

УДК: 165.0

DOI:

10.15372/PS20200303

А.Ю. Сторожук

ТРАНСФОРМАЦИИ ПРИНЦИПА ФАЛЬСИФИКАЦИИ И ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ТЕОРИЙ

В статье рассматриваются изменения принципа фальсификации в ходе междисциплинарного взаимодействия теорий. Показано, что для близких дисциплин принцип фальсификации работает без ограничений и контрпримеры, открытые в одной области, приводят к пересмотру теоретических положений в соседних областях. Однако для достаточно далеких областей выявленные контрпримеры не влекут за собой пересмотр теории и остаются «за кадром».

Ключевые слова: наука; теория; онтология; метафизика; эпистемология; методология; принцип; фальсификация; взаимодействие; трансформация; Поппер; Лакатос

A.Yu. Storozhuk

TRANSFORMATION OF THE FALSIFICATION PRINCIPLE AND INTERACTION OF THEORIES

The article discusses changes in the principle of falsification in the course of interdisciplinary interaction of theories. We show that for closely related disciplines the falsification principle works without restrictions and that counterexamples discovered in one field result in a revision of theoretical positions in neighboring fields. However, for sufficiently distant fields, the revealed counterexamples do not bring to a revision of the theory and are behind the scenes.

Keywords: science; theory; ontology; metaphysics; epistemology; methodology; principle; falsification; interaction; transformation; Popper; Lakatos

Введение

В современной науке ярко просматриваются две противоположные тенденции: рост узкой специализации и укрепление междисципли-

линарных связей. Интерес вызывает возможная трансформация методологии и эпистемологических стандартов, происходящая при этих процессах. Рассмотрим эволюцию методологического принципа фальсификации. Он был сформулирован в начале XX в., когда процессы взаимодействия теорий были однонаправленными, причем источником заимствований и методологическим образцом выступала по преимуществу физика. Как результаты, так и методы физики переносились в другие дисциплины: химию, биологию и даже в социальные науки. Сам по себе перенос физических идей не был чем-то новым, принципы механицизма заимствовались в учении о живом еще в XVII в. (вспомним механицизм Декарта). Но раньше междисциплинарные заимствования касались главным образом методологии и онтологических представлений (метафизики теории). В конце XX – начале XXI в. благодаря техническому прогрессу и развитию вычислительной техники было открыто большое количество новых фактов. Любой факт является потенциальным фальсификатором в области применения теории, на языке которой он сформулирован. Но что произойдет, если междисциплинарное заимствование будет касаться не теории или метода, а именно эмпирического материала? Обладает ли «привнесенный извне» факт той же степенью эпистемологической достоверности, что и «свои родные» эмпирические свидетельства? Насколько легко принимаются данные, описанные на чуждом теоретическом языке?

История принципа фальсификации

Принцип фальсификации был сформулирован К. Поппером [9] в начале XX в. в ходе дебатов о критерии научности. До появления этого принципа критерий научности связывался с принципом верификации: научная теория должна иметь проверяемые следствия. Однако при дальнейшем анализе было выявлено много псевдонаучных теорий, имеющих проверяемые следствия, например астрология весьма эмпирична. Для Поппера идеалом научности стала общая теория относительности, которая могла быть опровергнута или подтверждена одним-единственным эмпирическим свидетельством: наблюдением солнечного затмения экспедицией Эддингтона в 1919 г. И Поппер пришел к выводу, что хорошая теория не должна только подтверждаться опытом, она должна некоторые вещи запрещать.

Поппер сформулировал свой принцип фальсификации в нормативной манере: научная теория, противоречащая экспериментальным данным, *должна* быть отброшена. Однако жизнь показала, что в реальности это требование не выполняется, каждая теория существует «в океане аномалий». Требование попперовского «наивного фальсификационизма» было уточнено методологом науки И. Лакатосом, разработавшим концепцию «уточненного методологического фальсификационизма» [3]. Согласно Лакатосу, каждая теория состоит из твердого ядра и защитного пояса гипотез. При столкновении теории с фактами защитный пояс гипотез приводится в соответствие с данными таким образом, чтобы защитить ядро – центральные положения теории. Это позволяет сохранять теорию и дает ей время для развития теоретических положений. В ходе такого развития многие факты, ранее игравшие роль контрпримеров, со временем оказываются объяснены.

