

## **ИСТОРИЯ, ЭТНОЛОГИЯ И АРХЕОЛОГИЯ**

### **Общие проблемы**

Научная статья

УДК 93/94(470.6)

DOI: 10.31143/2542-212X-2022-3-15-40

EDN: AQGGBU

### **ПРОБЛЕМА «ЭТНИЧЕСКОГО» И «ПРОСТРАНСТВЕННОГО» В РЕГИОНАЛЬНОМ ИСТОРИЧЕСКОМ НАРРАТИВЕ: «СЛУЧАЙ» КАБАРДИНО-БАЛКАРИИ В СВЕТЕ ДАННЫХ ЭТНОГЕНОМИКИ**

**Аслан Хажисмелович Боров**

Кабардино-Балкарский научный центр Российской академии наук, Нальчик, Россия, [aslan-borov@mail.ru](mailto:aslan-borov@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0001-8396-6422>

**Аннотация.** На подступах к построению обобщающей истории Кабардино-Балкарии в профессиональном сообществе историков региона так или иначе должно быть выработано общее представление о соотношении дифференцирующих (этнических) и интегрирующих (социо-пространственных) измерений регионального исторического процесса. Предлагаемая работа имеет целью составить предварительное представление о соотношении «этнического» и «пространственного» в истории Кабардино-Балкарии на основе систематизации и анализа данных о генофонде современных кабардинцев и балкарцев. Обзор результатов исследований филогенетики и геногеографии показал, что на генетической карте Северного Кавказа они образуют особый интер-этнический ареал или кластер популяций, характеризующихся внутренней гетерогенностью своих генофондов и одновременно взаимной близостью генетических структур. Его формирование является результатом территориального соседства этно-социальных единиц и наличия плотной сети регулярных социальных взаимодействий между ними, воспроизводившейся на протяжении длительного исторического времени. Исторический нарратив, предметом которого является становление этого ареала, должен ориентироваться на выявление всех факторов и форм социальных изменений, не замкнутых в границы прошлого и границы этноса. Первым шагом вхождения частных этноисторий в общее историческое пространство является их интеграция в региональный исторический нарратив. Пространственный подход позволяет полнее, чем подход, сосредоточенный на этничности, представить в нарративе народы региона в качестве агентов исторических изменений той внутренней и внешней среды, в которой они существуют. В результате самостоятельного исторического творчества кабардинского и балкарского народов сложилась Кабардино-Балкария, как историческая область, в которой они осуществляют свою жизнедеятельность и упорядочивают взаимные отношения. В этом состоит их вклад в историю Северного Кавказа, России и мира.

**Ключевые слова:** Северный Кавказ, Кабардино-Балкария, региональная история, этногеномика, этнический подход, пространственный подход, синтез.

**Для цитирования:** Боров А.Х. Проблема «этнического» и «пространственного» в региональном историческом нарративе: «случай» Кабардино-Балкарии в свете данных этногеномики // Электронный журнал «Кавказология». – 2022. – № 3. – С. 15-40. – DOI: 10.31143/2542-212X-2022-3-15-40. EDN: AQGGBU.

Original article

**PROBLEM OF "ETHNIC" AND "SPATIAL"  
IN THE REGIONAL HISTORICAL NARRATIVE:  
THE CASE OF KABARDINO-BALKARIA  
IN THE LIGHT OF ETHNOGENOMICS DATA**

**Aslan Khazhismelovich Borov**

Kabardin-Balkar Scientific Center of the Russian Academy of Sciences, Nalchik, Russia, [aslan-borov@mail.ru](mailto:aslan-borov@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0001-8396-6422>

**Abstract.** While approaching to constructing a general history of Kabardino-Balkaria, the professional community of historians of the region should develop a general idea of the relationship between differentiating (ethnic) and integrating (socio-spatial) dimensions of the regional historical process. The proposed paper aims to create a preliminary idea of the relationship between “ethnic” and “spatial” in the history of Kabardino-Balkaria based on the systematization and analysis of data on the gene pool of modern Kabardians and Balkars. A review of the results of studies in phylogenetic and gene geography showed that on the genetic map of the North Caucasus, they form a distinct inter-ethnic area or cluster of populations characterized by the internal heterogeneity of their gene pools and by the mutual proximity of genetic structures. Its formation results from the territorial proximity of ethno-social units and a dense network of regular social interactions between them, which was reproduced over a long historical time. The historical narrative, having the formation of this area as its subject, should be guided by the identification of all factors and forms of social change that are not confined to the boundaries of the past and the boundaries of the ethnic group. The first step in the entering of particular ethno-histories into the general historical space is their integration into the regional historical narrative. The spatial approach allows, more fully than the approach focused on ethnicity, to present in the narrative the peoples of the region as agents of historical changes in the internal and external milieu in which they exist. Because of the autonomous historical creativity of the Kabardian and Balkar peoples, Kabardino-Balkaria has developed as a historical region in which they carry out their livelihoods and streamline mutual relations. This is their contribution to the history of the North Caucasus, Russia, and the world.

**Keywords:** North Caucasus, Kabardino-Balkaria, regional history, ethnogenomics, ethnic perspective, spatial approach, synthesis.

**For citation:** Borov A.Kh. Problem of "ethnic" and "spatial" in the regional historical narrative: the case of Kabardino-Balkaria in the light of ethnogenomics data. IN: Electronic journal «Caucasology». – 2022. – № 3. – С. 15-40. – DOI: 10.31143/2542-212X-2022-3-15-40. EDN: AQGGBU.

---

© Borov A.Kh., 2022

### Введение

В литературе, посвященной проблемам общей интерпретации истории России отмечается, что ее сложный этнокультурный ландшафт объективно порождает попытки смотреть этнически обособленным – разделяющим – взглядом на принципиально неделимое историческое прошлое страны, причем «этнизированные» исторические дискурсы зачастую находятся в жесткой полемике не только с общероссийским, но и друг с другом [Зубков 2016: 49, 53].

Для региональных историографий это порождает своего рода ситуацию «развилки», выбора одной из двух несовместимых культурных традиций в изучении региональной истории. Одна из них абсолютизирует локальную и этнически детерминированную перспективу в интересах конструирования этнического самосознания. Другая традиция направлена на реализацию научной парадигмы локально-региональных исторических исследований. Применяя теории, методы и концепции смежных дисциплин она служит как бы противоядием «этнизации прошлого» и «национализации истории» [Реконструкции... 2017: 43, 45, 46].

Нарратив, служащий формированию и поддержанию исторической идентичности группы, с неизбежностью несет начало этноцентризма. Дело в том, что коллективная идентичность всегда предполагает различие себя и других, «своих» и «не-своих», «чужих». Без такого различения нет идентичности [Событие... 2017: 9-10]. При этом она наделяет собственную индивидуальность позитивным ценностным значением, удовлетворяя тем самым естественную потребность людей в самоуважении. В результате логика этноцентризма в историческом мышлении отдает приоритет культурной сепарации, а не интеграции и несет тенденцию негативного восприятия инаковости «других». Вторым элементом этой логики выступает представление о телеологической непрерывности произрастания идентичности из ее архетипического начала. Вся история подчиняется истоку, который наполняет ее смыслом и значением. Речь при этом идет всегда о происхождении только своего народа, «другие» имеют другое происхождение. Третьим элементом исторической логики этноцентризма является ассоциация народа с определенным территориальным центром, исключая присутствие в нем кого-либо другого, и структурирующим пространственное видение исторического мира [Rüsen 2004]. Географический регион оказывается явлением производным от этнической общности.

В противоположность этому для научной парадигмы регионально-исторических исследований логическим «ядром» идентификации региона выступает природно-географическое своеобразие территории, а все виды исторической жизнедеятельности людей в масштабе региона обусловлены процессами самоорганизации общества, в которых география изначально играет определяющую роль [Зубков 2004: 39]. Внутреннее единство региона как «сообщества людей в пространстве» определяется не просто его этно-лингво-культурной гомогенностью, а всей сетью регулярных социальных взаимодействий с учетом как интегрирующей деятельности «центра», так и собственного интегративного потенциала локальных структур. В свою очередь агентами этих взаимодействий выступают далеко не только этнические общности. «"Опутывая" пространства разных уровней и масштабов, эта непрерывно флуктуирующая сеть, в которой реализуется все реальное многообразие социальных связей, формирует соединительную ткань социального целого» [Реконструкции... 2017: 46]. Структурные связи и отношения воспроизводят региональную интеграцию во времени, но она неизбежно постепенно насыщается новыми признаками и свойствами, исторически изменяется. Это требует от историка применять в исследовании

региональной истории комбинацию структурно-логических и историко-генетических методов [Зубков 2004: 40].

Фундаментальную значимость имеют различия в характере применения историко-генетического подхода в региональном историческом нарративе. В исторической логике этноцентризма историко-генетический подход воплощает взгляд «вперед» из прошлого, из архетипического исходного пункта в настоящее, в сегодняшний день [Rüsen 2004]. В этих случаях «национальные истории», выступают как линейный, однонаправленный «большой нарратив», плотно «упакованный» отобранными фактами, не оставляющий места для конкурентных версий и критического разбирательства [Прошлое... 2020: 21]. В контексте научной парадигмы региональной истории историко-генетический подход воплощает взгляд «назад», из настоящего в прошлое, реконструирует прошлое в свете актуальной ситуации и ее желаемого преобразования в будущем. История становится более открытой для альтернатив, расширяет перспективы будущего, оставляет место для большей свободы во взаимоотношениях между будущим и прошлым [Rüsen 2004].

Весьма актуальны проблемы выбора между этнически ангажированным и научным подходом к региональной истории для Северного Кавказа в целом и для Кабардино-Балкарии, в частности. В связи с началом в Кабардино-Балкарской Республике практической работы по подготовке школьных учебников по истории, географии и культуре региона представители нескольких НКО обратились с предложениями к министру просвещения, науки и по делам молодежи КБР. Относительно учебника по истории в обращении говорилось, что «структура предыдущих учебников, разбитая тематически на хронологические исторические отрезки, нарушала принцип системности, так как не учитывала, что каждый народ прошел свой собственный долгий и уникальный для каждого этноса исторический путь». Исходя из этого, в частности, предлагалось изменить наименование учебника «История Кабардино-Балкарской республики» на «История народов Кабардино-Балкарии». Авторы обращения еще раз подчеркивали, что «до объединения в один округ, а затем и в единую Республику каждый народ прошел свой долгий и уникальный для каждого этноса исторический путь»<sup>1</sup>.

