

## УГОЛОВНО-ПРАВОВЫЕ НАУКИ

### CRIMINAL LAW SCIENCES

Научная статья  
УДК 343.98; 577.21  
DOI 10.33184/pravgos-2022.4.16

Original article

**АМИНЕВ Фарит Гизарович**  
Уфимский университет науки и технологий,  
Уфа, Россия;  
e-mail: faminev@mail.ru;  
<https://orcid.org/0000-0003-4031-4103>

**AMINEV Farit Gizarovich**  
Ufa University of Science and Technologies, Ufa,  
Russia.

**ГАРАФУТДИНОВ Равиль Ринатович**  
Уфимский федеральный исследовательский  
центр Российской академии наук,  
Уфа, Россия;  
e-mail: garafutdinovr@mail.ru;  
<https://orcid.org/0000-0001-9087-7364>

**GARAFUTDINOV Ravil Rinatovich**  
Ufa Federal Research Center of the Russian  
Academy of Sciences, Ufa, Russia.

**ЧЕМЕРИС Алексей Викторович**  
Уфимский федеральный исследовательский  
центр Российской академии наук,  
Уфа, Россия;  
e-mail: chemeris@gmail.com;  
<https://orcid.org/0000-0002-8917-0449>

**CHEMERIS Alexey Viktorovich**  
Ufa Federal Research Center of the Russian  
Academy of Sciences, Ufa, Russia.

### ГЕНОМ ЧЕЛОВЕКА ОТ МАТЕРИ + ГЕНОМ ЧЕЛОВЕКА ОТ ОТЦА = ПЕРСОНАЛЬНЫЕ ДАННЫЕ. ПРАВОВЫЕ ВОПРОСЫ ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛИЧНОСТИ И ДНК-РЕГИСТРАЦИИ НАСЕЛЕНИЯ

HUMAN GENOME FROM THE MOTHER + HUMAN GENOME FROM THE FATHER =  
PERSONAL DATA. LEGAL ISSUES OF DNA-IDENTIFICATION OF THE PERSON  
AND DNA-REGISTRATION OF THE POPULATION

**Аннотация.** Актуальной задачей повышения эффективности борьбы с преступностью на современном этапе является использование достижений различных наук и соответствующих инновационных технологий для разработки средств и методов раскрытия и расследования преступлений. Показано, что в целях идентификации человека по молекуле ДНК достаточным является исследование и кодирование только половинного набора хромосом организма, то есть его гаплоидный набор. Однако только полный (диплоидный) геном определяет фенотипические и иные биологические характеристики организма. Цель: акцентировать внимание на ошибочности использования информации о референсном (искусственно собранном) квазигаплоидном геноме человека, в том числе в ДНК-криминалистике. Доказать необходимость проведения всеобщей ДНК (геномной) регистрации населения только на основе нейтральных ДНК-маркеров (приводятся аргументы в пользу этой точки зрения). Рассмотреть вопросы этического характера, возникающие при ДНК-фенотипировании как составной части при проведении расследований. Методы: эмпирические

**Abstract.** The use of science and relevant innovative technologies for the development of tools and techniques for detecting and investigating crimes is an urgent task of increasing the effectiveness of fighting crime at the current stage. It is shown that in order to study and encode only a half of the body's chromosomes, that is, its haploid set. However, only the complete (diploid) genome determines the phenotypic and other biological characteristics of the organism. Purpose: to emphasize the erroneous use of information on the reference (artificially collected) quasi-haploid human genome, including in DNA-forensic science. Another purpose is to prove the necessity of conducting universal DNA (genomic) registration of the population only on the basis of neutral DNA markers (arguments are made for this view). Ethical issues arising from DNA phenotyping as part of investigations are addressed. Methods: empirical methods of comparison, description, interpretation; theoretical methods of formal and dialectical logic; specific scientific methods: comparative-legal, system-structural, analysis, modeling, social survey and interpretation of legal norms. Results: the research

