации личности. Во-вторых, они подходят для анализа с использованием высокопроизводительных технологий, а это существенно для формирования баз данных и автоматизации процесса.

Установлено, что генетические штрих-коды людей при условии исключения снипов из анализа генов являются дополнительным, весьма важным аргументом в пользу формирования баз данных по генетическим штрих-кодам, поскольку имеющиеся у отдельных лиц и целых групп населения опасения о возможном нарушении их прав как личности и дискриминации на основе генетических особенностей их личной ДНК лишаются в этом случае всякой почвы.

Отметим, что с момента возникновения в 1985 г. идентификационных исследований ДНК и идентификации с их помощью личности использовались различные маркерные локусы (определенные участки генов человека, имеющие наибольшую изменчивость, маркирующие (метящие) генотип несущего его индивидуума), что довольно подробно рассмотрено нами в других исследованиях [6; 7]. Относительно новым типом полиморфизма ДНК, имеющим хорошие перспективы для использования в ДНК-криминалистике, являются множественные фазированные однонуклеотидные замены, снипы или однонуклеотидный полиморфизм (SNP) в виде микрогаплотипов, претендующих на новое поколение маркерных признаков, как микродиплотипы для ДНК-идентификации личности и для анализа биологических следов с мест преступлений. При этом микродиплотип состоит из имеющих относительно небольшую протяженность (до 200 п.н.) двух парных микрогаплотипов из парных хромосом [7, с. 302].

Заметим, что микрогаплотипы, несущие некоторое количество однонуклеотидных замен, являются новым типом маркеров в криминалистических исследованиях для ДНК-идентификации личности, требующим при этом сопоставления данных по обеим парным хромосомам, что правильнее считать микродиплотипным анализом. При этом однонуклеотидный полиморфизм наиболее часто встречается в геномах людей. Основным методом

выявления однонуклеотидного полиморфизма в микрогаплотипах (микродиплотипах) является массовое параллельное секвенирование [7, с. 300].

При обнаружении полиморфных нуклеотидов в снипах, входящих в конкретный микродиплотип, с помощью массового параллельного секвенирования образуется два варианта данных в виде расположения полиморфных нуклеотидов снипов с учетом их нахождения в цис- и трансположениях, представляющих собой два микрогаплотипа, достигающих индивиду от отца и от матери. Но при этом (если это было не триосеквенирование) неизвестно, от кого из родителей эти участки генома исследуемого индивида происходят. То есть выяснить их цис- или трансположение не представляется возможным. Аналогичная ситуация будет со всеми микродиплотипами, взятыми в анализ, что ведет к определенным проблемам в ДНК-цифровизации данных такого секвенирования.

Согласно такому способу оцифровки азотистых оснований, как оцифровка их в четырехразрядном формате, предполагается, что они будут, соответственно, иметь следующие цифровые отображения: 1000|1000|0010 (цис- или транс-) и 1000|0010|0100 (транс- или цис-). Причем от того, какая последовательность полиморфных нуклеотидов будет выбрана для хранения в базе данных первой, получатся отличающиеся варианты: 1000|1000|0010|1000|0010|0100 либо 1000|0010|0100|1000|1000|0010, несмотря на то что они будут присущи одному и тому же человеку.

Чтобы исключить подобные разночтения, которые неизбежно будут возникать ввиду невозможности различения цис- и транс-вариантов секвенируемых участков, необходимо применять двухуровневую форму записи, по которой каждый снип в микродиплотипе сначала нужно рассматривать как отдельный, при этом должны оцифровываться одновременно оба нуклеотида, обнаруживаемые в нем, согласно тому же принципу оцифровки, представленному выше.