В этой логике Кабардино-Балкария, как регион, – это только административно-территориальное образование, формально объединившее два отдельных народа, выступающие в качестве сугубо самостоятельных исторических субъектов. По сути дела, в качестве основной функции истории региона постулируется поддержание этнической идентичности и утверждение исторической субъектности отдельных национальных групп его населения.

Если региональная историография будет откликаться только на стремление той или иной этнической общности укрепить свою идентичность, в репрезентациях «национальных историй» неизбежно усилится влияние «стратегии негативных различий». Будут сужены возможности рационального научного обсуждения проблем региональной истории, поскольку установки и мифы кол-

---

<sup>1</sup> Ксерокопия обращения руководителей Нальчикского филиала фонда СРКБМ «Эльбрусоид», Кабардино-Балкарского отделения МОО «Барс-Эль», Фонда культуры им. К. Мечиева на имя министра просвещения, науки и по делам молодежи КБР А.К. Езаова от 27.07.2021 г. // Архив автора.

лективной памяти, поддерживающие претензии той или иной общности на высокий статус, материальные, территориальные, политические и иные преимущества в настоящем, нетерпимы к каким-либо альтернативам и, тем более, к плюрализму мнений [Прошлое... 2020: 26-27]. Между тем, для таких полиэтничных и «двусубъектных» республик как Кабардино-Балкария невозможно построение регионального исторического нарратива, в котором так или иначе не синтезированы «национальные истории» ее народов. Это предполагает концентрацию на факторах и процессах, связывающих их в физическом и социальном пространстве, и опору на те культурные факторы, которые позволяют регулировать различия и напряженности в процессе формирования идентичностей. Поскольку всякая идентичность имеет частный характер, универсальным основанием для этого служит категория равенства. В нарративе она воплощается через принцип равной и равноценной субъектности всех участников регионального исторического процесса, взаимного признания и признательности различий в культуре [Rüsen 2005: 69-70; Рюзен 2001: 25]. Актуальные интересы гражданской консолидации в рамках демократического политико-правового порядка приобретают при таком подходе методологическую функцию.

Таким образом, на подступах к построению обобщающей истории Кабардино-Балкарии в профессиональном сообществе историков республики так или иначе должно быть выработано общее представление о соотношении этноидентификационных (дифференцирующих) и социо-пространственных (интегрирующих) измерений регионального исторического процесса. Решение этой задачи предполагает согласование базовых принципов (реконструкция прошлого с позиций сегодняшнего дня, равенство и равноценность субъектов региональной истории) и освоение историографического опыта различных школ истории «интерактивных пространств» («перекрестная», «связанная», «включенная» история) [Rüsen 2004; Репина 2019]. Наряду с этим представляет интерес эмпирический анализ определенных характеристик актуального состояния народов республики, которые могут служить индикаторами синтеза «собственной», этнической истории каждого из них и их «связанной», региональной истории. В качестве таких индикаторов могут служить, в частности, данные геногеографии – направления популяционной генетики, изучающей географическое распространение генетических признаков в популяциях различных регионов.

Результаты исследований современной геногеографии важны для историков в сопоставлении с данными палеогенетики, поскольку могут быть весьма полезны при решении вопросов этногенеза народов Северного Кавказа. Однако в контексте задач построения обобщающих трудов по региональной истории данные о современной геногеографии имеют самостоятельное значение. Совмещение этнической перспективы с ретроспективным взглядом из настоящего в прошлое может оказаться продуктивным в поиске методологически ясной конструкции регионального исторического нарратива.

Предлагаемая работа носит обзорно-аналитический характер и имеет целью составить предварительное представление о соотношении «этнического» и «пространственного» в истории Кабардино-Балкарии на основе систематизации и анализа данных о генофонде современных кабардинцев и балкарцев. По-

скольку работа обращена не к генетикам, а к историкам, было необходимо, чтобы используемый материал был достаточно полным и достаточно ясно представленным, а читатель имел бы возможность подвергнуть авторский анализ критической оценке без дополнительного обращения к специальным исследованиям генетиков. Поэтому каждый раз, когда это было возможно, в тексте приводятся таблицы, извлеченные или составленные по данным работ цитируемых авторов, а также дается предварительный обзор используемых ими понятий популяционной генетики.

### **Основные понятия популяционной генетики**

С конца 1970-х гг. происходит бурный рост исследований генетики популяций (популяционной генетики) на основе использования ДНК-технологий. Впоследствии было отмечено возникновение в рамках популяционной генетики нового раздела – этногеномики. Она изучает особенности геномного полиморфизма и геномного разнообразия отдельных этносов и реконструирует на этой основе их генетическую историю [Хуснутдинова 2013].

Это возможно потому, что при расшифровке генома человека было выявлено множество своеобразных меток – ДНК-маркеров, отличающихся положением в геноме, уровнем вариабельности и характером мутирования. Хранение, передачу и реализацию генетической программы развития и функционирования организма обеспечивает макромолекула ДНК, присутствующая в составе клетки будучи «упакованной» в особые структурные единицы – хромосомы. ДНК состоит из повторяющихся блоков органических соединений – нуклеотидов. По содержащемуся в них азотистому основанию нуклеотиды делятся на четыре вида – аденин, гуанин, тимин и цитозин, которые формируют определенным образом упорядоченные последовательности. Полиморфизм (разнообразие) ДНК возникает, когда в результате случайных мутаций происходят изменения в последовательности нуклеотидов. Это может быть связано с заменой в последовательности ДНК одного нуклеотида другим (однонуклеотидный полиморфизм, *single nucleotide polymorphisms, SNPs*), с вставкой или потерей распределенных по геному копий определенных последовательностей ДНК – *Alu*-повторов (инсерционно-делеционный полиморфизм), с варьированием коротких участков ДНК, состоящих из примыкающих друг к другу и повторяющихся пар нуклеотидов (короткие тандемные повторы, *short tandem repeats, STRs*). Использование этих маркеров в совокупности позволяет описывать генетические особенности индивидов и популяций.

Механизм передачи этих особенностей последующим поколениям описывается понятиями гена и генных вариантов (аллелей), гаплотипов и гаплогрупп. Гены – участки ДНК, включающие определенное количество нуклеотидов, расположенных в определенной комбинации и несущие информацию об определенном признаке или функции организма. Однако в одинаковых участках (локусах) сходных по составу и строению хромосом (гомологичных хромосом) могут располагаться различные формы одного и того же гена (аллели). Совокупность генных вариантов (аллелей) на локусах одной хромосомы, обычно наследуемых вместе, определяют как гаплотип. Он несет характерный для данного

индивида набор мутаций в участке хромосомы, во всей хромосоме, во всех материнских или отцовских хромосомах. Группа схожих гаплотипов, имеющих общего предка, у которого произошла мутация, унаследованная всеми потомками, образует гаплогруппу. Гаплогруппа может быть более широкой или узкой, в зависимости от выбранного гаплотипа. Если взять для рассмотрения только древние широко распространенные маркеры, такая гаплогруппа может быть у целого народа или даже у представителей нескольких народов. Если добавить к ним маркеры более поздних мутаций, то большая гаплогруппа разделится на несколько гаплогрупп. Такие подчинённые гаплогруппы или генеалогические ветви в пределах той же гаплогруппы, все члены которой имеют не только мутацию основной гаплогруппы, но и дополнительную мутацию, общую только для данной ветви, обозначают термином субклад. На этой основе осуществляется классификация гаплогрупп. Так, на филогенетическом древе Y-хромосомы современного человека выделено 18 основных клад, обозначаемых буквами латинского алфавита от А до R. Эта классификация включает примерно 250 маркеров, по которым можно выделить примерно 160 конечных кластеров. По мере продвижения от корневой гаплогруппы к ветвям в обозначениях используются арабские цифры и латинские буквы. Например, «входная» мутация M207 определяет гаплогруппу R, которая далее дробится на кластеры R1 и R2, определяемые маркерами M173 и M124. R1 в свою очередь разделяется на R1a и R1b и т.д. [Степанов и др. 2006: 60]

Общий метод определения нуклеотидных последовательностей ДНК называется секвенированием и применяется к изучению полиморфных вариантов всех видов ДНК: парных ДНК, которые расположены в ядре клетки и наследуются и по мужской и по женской линии (аутосомные ДНК); ДНК, расположенной в митохондриях клетки и наследуемой от матери детьми обоего пола (митохондриальная ДНК или мтДНК); Y-хромосомы, которая передается только по мужской линии от отца к сыновьям (Y-ДНК) [Литвинов, Хуснутдинова 2015]. При этом специалисты указывают на особую продуктивность использования в популяционно-генетических исследованиях маркеров Y-хромосомы. В отличие от аутосомных хромосом мужская Y-хромосома при образовании половых клеток не участвует в обмене фрагментов с другими хромосомами и передается от отца к сыну в неизменном виде, если с ней не происходит случайных мутаций. А возникающие в ней мутации накладываются друг на друга. Это позволяет реконструировать филогенетическое дерево родства всех обнаруженных гаплотипов и рассчитать возраст появления каждой ветви дерева – каждого кластера гаплотипов. А поскольку разные кластеры зачастую приурочены к разным популяциям, то датировки времени возникновения кластеров (филогенетика) в сочетании с данными по географическому распространению кластеров (филогеография) позволяют, при определенных условиях, реконструировать историю популяций [Балановский, Запорожченко 2016: 810-811]. Одновременно Y-хромосома чувствительна к факторам, ведущим к изменению частот гена в популяции (дрейф генов, эффект основателя), а разнообразие ее последовательностей ниже, чем где-либо еще в ядерном геноме. Кроме того, по сравнению с мтДНК распределение гаплогрупп Y-хромосомы в большей степени связано с

географией и позволяет реконструировать исторические события с большей точностью. Это обусловлено феноменом так называемой патрилокальности, когда из двоих супругов, живущих до заключения брака в разных местах, именно жена переезжает к мужу, а не наоборот. Таким образом, генетический набор, наследуемый по отцовской линии, остается на месте либо перемещается вместе с популяцией, а мтДНК активно перемешивается вместе с приходом женщин в данную популяцию из других сообществ, что осложняет выделение гаплогрупп, характерных для той или иной популяции [Балановская, Балановский 2007: 158]. Другой важной особенностью филогенетически информативных полиморфных локусов Y-хромосомы является их высокая консервативность – устойчивость к повторным или обратным мутациям [Литвинов, Хуснутдинова 2015: 506].