© Аминева Ф.Г., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В., 2022

методы сравнения, описания, интерпретации; теоретические методы формальной и диалектической логики; частнонаучные методы: сравнительно-правовой, системно-структурный, анализа, моделирования, социального опроса и толкования правовых норм. Результаты: исследование позволило обозначить возможности установления более полных характеристик человека при полногеномном исследовании (диплоидных геномов); рассмотрены преимущества исследований SNP-локусов (снупов) по отношению к исследованиям STR-локусов; показаны возможности применения новых технологий для ДНК-идентификации личности в результате проведения всеобщей геномной регистрации населения Российской Федерации.

**Ключевые слова:** ДНК, геном, однонуклеотидный полиморфизм, снупы, персональные данные, расследование преступлений, ДНК-фенотипирование, ДНК-идентификация, геномная регистрация

**Для цитирования:** Аминев Ф.Г. Геном человека от матери + геном человека от отца = персональные данные. Правовые вопросы ДНК-идентификации личности и ДНК-регистрации населения / Ф.Г. Аминев, Р.Р. Гарафутдинов, А.В. Чемерис // Правовое государство: теория и практика. – 2022. – № 4. – С. 119–125. DOI 10.33184/pravgos-2022.4.16.

identifies the possibilities of establishing more complete characteristics of a person in genome-wide studies (diploid genomes); the advantages of SNP-loci (SNPs) studies in relation to STR-loci studies are considered. The article shows the possibilities of using new technologies for DNA identification of the person as a result of universal genomic registration of the population of the Russian Federation.

**Keywords:** DNA, genome, single nucleotide polymorphism, SNPs, personal data, crime investigation, DNA phenotyping, DNA identification, genomic registration

**For citation:** Aminev F.G., Garafutdinov R.R., Chemeris A.V. Human genome from the mother + human genome from the father = personal data. Legal issues of DNA-identification of the person and DNA-registration of the population. Pravovoe gosudarstvo: teoriya i praktika = The Rule-of-Law State: Theory and Practice, 2022, no. 4, pp. 119–125. DOI 10.33184/pravgos-2022.4.16 (In Russian).

## ВВЕДЕНИЕ

Прежде всего, следует пояснить столь необычное название данной публикации. Так, термин «геном» уже давно на слуху и в целом понятен даже тем, кто не имеет отношения к биологии, медицине и прочим дисциплинам, оперирующим этим понятием. Однако мало кто знает, когда этот термин появился, и какой смысл в него закладывался.

Термину «геном» более 100 лет. Предложил его немецкий ученый Г. Винклер в 1920 г. в своей монографии, посвященной вопросам партеногенеза, где им высказана следующая мысль: «Я предлагаю использовать для гаплоидного набора хромосом, который вместе с прилежащей протоплазмой определяет материальные основы вида, выражение «геном»» [1, с. 165]. Причем в то время о ДНК как о молекуле наследственности еще не думали.

Некоторое время назад мы посвятили столетнему юбилею термина «геном» специальную статью [2], поэтому здесь акцентируем внимание лишь на тех моментах, которые имеют непосредственное отношение к ДНК-идентификации и ее правовым аспектам.

## ЗНАЧИМОСТЬ ИССЛЕДОВАНИЯ ДИПЛОИДНОГО ГЕНОМА ДЛЯ УСТАНОВЛЕНИЯ ФЕНОТИПИЧЕСКИХ ПРИЗНАКОВ ЧЕЛОВЕКА

Если применять определение ядерного генома к человеку, то получается, что под этим понятием следует подразумевать половинный

набор хромосом, то есть иметь в виду 23 хромосомы. Однако это не совсем корректно, поскольку у мужчин имеются 22 аутосомы и две разных половых X- и Y-хромосомы. На самом деле необходимо принимать во внимание все 46 хромосом у каждого индивида, поскольку все аутосомы отличаются (имеются в виду парные, не говоря уже про разные), равно как и две X-хромосомы у женщин. Только полный диплоидный геном определяет фенотипические (внешние) и иные биологические характеристики индивида, которые составляют персональные данные.