Таким образом, указанный микродиплотип, состоящий из двух микрогаплотипов A|A|G и A|G|C, может быть оцифрован как 1000|1010|0110. При обнаружении у второго человека в этом микродиплотипе полиморфных нуклеотидов A|G|C (цис- или транс-) и T|A|G (транс- или цис-) их оцифровка даст двоичную кодировку 1001|1010|0110, по которой этот человек будет отличаться от первого. Однако если у третьего человека выявятся следующие полиморфные нуклеотиды в этих снипах – A|G|G и A|A|C, то их оцифровка даст те же комбинации нулей и единиц – 1000|1010|0110, что и для A|A|G и A|G|C, как и у первого, поскольку при обычном обнаружении полиморфных нуклеотидов в снипах A/A, A/G, C/G их местонахождение в той или иной парной хромосоме не учитывается ввиду того, что его не определить таким секвенированием (косая черта обозначает присутствие тех или иных нуклеотидов в конкретных снипах).

При этом с учетом фазировки ДНК-данных эти люди по микродиплотипам будут, конечно же, отличаться. Здесь можно напомнить, что для снипов в составе микродиплотипов с учетом их цис- и трансположений число вероятностных комбинаций резко возрастает и подчиняется формуле:

$$[N \times (N+1)]/2,$$

где N – число микрогаплотипов.

Переходя на конкретные значения, для одного из приведенных вариантов (у второго человека) в виде трех биаллельных снипов A/T, A/G, C/G число их возможных комбинаций составит 8 (A|A|G, A|A|C, A|G|C, A|G|G, T|G|C, T|A|C, T|A|G, T|G|G), заодно являющихся микрогаплотипами, и число комбинаций микродиплотипов составит уже 36, с дальнейшим экспоненциальным ростом этой разницы по мере увеличения количества микродиплотипов и снипов в них.

Таким образом, относительно небольшое число микродиплотипов с фазированными гетерозиготными мультиаллельными или даже биаллельными снипами в состоянии обеспечить многие дециллионы и даже гуголкомбинации, что потенциально позволит в перспективе вести однозначную ДНК-идентификацию всех жителей планеты.

Однако для ДНК-регистрации населения и ДНК-идентификации личности в соответствующих криминалистических базах данных информация должна храниться в виде оцифрованного подходящим способом комплекта микродиплотипов, состоящих из парных микрогаплотипов с множественными, в том числе мультиаллельными снипами. Но, как видно из изложенного, существует проблема с определением цис- и трансположений отдельных микрогаплотипов, из-за чего выбор того или иного варианта их расположения при ДНК-цифровизации данных представляется до некоторой степени волюнтаристским.

Одним из решений проблемы является двухуровневый подход, согласно которому в единой цифровой записи каждый микродиплотип, во-первых, должен быть отделен от другого четверкой единиц (1111), выполняющих служебную функцию, внутри микродиплотипа прежде должен идти вариант записи снипов, без привязки к их фазированному состоянию в виде указанного выше примера для первого человека – 1000|1010|0110 (A/A|A/G|C/G), что может уже оказаться (с учетом гораздо большего количества снипов, берущихся в анализ в составе всех микродиплотипов) в подавляющем большинстве случаев достаточным для однозначной ДНК-идентификации личности. Однако при наличии совпадений нужно учиты-

вать фазированные варианты тех же снипов, причем при сравнении полиморфизма ДНК различных индивидов, а также при анализе смешанных образцов из биологических следов должны приниматься во внимание оба варианта записи микродиплотипа – 1000|1000|0010|1000|0010|0100 и 1000|0010|0100|1000|1000|0010. Возможно, их стоит отделять друг от друга в микродиплотипе тремя или двумя единицами (111 или 11). Таким образом, в базе данных информация о конкретном микродиплотипе может быть представлена в следующем виде: ... 1111 1000|1010|0110 111 1000|1000|0010|1000|0010|0100 111 1000|0010|0100|1000|1000|0010 1111 ...

