

ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ГЕНОФОНДОВ НАРОДОВ КАВКАЗА И ВОСТОЧНЫХ СЛАВЯН ПО ДАННЫМ О ПОЛИМОРФИЗМЕ Y ХРОМОСОМЫ

О.П. Балановский^{1,2}, Х.Д. Дибирова¹, А.Г. Романов¹, О.М. Утевская³,
А.В. Шанько¹, Е.Г. Баранова¹, Э.А. Почешхова⁴

¹Медико-генетический научный центр РАМН (Москва)

²Институт общей генетики РАН (Москва)

³Харьковский государственный университет (Харьков)

⁴Адыгейский государственный университет (Майкоп)

В ходе экспансии Российской империи в XVI–XIX веках русские популяции расселялись на обширных новых территориях (Кавказ, Сибирь, Средняя Азия), зачастую смешиваясь с автохтонным населением. Для изучения генетических итогов этого процесса мы изучили наиболее рано сформировавшиеся русские популяции Кавказа. Происхождение первой из изученных популяций – терских казаков – восходит к XVI столетию, то есть к самому раннему периоду русского присутствия на Кавказе. В генофонде этой популяции нами обнаружены значительные частоты гаплогрупп G и J (вариантов Y хромосомы, наследующихся от отца к сыну), которые характерны для коренных народов Кавказа. Это указывает на ассимиляцию данной русской популяцией местного мужского населения. Вторая изученная нами группа представляла собой кубанское казачество, сформировавшееся значительно позднее. Эта популяция казаков по маркерам Y хромосомы оказалась неотличима от русских популяций основного ареала. Полученные результаты позволяют предполагать, что на ранних этапах русской экспансии взаимодействие пришлого славянского и автохтонного кавказского генофондов происходило по сценарию ассимиляции, но на поздних этапах преобладал сценарий, в котором заселение Кавказа русскими колонистами происходило без ассимиляции автохтонного населения.

Ключевые слова: генофонд, казаки, Северный Кавказ, ассимиляция, колонизация, Y хромосома

Введение

Массовое расселение русских популяций на пространствах от Восточной Европы до Русской Америки, вызванное быстрым территориальным ростом Российской империи, являлось, по всей видимости, наиболее интенсивной миграцией в Северной Евразии за последние пять столетий. В этой длительной экспансии участвовали миллионы русских, которые последовательно заселили бассейны нижней Волги, Урал, Сибирь, Дальний Восток, Аляску, Среднюю Азию и Кавказ в XVI–XIX веках. На этих новых территориях, присоединенных к российскому государству, русские переселенцы встретили антропологически и генетически разнообразные популяции и в определенной степени ассимилировали их. Эта ассимиляция имела как культурный аспект (распространение

русского языка и православия), так и биологический аспект (взаимодействие генофондов в результате межэтнических браков). Именно биологический аспект является предметом нашего исследования, проведенного на примере взаимодействия пришлого славянского и автохтонного населения Северного Кавказа.

Экспансия восточных славян была составной частью более общего процесса расселения европейцев в других регионах и континентах в эпоху Великих географических открытий. Но, в отличие от «заморской» колонизации, практиковавшейся западноевропейскими народами, восточнославянское население из Восточной Европы распространялось по суше, и потому расселение было географически более последовательным, регион за регионом. К сожалению, генетические итоги процесса русского расселения до сих пор слабо

изучены, а примеры использования для решения этого вопроса полиморфизма Y хромосомы нам неизвестны.