Для идентификации личности могут быть использованы и исследования находящейся в прилегающей к ядру цитоплазме (в протоплазме, в митохондриях) митохондриальной ДНК, формирующей митогеном. Но из-за технологических трудностей проведение идентификации с ее помощью ограничено и затруднено. Возникающие иногда у отдельных людей генетические аномалии по числу хромосом здесь оставляем за скобками.

Очевидно, что половина хромосом достается человеку от матери, другая половина – от отца. X-хромосома имеет размер около 154 млн пар нуклеотидов (п. н.), а Y-хромосома заметно короче – около 57 млн п. н. Следовательно, размер генома у мужчин почти на 100 млн п. н. меньше. Уже много лет считается, что размер генома человека без привязки к полу составляет около 3 млрд п. н., что не совсем корректно, если задаваться вопросом о том, что действительно считать полным геномом.

Весной 2022 г. наконец было сообще-

но о завершении секвенирования практически полного (гаплоидного) генома человека, проведенного в формате «от теломеры до теломеры», называемом еще T2T (telomere-to-telomere). Размер его оказался равным приблизительно 3,055 млрд п. н. [3, с. 47]. При этом секвенировался геном не конкретного человека, а ДНК из клеток культуры тканей гомозиготной линии с кариотипом 46,XX (женского типа), что позволило собрать без пробелов все 23 хромосомы (попарно полностью одинаковых) в их формально гаплоидном варианте и исправить все ошибки многочисленных предыдущих сборок, что позволяет считать секвенированный таким образом геном новым референсным геномом человека, обозначенным как CHM13. Что касается всех предыдущих референсных геномов человека, то они были квазигаплоидными (псевдо-, мнимо гаплоидными), поскольку при их сборке в заключительной нуклеотидной последовательности абсолютно хаотичным образом располагались фрагменты материнских и отцовских парных хромосом, что объясняется ограниченными возможностями современных технологий секвенирования полных геномов.

Но чтобы получить информацию о фенотипических признаках человека, биологические следы которого изъяты с места происшествия, на основе исследования особенностей его ДНК, необходимо секвенировать полные диплоидные геномы, размер которых для мужчин будет составлять около 6,0 млрд п. н., а для женщин приблизительно 6,1 млрд п. н. В этой связи, возможно, стоит ввести в оборот новый термин – «дигеном» или, еще короче, «дином» – вместо прилагательного «диплоидный» для действительно полных ядерных геномов, которые у человека должны состоять из 46 хромосом. Причиной введения нового термина («дигеном») на основе корня «геном» служит уже устоявшееся понятие генома: а) геном есть совокупность всей ДНК из гаплоидного набора хромосом; б) геномами называют молекулы ДНК у лишённых пloidности прокариотических организмов; в) геномами считают генетический материал вирусов, могущий быть представленным и молекулами РНК.

#### **От технологий установления квазигаплоидных геномов людей и полных ди(ге)номов к ДНК-регистрации всего населения на основе SNP-локусов**

Пожалуй, здесь стоит уделить некоторое внимание вопросу о том, почему в подавляющем большинстве случаев исследователи до сих пор массово оперируют квазигаплоид-