Принцип фальсификации и современные исследования

В XX–XXI вв. благодаря техническому прорыву во многих областях науки были открыты новые, порой неожиданные факты, зачастую противоречащие существующим теориям. В то же время усилились межнаучные связи и начался методологический и теоретический обмен между разными областями наук. В рамках данного подхода встает следующий вопрос: дополнили ли факты, открытые в смежных областях науки список потенциальных фальсификаторов теории? Как различные науки реагируют на противоречащие им свидетельства?

В качестве примера рассмотрим чтение генома – значительное технологическое достижение, недоступное ранее. Надо сказать, что чтение генома до сих пор остается весьма трудоемкой и дорогостоящей процедурой. Ручной метод секвенирования геномов предполагает наличие достаточного количества образцов. Поэтому исследуемый фрагмент с помощью плазмид вживляется бактериям, которые должны «наработать» достаточное количество материала. Затем его нужно извлечь и очистить. Если требуется узнать структуру материала, нужно вырастить кристалл для рентгеноструктурного анализа. Затем из исследуемых образцов делают срезы и подвергают их гель-электрофорезу. После чего для восстановления структуры нужно произвести «обратную сборку», расположив срезы, сосредоточенные в каждой полосе гель-электрофореза, в правильном порядке.

Поэтому начали развиваться автоматизированные методы чтения ДНК, что увеличило скорость чтения геномов в сотни раз (секвенирование по Ротбергу) [2]. В результате стало стремительно нарастать количество прочитанных геномов [10]. Чтение геномов было неравномерным. Прежде всего, чаще читали геномы позвоночных животных. Кроме того, геномы по длине могут различаться в тысячу раз. Соответственно, быстрее происходило чтение более коротких геномов.

Тем не менее, хотя отношение прочитанных геномов к их общему числу очень невелико, уже были установлены факты, важные для целого ряда научных областей. Ведь «любой геном – это в некотором смысле архив, документирующий события, происходившие на всем протяжении эволюционной линии от последнего общего предка всех живых организмов (last universal common ancestor, LUCA) до обладателя этого генома. Конечно, некоторые следы в ходе эволюции стираются бесследно, и с этим ничего не поделаешь. Но очень многие сохраняются. Причем все эти следы заключены внутри сложной упорядоченной структуры, дающей возможность их послойно датировать. В этом отношении работа специалиста по сравнительной геномике напоминает стратиграфию или археологию» [11, р. 25–32].

То есть «генетическая летопись» была уподоблена археологической летописи, и каждая из них сравнивается с другой. Полученные данные привели к радикальному пересмотру биологической таксономии. В частности, была существенно переписана биологическая систематика видов: целые роды переносились из семейства в семейство. Большое влияние чтение геномов оказало на прикладные области: селекционеры порадовали огромным количеством новых сортов, полученных не только с помощью генной инженерии, но и традиционными методами, так как знание геномов позволило шире подбирать пары для скрещивания. Поправки были внесены и в эволюционную теорию, а также в географию распространения видов. О большом значении генетики для теории эволюции пишет в книге «Логика случая» знаменитый биоинформатик Евгений Кунин (Eugene Koonin): «Сравнение полных геномов представляет собой единственный удовлетворяющий исследователя путь к реконструкции эволюции» [цит. по: 5].

Кроме того, генетический анализ привел к открытию множества новых видов, которые представляют собой промежуточные звенья эволюции между ныне существующими: «Современные методы метагеномного анализа уже позволяют собирать из фрагментов ДНК,

выделенных из проб воды, донных осадков, почвы и других сред, целые геномы микроорганизмов, в том числе новых для науки. В 2015 году таким способом были открыты локиархеи – неизвестная ранее группа архей, близкая к эукариотам. Целенаправленный поиск микробов, родственных локиархеям, привел к обнаружению большой и разнообразной группы, заслуживающей ранга надтипа и получившей название “Асгард”. В эту группу, помимо описанных ранее локиархей и торархей, входят два новых типа: одинархей и хеймдалльархей» [5].