Но здесь остаются общие вопросы, связанные с соотношением биологического понятия «популяция» и культурно-исторического понятия «этнос». В биологии популяция определяется как совокупность особей одного вида, длительно (в течение многих поколений) населяющих определенную территорию, свободно скрещивающихся между собой и отделенных от других популяций этого же вида давлением изоляции. В составе вида может быть одна или несколько (много) популяций [Пехов 2000: 395]. В более сжатой формулировке – это пространственно-временная группа скрещивающихся между собой особей одного вида [Меркурьева и др. 2004: 4]. С другой стороны, этнос (этническая общность) определяется в современной этнологии как группа людей (народ), обладающая общим самосознанием (этнической идентичностью), а также общим языком и чертами культуры. Однако целостность этноса поддерживается факторами, выходящими за рамки культуры и психологии, а именно: характером расселения, численностью, внутригрупповой брачностью (эндогамией), а также социальным и политическим статусом членов этнической общности [Тишков 2004]. Основными условиями формирования этноса являются общность территории и языка, а сформировавшийся этнос выступает как социальный организм, самовоспроизводящийся путем этнически однородных браков и передачи новому поколению языка, традиционной культуры и быта, этнической ориентации, этнических и эстетических норм и т.д. [Козлов 1995: 151-154]

С точки зрения специалистов в области геногеографии (географии генофондов) этнос сопряжен с популяцией именно за счет такого института как эндогамия. В популяционной генетике принято, что популяция существует до тех пор, пока более 50% браков заключается в ее пределах (50% эндогамных браков) [Юсупов и др. 2017: 30]. Как заметил О.П. Балановский в одном из интервью, большинство народов эндогамны, следовательно, являются «по совместительству» популяциями<sup>1</sup>. Но не все народы составляют одну популяцию, а этнос как популяция возникает в результате социальных процессов и полностью ими определяется [Юсупов и др. 2017: 30]. Изучение популяции позволяет зачастую понять, откуда и как пришли наши предки, но такие сложные процессы,

---

<sup>1</sup> «Бюрократические расы не существуют, но научные-то расы никуда не делись». Интервью с Олегом Балановским о том, имеет ли понятие расы какое-либо содержание. [Электронный ресурс]. Наука – ТАСС: сайт. URL: <https://nauka.tass.ru/sci/6820428> (дата обращения 08.06.2022).

как самоопределение и возникновение народов несводимы к биологическим факторам<sup>1</sup>.

### Генетическая структура популяций кабардинцев и балкарцев в контексте генетического рельефа Северного Кавказа

В работе 2010 г., посвященной характеристике генетической структуры популяций Кавказа и выявлению основных паттернов распределения частот гаплогрупп Y-хромосомы, характерных для этих популяций, были исследованы 1942 образца ДНК представителей 23 народов Северного и Южного Кавказа [Кутуев и др. 2010: 19]. Изложение результатов исследования построено, в соответствии с поставленной целью, как обзор данных о долях отдельных гаплогрупп Y-хромосомного генетического пула изученных популяций. С одной стороны, было установлено, что присущий автохтонным популяциям Кавказа профиль распределения частот гаплогрупп специфичен и не встречается больше нигде в мире. Он характеризуется высокой частотой гаплогрупп G-M201 (большой частью представленной G2-P15), J-12f2 (J1-M267 и J2-M172) и R1-M173 (большой частью R1a1a-M198 и R1b1b2-M269). С другой стороны, обнаружилось, что популяции Кавказа на основании распределения мажорных гаплогрупп можно разделить на два субрегиона. Восточная часть Северного Кавказа, характеризуется высокой частотой гаплогрупп J1-M267 и R1b1b2-M269 (в среднем с частотой 36 и 10% соответственно). Западная часть Северного и Южный Кавказ характеризуются высокой частотой гаплогрупп G2-P15, J2-M267 и R1a1a-M198 (в среднем с частотой 44,5, 22 и 11,6% соответственно). В целом же распределение частот гаплогрупп Y-хромосомы в изученных популяциях свидетельствовало о ближневосточном происхождении генетического субстрата, участвовавшего в формировании автохтонных популяций Кавказа [Кутуев и др. 2010: 23].

Для целей настоящей работы не менее важно обратить внимание на специфические характеристики общей генетической структуры отдельных популяций. Выборка из приведенных в анализируемой статье данных, ограниченная популяциями автохтонных народов Северного Кавказа и сгруппированная по географическому принципу в пределах восточной, центральной и западной части региона, весьма иллюстративна [таблица 1].

Таблица 1. Распределение частот основных гаплогрупп Y-хромосомы в популяциях автохтонных народов Северного Кавказа (%)

	N	C	D	E	G	H	I	F*	J	K	T	L	N3	N(xN3)	O	Q	R*	R1a	R1b	R2
ВОСТОК																				
Андийцы	49			2	6,1		26,5		55,1		2							2	6,1	
Аварцы	42			7,1					71,4		4,8	9,5						2,4	2,4	2,4

<sup>1</sup> Там же.

Багулалинцы	28					7,1		21,4								3,6	67,9	
Чамалинцы	27			18,5				70,4			3,7					7,4		
Лезгины	31		6,5	9,7		9,7		58,1									16,1	
Табассараны	43	7						51,2								2,3	39,5	
Даргинцы	67			3				94									3	
Чеченцы	165		1,2	1,8				72,7			17,6	0,6			4,9	0,6	0,6	
Ингуши	105			4,8				83,8			8,6					2,9		
ЦЕНТР																		
Осетины северные	132		1,5	69,7				22			0,8				0,8	0,8	4,6	
Кабардинцы	140	2,1	2,1	43,6	0,7	4,3		25		0,7	0,7	1,4			0,7	15	3,6	
Балкарцы	135			32,6		3		19,3							3,7	28,2	13,3	
Карачаевцы	69			31,9		8,7		18,9		2,9						27,5	10,6	
Черкесы	126	0,8	0,8	45,2		1,6		29,4	1,6			2,4			0,8	15,1	1,6	0,8
Абазины	88		4,5	40,9		3,4		17,1			2,3				3,4	23,9	3,4	1,1
ЗАПАД																		
Адыгейцы	154	2,6	0,7	47,4		4,6		20,1			2,6	0,7				13,6	7,8	

Источник: [Кутуев и др. 2010: 21]

Первое, что бросается в глаза – это присутствие в генофонде каждой популяции нескольких гаплогрупп с количественным разбросом от трех гаплогрупп у даргинцев до двенадцати – у кабардинцев. Варьируется доля мажорных гаплогрупп в генетической структуре популяций, причем их вариативность коррелирует с географическим распределением этносов. На востоке региона мажорные (наиболее крупные) гаплогруппы составляют львиную долю генофонда популяции – от 94% у даргинцев до 67,9% у багаулинцев. Несколько ниже она у андийцев и табассаранцев, но и у них она превышает 50%. Иная картина видна на Центральном Кавказе. Здесь выделяются осетины, у которых мажорная гаплогруппа составляет 69,7% генофонда, но у остальных народов субрегиона – кабардинцев, балкарцев, карачаевцев, черкесов и абазин, доли мажорных гаплогрупп укладываются в промежуток между 31,9% у карачаевцев и 45,2% у черкесов. Незначительно выше она у самой западной группы, охваченной исследованием, адыгейцев (47,4%). Еще одна характеристика генетической структуры народов Центрального Кавказа – это то, что наиболее крупные гаплогруппы являются общими для них. Так, гаплогруппы G, J, R1a занимают соответственно 83,6 и 80,1% и имеют близкие значения долей в генофонде кабардинцев и балкарцев.

Эти показатели хорошо согласуются с результатами несколько ранее выполненного З.И. Боготовой исследования генетической структуры популяции кабардинцев и балкарцев. Проведенное ею сравнительное исследование распределения частот видоизменений (мутаций) определенных элементов генома – Alu-повторов, а также полиморфизма митохондриальной ДНК и Y-хромосомы показало как генетическую гетерогенность, так и значительную близость популяций кабардинцев и балкарцев [Боготова 2009].

Выявленные в популяции кабардинцев (обследованы 141 чел.) и балкарцев (обследовано 136 чел.) линии мтДНК в подавляющем большинстве относятся к западно-евразийским гаплогруппам (87,5 и 95%, соответственно) [Боготова 2009: 9]. Анализ полиморфизма Y-хромосомы в популяции балкарцев – 11 гаплогрупп. Доля западно-евразийских гаплогрупп Y-хромосомы (G, E, I, J, R1) в популяции кабардинцев составила 95,0%, а в популяции балкарцев – 96,3% [Боготова 2009: 16]. Представленная ниже таблица (Таблица 2), представляет собой выборку данных о долях западно-евразийских гаплогрупп в популяциях кабардинцев и балкарцев. Таблица составлена на основе филогенетического дерева гаплогрупп Y-хромосомы, построенном З.И. Боготовой [Боготова 2009: 17].

Таблица 2. Западно-евразийские гаплогруппы в популяциях кабардинцев и балкарцев (%)

	E1b1b1a	G1	G2a	G2*	Ia	Ib	I*	J1	J2	R1*	R1a1	R1a1a7	R1b1b1	R1b1b2
Кабардинцы	2,1	0,7	10,0	32,6	1,4	2,1	0,7	9,2	15,6	0,7	14,2	0,7	0,7	2,8
Балкарцы	-	-	20,6	11,8	-	2,9	-	3,7	15,4	0,7	26,5	2,2	9,6	2,9

Составлено по: [Боготова 2009: 17]

Можно видеть, что обе популяции характеризуются значительной гетерогенностью (всего автором рассматриваемого исследования в популяциях кабардинцев и балкарцев выявлено 20 и 11 гаплогрупп соответственно). Однако при этом, на четыре гаплогруппы – G2a, G2\*, J2 и R1a1, которые в обеих популяциях имеют долю 10% и более, приходится у кабардинцев суммарно 72,4%, а у балкарцев – 74,3%. Существенные различия присутствуют в случае гаплогруппы J1 (9,2% у кабардинцев, 3,7% у балкарцев) и гаплогруппы R1b1b1 (9,6% у балкарцев, 0,7% у кабардинцев).