При этом маркеры Y хромосомы являются едва ли не самыми информативными и наиболее активно используемыми генетическими системами. Весьма подробно изучен генофонд Европы [Rosser et al., 2000; Semino et al., 2000; Battaglia et al., 2008; Balanovsky et al., 2008; Lappalainen et al., 2008 и другие работы], а также многих других регионов мира. В том числе изучен ряд русских популяций, но данные по генофонду казаков в российской и мировой литературе отсутствуют. Немаловажно, что именно «однородительские» маркеры (Y хромосомы и митохондриальной ДНК) наиболее эффективны для реконструкции путей формирования групп со сложной популяционной историей, включавшей контакты различных этнических и расовых компонентов. Примером может служить недавняя работа по реконструкции относительной доли европейского, койсанского, бантоидного и южноазиатского компонентов в генофонде цветного населения Южной Африки раздельно по мужской (Y хромосома) и женской (митохондриальной ДНК) линиям [Quintano-Murci et al., 2010]. Маркеры Y хромосомы являются оптимальной системой для прослеживания расселения славянских популяций по Северной Евразии.

В большинстве случаев пионерами на новых территориях являлись казаки. Это население отличалось причудливым соединением сельскохозяйственного и военизированного укладов жизни, а позднее оформилось в отдельное сословие. Но при этом казаки заключали (а во многом заключают и сейчас) браки преимущественно друг с другом, что позволяет рассматривать их как популяцию в строгих терминах популяционной генетики. Потомки казачьих популяций отличали себя от последующих волн миграций и, как правило, не смешивались с ними, что нашло отражение и в своеобразии фамилий казаков [Балановская, Балановский, 2007]. Достаточно высокая степень эндогамии позволяет по генофонду современных казачьих популяций судить об их генофонде (и их происхождении) несколько столетий назад.

Чаще всего казаки рассматриваются как субэтнос русского народа, поскольку они имеют много этнографических особенностей, вызванных их сложным происхождением, культурными заимствованиями от окружающих народов и особой исторической судьбой. Первоначально сформировались четыре группы казачества: донские (верхнее и среднее течение Дона), запорожские (на Днепре ниже Днепровских порогов), терские (на реке Терек на Кавказе), яицкие казаки (на реке Яик, переимено-

ванной Екатериной II в Урал после Пугачевского восстания, с целью изгладить память об яицких казаках-повстанцах). Поскольку эти четыре группы оказались весьма эффективны для расширения границ Российской империи, правительство стало способствовать формированию и новых казачьих войск – кубанских казаков на Кавказе, уральских, забайкальских и других казачьих групп.

Все группы казаков первоначально формировались членами более старых казачьих общин и переселенцами из внутренних областей России. Однако на новых территориях казаки вступали в контакт с местным коренным населением, причем наиболее распространенными могли быть браки казаков с женщинами из местных популяций. Этот поток генов должен был отразиться в изменчивости митохондриальной ДНК и аутосомных генетических маркеров, но не мог оказать никакого влияния на изменчивость Y хромосомы, наследующейся по мужской линии. Но могли происходить и события иного рода – включение в состав казачества мужчин из окружающих коренных народов. В современной околонаучной литературе распространено мнение, что казачество сформировалось даже преимущественно из неславянских популяций с лишь незначительным включением в свой состав популяций русского этноса. Характер и интенсивность именно этого процесса изучается в настоящем исследовании, проведенном по маркерам Y хромосомы, и, забегая вперед, отметим, что эта своеобразная теория не подтверждается полученными нами данными о генофонде кубанского и терского казачества.

Целью нашей работы было изучить генофонд современных популяций терских и кубанских казаков Северного Кавказа, проследить происхождение этих популяций и оценить степень их смешения с автохтонными популяциями Кавказа по маркерам Y хромосомы, наследующимися по мужской линии. Это исследование, кроме реконструкции популяционной истории своего непосредственного объекта – терского и кубанского казачества – может, на наш взгляд, пролить свет и на более общий вопрос о генетических последствиях расселения русского народа на просторах Северной Евразии.