Методы генетики стали очень широко использоваться в палеонтологии: «До недавнего времени у нас было два широких окна в прошлое: палеонтология и генетика. Возможности обеих этих наук, позволяющие нам вызывать события прошлого из небытия, огромны, но у методов каждой есть недостатки... беда в том, что палеонтологические находки в силу самих условий, способствующих их захоронению, никак не могут отражать прошлое без искажений. Даже удивительно, как много мы, тем не менее, можем благодаря ним узнать. В свою очередь, сравнение различных участков генетических последовательностей позволяет нам строить генеалогические деревья, точно отображающие наше родство с другими организмами. К сожалению, в ходе эволюции гены рано или поздно могут видоизменяться так, что между копиями одного и того же древнего гена не остается ничего общего. Поэтому дальше определенного срока давности картины прошедшего, которые мы можем вычитать из генов, оказываются искажены. Но в нашем распоряжении, помимо генетических и палеонтологических, есть и другие эффективные методы, воссоздающие события глубочайшей древности» [4].

Таким образом, уже беглое рассмотрение показывает, что успехи генетики оказали большое влияние на многие смежные области археологии, биологии и селекции. То есть для родственных областей науки, опирающихся на единые теоретические и методологические основания, факты, установленные в рамках другой науки, являются потенциальными фальсификаторами и приводят к радикальным пересмотрам теоретических оснований.

Но справедливо ли это для достаточно удаленных друг от друга теоретических областей? В качестве примера рассмотрим влияние открытий в области генетики на историческую науку.

Влияние проекта «Геном человека» на исторические теории

Чтение геномов затронуло также и человеческую популяцию. Так, в 2010 г. стартовал проект «Геном России». Полученные данные вошли в прямое противоречие с некоторыми центральными положениями исторической науки.

Например, согласно историкам, русские являются гибридным этносом, на треть представленным славянами, на треть – монголами, на треть – финно-уграми. Историки считают, что Русь обратилась к варягам с просьбой «владейте нами», что обеспечило привнесение финских генов. Также общим местом многих исторических источников является наличие в течение 200 лет татаро-монгольского ига, что должно было привести в славянские крови гены монголов. Однако секвенирование геномов показало, что русские не имеют монгольских генов [13]. Русский этнос – практически чистый с точки зрения генетики, небольшие примеси чужеродных генов встречаются только на северных землях и указывают на наличие гибридизации с другими европеоидными расами.

Генетические исследования показали, что имеются две группы славян: южная и центрально-европейская. Последняя включает в себя восточных и западных славян, куда входят и балтийские народы. С точки зрения генетического родства русские гораздо ближе к финнам, чем к украинцам, принадлежащим к южной группе. Тем не менее традиционная история утверждает, что «Киев – мать городов русских». Генетический же анализ, показывает, что русские принадлежат к другому этносу и не имеют общего с украинцами происхождения.

Вернемся к мифу о том, что русские – на треть финны. Что касается финнов, то генетический состав русских и финнов практически идентичен, т.е. те и другие представляют собой потомков единого народа, расселившегося когда-то на новых землях. Соответственно, развенчивается миф о том, что на территории Древней Руси жили «дикие племена», которые послали гонцов к варягам с просьбой: «Владейте нами». Генетический анализ показывает, что это был один и тот же народ. В частности, на археологических раскопках стоянки Усть-Ишим были найдены фрагменты органического вещества, датированные возрастом 45 тыс. лет. Генетический анализ по-

казал, что первые обитатели региона – «древние северные сибиряки», ANS, были родственны западно-евразийским охотникам-собирателям [15].

Историки, приезжавшие в Сибирь, признали последнюю «неисторической территорией». Генетический анализ вкупе с археологическими находками показывает, что этнос, населявший Восточную и Западную Сибирь, существовал на этих землях очень долгое время и широко расселялся на другие территории. Одна из волн миграции охватывает Гренландию, где древнейшая из культур оказалась образованной племенами Восточной Сибири. «Генетики продолжают исследование древнейшей культуры Гренландии, именуемой саккак (Saqqaq). Они расшифровали ядерный геном саккакского охотника. Образцы его 4 тысячи лет сохранялись в вечной мерзлоте, пока полтора десятилетия назад археологи не извлекли их на поверхность. Анализ ДНК из клеточных ядер подтвердил выводы, сделанные полтора года назад на основе изучения митохондриального генома: саккакские поселенцы пришли из Восточной Сибири и не связаны близким генетическим родством ни с современными гренландскими эскимосами, ни с североамериканскими северными народностями» [6].