Выше акцентировалось наличие общих элементов в генофонде народов Северного Кавказа, прежде всего, кабардинцев и балкарцев. В работах Х.Д. Дибировой и ее соавторов структура генофонда народов Кавказа исследовалась на основе анализа большого массива данных по обширной панели SNP и STR маркеров гаплогрупп Y хромосомы на уровне глубокого филогенетического разрешения с целью выявить генетическое своеобразие различных лингвистико-

географических регионов [Дибирова и др. 2010; Balanovsky et al. 2011; Дибирова 2011]. Исследование не охватывало народы тюркской группы, включая балкарцев, а также кабардинцев. Однако полученная в нем картина генетического рельефа Кавказа важна как фон или контекст, который может оттенить особенности этногеномики народов Центрального Кавказа. В статье 2010 г. результаты исследования систематизированы по 11 «укрупненным» гаплогруппам, а в диссертационном исследовании Х.Д. Дибировой осуществлен анализ результатов глубокого секвенирования, выявившего у 18 популяций автохтонных народов 28 гаплогрупп.

В первом случае показано, что три четверти генофонда исследованных популяций приходится на три мажорные гаплогруппы – G2, J1, J2. Кроме них более или менее заметные доли приходятся на гаплогруппы R1b3 и R1a1. Выборка данных по популяциям Северного Кавказа приведена в таблице 3 (в число популяций Западного Кавказа включены и абхазы).

Таблица 3. Распределение частот гаплогрупп Y хромосомы в лингвистико-географических регионах Северного Кавказа

	G2	J1	J2	R1b3	R1a1
Западный Кавказ	59,1	3	14,7	5,5	12,2
Центральный Кавказ	70,9	2,6	16,3	7,3	0,6
Нахская группа Восточного Кавказа	4,4	19,3	64,6	1,2	4,6
Дагестанская группа Восточного Кавказа	5,8	71,6	2,5	10,6	6,3

Источник: [Дибирова и др. 2010: 13]

Во втором – выявлено, что 75 % генофонда автохтонов Северного Кавказа приходилось на четыре мажорные гаплогруппы: G2a3b1-P303, G2a1a-P18, J1-M267(xP58), и J2a4b-M67(xM92). Кроме мажорных гаплогрупп заметное место в генофонде отдельных популяций занимают гаплогруппы G2a\*, J2\*, R1a1a\* и R1b1b2 (таблица 4).

Таблица 4. Распределение частот гаплогрупп Y хромосомы в популяциях автохтонных народов Северного Кавказа

	G2a1a	G2a*	G2a3b1	J1*	J2*	J2a4b*	R1a1a*	R1b1b2
Шапсуги		1	86		6		3	
Абхазы	12	24	21		5	7	10	12
Черкесы (КЧР)	9	1	30	5	12	6	13	3
Осетины дигорцы 1	54		4	2	5	5		21
Осетины дигорцы 2	49		5	6	8	6	2	12
Осетины южные	66			2	10	16		2
Осетины алагирцы	76			1	4	4	1	3

Осетины туальцы	58				10	23		4
Осетины куртатинцы	78		6	2	4	4		2
Ингуши	1			3	1	87	4	
Чеченцы Ингушетии	4		5	21	2	51	8	1
Чеченцы Чечни			1	25	1	57	3	3
Чеченцы Дагестана	6		1	16	1	58	1	1
Аварцы	1		9	58	5	1	2	15
Даргинцы		1	1	69		1	22	2
Кубачинцы				99				
Кайтагцы				85	3		3	6
Лезгины	1	12		44	3		4	30

Источник: [Дибирова 2011: 13]

Данные таблиц 3 и 4 показывают, что и три мажорные «материнские» гаплогруппы (G2, J1, J2), и четыре мажорные «дочерние» гаплогруппы (G2a1a, G2a3b1, J2a4b, J1-M267(xP58)) четко коррелируют с лингвистико-географическими областями Северного Кавказа. Гаплогруппа G2a3b1-P303 характерна для народов абхазо-адыгской языковой группы Западного Кавказа с частотой от 21% у абхазов до 86% у шапсугов, тогда как во всех других популяциях Кавказа ее частота ниже 10% (в среднем лишь 2%). Гаплогруппа G2a1a-P18 является мажорной в генофонде осетин Центрального Кавказа, где ее средняя частота составляет 67%. У других народов Кавказа эта гаплогруппа встречается с частотой не более 12% (в среднем лишь 3%). Гаплогруппа J2a4b-M67(xM92) преобладает в генофонде ингушей и чеченцев (нахская лингвистическая группа), варьируясь от 51% у чеченцев Ингушетии до 87% у ингушей. В генофонде других этносов Кавказа частота этой гаплогруппы не превышает 9% (в среднем 3%). Для народов Дагестана, населяющих самую восточную часть Северного Кавказа, характерна гаплогруппа J1-M267(xP58): ее частота варьирует от 44% до 99%, в то время как у соседних чеченцев и ингушей составляет менее 25%, а у остальных народов Кавказа – менее 5% [Дибирова 2011: 10].

Неравномерное распространение мажорных гаплогрупп лежит в основе выделения четырех лингвистико-географических регионов в пределах Северного Кавказа: Западного (абхазо-адыгские народы) и Центрального (ираноязычные осетины) Кавказа, нахской (чеченцы и ингуши) и дагестанской групп народов Восточного Кавказа [Дибирова и др. 2010: 12]. Наиболее резкая граница отделяет Восточный Кавказ (нахско-дагестанские народы) от Западного (абхазо-адыги) и Центрального (осетины) Кавказа [Дибирова 2011: 10-11]. Что касается Центрального и Западного Кавказа, то вопреки лингвистическим и географическим различиям осетин и абхазо-адыгов обнаруживается сходство их генофондов. Мажорные для тех и других гаплогруппы G2a и J2 имеют сходные частоты (70,9 и 59,1%; 16,3 и 14,7%). Однако анализ STR маркеров, проведенный для

гаплогруппы G2a указывает на выраженное гаплотипическое своеобразие осетин [Дибирова 2010: 13-14].

В целом фиксируется высокое генетическое разнообразие внутри кавказского кластера. Созданные Х.Д. Дибировой филогенетические сети для основных гаплогрупп показали, что каждая гаплогруппа включает несколько четких, обособленных друг от друга кластеров гаплотипов, причем многие из этих кластеров оказываются приуроченными к конкретным этносам или субэтносам, но отсутствуют в других популяциях [Дибирова 2011: 19-20]. Парное сопоставление генетической, географической и лингвистической дистанций между всеми исследованными популяциями показало, что преобладающая часть Y-хромосомной вариативности объясняется лингвистическими различиями, которые по меньшей мере столь же важны, как и география для формирования генетической структуры Северного Кавказа [Balanovsky et al. 2011: 2910-2911].

Проведенный И.Э. Теучеж анализ изменчивости Y-хромосомы в популяциях абхазо-адыгских народов, грузин и армян показал, что значительная часть генофонда абхазо-адыгских народов представлена переднеазиатской гаплогруппой G2a3b-P303 (от 53% до 86% в трех изученных субэтнических группах адыгейцев, и существенно ниже у кабардинцев, черкесов, абазин и абхазов – от 18 до 30%). У других народов Кавказа (кроме соседствующих с кабардинцами балкарцев) эта гаплогруппа редка. Доминирующая у осетин гаплогруппа G2a1a-P18 была обнаружена с частотой около 10% у кабардинцев и грузин, тогда как в остальных изученных популяциях она составляет в среднем лишь 2%. Переднеазиатские гаплогруппы J2-M172 и J1-M267, мажорные на Восточном Кавказе, у абхазо-адыгских народов встречаются со средней частотой 15%. Такой же вклад вносит западно-евразийская гаплогруппа R1a1-M198, составляющая в среднем 15% генофонда абхазо-адыгских народов, отражая, скорее всего, результат влияния степных ираноязычных популяций [Теучеж 2013: 11-12].

При изучении шести тюркских народов Кавказа (карачаевцы, балкарцы, ногайцы, караногайцы, кумыки, азербайджанцы) было выявлено 39 гаплогрупп Y-хромосомы, причем почти половина гаплогрупп (18) встречается с частотой более 5% хотя бы в одной тюркоязычной популяции. Четыре из них охватывают две трети генофонда: гаплогруппа R1a1a-M198 в среднем встречается с частотой 24%, G2a-P15 - 16%, R1b-M343 - 14%, J2a-M172 - 13%. Таким образом, в генофондах тюркских народов Кавказа нельзя выделить одной преобладающей гаплогруппы, что отличает их от других лингвистических групп Кавказа [Скаляхо 2013: 10].

Что касается балкарцев и карачаевцев, 65% их генофонда составляют две гаплогруппы – R1a1a-M198 и G2a-P15. Гаплогруппа R1a1a-M198 встречается с частотой 36% у карачаевцев и 24% у балкарцев. Среди автохтонных народов Кавказа ее частота в среднем составляет только 6%, а наибольший уровень отмечен у черкесов (20%) и абазин (24%). Предполагается, что наличие гаплогруппы R1a среди тюрков Кавказа является результатом древних миграций из степей центральной Евразии, а не результатом исторически недавнего потока генов от славянских и других популяций Восточной Европы [Скаляхо 2013: 11-12].

Вторая мажорная гаплогруппа – G2a-P15 – встречается с частотами 31% у карачаевцев и 33% у балкарцев. Эта гаплогруппа, характерная и для других

народов Западного Кавказа, у карачаевцев представлена двумя субветвями: G2a1\*-P16(xP18) (8%) и G2a1a-P18 (20%). Однако у балкарцев субветвь G2a1\*-P16(xP18) отсутствует, субветвь G2a1a-P18 встречается с частотой 11%, зато доминирует третья субветвь – G2a3b1-P303 (17%), почти отсутствующая у карачаевцев. Среди других народов Кавказа наибольшая частота G2a1a-P18 (66%) отмечена у осетин. Высокие частоты G2a1a-P18, возможно, указывают на общий для них скифо-сарматский этногенетический пласт [Скаляхо 2013: 12].