Материалы и методы

Терские казаки сформировались в XVI столетии в ходе миграции из южных окраин русских земель – вероятнее всего, из Рязанского княжества незадолго до его включения в состав Мос-

ковского государства [Попко, 2001]. Эта дальняя миграция привела к формированию первой документированной русской популяции на Кавказе далеко за пределами границ Русского государства: первоначально населяя верховья Терека, позднее она расселилась на восток до Каспия и на запад в предгорья Центрального Кавказа. Терские казаки были вовлечены во многие военные операции российского государства на Кавказе и в Средней Азии, а после вхождения степных областей Предкавказья в границы Российской империи в XVIII веке, терские казаки стали пограничным населением и одновременно пограничным войском между Российской империей и сохранявшими независимость племенами коренного населения Кавказа. Поселения казаков располагались цепочкой вдоль Терека, образуя линию обороны от горцев. Окончательное присоединение горных областей Кавказа к России произошло лишь в конце XIX века. Таким образом, около трех столетий (с XVI по XIX в.) терские казаки проживали среди коренных народов Северного Кавказа [Попко, 2001; Воронов, 1866]. Благодаря этим контактам терское казачество переняло многие черты одежды, жилища и оружия от коренных народов Кавказа. Но язык и религия у казаков оставались общими с русскими; впрочем, среди них было много старообрядцев. Браки с местными уроженками были типичным явлением, но и иногда целые семьи из окружающих горских народов переселялись в казачьи поселения, принимая православие и вливаясь в состав казаков.

Происхождение кубанского казачества было во многом сходным. На Кубани казачьи войска появились в XIX веке и были сформированы частью из донских и запорожских казаков, частью из крестьян Южной России и Украины. Кубанские казаки составляли западную часть северокавказской военной линии, протянувшейся от Черного моря до Каспийского. После завершения Кавказской войны в 1865 году, когда весь Кавказ вошел в состав России, казаки потеряли военное значение и стали обычным населением с сельскохозяйственным кругом занятий, так же как и около двух миллионов других русских, переселившихся на ставшие безопасными плодородные земли Северного Кавказа [Кабузан, 1996]. Тем не менее, современные потомки кубанских и терских казаков в большинстве случаев помнят свое происхождение и чаще всего заключают браки в пределах своего круга. Это сохраняет их генофонд от растворения в массе современного русского населения Кавказа.

Биологический материал был собран в ходе ряда экспедиций 2001–2010 гг., проведенных под руководством Е.В. Балановской и Э.А. Почешховой. Образцы терских казаков (объем выборки

N=125) были собраны в Майском и Прохладненском районах Кабардино-Балкарии (Центральный Кавказ), кубанских казаков (N=97) – в Майкопском районе Адыгеи. Обе популяции четко отличают себя от окружающего русского населения и часто живут в отдельных станицах. Анализировались только те индивиды, предки которых на протяжении трех поколений (пробанд, его родители и бабушки-дедушки) родились в данной популяции (в пределах административных границ данного и нескольких соседних районов) и относили себя к казакам. Наличие в выборке родственников (до третьей степени родства) тщательно исключалось. Все обследованные дали письменное информированное согласие на предоставление образца крови для популяционно-генетического анализа, проводимого под контролем Этической комиссии МГНЦ РАМН.

Образцы ДНК терских и кубанских казаков были изучены по маркерам Y хромосомы согласно методологии, общепринятой в современных генетических исследованиях. Было генотипировано 40 SNP маркеров, что позволяет различить гаплогруппы (варианты, «аллели») Y хромосомы. Это позволило определить, к какой из гаплогрупп Y хромосомы относится каждый образец, и рассчитать частоты гаплогрупп в обеих популяциях казаков. Данные по терским казакам представляются впервые, данные по кубанским существенно расширены по сравнению с опубликованными нами ранее [Balanovsky et al., 2008].

Полученные данные сопоставлены с обеими группами, которые могли внести генетический вклад в генофонд казаков: с русскими популяциями [данные из статьи Balanovsky et al., 2008] и с популяциями коренных народов Кавказа [Дибирова и др., 2010]. При этом для сравнения мы использовали только данные по центральным и южным русским популяциям (табл. 1), но не включали северных русских, поскольку их генофонд существенно отличается от основного массива русских популяций, и при этом северные русские по историческим данным едва ли могли внести значимый вклад в формирование генофонда казачества. Всего в исследование вовлечено 2507 человек из 29 популяций.