Другая волна миграции из Сибири захватывает Америку. «Наблюдаемое распределение генетических вариаций убедительно свидетельствует о том, что все генетическое разнообразие коренных американцев происходит из единого предкового азиатского генофонда, и широкое расселение людей по обеим Америкам имело место только единожды. ...Хотя некоторые палеоиндейские черепа отличаются от современных, генетический анализ доказал, что все коренное население Америки – как древнее, так и современное – происходит от одной и той же популяции выходцев из Южной Сибири. Первые люди появились на северо-восточной окраине североамериканского континента не ранее 30 и не позднее 13 тыс. лет назад, скорее всего между 22 и 16 тыс. лет назад» [12, pp. 1497–1502.].

Генетические исследования также разрушают общепринятый миф о том, что человек разумный появился в Африке. «Когда около 80–60 тыс. лет назад *Homo sapiens* вышел из Африки покорять огромные просторы Евразии, там уже несколько сотен тысяч лет жили неандертальцы. Самые ранние из известных останков этих первобытных людей датируются возрастом около 430 тыс. лет» [7].

Также считалось, что неандертальцы вымерли, уступив место новому виду – кроманьонцам. Однако раскопки в Денисовой пещере позво-

лили поднять фрагмент, принадлежавший «индивиду женского рода, мать которого была неандерталка, а отцом – денисовец. Так было получено первое в мире прямое свидетельство факта смешения между этими двумя совершенно разными группами древних гомининов» [8, с. 36]. То есть разные виды людей сосуществовали в одно время и на одной территории. В геномах всех современных людей, которые, как считалось, произошли от кроманьонца – человека разумного, присутствуют гены неандертальцев. «В геноме каждого европейца и азиата есть примерно 2% неандертальских фрагментов» [1].

Новосибирские археологи, проводившие раскопки, выделили денисовского человека, понимая под ним «первобытных людей, можно сказать, дальних родственников неандертальцев, отделившихся от них примерно 400 тыс. лет назад... Азиатская популяция денисовцев внесла свой генетический вклад во все народы Азии, в первую очередь в жителей Океании (в их генотипе имеется более 5% денисовской ДНК), а также в население Папуа Новой Гвинеи и аборигенов Австралии» [8, с. 30]. Эти данные также свидетельствуют о давнем заселении Сибирских территорий и о многочисленных миграциях на другие территории.

Остается рассмотреть вопрос, являются ли идущие вразрез с общепринятыми взглядами на историю России, факты, установленные генетиками и палеонтологами, фальсификаторами для историков. Для этого надо понять, как изменились представления об истории России под влиянием открытий генетиков. Изменились ли за десятилетия, прошедшие со времени этих открытий исторические теории?

Заключение

В настоящее время для науки характерно расширение междисциплинарных связей между ее различными областями. Обмен идет и в плане переноса методов познания, и на теоретическом уровне, что выражается в виде заимствования терминологии и концептуального аппарата. При этом научные методы зачастую настолько схожи, что до середины 1960-х годов даже говорили о едином научном методе. Заимствование теоретического материала также сравнительно легко происходит в достаточно далеких областях. Например, понятие энтропии из химической термодинамики в течение 2000-х годов было перенято сразу и в теории черных дыр в космологии, и в теории информации, затем в области квантовых компьютеров и т.д.

Фактологический материал усваивается в целом медленнее и более неравномерно. Так, близкие друг к другу области сравнительно быстро рассматривают новые факты из смежных областей как потенциальные фальсификаторы и реагируют на них перестройкой теории. Далекие друг от друга области практически «не замечают» новых данных и развиваются по старинке.