М.А. Джаубермезов и его соавторы связывают особый интерес к изучению структуры генофондов коренных народов Северного Кавказа связывается в первую очередь со сложным процессом их этногенеза. В результате их собственного исследования в популяциях балкарцев и карачаевцев было выявлено 27 гаплогрупп Y-хромосомы (таблица 4) [Джаубермезов и др. 2017: 1224, 1226]. В дальнейшем изложении я ограничусь анализом данных по балкарцам.

Таблица 5. Распределение частот (%) гаплогрупп Y-хромосомы в популяциях балкарцев и карачаевцев

Гаплогруппа	Карачаевцы	Балкарцы (всего)	Баксанцы	Чегемцы	Холамцы	Безенгиевцы	Малкарцы
C-M407	0	1,7	0	0	0	5,3	2,9
E1b-M35	1,6	0,9	0	0	3,6	0	1,5
H-M52	2,4	0	0	0	0	0	0
G1-M285	0,8	0	0	0	0	0	0
G2a-M406	0,8	0,4	0	0	0	0	1,5
G2a-P16	30,1	22,5	33,3	10,2	25,0	31,6	20,6
G2a-P303	2,4	6,0	4,8	5,1	21,4	2,6	2,9
G2a-U1	2,4	3,8	0	0	10,7	10,5	2,9
I-M170	4,0	1,3	2,4	1,7	0	0	1,5
J1-M267 (xPage08)	1,6	2,1	4,8	1,7	3,6	0	1,5
J1e-Page08	0,8	0,4	0	0	0	0	1,5
J2a-M410	7,0	15,3	9,5	13,5	10,7	18,4	20,6
J2b-M12	0,8	1,7	2,4	0	0	2,6	2,9
L-M20 (xM357,xM76)	0	0,4	0	0	3,6	0	0
N-CTS6967	0	0,4	0	1,7	0	0	0
O-M175	0,8	0	0	0	0	0	0
Q-M242 (xM120)	0	6,8	7,1	3,4	3,6	13,2	7,4
R1a-Z2123	30,1	16,2	16,6	20,3	10,7	13,2	16,2
R1a-Z2125 (xZ2123)	0	0,4	0	0	0	0	1,5
R1a-Z95 (xZ2125, xZ2122)	0	0,4	2,4	0	0	0	0
R1a-Z2122	2,4	3,4	4,8	6,8	0	2,6	1,5
R1a-Z93 (xZ95)	3,2	0,4	2,4	0	0	0	0
R1a-M558	1,6	0,9	2,4	0	0	0	1,5
R1a-Z282	2,4	0,9	0	0	0	0	2,9
R1b-M478	2,4	11,5	2,4	32,2	7,1	0	7,3
R1b-M412	0,8	0,4	2,4	0	0	0	0
R1b-Z2105	1,6	1,7	2,4	3,4	0	0	1,5
Всего (N)	126	235	42	59	28	38	68

Источник: [Джаубермезов и др. 2017: 1227].

Из данных таблицы видно, что мажорными в популяции балкарцев являются гаплогруппы G2a-P16 (22,5%), J2a-M410 (15,3%), R1a-Z2123 (16,2%), R1b-

M478 (11,5%), составляющие суммарно 65,5% их генофонда.

В авторском анализе прочитывается установка на акцентирование сугубо этноспецифических особенностей структуры генофонда балкарцев. По итогам работы делается вывод, что популяции балкарцев и карачаевцев обладают специфическим паттерном распределения гаплогрупп Y-хромосомы и что в исследованных популяциях представлена преимущественно дочерняя линия центрально и южноазиатской ветви гаплогруппы R1a – R1a-Z2123 [Джаубермезов и др. 2017: 1228-1229]. Между тем, приведенные в статье данные показывают, что гаплогруппа G2a-P16 занимает более значительную долю в генофонде балкарцев (22,5%), а гаплогруппа J2a-M410 – почти такую же долю в генофонде балкарцев (15,3%), как и R1a-Z2123 (16,2%).

Относительно гаплогруппы R1a-Z2123 в статье отмечается, что у других народов региона она встречается значительно реже. Но ее максимальные частоты авторы фиксируют именно среди представителей адыго-абхазской языковой группы: черкесов (7,9%), кабардинцев (6,4%), адыгейцев (4,5%), абазин (7,9%), тогда как среди тюркоязычных народов Северного Кавказа данная гаплогруппа занимает еще меньшие доли с максимальным значением у караногайцев (3,9%). У кумыков ее частота составляет 1,4%, а в популяции кубанских ногайцев она не обнаружена вовсе [Джаубермезов и др. 2017: 1226].

Авторы другой статьи, характеризующие генофонд этнических групп Кавказа по данным комплексного исследования Y-хромосомы, митохондриальной ДНК и полногеномного анализа, также отмечают специфичность гаплогруппы R1a (ветви R1a1a-M17(M198)) для карачаевцев и балкарцев. Хотя гаплогруппа R1a1a-M17(M198) встречается на Кавказе повсеместно, значения ее частоты в разных этнических группах варьируют в значительной степени. Карачаевцы и балкарцы демонстрируют самые высокие частоты данной гаплогруппы на Кавказе (27.5% и 24.2%, соответственно). У кумыков ее частота составляет 12.3%. Однако и здесь фиксируется относительно высокая частота R1a1a-M17(M198) характерная для народов абхазо-адыгского круга – абазин (23%), адыгейцев (13.3%), черкесов (15.3%), кабардинцев (12%) [Хуснутдинова и др. 2012: 755].

Относительно распределения гаплогруппы G2a-P16, которая с наибольшей частотой присутствует на южных склонах Кавказского хребта, а также в центральной части Северо-Кавказского региона, М.А. Джаубермезов и его соавторы фиксируют определенную неравномерность ее распространения в балкарских популяциях – от 10,2% у чегемцев до 33,3% у баксанцев. Обращается внимание на то, что субгаплогруппы, которые отмечены низкой встречаемостью у балкарцев – G2a-P303 (максимум 21,4% у холамцев, 6% в среднем) и G2a-U1 (максимум 10,7% у холамцев и 10,5% у безенгиевцев, 3,8% в среднем) весьма характерны для Северо-Западного Кавказа (G2a-P303 достигает в популяции шапсугов 86%) [Джаубермезов и др. 2017: 1227].

Мера генетического сходства или различия популяций определяется в генетике с помощью различных методов анализа: метода главных компонент, методов измерения частот встречаемости в каждой популяции тех или иных маркеров ( $d$  – стандартная генетическая дистанция М. Нэи,  $F_{st}$  – индекс фиксации, многомерное шкалирование). Анализ этих методов, по существу, выходит за

рамки возможностей автора этой статьи, но в нем и нет необходимости. Для целей данной работы важны полученные с их помощью результаты тем более, что разные методы дают весьма близкие результаты. Расхождение показателей генетической дистанции между популяциями в большей степени определяются различной глубиной филогенетического анализа, большим или меньшим числом гаплогрупп, включенных в панель сравнения. Это покажет дальнейшее изложение результатов, полученных в разных работах.

В целом, исследователи отмечают высокое генетическое разнообразие внутри кавказского кластера, что подтверждается и анализом средних генетических расстояний на Кавказе, в Европе и Передней Азии: между популяциями Кавказа они достигают  $d=1,33$ , тогда как для популяций Европы расстояния ниже почти в два раза ( $d=0,75$ ), а в Передней Азии – ниже почти в 4 раза ( $d=0,39$ ) [Дибирова 2011: 15, 17].

Оценка генетических взаимоотношений между популяциями кабардинцев и балкарцев с использованием метода главных компонент по частотам гаплогрупп Y-хромосомы в исследовании З.И. Боготовой показал, что популяции Кавказа вместе с популяциями Ближнего Востока образуют отдельный кластер, внутри которого популяции балкарцев располагаются ближе к кабардинцам, чем к другим северокавказским популяциям, включая кумыков [Боготова 2009: 21-22]. Парное сравнение популяций кабардинцев и балкарцев по распределению частот 15 Alu инсерций (хромосомных перестроек) выявило их статистически достоверную генетическую гетерогенность. Однако коэффициент генной дифференциации оказался равным всего 0,1%. Для четырех популяций Европы этот показатель, рассчитанный по тому же набору Alu инсерций, составил 0,4%. Эти показатели являлись наиболее низкими среди изученных регионов мира. Оценка уровня генетических различий популяций кабардинцев и балкарцев по данным полиморфизма мтДНК показала, что степень генетического межпопуляционного разнообразия исследуемых популяций составила  $F_{st}=1,3\%$  [Боготова 2009: 6-9].

Определяя генетические взаимоотношения популяций Кавказа по данным о распределении частот гаплогрупп Y-хромосомы, И.А. Кутуев выявил положение популяций Кавказа в пространстве двух первых главных компонент. На графике мегрелы, абхазы, адыгейцы, абазинцы, черкесы, кабардинцы осетины, балкарцы и карачаевцы составили отдельный кластер. Кумыки и кубанские ногайцы оказались в одном кластере с народами Дагестана. Ни в один из кластеров не вошли армяне, ингуши, чеченцы и караногайцы [Кутуев 2010: 34-35].