Результаты

Сравнение двух групп населения, участвовавшего в происхождении казачьего населения, выявило, что русские популяции и коренное население Кавказа различаются не только по частотам, но даже по составу гаплогрупп Y хромосомы. Например, гаплогруппа I, частая у русских,

Таблица 1. Исследованные популяции казаков Северного Кавказа и группы сравнения

Популяция	N	Географическое положение	Регион	Источник*
Казаки кубанские	97	Западный Кавказ	Адыгея	1
Казаки терские	125	Центральный Кавказ	Кабардино-Балкария	1
Шапсуги	100	Западный Кавказ	Краснодарский край	2
Абхазы	58	Западный Кавказ	Абхазия	2
Черкесы	142	Западный Кавказ	Карачаево-Черкесия	2
Осетины дигорцы-христиане	57	Центральный Кавказ	Северная Осетия	2
Осетины дигорцы-мусульмане	66	Центральный Кавказ	Северная Осетия	2
Осетины южные	50	Центральный Кавказ	Южная Осетия	2
Осетины алагирцы	70	Центральный Кавказ	Северная Осетия	2
Осетины туалыцы	48	Центральный Кавказ	Северная и Южная Осетия	2
Осетины куртатинцы	68	Центральный Кавказ	Северная Осетия	2
Ингуши	143	Восточный Кавказ	Ингушетия	2
Чеченцы Ингушетии	112	Восточный Кавказ	Ингушетия	2
Чеченцы Чечни	118	Восточный Кавказ	Чечня	2
Чеченцы Дагестана	100	Восточный Кавказ	Дагестан	2
Аварцы	115	Восточный Кавказ	Дагестан	2
Даргинцы	101	Восточный Кавказ	Дагестан	2
Кубачинцы	65	Восточный Кавказ	Дагестан	2
Кайтагцы	33	Восточный Кавказ	Дагестан	2
Лезгины	81	Восточный Кавказ	Дагестан	2
Унжа	52	Центральные русские	Костромская обл.	3
Кашин	73	Центральные русские	Тверская обл.	3
Порхов	57	Центральные русские	Псковская обл.	3
Остров	75	Центральные русские	Псковская обл.	3
Рославль	107	Центральные русские	Смоленская обл.	3
Ливны	110	Южные русские	Орловская обл.	3
Пристенъ	45	Южные русские	Курская обл.	3
Репьевка	96	Южные русские	Воронежская обл.	3
Белгород	143	Южные русские	Белгородская обл.	3

Примечания: * 1 – данная работа; 2 – [Дибирова и др., 2010]; 3 – [Balanovsky et al., 2008]

практически отсутствует у северокавказских народов, а гаплогруппа **G2**, напротив, часта на Кавказе, но почти не встречается у русских. Это позволило сформировать два набора гаплогрупп. Первый набор характерен для русских популяций: это гаплогруппы **I**, **N1c**, **R1a**. Второй набор характерен для коренных народов Кавказа: это гаплогруппы **G2**, **J1**, **J2**. Поэтому характеристика казачьих популяций по каждому из этих наборов прямо показывает вклад русского и северокавказского компонентов в генофонд казаков (табл. 2).

Можно видеть, что условно «русские» генетические варианты у кубанских казаков составляют 79%, то есть почти так же много, как и у самих русских популяций (84%). У терских казаков частота условно «русских» гаплогрупп заметно меньше (58%), а у коренных народов Кавказа эти гаплогруппы составляют только одну двадцатую часть генофонда (табл. 2). Тренд частоты условно «кавказских» гаплогрупп прямо противоположен. У коренных народов Кавказа они составляют основную часть генофонда (83%), у терских казаков – около трети генофонда (28%), а у кубанских

Таблица 2. Относительный вклад русского и автохтонного населения в формирование генофонда терских и кубанских казаков