ными геномами людей, считая их полными, размером около 3 млрд п. н., заключенными в 23 хромосомах, а не 6 млрд п. н., содержащимися в 46 хромосомах. Во-первых, это сложилось исторически. Так, в знаковой статье, посвященной десятилетию расшифровки первых человеческих геномов, известный американский специалист К. Вентер описал, как при организации международного проекта «Геном человека» в конце 1980-х годов из-за имевшихся опасений, что он отвлечет слишком много денег от других проектов биологических исследований, было принято решение ограничиться секвенированием половинного (гаплоидного) набора хромосом и, следовательно, секвенированием, ориентировочно, 3 млрд п. н. вместо необходимых 6 млрд п. н. [4, с. 676]. При этом необходимо заметить, что тогдашние (да и нынешние) технологии не позволяли легко секвенировать диплоидный геном человека, поскольку возникали серьезные трудности компьютерной сборки прочитанных нуклеотидных последовательностей из-за высокой схожести парных хромосом. И это – во-вторых. Тем не менее диплоидные геномы людей, называемые еще фазированными, или гаплотипными, установлены, и первым стал геном самого Вентера, секвенированный в таком статусе лишь наполовину еще методом Сэнгера [5, с. 2117]. Позже появилась информация и о других диплоидных геномах разных людей, секвенированных в том числе по технологиям новых поколений. Таковых до сих пор немного, но за ними будущее.

Несмотря на то что Вентер в упомянутой нами статье обратил внимание на необходимость секвенирования диплоидных геномов [4, с. 677], по-прежнему продолжается массовое секвенирование квазигаплоидных геномов, ценность которых для криминалистических целей ничтожна. В качестве подтверждения непонимания некоторыми исследователями современных реалий можно привести выдержки из опубликованной не так давно статьи в журнале Nature [6, с. 690], где большим коллективом авторов сделано 10 предсказаний из области геномики человека, которые, по их мнению, могут сбыться к 2030 г. Приведем здесь выборочно лишь некоторые предсказания (сохранив авторскую нумерацию), имеющие определенное отношение к процессу расследования преступлений, с нашими комментариями.

1. Генерация и анализ полной последовательности генома человека будет обычным делом для любой исследовательской лаборатории, став таким же простым, как проведение очистки ДНК.

Из того, что авторы статьи в Nature ни словом не упомянули про диплоидные геномы, следует, что они имели в виду фактически квазигапloidные геномы, которые к 2030 г. действительно могут легко и быстро секвенироваться, но к тому времени такие секвенированные геномы уже точно не будут никому нужны, поскольку должна будет вестись сборка исключительно диплоидных геномов человека – похромосомно в формате T2T. По всей видимости, авторы не удосужились прочитать упомянутую нами статью Вентера, а то бы нацеливали научное сообщество на секвенирование именно диплоидных геномов, которые несут действительно полную информацию о каждом человеке (включая важную для разыскной работы информацию о внешнем облике человека), что до некоторой степени соответствует персональным биологическим данным. Наши коллеги из медицинской сферы подробно освещают этот вопрос, а также проблемы использования молекулярно-генетических технологий в «выявлении заболеваний наследственного характера и врожденных дефектов организма» [7, с. 125].

2. Биологическая функция(-и) каждого человеческого гена будет известна; для некодирующих элементов в геноме человека такое знание будет скорее правилом, чем исключением.

Действительно, можно допустить, что это произойдет, и тогда ДНК-фенотипирование (установление совокупности внешних признаков организма, формирующихся на основе генотипа), которому в последние годы в криминалистике стали уделять повышенное внимание, сможет проводиться с большей достоверностью. Но вполне вероятно, что нужда в нем практически отпадет (за исключением расследования «старых» преступлений), поскольку ДНК-регистрация всего населения начнется раньше.

3. Общие особенности эпигенетического ландшафта (устойчивых путей развития клеток и всего организма) будут регулярно включаться в прогностические модели влияния генотипа на фенотип.

Это предсказание оправдывается лишь в случае секвенирования полных диплоидных геномов людей, о чем в статье из Nature не упоминается. Для розыскных целей при расследовании преступлений это могло бы помочь в более точном (чем это делается сейчас) установлении приблизительного возраста владельца биологических следов, но если к этому времени будет проведена ДНК-регистрация всего населения, то необходимость

этого будет практически исключена, кроме опять-таки случаев расследования старых преступлений по останкам людей, которые ранее не были введены в базу данных геномной регистрации.

8. Полная последовательность генома человека вместе с информативными аннотациями при желании будет доступна на его смартфоне.