Применение метода многомерного шкалирования к широкой палитре из 35 гаплогрупп дало более дифференцированную картину генетических расстояний между популяциями Кавказа, включая кабардинцев и балкарцев. На ней каждая из этнолингвистических групп (абхазо-адыгские народы, включая кабардинцев; армяне; грузины; балкарцы и карачаевцы; терские и кубанские казаки) заняли самостоятельное место в генетическом пространстве. Авторы исследования находят примечательным то обстоятельство, что балкарцы и карачаевцы четко отделяются от своих географических соседей-адыгов, с которыми они проживают в одном ареале и в одной республике. При сравнении же с генофондами

Передней Азии, Балкан и Кавказа по 14 обобщенным гаплогруппам был выделен кластер, условно обозначенный авторами как «основной кавказский кластер». Кабардинцы и балкарцы вошли в него вместе с карачаевцами, осетинами, черкесам, абазинами, шапсугами, абхазами, армянами, грузинами. Этот кластер оказался наиболее генетически близким к «нахскому» ( $c1=0,44$ ) и «переднеазиатскому» ( $c1=0,58$ ) кластерам и максимально генетически удаленным от «дагестанского» ( $c1=0,94$ ) кластера [Теучеж и др. 2013: 57-58]. Аналогичный результат получен при сравнении тюрков Кавказа с популяциями Евразийской степи и смежных регионов по более широкой панели из 24 гаплогрупп. Было выявлено четыре кластера. Балкарцы и карачаевцы вошли в «западный» кластер отдельно от всех других тюркских народов Кавказа, но вместе с крымскими татарами, кабардинцами, абазинами, черкесами, адыгейцами, абхазами [Скаляхо и др. 2013: 43, 44].

Интересные данные содержит таблица генетических расстояний между изученными в работе И.Э. Теучеж и ее соавторов популяциями абхазо-адыгских народов, грузин и армян, а также тюркоязычными и славянскими популяциями Западного Кавказа (таблица 6).

Таблица 6. Генетические расстояния между популяциями Кавказа по совокупности частот гаплогрупп Y-хромосомы

	Кабардинцы	Абхазы	Темиргоевцы	Шапсуги прикубанские	Абазины	Черкесы	Шапсуги причерноморские	Грузины	Армяне	Терские казаки	Балкарцы	Карачаевцы	Кубанские казаки
Кабардинцы	0												
Абхазы	0,20	0											
Темиргоевцы	0,14	0,33	0										
Шапсуги прикубанские	0,17	0,35	0,01	0									
Абазины	0,11	0,31	0,14	0,15	0								
Черкесы	0,06	0,17	0,06	0,07	0,09	0							
Шапсуги причерноморские	0,29	0,52	0,03	0,03	0,26	0,16	0						
Грузины	0,49	0,45	0,71	0,74	0,82	0,54	0,89	0					
Армяне	1,17	0,82	1,67	1,70	1,44	1,25	2,35	1,09	0				
Терские казаки	0,91	0,73	1,69	1,69	0,65	0,92	3,42	1,60	1,68	0			
Балкарцы	1,08	0,63	1,82	1,85	0,94	0,99	3,46	1,48	1,26	0,15	0		
Карачаевцы	0,82	0,65	1,46	1,50	0,53	0,85	2,96	1,61	1,69	0,16	0,26	0	
Кубанские казаки	0,94	1,24	1,82	1,87	0,84	1,21	2,86	1,81	1,51	0,48	1,15	0,90	0

Источник: [Теучеж и др. 2013: 56].

Здесь прежде всего привлекает внимание неоднозначный характер соотношения расстояний между популяциями в генетическом, географическом и этнолингвистическом пространстве. Генетическое расстояние между балкарцами и абхазами почти вдвое, а между балкарцами и Терскими казаками в 7 раз меньше, чем между балкарцами и кабардинцами (0,63, 0,15 и 1,08 соответственно), а генетическое расстояние между балкарцами и западно-адыгскими популяциями (от 1,82 до 3,46) су-

щественно больше, чем между ними и кабардинцами. Наконец, генетическое расстояние между балкарцами и карачаевцами (0,26) больше, чем между ними и Терскими казаками (0,15 и 0,16 соответственно). Эти обстоятельства в сильной степени релятивизируют значение показателя генетической дистанции для определения степени исторической и даже этнической связанности различных популяций.

Проведенный Р.А. Скаляхо филогенетический анализ характерных для тюрков Кавказа гаплогрупп привел ее к выводу о значительной гетерогенности изученных тюркоязычных популяций и их этногенетических связях с иноязычными народами. Так, филогенетическая сеть гаплогруппы G2a1a-P18, по ее оценке, ярко демонстрирует автохтонный кавказский субстрат в генофонде карачаевцев и балкарцев и подтверждает их генетическую близость к осетинам, у которых эта гаплогруппа доминирует. Но по данным, которые приводятся в ее работе, можно видеть, что в генофонде балкарцев и кабардинцев гаплогруппа G2a1a-P18 занимает весьма близкие по величине доли – 11 и 10% соответственно [Скаляхо 2013: 6, 12]. В литературе высказаны предположения, что повышение частоты этой гаплогруппы у кабардинцев могло быть опосредовано автохтонным населением Центрального Кавказа, вошедшим в состав и осетин, и кабардинцев, но могло произойти и за счет потока генов от осетин [Теучеж 2013: 11-12].

М.А. Джаубермезов с соавторами провели анализ  $F_{st}$  для оценки генетической близости карачаевцев, субпопуляций балкарцев и других популяций Кавказа по данным о частотах гаплогрупп Y-хромосомы. «В результате было выявлено, что наибольшую удаленность от других субпопуляций балкарцев показывают чегемцы. Низкие значения  $F_{st}$  наблюдаются между холамцами и популяциями кабардинцев и абазин» [Джаубермезов и др. 2017: 128]. Иными словами, имеет место высокая степень генетической близости между ними.

### Заключение

Выводы, которые следуют из приведенных выше материалов, ограничены целями статьи и не могут претендовать на решение вопросов собственно филогенетики или геногеографии этно-социального пространства Северного Кавказа. Равным образом в круг задач статьи не входили вопросы этногенеза народов региона. Обсуждаемая здесь проблема состоит в выяснении того, что могут дать сведения о генетической структуре современных популяций Северного Кавказа (прежде всего, кабардинцев и балкарцев) для выработки подходов к построению обобщающего труда по истории Кабардино-Балкарии.

Прежде всего, очевидны трудности и ограничения, связанные с исторической интерпретацией результатов исследований генетиков. Они проистекают из того, что результаты изучения генетических структур различных популяций (принадлежащих к одной или различным этно-лингвистическим общностям, географически близких или удаленных) разнятся в зависимости от глубины филогенетического разрешения использованных методов анализа. В доступной литературе практически не представлены результаты исследований, которые были бы в полной мере сравнимы. В частности, отсутствуют работы, рассматривающие структуру генофонда кабардинцев и балкарцев по одной и той же

панели гаплогрупп на глубоком уровне филогенетического разрешения. Поэтому важные для историков суждения, относящиеся к эволюции и генетическим взаимоотношениям популяций региона, должны формулироваться с большой осторожностью.

Вместе с тем имеются такие результаты изучения генетического рельефа Северного Кавказа, которые позволяют высказать достаточно твердые суждения относительно соотношения «этнического» и «пространственного» в региональном «кабардино-балкарском» историческом нарративе.

В генофонде каждого из современных народов Северного Кавказа обнаруживается целый набор гаплогрупп. Но и на этом фоне выделяются кабардинцы, как носители особо дифференцированной генетической структуры. В этом отношении весьма близко к ним стоят и балкарцы. Объединяют их еще две характерные черты: во-первых, у них отсутствуют безусловно доминирующие (хотя бы достигающие 50%) мажорные гаплогруппы; во-вторых, в их генофондах значительное место занимает общий пул гаплогрупп. Доля этого общего генетического пула в их генофонде весьма велика, когда рассматривается сравнительно узкая панель обобщенных (корневых или «материнских») гаплогрупп, а при детализированном анализе на глубоком уровне филогенетического разрешения она снижается. Но сам набор общих гаплогрупп остается достаточно широким. При анализе на глубоком уровне филогенетического разрешения по широкой панели гаплогрупп фиксируется четкая генетическая граница между кабардинцами и балкарцами, но показатель генетического расстояния между ними ниже среднего по Северному Кавказу (1,08 и 1,33). Главное в том, что нет строгого взаимного соответствия генетических расстояний между популяциями и между этническими общностями.

Выше были представлены результаты исследования, выявившего на Северном Кавказе четыре лингвистико-географических региона, которые определяются доминированием одной специфической для них гаплогруппы. Такая ясная картина получена была, в том числе, потому, что в нем не были охвачены тюркоязычные народы и кабардинцы, а Центральный Кавказ был представлен только популяцией осетин. Представляется правомерным зафиксировать существование на Центральном Кавказе «пятого» региона, который соответствует на генетической карте Северного Кавказа особому интер-этническому кластеру популяций, отмеченных внутренней гетерогенностью своих генофондов и одновременно взаимной близостью генетических структур. Состав этого кластера может обсуждаться и уточняться по результатам дальнейших этногеномных исследований. В разных работах его контуры выступают с различной степенью четкости в зависимости от глубины филогенетического разрешения. Но эмпирическая реальность этого кластера и присутствие в нем популяций кабардинцев и балкарцев несомненны. Его формирование является результатом общности глубоких генетических корней, территориального соседства этносоциальных единиц и наличия плотной сети регулярных социальных взаимодействий между ними, воспроизводившейся на протяжении длительного исторического времени. Само по себе это положение не несет ничего нового и давно известно историкам. Однако оно методологически значимо для выбора от-

правного пункта при построении истории Кабардино-Балкарии, поскольку делает очевидной взаимосвязь «этнического» и «пространственного» измерений, актуального состояния и предшествующей эволюции во времени субъектной структуры регионального исторического процесса.

Принимая за исходный пункт первенство «этнического», историки оказываются перед необходимостью сделать и второй выбор: собираются ли они писать «биографию» их далеких предков, начиная с «корней», с зарождения ядра этноса (пусть даже и доводя ее до наших дней) или реконструировать историю современных, генетически гетерогенных народов-этносов республики, исходя из стоящих перед ними сегодня исторических задач. Речь идет не о порядке изложения материала, а об исходном пункте его целостного осмысления.

В первом случае функцию логического ядра нарратива будет выполнять наименее насыщенный историческим опытом и наиболее труднопознаваемый, «темный» период прошлого, а реальным предметом описания окажутся проблемы этногенеза и этнической истории народов в узком смысле слова. Это вполне правомерный подход, если изучение этнических процессов ставится в качестве самостоятельной задачи в рамках исторической этнографии. Но он не может в полной мере «вместить» межэтнический и над-этнический уровни социальной реальности. Сведение функций регионального нарратива к подтверждению и поддержанию этнической идентичности народов республики имплицитно несло бы традиционалистскую ориентацию и сузило бы перспективы их современного развития.