Литература

1. Гельфанд М. Неравный брак // Троицкий вариант. – 2018. – № 17 (261). – Режим доступа: <https://trv-science.ru/2018/08/28/neravnyj-brak/> (Дата обращения 16.07.2020 г.)
2. Клещенко Е. Читаем ДНК: в сто раз быстрее, в тысячу раз дешевле // «Химия и жизнь» – 2006. – №1. – С. 14-17.
3. Лакатос И. Фальсификация и методология научно-исследовательских программ. – М.: "Медиум", 1995. – 236 с.
4. Лейн Н. Лестница жизни Десять величайших изобретений эволюции. – М.: АСТ, CORPUS 2013. – 528 с.
5. Марков А. Описан новый надтип архей, к которому относятся предки эукариот. – Режим доступа: https://elementy.ru/novosti_nauki/432910/Opisan_novyy_nadtip_arkhey_k_kotoromu_otnosyatsya_predki_eukariot (Дата обращения 16.01.2017.)
6. Наймарк Е. Вечная мерзлота раскрывает тайну палеоэскимосов. – Режим доступа: https://elementy.ru/novosti_nauki/431256/vechnaya_merzlota_raskryvaet_taynu_paleoeskimosov (Дата обращения 16.01.2017.)
7. Новые факты еще больше запутали историю неандертальцев в Евразии. Режим доступа: – Режим доступа: <https://scfh.ru/news/novye-fakty-eshche-bolshe-zaputali-istoriyu-neandertaltsev-v-evrazii/> (Дата обращения 16.07.2020 г.)
8. Паабо С., Слон В. Палеогенетическая реконструкция каменного века // Наука из первых рук. – 2019. – Т. 82. – №2. – С. 28–37.
9. Поннер К. Логика и рост научного знания (избранные работы). – М.: Прогресс, 1983. – 605 с.
10. Ястребов С. Полностью прочитанных геномов животных уже больше двухсот. – Режим доступа: https://elementy.ru/novosti_nauki/432665/Polnostyu_prochitannykh_genomov_zhivotnykh_uzhe_bolshe_dvukhsot 30.12.2015 (Дата обращения 16.07.2020 г.)
11. Casey W.D., Ryan J. F. The evolution of animal genomes // Current opinion in genetics and development. – 2015. – V. 35. – P. 25–32.
12. Goebel T., Michael R. Waters, Dennis H. O'Rourke. The late Pleistocene dispersal of modern humans in the Americas // Science. – 2008. – V. 319. – P. 1497–1502.
13. Kushniarevich A. Genetic Heritage of the Balto-Slavic Speaking Populations: A Synthesis of Autosomal, Mitochondrial and Y-Chromosomal Data. – Режим доступа: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0135820> (Дата обращения 16.07.2020 г.)
14. Saag L., Laneman M., Varul I., Malve M. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further East // Current Biology. – 2019. – V. 29. – P. 1701–1711.

15. *Sikora M., Pitulko V.V., Sousa V.C.* et al. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene DOI: 10.1038/s41586-019-1279-z. – Режим доступа: URL <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31168093/> (Дата обращения 16.07.2020 г.)

16. *Zaremba-Niedzwiedzka K., Caceres E. F., J. H. Saw, Bäckström D., Juzokaite L., Vancaester E., Seitz K. W., Anantharaman K., Starnawski P., Kjeldsen K. U., Stott M. B., Nunoura T., Banfield J. F., Schramm A., Baker B. J., Spang A. & Thijs J. G.* Ettema. Asgard archaea illuminate the origin of eukaryotic cellular complexity. – Режим доступа: https://www.researchgate.net/publication/312324762_Asgard_archaea_illuminate_the_origin_of_eukaryotic_cellular_complexity (Дата обращения 16.07.2020 г.)

References

1. *Gelfand, M.* (2018). Neravnyy brak [Unequal marriage]. Troitskiy variant [Troitsk Variant], 17 (261). Available at: <https://trv-science.ru/2018/08/28/neravnyj-brak/> (date of access: 16.07.2020).

2. *Kleshchenko, E.* (2006). Chitaem DNK: v sto raz bystree, v tysyachu raz deshevle [Reading DNA: a hundred times faster, a thousand times cheaper]. *Khimiya i zhizn* [Chemistry and Life], 1, 14–17.

3. *Lakatos, I.* (1995) Falsifikatsiya i metodologiya nauchno-issledovatel'skikh programm [Falsification and the methodology of scientific research programmes]. Moscow, Medium Publ. (In Russ.).

4. *Lane, N.* (2013). Lestnitsa zhizni: Desyat velichayshikh izobreteniy evolyutsii [Life Ascending: The Ten Great Inventions of Evolution]. Moscow, AST Publ., CORPUS Publ. (In Russ.).