	N	Частота условно «русских» гаплогрупп (I, N1c, R1a)	Частота условно «кавказских» гаплогрупп (G2, J1, J2)	Частота прочих гаплогрупп	Источник
Русские популяции	758	84%	3%	13%	Balanovsky et al., 2008
Кубанские казаки	97	79%	5%	16%	Данная работа
Терские казаки	125	58%	28%	14%	Данная работа
Коренные популяции Кавказа	1527	5%	83%	12%	Дибирова и др., 2010

казаков и русских частота условно «кавказских» гаплогрупп минимальна (5% и 3%, соответственно). Таким образом, в генофонде терских казаков наблюдается значительное снижение суммарной частоты «русского» генетического компонента и соответствующее увеличение «кавказского» компонента. Что же касается кубанских казаков, то их генофонд является слепком с русского и не несет следов ассимиляции кавказского субстрата.

Гаплогруппы, отнесенные нами к «русским» или «кавказским», различаются по частоте в этих популяциях как минимум на порядок. Тем не менее, такой анализ, проведенный по выделенным «наборам» гаплогрупп, неизбежно несет некоторую степень субъективности. Поэтому мы провели иной вид анализа, уже полностью объективного: по частотам всех гаплогрупп была получена матрица

неевских [Nei, 1987] генетических расстояний, которая была визуализирована методом многомерного шкалирования. Результаты представлены на рис. 1. Можно видеть, что на графике кубанские казаки объединяются вместе с южными и центральными русскими популяциями. Популяции коренных народов Северного Кавказа (мы вывели на график три обобщенных группы – Западный, Центральный и Восточный Кавказ) располагаются в другой части графика. Что же касается популяции терских казаков, то они в этом генетическом пространстве располагаются посередине между русскими и кавказскими популяциями. Итак, оба вида анализа приводят к идентичным результатам.

Получив ответ на вопрос об ассимиляции коренного населения Кавказа казачьими популяция-

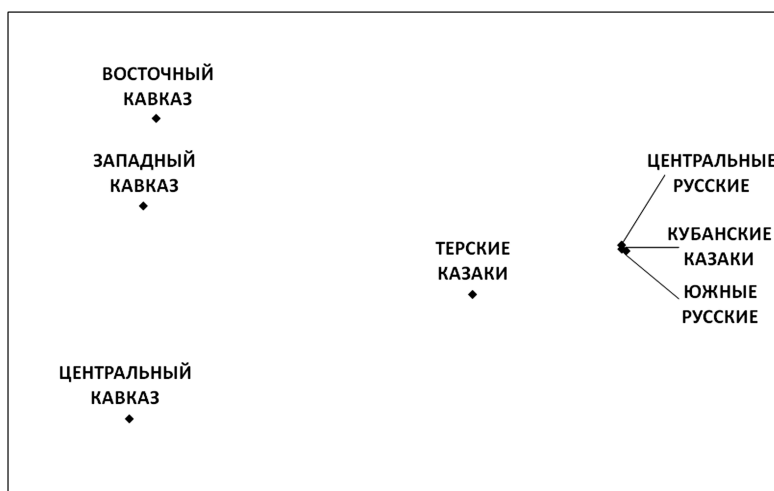


Рис. 1. Генетические взаимоотношения между популяциями казаков, коренным населением Кавказа и русскими группами

ми, можно рассмотреть и вопрос об обратной ассимиляции: происходил ли поток генов (по мужской линии) из популяций казаков к коренному населению Кавказа? Ответ, по всей видимости, должен быть отрицательным. Например, частота гаплогруппы I в русских популяциях составляет в среднем 20% [Balanovsky et al., 2008]. Но ее частота у коренных народов Кавказа составляет в среднем лишь 0.4% [Дибирова и др., 2010]. Поэтому, даже если предположить, что все обнаруженные в коренном населении Кавказа носители этой гаплогруппы являются потомками русских переселенцев, этот максимально возможный генетический вклад составит 2%, а реальный вклад, скорее всего, был еще меньше.