Это предсказание вполне реально может сбыться даже ранее 2030 г., так как к тому времени квазигапloidные геномы будут легко секвенироваться. Возникнут ли при этом проблемы этического характера – неочевидно, поскольку персональные биологические данные становятся значимыми лишь при секвенировании полных диплоидных геномов. Но поскольку сейчас, несмотря на то что геномы людей в плане секвенирования активно исследуются уже на протяжении двух десятилетий, сохраняется непонимание различий между квазигапloidными «полными» геномами людей и их действительно полными ди(ге)номами, можно допустить, что и к 2030 г. эта ситуация полностью переломлена не будет, и тогда часть населения при таком масштабе распространения геномных данных через мобильную связь будет справедливо опасаться, что эту информацию не удастся сохранить в тайне от мошенников.

Возвращаясь к диномам (дигеномам) людей и их полиморфизму, следует отметить, что он огромен, и двух полностью одинаковых геномов не существует. Так, недавно были продемонстрированы небольшие отличия в геномах однойцевых близнецов из-за возникновения постзиготических мутаций [8, с. 29]. А Вентер еще в 2010 г. отметил, что отличия между его «материнскими» и «отцовскими» хромосомами достигают 0,5 %, что довольно много и гораздо больше, чем допускалось ранее [4, с. 676]. Из этого следует, что все парные хромосомы человека, вне всякого сомнения, несут множественные различия, и для медицинских целей нужно секвенировать все 46 хромосом.

Что касается ДНК-криминалистики, то для ДНК-регистрации (геномной регистрации) абсолютно не требуются знания полных диномов конкретных людей (знания квазигапloidных геномов для этого абсолютно непригодны, так как при расследовании преступлений требуется информация об обоих аллельных вариантах используемых маркерных признаков). Здесь достаточно оперировать отдельными небольшими участками ДНК, обеспечивающими должный уровень полиморфизма, позволяющий проводить од-

нозначную ДНК-идентификацию личности по биологическому материалу, а также вести ДНК-регистрацию всего населения путем, например, генетического штрих-кодирования на основе тетрааллельных SNP (Single-Nucleotide Polymorphism – SNP, произносимый как «снп»), характеризующихся наивысшим уровнем цифровизации данных [9, с. 110520]. Для этого должны использоваться нейтральные участки геномов, не связанные с наследственными заболеваниями.

Проводимая ныне ДНК-идентификация личности на основе STR-локусов характеризуется определенными недостатками, но с учетом уже довольно большого числа людей (в России – около 2 млн), для которых установлены их STR-профили, эти маркерные локусы должны войти в состав улучшенных диагностических наборов, рассчитанных на однозначное установление личности по найденным биологическим следам. Пример такой «кооперации» маркерных признаков виден в производимом американской фирмой Verogen, Inc. наборе ForenSeq™, с помощью которого одновременно анализируются 27 аутосомных STR-локусов, 24 и 7 STR-локусов из Y- и X-хромосом соответственно, а также 174 снп, часть которых рассчитана на выявление фенотипических признаков, а другая часть предназначена для установления родства, в том числе между поколениями, притом что STR-полиморфизм для этого непригоден вообще или мало достоверен с учетом большей мутационной изменчивости этих локусов. Однако нужно заметить, что снпы в составе данного набора являются разрозненными в том смысле, что взяты из абсолютно разных частей генома, тогда как гораздо большее число комбинаций обеспечивают снпы в составе микрогаплотипов (точнее, микродиплотипов), чему мы ранее уделили определенное внимание [10, с. 302].

Таким образом, использование снпов в составе микродиплотипов дает больше шансов установить родственников преступников, а затем и самих преступников, что в последнее время стало активно использоваться и называется генеалогическим поиском. Причем есть примеры раскрытия громких, в том числе серийных, преступлений многолетней давности, но все они производились без задействования микродиплотипов, которые теоретически могли бы помочь раскрыть еще больше преступлений.