5. *Markov, A.* (2017). Opisan novyy nadtip arkhey, k kotoromu otnosyatsya predki eukariot [A new supertype of archaea is described, to which the ancestors of eukaryotes belong]. Available at: https://elementy.ru/novosti_nauki/432910/Opisan_novyy_nadtip_arkhey_k_kotoromu_otnosyatsya_predki_eukariot (date of access: 16.01.2017).

6. *Naymark, E.* (2010). Vechnaya merzlota raskryvaet taynu paleoeskimosov [Permafrost reveals the mystery of the Paleo-Eskimos]. Available at: https://elementy.ru/novosti_nauki/431256/vechnaya_merzlota_raskryvaet_taynu_paleoeskimosov (date of access: 16.01.2017 г.).

7. *Novye fakty eshche bolshe zaputali istoriyu neandertaltsev v Evrazii* [New facts confuse the history of Neanderthals in Eurasia even more]. (2019). Available at: <https://scfh.ru/news/novyye-fakty-eshche-bolshe-zaputali-istoriyu-neandertaltsev-v-evrazii/> (date of access: 16.07.2020).

8. *Paabo, S. & V. Slon.* (2019). Paleogeneticheskaya rekonstruktsiya kamennogo veka [Paleogenetic reconstruction of the Stone Age]. *Nauka iz pervykh ruk* [Science at First Hand], Vol. 82, No. 2, 28–37.

9. *Popper, K.* (1983). Logika i rost nauchnogo znaniya: Izbrannye raboty [Logic and the Growth of Scientific Knowledge: Selected Works]. Moscow, Progress Publ., 605.

10. *Yastrebov, S.* (2015). Polnostyu prochitannykh genomov zhivotnykh uzhe bolshe dvukhsot [Fully read animal genomes are already more than two hundred]. Available at: https://elementy.ru/novosti_nauki/432665/Polnostyu_prochitannykh_genomov_zhivotnykh_uzhe_bolshe_dvukhsot (date of access: 16.07.2020).

11. *Casey, W.D. & J.F. Ryan.* (2015). The evolution of animal genomes. *Current Opinion in Genetics and Development*, 35, 25–32.

12. *Goebel, T., M.R. Waters & D.H. O'Rourke.* (2008). The late Pleistocene dispersal of modern humans in the Americas. *Science*, 319, 1497–1502.

13. *Kushniarevich, A., O. Utevska, M. Chuhryaeva, A. Agdzhoyan, K. Dibirova, I. Uktveryte, et al.* (2015). Genetic Heritage of the Balto-Slavic Speaking Populations: A Synthesis of Autosomal, Mitochondrial and Y-Chromosomal Data. DOI: 10.1371/journal.pone.0135820. Available at: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0135820> (date of access: 16.07.2020).

14. *Saag, L. et al.* (2019). The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further East. *Current Biology*, 29 (10), 1701–1711, e1–e16.

15. *Sikora, M., V.V. Pitulko, V.C. Sousa et al.* (2019). The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene. *Nature*, 05 June. DOI: 10.1038/s41586-019-1279-z. Available at: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31168093/> (date of access: 16.07.2020).

16. *Zaremba-Niedzwiedzka, K., E.F. Caceres, J.H. Saw, D. Bäckström, L. Juzokaite, E. Vancaester, K.W. Seitz, K. Anantharaman, P. Starnawski, K.U. Kjeldsen, M.B. Stott, T. Nunoura, J.F. Banfield, A. Schramm, B.J. Baker, A. Spang & T.J.G. Ettema.* (2017). Asgard archaea illuminate the origin of eukaryotic cellular complexity. *Nature*, 541 (7637). Available at: https://www.researchgate.net/publication/312324762_Asgard_archaea_illuminate_the_origin_of_eukaryotic_cellular_complexity (date of access: 16.07.2020).

Информация об авторе

Сторожук Анна Юрьевна – доктор философских наук, ведущий научный сотрудник Института философии и права СО РАН (630090, г. Новосибирск, ул. Николаева 8) stor71@mail.ru

Information about the author

Storozhuk Anna Yurievna – Doctor of Sciences (Philosophy), Leading Researcher at the Institute of Philosophy and Law, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (8, Nikolaev st., Novosibirsk, 630090, Russia) stor71@mail.ru

Дата поступления 13.08.2020