Обсуждение результатов

По историческим данным и терские, и кубанские казаки первоначально формировались переселенцами из центральных и южных частей исторического русского ареала в пограничную зону между степной полосой и Кавказским хребтом. Общее географическое положение обусловило идентичность истории терских и кубанских казаков. Много поколений они являлись военным заслоном от горских племен. Контакты с этим соседним населением сформировали особый этнографический комплекс, общий для обеих групп казаков. Эти этнографические особенности помогли относительно немногочисленным группам казаков сохранить свою субэтническую идентичность в более позднее время, когда миллионы новых русских переселенцев появились на Кавказе.

Однако, несмотря на сходство в происхождении, культуре, образе жизни и последних этапов истории этих двух групп казаков, ранние фазы их истории были различны. Терские казаки сформировались раньше и были некогда единственным русским «островом», окруженным множеством коренных популяций Кавказа. Кубанские же казаки, напротив, сформировались, когда Россия уже стояла на Кавказе твердой ногой, и русско-украинские переселенцы уже составляли 12% от общего населения Северного Кавказа [Кабузан, 1996].

Наше исследование генофонда выявило кардинальные различия между генофондами двух групп казаков. Терские казаки включили в себя существенный генетический компонент автохтонного населения Кавказа, причем по мужской линии. А генофонд кубанских казаков остался неотличим от популяций Центральной России, откуда некогда мигрировали их предки.

Мы приходим к выводу, что популяция терских казаков сформировалась путем значительной ассимиляции коренного населения, скорее всего в ходе раннего периода своей истории. Другая же группа казаков сформировалась позже, просто путем переселения из исторического русского ареала, и влияние коренного населения Кавказа на ее генофонд не прослеживается.

Это исследование двух казачьих групп иллюстрирует, что экспансия русских популяций на Кавказ (а возможно, и на другие территории) могла протекать в две фазы, различные по своей популяционно-генетической природе. В течение первой фазы взаимодействие с коренным населением могло идти по модели ассимиляции, но на второй фазе происходит смена на модель, которую, по сравнению с расселением по всему миру западноевропейских народов, можно назвать моделью колонизации.

Благодарности

Это исследование было бы невозможно без 222 кубанских и терских казаков, предоставивших образцы своей крови для изучения истории и структуры их генофонда. Авторы признательны Janet Ziegler из компании Applied Biosystems за разработку зондов для генотипирования SNP маркеров. Исследование финансировалось проектом «Генография» (The Genographic project), грантами РФФИ 10-06-00451, 10-07-00515, 10-04-01603, 11-04-90470-Укр_ф_а и программой Президиума РАН «Молекулярная и клеточная биология».

Библиография

- Балановская Е.В., Балановский О.П. Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч, 2007.
- Воронов Н. Статистические данные о Терском казачьем войске. // Кавказский календарь на 1867 год, Тифлис, 1866, с.354–369.
- Дибирова Х.Д., Балановская Е.В., Кузнецова М.А., Фролова С.А., Васинская О.А., Почешхова Э.А., Запороженко В.В., Дружинина Е.Г., Пшеничнов А.С., Ражабов М.О., Теучеж И.Э., Схалыхо Р.А., Захарова Т.А., Евсеева И.В., Дубинецкая Е., Балановский О.П. Генетический рельеф Кавказа: четыре лингвистико-географических региона по данным о полиморфизме Y хромосомы // Медицинская генетика. 2010. Т 9. № 10. С. 9–18.
- Кабузан В. Население Северного Кавказа в XIX–XX веках. С-Петербург. 1996.
- Полко И.Д. Терские казаки со стародавних времен. Гребенское войско. Нальчик, 2001. Вып. V. С. 27.

- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Chumosov M., Evseeva I., Pocheshkhova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., Villems R.* Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // *American Journal of Human Genetics*. 2008. Vol. 82. N 1. P. 236–250.
- Battaglia V., Fornarino S., Al-Zahery N., Olivieri A., Pala M., Myres N.M., King R.J., Rootsi S., Marjanovic D., Primorac D., Hadziselimovic R., Vidovic S., Drobnic K., Durmishi N., Torroni A., Santachiara-Benerecetti A.S., Underhill P.A., Semino O.* Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in Southeast Europe // *European Journal of Human Genetics*. 2009. Vol. 17(6). P. 820–830.
- Lappalainen T., Laitinen V., Salmela E., Andersen P., Huoponen K., Savontaus M.L., Lahermo P.* Migration Waves to the Baltic Sea Region // *Annals of Human Genetics*. 2008. P. 1–12.
- Nei M.* *Molecular evolutionary genetics*. New York: Columbia Univ. Press. 1987.
- Quintana-Murci L., Harmant C., Quach H., Balanovsky O., Zaporozhchenko V., Bormans C., van Helden P.D., Hoal E.G., Behar D.M.* Strong maternal Khoisan contribution to the South African coloured population: a case of gender-biased admixture // *American Journal of Human Genetics*. 2010. Vol. 86(4). P. 611–620.
- Rosser Z.H., Zerjal T., Hurler M.E. et al.* Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language // *American Journal of Human Genetics*. 2000. Vol. 67. P. 1526–1543.
- Semino O., Passarino G., Oefner P.J., Lin A.A., Arbuzova S., Beckman L.E., Benedictis G., Francalacci P., Kouvatsi A., Limborska S., Marcikis M., Mika A., Mika B., Primorac D., Santachiara-Benerecetti A.S., Cavalli-Sforza L.L., Underhill P.A.* The Genetic Legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective // *Science*. 2000. Vol. 290, N 10.

Контактная информация:

Балановский Олег Павлович: 115478, г. Москва, ул. Москворечье, д. 1, МГНЦ РАМН, balanovsky@inbox.ru;
Дибирова Хадиджат Дибировна: 115478, г. Москва, ул. Москворечье, д. 1, МГНЦ РАМН;
Романов Алексей Геннадьевич: 115478, г. Москва, ул. Москворечье, д. 1, МГНЦ РАМН;
Утевская Ольга Михайловна: Харьковский национальный университет имени В.И. Каразина, Харьков;
Шанько Андрей Викторович: 115478, г. Москва, ул. Москворечье, д. 1, МГНЦ РАМН;
Баранова Елена Геннадьевна: 115478, г. Москва, ул. Москворечье, д. 1, МГНЦ РАМН;
Почешхова Эльвира Аслановна: Адыгейский государственный университет, Майкоп.

THE GENETIC INTERACTION OF THE INDIGENOUS NORTH CAUCASUS POPULATIONS AND EASTERN SLAVONIC GROUPS FROM THE Y CHROMOSOMAL PERSPECTIVE

O.P. Balanovsky^{1,2}, Kh.D. Dibirova¹, A.G. Romanov¹, O.M. Utevska³, A.V. Shanko¹, E.G. Baranova¹, E.A. Pocheshkhova⁴

¹ *Research Centre for Medical Genetics RAMS*

² *Institute of General Genetics RAS*

³ *Kharkov State University*

⁴ *Adygei State University*

To estimate the genetic consequences of the large-scale Russian expansion in the 16th – 19th centuries two Russian groups from the Caucasus have been studied. The first group of Terek Cossacks was established in the 16th century, at a very early phase of the Russian expansion to the Caucasus. The population exhibits high proportion of the Y chromosomal haplogroups G and J, characteristic for the indigenous populations of the Caucasus groups, indicating the gene flow from the aboriginal groups to this Russian population. The second group of Kuban Cossacks was founded much later and is genetically undistinguishable from the source Russian populations. These findings reveal that initially Russian expansion to the Caucasus followed the assimilation scenario, but in later phases the colonization scenario became prevalent.

Key words: *gene pool, Cossacks, North Caucasus, assimilation, colonization, Y chromosome*