В этой связи нельзя не отметить звучащие возражения правозащитных организаций, не согласных с подобным использованием геном-

ной информации, фактически вовлекающей в анализ полиморфизм ДНК многих людей, не знающих об этом и, возможно, не согласных с подобным использованием их персональных биологических данных. Однако нужно принимать во внимание и позицию пострадавшей стороны (потерпевших), рассчитывающей на поимку и наказание преступника и имеющей на это гораздо больше прав, в том числе моральных.

Также правозащитные организации противятся внедрению в расследование преступлений такого подхода, как ДНК-фенотипирование, позволяющего по полиморфизму ДНК устанавливать внешний облик преступника в случаях отсутствия его ДНК-профиля в базе данных геномной регистрации. Как и в случае с генеалогическим поиском, ДНК-фенотипирование уже позволило раскрыть немало преступлений. Причина недовольства та же: правозащитные организации считают, что в этом случае правоохранительные органы анализируют персональные данные конкретных людей и неважно, что на этом этапе анализа они обезличенные. Причем ДНК-фенотипирование воссоздает внешний облик человека, который виден каждому, и считать эти данные персональными не совсем корректно. Тем более что к практике использования фотороботов и восстановления лиц преступников со слов свидетелей претензий ни у кого нет. К тому же полного портретного сходства с помощью ДНК-фенотипирования добиться пока не удается, и вряд ли это произойдет в ближайшем будущем.

Однако правозащитники не выступают против ДНК-фенотипирования, в результате которого устанавливается биологический пол носителя обнаруженной ДНК. И это притом что сейчас гендерный вопрос перешел чуть ли не в политическую плоскость. По-видимому, главная причина такой лояльности к этому анализу кроется в том, что он проводится с конца 1980-х годов и с ним уже все полностью свыклись, в отличие от установления с помощью полиморфизма ДНК других внешне видимых черт личности. Хотя пол – это основной фенотипический признак, который мог бы вызывать наибольшее беспокойство правозащитников, этого не происходит, что ярко демонстрирует надуманность прочих претензий к ДНК-фенотипированию.

Многие спорные вопросы ДНК-фенотипирования и генеалогического поиска может снять ДНК-регистрация всего населения по нейтральным маркерным признакам, обеспечивающим однозначную ДНК-идентифи-

кацию личности [11, с. 509]. В целом ряде стран этому вопросу уделяется определенное внимание и даже шла серьезная подготовка, что было рассмотрено нами ранее [12, с. 298]. Есть опасения, что знания диплоидных геномов потенциально могут способствовать разработке этнического оружия, однако они надуманны, поскольку для предлагаемой нами системы ДНК-регистрации будут использованы сведения о ДНК полиморфизме ничтожно малого (в масштабах всего динома) количества локусов. Данные локусы будут братья из разных хромосом и их удаленных участков, а нацелить «этноспецифический» агент (какой-либо вирус, генно-инженерную конструкцию и пр.) на физически не связанные нуклеотидные последовательности невозможно. Уникальность каждого человека будет заключаться в комбинации всей информации по выбранным локусам, ко-

торая для каждого отдельного такого локуса не уникальна [13, с. 426].

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Практическое применение описанной технологии ввода только нейтральных маркерных признаков в систему геномной регистрации с высоким уровнем цифровизации облегчит решение всего комплекса правовых и этических вопросов ДНК-идентификации личности и ДНК-регистрации населения. Можно констатировать, что применительно к целям борьбы с преступностью необходимо создавать базы ДНК-данных всего населения планеты. И, отвечая на возражения оппонентов такой регистрации, следует отметить, что лучше всеобщую ДНК-регистрацию не откладывать надолго, поскольку это может спасти немало жизней, и это наша твердая точка зрения.

## СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Winkler H. Verbreitung und Ursache der Parthenogenesis im Pflanzen und Tierreiche / H. Winkler. – Jena : Gustav Fischer Verlag, 1920. – 250 s.
2. Кулуев Б.Р. Сто лет гаплоидным геномам. Сейчас наступает время диплоидных / Б.Р. Кулуев, А.Х. Баймиев, Г.А. Герашченков, У.Б. Юнусбаев, Р.Р. Гарафутдинов, Я.И. Алексеев, А.Х. Баймиев, А.В. Чемерис // Биомика. – 2020. – Т. 12 (4). – С. 411–434. – DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-33.
3. Nurk S. The complete sequence of a human genome / S. Nurk, S. Koren, A. Rhie et al. // Science. – 2022. – Vol. 376 (6588). – P. 44–53. – DOI: 10.1126/science.abj6987.
4. Venter J.C. Multiple personal genomes await / J.C. Venter // Nature. – 2010. – Vol. 464 (7289). – P. 676–677. – DOI: 10.1038/464676a.
5. Levy S. The diploid genome sequence of an individual human / S. Levy, G. Sutton, P.C. Ng et al. // PLOS Biology. – 2007. – Vol. 5 (10). – P. 254. – DOI: 10.1371/journal.pbio.0050254.
6. Green E.D. Strategic vision for improving human health at The Forefront of Genomics / E.D. Green, C. Gunter, L.G. Biesecker et al. // Nature. – 2020. – Vol. 586 (7831). – P. 683–692. – DOI: 10.1038/s41586-020-2817-4.
7. Хусаинова Р.И. Современные молекулярно-генетические технологии в медицине: этические и правовые вопросы / Р.И. Хусаинова, Е.В. Ахтямова, И.Р. Миннихметов, Р.И. Султанова // Правовое государство: теория и практика. – 2020. – № 2 (60). – С. 123–131.
8. Jonsson H. Differences between germline genomes of monozygotic twins / H. Jonsson, E. Magnusdottir, H.P. Eggertsson et al. // Nat Genet. – 2021. – № 53 (1). – P. 27–34. – DOI: 10.1038/s41588-020-00755-1.
9. Garafutdinov R.R. A new digital approach to SNP encoding for DNA identification / R.R. Garafutdinov, A.R. Sakhabutdinova, P.A. Slominsky, F.G. Aminev, A.V. Chemeris // Forensic Science International. – 2020. – Vol. 317. – P. 110520. – DOI: 10.1016/j.forsciint.2020.110520.
10. Чемерис Д.А. Микродиplotипы как новые маркеры для ДНК-идентификации личности / Д.А. Чемерис, Р.Р. Гарафутдинов, А.М. Сагитов и др. // Биомика. – 2020. – Т. 12 (2). – С. 300–317. – DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-17.

## REFERENCES

1. Winkler H. Verbreitung und Ursache der Parthenogenesis im Pflanzen und Tierreiche. Jena, Gustav Fischer Verlag Publ., 1920. 250 s.
2. Kuluev B.R., Baymiev An.Kh., Gerashchenkov G.A., Yunusbaev U.B., Garafutdinov R.R., Alekseev Ya.I., Baymiev A.Kh., Chemeris A.V. One hundred years of haploid genomes. Now time comes for diploid. Biomika = Biomics, 2020, vol. 12 (4), pp. 411–434. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-33. (In Russian).
3. Nurk S., Koren S., Rhie A. et al. The complete sequence of a human genome. Science, 2022, vol. 376 (6588), pp. 44–53. DOI: 10.1126/science.abj6987.
4. Venter J.C. Multiple personal genomes await. Nature, 2010, vol. 464 (7289), pp. 676–677. DOI: 10.1038/464676a.
5. Levy S., Sutton G., Ng P.C. et al. The diploid genome sequence of an individual human. PLOS Biology, 2007, vol. 5 (10), pp. 254. DOI: 10.1371/journal.pbio.0050254.
6. Green E.D., Gunter C., Biesecker L.G. et al. Strategic vision for improving human health at the Forefront of Genomics. Nature, 2020, vol. 586 (7831), pp. 683–692. DOI: 10.1038/s41586-020-2817-4.
7. Khusainova R.I., Akhtyamova E.V., Minniahmetov I.R., Sultanova R.I. Modern molecular genetic technologies in medicine: ethical and legal issues. Pravovoe gosudarstvo: teoriya i praktika = The Rule-of-Law State: Theory and Practice, 2020, no. 2 (60), pp. 123–131. (In Russian).
8. Jonsson H., Magnusdottir E., Eggertsson H.P. et al. Differences between germline genomes of monozygotic twins. Nat Genet, 2021, no. 53 (1), pp. 27–34. DOI: 10.1038/s41588-020-00755-1.
9. Garafutdinov R.R., Sakhabutdinova A.R., Slominsky P.A., Aminev F.G., Chemeris A.V. A new digital approach to SNP encoding for DNA identification. Forensic Science International, 2020, vol. 317, p. 110520. DOI: 10.1016/j.forsciint.2020.110520.
10. Chemeris D.A., Garafutdinov R.R., Sagitov A.M., Sagitova M.A., Mikhailenko K.I., Zubov V.V., Vasilov R.G., Slominsky P.A., Anisimov V.A., Khusnutdinova E.K., Alexeyev Ya.I., Kurochkin V.E., Lavrov G.S., Vorobev A.A., Aminev F.G., Chemeris A.V. Microdiplotypes as a new markers for DNA identification. Biomika = Biomics, 2020, vol. 12 (2), pp. 300–317. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-17. (In Russian).