Во втором случае отправным пунктом становится современность, которая несет в себе весь опыт прошлого, но одновременно доступна для эмпирического изучения и открыта для рационального поиска вариантов будущего. Предметом нарратива оказывается процесс становления современных народов Кабардино-Балкарии, решающих задачи построения общей для них институциональной среды, обеспечивающей равенство прав каждого независимо от национальной принадлежности, и освоения социальных и культурных инноваций, обеспечивающих их «конкурентоспособность» в современном экономико-технологическом контексте. Подтверждение их культурно-исторической идентичности является только одной из функций такого нарратива, выражающей фактор преемственности, континуитета в историческом развитии. Важнее то, что он позволяет проследить, как прошлые образцы деятельности трансформируются, чтобы быть включенными в современные условия. Логическое ядро осмысления прошлого в таком нарративе генетического типа составляет прослеживание изменений. Непрерывность и целостность исторического процесса обеспечивается не консервацией традиции, а внутренним единством прошлого, настоящего и будущего. Это ориентирует на выявление всех факторов и форм социальных изменений, не замкнутых в границы прошлого и в границы этноса. По сути, речь идет о проблеме соотношения всякого рода частных и специальных историй с общей дисциплиной истории и с общеисторическим процессом. Первым шагом «вхождения» частных этноисторий в общеисторическое пространство является их интеграция в региональный исторический нарратив.

Здесь происходит смыкание подхода, отталкивающегося от современного состояния народов/этносов Кабардино-Балкарии, с пространственным подходом к истории региона. Нет необходимости доказывать: и генетическая структура и этнический облик современных народов Кабардино-Балкарии есть функция их пространственной локализации и взаимодействия с окружающей природно-географической и социально-этнической средой на протяжении длительного времени. Так что объяснительная функция исторического познания в этом случае более эффективно выполняется региональной, а не этнической историей. Но в современном социально-культурном контексте важнее обратить внимание на то, что пространственный подход, как ни странно, позволяет воплотить в нарративе историческую субъектность народов региона более полно, чем подход этно-центрированный. Субъектность предполагает особую идентичность, но не сводится к ней. Кто бы то ни было становится субъектом истории не в силу своей самобытности, а поскольку выступает как действующее лицо, как агент исторических преобразований той внутренней и внешней среды, в которой он существует. Если объектом исторического познания становится пространство региона, народы его населяющие предстают как субъекты, формирующие и видоизменяющие социальный и культурный ландшафт регионального пространства. В результате самостоятельной исторической активности кабардинского и балкарского народов сложилась Кабардино-Балкария, как историческая область, в которой они осуществляют свою жизнедеятельность и упорядочивают взаимные отношения. Социальный порядок в этой области с конца XVIII в. и его эволюция на протяжении XIX-XX вв. – продукт их взаимодействия с российским государством. При отсутствии любого из этих субъектов история Кабардино-Балкарии утратила бы свой индивидуальный характер. Отдавая себе отчет в малой размерности региона как локального исторического образования, можно все же сказать, что в современной Кабардино-Балкарии воплощена историческая субъектность кабардинского и балкарского народов, их совместный вклад в историю Северного Кавказа, России и мира.

#### СПИСОК ИСТОЧНИКОВ И ЛИТЕРАТУРЫ

- Балановская, Балановский 2007 – *Балановская Е.В., Балановский О.П.* Русский генофонд на Русской равнине. – М.: ООО «Луч», 2007. – 416 с.
- Балановский, Запорожченко 2016 – *Балановский О.В., Запорожченко В.В.* Хромосома-летописец: датировки генетики, события истории, соблазн ДНК-генеалогии // *Генетика* – 2016. – Том 52. – № 7. – С. 810-830.
- Боготова 2009 – *Боготова З.И.* Изучение генетической структуры популяций кабардинцев и балкарцев. Автореферат дисс. ... канд. биол. наук. – Уфа: ИБГ УНЦ РАН, 2009. – 25 с.
- Джаубермезов и др. 2017 – *Джаубермезов М.А.* и др. Генетическая характеристика балкарцев и карачаевцев по данным об изменчивости Y-хромосомы // *Генетика*. – 2017. – Т. 53. – № 10. – С. 1224–1231. DOI: 10.7868/S0016675817100034
- Дибирова 2011 – *Дибирова Х.Д.* Роль географической подразделенности и лингвистического родства в формировании генетического разнообразия населения Кавказа (по данным об Y хромосоме). Автореферат дисс. ... канд. биол. наук. – М.: Б.и., 2011. – 26 с.
- Дибирова и др. 2010 – *Дибирова Х.Д.* и др. Генетический рельеф Кавказа: четыре лингвистико-географических региона по данным о полиморфизме хромосомы Y // *Медицинская генетика*. – 2010. – Т. 9. – №10. – С. 9-18.

Зубков 2004 – *Зубков К.И.* Региональная история: проблемное поле и методологические перспективы // Историко-педагогические чтения. – 2004. – № 8. – С. 31-41.

Зубков 2016 – *Зубков К.И.* Многоэтничная история России в стадийно-эволюционном измерении // Историко-педагогические чтения. – 2016. – № 20-1. – С. 48-58.

Козлов 1995 – *Козлов В.И.* Этнос // Этнические и этно-социальные категории: Свод этнографических понятий и терминов. Вып. 6. – М.: ИЭА РАН, 1995. – С. 151-154.

Кутуев 2010 – *Кутуев И.А.* Генетическая структура и молекулярная филогеография народов Кавказа. Автореферат дисс. ... докт. биол. наук. – Уфа., 2010. – 47 с.

Кутуев и др. 2010 – *Кутуев И.А.* и др. Генетическая структура и молекулярная география популяций Кавказа по данным Y-хромосомы // Медицинская генетика. – 2010. – №3. – С. 18-25.

Литвинов, Хуснутдинова 2015 – *Литвинов С.С., Хуснутдинова Э.К.* Современное состояние исследований в области этногеномики: полногеномный анализ и однородительские маркеры // Генетика – 2015. – Том 51. – № 4. – С. 503-516.

Меркурьева и др. 2004 – *Меркурьева Е.К.* и др. Генетика популяций. – М: ФГОУ ВПО МГАВМиБ, 2004. – 55 с.

Пехов 2000 – *Пехов А.П.* Биология с основами экологии. – СПб.: Издательство «Лань», 2000. – 672 с.

Прошлое... 2020 – Прошлое для настоящего: История-память и нарративы национальной идентичности / Под общ. ред. Л.П. Репиной. М.: Аквилон, 2020. – 464 с.

Реконструкции... 2017 – Реконструкции мировой и региональной истории: от универсализма к моделям межкультурного диалога / Под общ. ред. Л.П. Репиной. – М.: Аквилон, 2017. – 560 с.

Репина 2019 – *Репина Л.П.* История регионов, или «территория историка» после странственного поворота // Диалог со временем. – 2019. – № 69. – С. 5-16.

Рюзен 2001 – *Рюзен Й.* Утрачивая последовательность истории (некоторые аспекты исторической науки на перекрестке модернизма, постмодернизма и дискуссии о памяти) // Диалог со временем. Альманах интеллектуальной истории. Вып. 7. – М.: Эдиториал УРСС, 2001. – С. 8-26.

Скаляхо 2013 – *Скаляхо Р.А.* Геногеография тюркоязычных народов Кавказа, грузин и армян: анализ изменчивости Y-хромосомы. Автореферат дисс. ... канд. биол. наук. – М., 2013. – 24 с.

Скаляхо и др. 2013 – *Скаляхо Р.А.* и др. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. – 2013. – № 2. – С. 34-48.

Событие... 2017 – Событие в истории, памяти и нарративах идентичности / Под ред. Л. П. Репиной – М.: Аквилон, 2017. – 400 с.

Степанов и др. 2006 – *Степанов В.А., Харьков В.Н., Пузырев В.П.* Эволюция и филогеография линий Y-хромосомы человека // Информационный вестник ВОГиС. – 2006. – Том 10. – № 1. – С. 57-73.

Теучеж 2013 – *Теучеж И.Э.* Генофонд абхазо-адыгских народов, грузин и армян по данным о полиформизме Y-хромосомы и фамилий. Автореферат дисс. ... канд. биол. наук. – М., 2013. – 25 с.

Теучеж и др. 2013 – *Теучеж И.Э.* и др. Генофонды абхазо-адыгских народов, грузин и армян в евразийском контексте // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. – 2013. – №2. – С. 49-62.

Тишков 2004 – *Тишков В.А.* Этническая общность [Электронный ресурс]. Большая российская энциклопедия: сайт. URL: <https://bigenc.ru/ethnology/text/4916954> (дата обращения 08.06.2022).

Хуснутдинова 2013 – *Хуснутдинова Э.К.* Этногеномика // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – Том 17. – № 4/2. – С. 943-956.

Хуснутдинова и др. 2012 – Хуснутдинова Э.К. и др. Генетический состав этнических групп Кавказа по данным комплексного исследования Y-хромосомы, митохондриальной ДНК и полногеномного анализа // Генетика. – 2012. – Том 48. – № 6. – С. 750–761.

Юсупов и др. 2017 – Юсупов Ю.М., Балановская Е.В., Сабитов Ж.М., Балановский О.П. Комплексные исследования этногенеза: союз геногеографии и этнографии // Вестник антропологии. – 2017. – №2 (38). – С. 28-35.

Balanovsky et al. 2011 – *Balanovsky O. et al. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region // Molecular Biology and Evolution. – 2011. – Vol. 28. – No. 10. – P. 2905-2920. doi:10.1093/molbev/msr126*

Rüsen 2004 – *Rüsen J. How to overcome ethnocentrism: Approaches to a culture of recognition by history in the twenty-first century // History and Theory. – 2004. – V. 43. – No. 4. – Theme Issue 43: Historians and Ethics (Dec., 2004). – P. 118-129.*

Rüsen 2005 – *Rüsen J. History: Narration, Interpretation, Orientation. – New York and Oxford: Berghahn Books, 2005. – 236 p.*

## REFERENCES

BALANOVSKAYA E.V., BALANOVSKII O.P. *Russkii genofond na Russkoi ravnine* [The Russian Gene Pool on the Russian Plain]. – М.: ООО «Luch», 2007. – 416 p. (In Russ.).