Исходя из приведенного нами способа оцифровки полиморфных нуклеотидов в микродиплотипах, сведения о генетических штрих-кодах людей, если они будут основаны, как мы предлагаем, на нейтральных однонуклеотидных заменах, будут интересны соответствующим службам с единственной целью – для ДНК-идентификации личности в определенных случаях (например, при обнаружении неопознанного трупа в результате техногенных катастроф, аварий, необходимости установления личности человека, не способного по состоянию здоровья или в силу возраста сообщить данные о своей личности, в целях обнаружения разыскиваемых лиц и т. д.).

Следует полагать, что реальная польза и практическая значимость от тотального штрих-кодирования населения и однозначной ДНК-идентификации личности будет заключаться в помощи правоохранительным органам в их нелегкой борьбе с терроризмом и прочей преступностью и, несомненно, повысит раскрываемость таких злодеяний.

При этом заметно возрастет и упрочится доказательная база, поскольку она будет опираться не на личное мнение того или иного эксперта, анализировавшего следы биологического происхождения на основе STR-локусов (как это делается сейчас, причем часто подчеркивается их излишний субъективизм), а на существующие полноценные базы данных по всем людям, где уже не будет возможностей произвольного подхода при принятии решений о совпадении ДНК подозреваемого и настоящего преступника, поскольку заложенная в них цифровая информация будет фактически исключать неоднозначную трактовку.

Что касается опасений исследователей по поводу возможности создания этнического оружия на основе генетических штрих-кодов населения России и против конкретного человека в частности, то таковое создано быть не может в силу того, что хранящиеся в генетических штрих-кодах сведения о ДНК человека будут браться из разных хромосом человека, а те, которые будут взяты из нескольких одинаковых хромосом крупного размера, будут происходить из их частей, физически расположенных весьма далеко друг от друга. Уникальность каждого человека заключается

именно в комбинации всей этой информации по снипам, которая для каждого локуса (снипа) абсолютно не уникальна.

Тотальная геномная регистрация человечества, несомненно, повысит безопасность общества в целом и каждого человека в частности. Однако чтобы обеспечить надежную защиту генетической информации, содержащейся в базах данных ДНК, и исключить нарушение прав граждан, предстоит принять меры по модернизации существующей нормативной правовой базы с учетом современных реалий в сфере развития молекулярно-генетических технологий ДНК-идентификации личности.

Список источников

1. Чубукова С.Г. Подходы к правовому регулированию генетического тестирования в правовом государстве / С.Г. Чубукова // Правовое государство: теория и практика. – 2020. – № 2 (60). – С. 145–156.

2. Веретенко М.Ю. «Геном человека»: этические риски и перспективы биотехнологий / М.Ю. Веретенко // Гуманитарные научные исследования. – 2013. – № 12. – С. 31–36.

3. Попова О.В. Генетический паспорт человека и возможности его получения гражданами России / О.В. Попова // Право и государство: теория и практика. – 2019. – № 7 (175). – С. 14–19.

4. Бородин С.С. Геномные исследования и геномное редактирование в аспекте формирования эффективного правового режима / С.С. Бородин, Инюшкин А.А. // Правовое государство: теория и практика. – 2020. – № 2 (60). – С. 19–31.

5. Романовский Г.Б. Правовое регулирование медицинских инновационных технологий в Российской Федерации: проблемы и перспективы / Г.Б. Романовский // Российская юстиция. – 2016. – № 10. – С. 59–62.

6. ДНК-криминалистика – зарождение, современность и перспективы / В.А. Анисимов, Р.Р. Гарафутдинов, А.М. Сагитов, А.Р. Сахабутдинова, Э.К. Хуснутдинова, Ф.Г. Аминев, А.В. Чемерис // Биомика. – 2019. – Т. 11 (3). – С. 282–314. DOI 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-26.

7. Микродиплотипы как новые маркеры для ДНК-идентификации личности / Д.А. Чемерис, Р.Р. Гарафутдинов, А.М. Сагитов, М.А. Сагитова, К.И. Михайленко, В.В. Зубов, Р.Г. Васильев, П.А. Сломинский, В.А. Анисимов, Э.К. Хуснутдинова, Я.И. Алексеев, В.Е. Курочкин, Г.С. Лавров, А.А., Воробьев Ф.Г. Аминев, А.В. Чемерис // Биомика. – 2020. – Т. 12 (2). – С. 300–317. DOI 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-17.