11. Аминев Ф.Г. О потенциале всеобщей геномной регистрации в предупреждении преступлений / Ф.Г. Аминев, А.В. Чемерис, С.В. Хомутов // Всероссийский криминологический журнал. – 2022. – Т. 16, № 4. – С. 505–511. – DOI 10.17150/2500-4255.2022.16(4).505-511.

12. Анисимов В.А. 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.

13. ДНК-криминалистика / А.В. Чемерис и др. – Москва : Наука, 2022. – 466 с.

11. Aminev F.G., Chemeris A.V., Khomutov S.V. On the Crime Prevention Potential of Universal Genomic Registration. *Vserossiiskii kriminologicheskii zhurnal = Russian Journal of Criminology*, 2022, vol. 16, no. 4, pp. 505– 511. DOI: 10.17150/2500- 4255.2022.16(4).505-511. (In Russian).

12. 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. (In Russian).

13. Chemeris A.V., Aminev F.G., Garafutdinov R.R., Anisimov V.A., Sagitov A.M., Khusnutdinova E.K., Sakhabutdinova A.R. et al. *DNK-kriminalistika [DNA forensics]*. Moscow, Nauka Publ., 2022. 466 p.

#### ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРЕ

Аминев Фарит Гизарович – доктор юридических наук, профессор, профессор кафедры криминалистики Института права Уфимского университета науки и технологий, 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 – обособленного структурного подразделения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук;

Чемерис Алексей Викторович – доктор биологических наук, профессор, профессор кафедры криминалистики Института права Уфимского университета науки и технологий, главный научный сотрудник Института биохимии и генетики – обособленного структурного подразделения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук.

#### INFORMATION ABOUT THE AUTHOR

Aminev Farit Gizarovich – Doctor of Law, Professor, Professor of the Chair of Criminalistics of the Institute of Law, Ufa University of Science and Technologies, 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 Physical and Chemical Methods for the Analysis of Biopolymers of the Institute of Biochemistry and Genetics, Separate Structural Subdivision of the Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences;

Chemeris Alexey Viktorovich – Doctor of Biological Sciences, Professor, Professor of the Chair of Criminalistics of the Institute of Law, Ufa University of Science and Technologies, Chief Researcher of the Institute of Biochemistry and Genetics, Separate Structural Subdivision of the Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences.

Статья поступила в редакцию 15.10.2022; одобрена после рецензирования 06.11.2022; принята к публикации 07.11.2022. The article was submitted 15.10.2022; approved after reviewing 06.11.2022; accepted for publication 07.11.2022.