BALANOVSKY O. et al. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region // *Molecular Biology and Evolution. – 2011. – Vol. 28. – No. 10. – P. 2905-2920. doi:10.1093/molbev/msr126*

BALANOVSKII O.V., ZAPOROZHCHENKO V.V. *Khromosoma-letopisets: datirovki genetiki, sobytiya istorii, soblazn DNK-genealogii* [Chromosome as a Chronicler: Genetic Dating, Historical Events, and DNA-Genealogic Temptation]. IN: *Genetika – 2016. – Vol. 52. – No. 7. – P. 810-830. (In Russ.).*

BOGOTOVA Z.I. *Izuchenie geneticheskoi struktury populyatsii kabardintsev i balkartsev* [Study of Genetic Structure of Populations of Kabardins and Balkars]. Avtoreferat diss. ... kand. biol. nauk. – Ufa, 2009. – 25 p. (In Russ.).

DZHAUBERMEZOV M.A. i dr. *Geneticheskaya kharakteristika balkartsev i karachaevtsev po dannym ob izmenchivosti Y-khromosomy* [Genetic Characterization of Balkars and Karachays According to the Variability of the Y-Chromosome]. In: *Genetika. – 2017. – Vol. 53. – No. 10. – P. 1224–1231. DOI: 10.7868/S0016675817100034 (In Russ.).*

DIBIROVA Kh.D. *Rol' geograficheskoi podrazdelenosti i lingvisticheskogo rodstva v formirovanii geneticheskogo raznoobraziya naseleniya Kavkaza (po dannym ob Y khromosome)* [The Role of Geographic Division and Linguistic Affinity in Forming of Genetic Diversity of the Caucasus Population (based on Y chromosome data)]. Avtoreferat diss. ... kand. biol. nauk. – М., 2011. – 26 p. (In Russ.).

DIBIROVA Kh.D. i dr. *Geneticheskii rel'ef Kavkaza: chetyre lingvistiko-geograficheskikh regiona po dannym o polimorfizme khromosomy Y* [Genetic Relief of the Caucasus: Four Linguistic-Geographical Regions Retrieved from Data on Y Chromosomal Variation]. In: *Meditinskaya genetika. – 2010. – Vol. 9. – No. 10. – P. 9-18. (In Russ.).*

ZUBKOV K.I. *Regional'naya istoriya: problemnoe pole i metodologicheskie perspektivy* [Regional History: Problem Field and Methodological Perspectives]. In: *Istoriko-pedagogicheskie chteniya. – 2004. – No. 8. – P. 31-41. (In Russ.).*

ZUBKOV K.I. *Mnogoetnichnaya istoriya Rossii v stadial'no-evolyutsionnom izmerenii* [A Multiethnic History of Russia in Phasic- Evolutional Dimension]. In: *Istoriko-pedagogicheskie chteniya. – 2016. – No. 20-1. – P. 48-58. (In Russ.).*

KOZLOV V.I. *Etnos* [Ethnos]. In: *Etnicheskie i etno-sotsial'nye kategorii: Svod etnograficheskikh ponyatii i terminov. Issue 6. – М.: IEA RAN, 1995. – P. 151-154. (In Russ.).*

KUTUEV I.A. *Geneticheskaya struktura i molekulyarnaya filogeografiya narodov Kavkaza* [The Genetic Structure and Molecular Phylogeography of Caucasus Peoples]. Avtoreferat diss. ... dokt. biol. nauk. – Ufa., 2010. – 47 p. (In Russ.).

KUTUEV I.A. i dr. *Geneticheskaya struktura i molekulyarnaya geografiya populyatsii Kavkaza po dannym Y-khromosomy* [The genetic structure and molecular phylogeography of Caucasus populations based on Y chromosome data]. In: *Meditinskaya genetika*. – 2010. – No. 3. – P. 18-25. (In Russ.).

LITVINOV S.S., KHUSNUTDINOVA E.K. *Sovremennoe sostoyanie issledovaniy v oblasti etnogenomiki: polnogenomnyi analiz i odnoroditel'skie markery* [Current State of Research in Ethnogenomics: Genome Wide Analysis and Uniparental Markers]. In: *Genetika* – 2015. – Vol. 51. – No. 4. – P. 503-516. (In Russ.).

MERKUR'EVA E.K. i dr. *Genetika populyatsii* [Genetics of Populations]. – M.: FGOU VPO MGAVMiB, 2004. – 55 p. (In Russ.).

PEKHOV A.P. *Biologiya s osnovami ekologii* [Biology with the Basics of Ecology]. – SPb.: Izdatel'stvo «Lan'», 2000. – 672 p. (In Russ.).

*Proshloe dlya nastoyashchego: Istoriya-pamyat' i narrativy natsional'noi identichnosti / Pod obshch. red. L.P. Repinoi* [The Past for the Present: History / Memory and Narratives of National Identity. Ed. by Lorina Repina]. – M.: Akvilon, 2020. – 464 p. (In Russ.).

*Rekonstruktsii mirovoi i regional'noi istorii: ot universalizma k modelyam mezkul'turnogo dialoga / Pod obshch. red. L.P. Repinoi* [Reconstructions of World and Regional History: universalism towards models of intercultural dialogue / Ed. by Lorina Repina]. – M.: Akvilon, 2017. – 560 p. (In Russ.).

REPINA L.P. *Istoriya regionov, ili «territoriya istorika» posle prostranstvennogo povorota* [History of the Regions, or “Historian’s Territory” After Spatial Turn]. In: *Dialog so vremenem*. – 2019. – No. 69. – P. 5-16. (In Russ.).

RÜSEN J. *Utrachivaya posledovatel'nost' istorii* [Loosing the order of History]. In: *Dialog so vremenem*. – 2001. – No. 7 – P. 8-26. (In Russ.).

RÜSEN J. How to overcome ethnocentrism: Approaches to a culture of recognition by history in the twenty-first century // *History and Theory*. – 2004. – V. 43. – No. 4. – Theme Issue 43: Historians and Ethics (Dec., 2004). – P. 118-129.

RÜSEN J. *History: Narration, Interpretation, Orientation*. – New York and Oxford: Berghahn Books, 2005. – 236 p.

SKALYAKHO R.A. *Genogeografiya tyurkoyazychnykh narodov Kavkaza, gruzin i armyan: analiz izmenchivosti Y-khromosomy* [Gene Geography of the Turkic-speaking Peoples of the Caucasus, Georgians and Armenians: Analysis of the Variability of the Y-chromosome]. Avtoreferat diss. ... kand. biol. nauk. – M., 2013. – 24 p. (In Russ.).

SKALYAKHO R.A. i dr. *Tyurki Kavkaza: sravnitel'nyi analiz genofondov po dannym o Y-khromosome* [Turkic Speakers of the Caucasus: A Comparative Analysis of Their Gene Pools from the Y-Chromosomal Perspective]. In: *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya*. – 2013. – No. 2. – P. 34-48. (In Russ.).

*Sobytie v istorii, pamyati i narrativakh identichnosti / Pod red. L. P. Repinoi* [The Event in History, Memory and Narratives of Identity]. – M.: Akvilon, 2017. – 400 p. (In Russ.).

STEPANOV V.A., KHAR'KOV V.N., PUZYREV V.P. *Evolutsiya i filogeografiya linii Y-khromosomy cheloveka* [Evolution and Phylogeography of Human Y-Chromosomal Lineages]. In: *Informatsionnyi vestnik VOGiS*. – 2006. – Vol. 10. – No. 1. – P. 57-73. (In Russ.).

TEUCHEZH I.E. *Genofond abkhazo-adygskikh narodov, gruzin i armyan po dannym o poliformizme Y-khromosomy i familii* [Gene Pools of Abkhaz-Adyghe Peoples, Georgians and Armenians on the Variability of the Y-chromosome Data and Families]. Avtoreferat diss. ... kand. biol. nauk. – M., 2013. – 25 p. (In Russ.).

TEUCHEZH I.E. i dr. *Genofondy abkhazo-adygskikh narodov, gruzin i armyan v evraziiskom kontekste* [Gene Pools of Abkhaz-Adyghe, Georgian and Armenian Populations in Their Eurasian Context]. In: *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya*. – 2013. – No. 2. – P. 49-62. (In Russ.).

TISHKOV V.A. *Etnicheskaya obshchnost'* [Ethnic Community] [Online resource]. In: Bol'shaya rossiiskaya entsiklopediya: site. URL: <https://bigenc.ru/ethnology/text/4916954> (data obrashcheniya 08.06.2022). (In Russ.).

KhUSNUTDINOVA E.K. *Etnogenomika* [Ethnogenomics]. In: Vavilovskii zhurnal genetiki i selektsii. – 2013. – Vol. 17. – No. 4/2. – P. 943-956. (In Russ.).

KhUSNUTDINOVA E.K. i dr. *Genofond etnicheskikh grupp Kavkaza po dannym kompleksnogo issledovaniya Y-khromosomy, mitokhondrial'noi DNK i polnogenomnogo analiza* [Gene Pool of Ethnic Groups of the Caucasus: Results of Integrated Study of the Y Chromosome and Mitochondrial DNA and Genome-Wide Data]. In: Genetika. – 2012. – Vol. 48. – No. 6. – P. 750–761.

YuSUPOV Yu.M., BALANOVSKAYA E.V., SABITOV Zh.M., BALANOVSKII O.P. *Kompleksnye issledovaniya etnogeneza: soyuz genogeografii i etnografii* [The Complex Studies of Ethnogenesis: Collaboration of Gene Geography and Ethnography]. In: Vestnik antropologii. – 2017. – No. 2 (38). – P. 28-35. (In Russ.).

### **Информация об авторе**

*А.Х. Боров* – кандидат исторических наук, доцент.

### **Information about the author**

*A.Kh. Borov* – candidate of sciences (history), associate professor.

Статья поступила в редакцию 02.07.2022 г.; одобрена после рецензирования 18.08.2022 г.; принята к публикации 15.09.2022 г.

The article was submitted 02.07.2022; approved after reviewing 18.08.2022; accepted for publication 15.09.2022.