References

1. Chubukova S.G. Approaches to legal regulation of genetic testing in the rule-of-law state. *Pravovoe gosudarstvo: teoriya i praktika = The Rule-of-Law State: Theory and Practice*, 2020, no. 2 (60), pp. 145–156. (In Russian).
2. Veretenko M.U. «Human genome»: ethical risks and prospects of biotechnologies. *Gumanitarnye nauchnye issledovaniya = Humanities Scientific Researches*, 2013, no. 12, pp. 31–36. (In Russian).
3. Popova O.V. Genetic passport of a person and the possibility of obtaining it by Russian citizens. *Pravo i gosudarstvo: teoriya i praktika = Law and State: The Theory and Practice*, 2019, no. 7 (175), pp. 14–19. (In Russian).
4. Borodin S.S., Inyushkin A.A. Genomic researches and genomic editing in terms of forming effective legal regime. *Pravovoe gosudarstvo: teoriya i praktika = The Rule-of-Law State: Theory and Practice*, 2020, no. 2 (60), pp. 19–31. (In Russian).
5. Romanovsky G.B. Legal regulation of innovative medical technologies in the Russian Federation: problems and prospects. *Rossiyskaya yusticiya = Russian Justice*, 2016. no. 10, pp. 59–62. (In Russian).
6. Anisimov V.A., Garafutdinov R.R., Sagitov A.M., Sakhabutdinova A.R., Khusnutdinova E.K., Aminev F.G., Chemeris A.V. DNA forensics – the origin, present state and future prospects. *Biomika = Biomics*, 2019, vol. 11 (3), pp. 282–314. DOI 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-26. (In Russian).
7. Chemeris D.A., Garafutdinov R.R., Sagitov A.M., Sagitova M.A., Mikhailenko K.I., Zubov V.V., Vasilov R.G. et al. Microdiplotypes as new markers for DNA identification. *Biomika = Biomics*, 2020, vol. 12 (2), pp. 300–317. DOI 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-17. (In Russian).

Информация об авторах

Аминев Фарит Гизарович – доктор юридических наук, профессор, профессор кафедры криминалистики Института права Башкирского государственного университета, заслуженный юрист Республики Башкортостан, академик Российской академии естественных наук;

Гарафутдинов Равиль Ринатович – кандидат биологических наук, заведующий лабораторией физико-химических методов анализа биополимеров Института биохимии и генетики УФИЦ РАН;

Чемерис Алексей Викторович – доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник Института биохимии и генетики УФИЦ РАН;

Михайленко Константин Иванович – кандидат физико-математических наук, старший научный сотрудник Института механики УФИЦ РАН;
Сагитов Александр Муфазалович – генеральный директор ООО «Рост-консалт».

Information about the Authors

Aminev Farit Gizarovich – Doctor of Law, Professor, Professor of the Chair of Criminalistics, Institute of Law, Bashkir State University, Honored Lawyer of the Republic of Bashkortostan, Academician of the Russian Academy of Natural Sciences;

Garafutdinov Ravil Rinatovich – Candidate of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Physicochemical Methods for the Analysis of Biopolymers, Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences;

Chemeris Alexey Viktorovich – Doctor of Biological Sciences, Professor, Chief Researcher of the Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences;

Mikhailenko Konstantin Ivanovich – Candidate of Physical and Mathematical Sciences, Senior Researcher of the Institute of Mechanics, Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences;

Sagitov Alexander Mufazalovich – General Director of Rost-Consult LLC.

Статья поступила в редакцию 13.12.2021; одобрена после рецензирования 22.12.2021; принята к публикации 23.12.2021.

The article was submitted 13.12.2021; approved after reviewing 22.12.2021; accepted for publication 23.12.2021.