



ГОДИШНИК НА СОФИЙСКИЯ УНИВЕРСИТЕТ
„СВ. КЛИМЕНТ ОХРИДСКИ“
ИСТОРИЧЕСКИ ФАКУЛТЕТ
ТОМ 108, 2025

ПАЛЕОГЕНОМНИ НАБЛЮДЕНИЯ ВЪРХУ
НАСЕЛЕНИЕТО В РАЗЛИЧНИТЕ ЧАСТИ НА
СРЕДНОВЕКОВНА БЪЛГАРИЯ И ВРЪЗКАТА МУ СЪС
СЪВРЕМЕННИТЕ БАЛКАНСКИ ПОПУЛАЦИИ

ИЗСЛ. СВЕТОСЛАВ СТАМОВ
ДОЦ. Д-Р ТОДОР ЧОБАНОВ

🏛️ Институт за балканистика с Център по тракология – Българска академия на науките

📍 Ул. „Московска“ № 45, София 1000, България

🆔 <https://orcid.org/0000-0003-0881-4175> | <https://orcid.org/0009-0005-8283-4758>

✉ lab.dna@historymuseum.org | todor.chobanov@balkanstudies.bg

🔗 <https://doi.org/10.60053/GSU.IF.1.108.17-46>

📅 Получено 2025-05-15; рецензирано 2025-07-17; прието 2025-07-22; публикувано онлайн 2025-11-25

📄 CRediT | Роли на приносителите

Светослав Стамов (ORCID 0000-0003-0881-4175; lab.dna@historymuseum.org)

Концептуализация, Методология, Формален анализ, Проучване, Визуализация, Написване – оригинален проект;

Тодор Чобанов, (ORCID 0009-0005-8283-4758;

todor.chobanov@balkanstudies.bg)

Концептуализация, Методология, Проучване, Написване – преглед и редакции.

🔍 Проучването е осъществено в рамките на научноизследователски проект „Епохи на историята“, финансиран от Фонд „Научни изследвания“ с договор № КП-06-Н70/8 от 13.12.2022 г.

📖 Бележка за печатното издание. Публикацията съдържа детайлни изображения, налични онлайн с висока резолюция.

📄 Авторът(ите), 2025 г. Публикувано от Университетско издателство „Св. Климент Охридски“ от името на Историческия факултет на Софийския университет „Св. Климент Охридски“. Статията се предоставя под отворен достъп и се разпространява съгласно условията на лиценза Creative Commons Attribution (CC BY 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), позволяващ неограничено повторно използване, разпространение и възпроизвеждане, при условие че оригиналната статия е цитирана по подходящ начин.

Резюме. Резултатите от анализа на древна ДНК демонстрират, че трансформацията на балканските популации през Ранното средновековие представлява процес на постепенна интеграция и преобразуване, а не внезапна, еднократна подмяна на популациите. До аналогични заключения е достигнала преди шестдесет години В. Тъпкова-Заимова, като е формулирала хипотезата си след анализ на данни от средновековните писмени източници. Изследването ни демонстрира популационна идентичност между образците от Ряхово и образците от Битоля (IX – X в.), които показват близост при моделиране и са резултат от смесване на централноевропейски, възможно протославянски компонент (47 – 49%) с балкано-римски компонент (36 – 42%) и степен, възможно сарматски компонент (11 – 14,6%). Тази популационна близост между индивидите от два географски отдалечени некропола от централните части на Първото българско царство предполага наличието на относително хомогенна популация в рамките на държавата още в началото на X в., откогато датират образците. Степента на смесване варира от регион до регион, с градиент на леко намаляване на степния компонент от север на юг и от изток на запад, но процесът води до формирането на нова, стабилна популационна структура, универсално представена в некрополите на Централните и Източните Балкани. Тази структура, след етап на постепенно формиране през Ранното средновековие, се отличава със забележителна устойчивост в продължение на следващите 1000 години и е останала непроменена до днес. Процесът на популационна трансформация, който е довел до съществуването на съвременната българска популация, има дълбоки корени в римската епоха и е продължил през целия период на Великото преселение на народите, създавайки генетична основа, чиито характеристики се срещат, освен в съвременната българска популация, и в съседните на България съвременни балкански популации, като популацията на Северна Македония.

Ключови думи: древна ДНК, моделиране, Балкански популации, популационна структура Средновековие, Първо българско царство, миграции.

- ❶ Използваните в публикацията древни геноми са изтеглени от публичната база данни за древни геноми в Allen Ancient DNA Resource – публичен център за древни геноми, Университет „Харвард“ (<https://reich.hms.harvard.edu/allen-ancient-dna-resource-aadr-downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data>).

* * *

Въпросът за формирането на средновековната българска народност в Ранното средновековие е сред най-сложните теми, разглеждани през последния век и половина от родната и чуждестранната историографска традиция. Не е случайно, че той регулярно е засенчван и изместван от свързания с него въпрос за произхода на прабългарите, като в крайна сметка си остава предмет само на единични, изолирани по своя характер научни усилия, ограничавани в методически план от наличните към дадения момент инструменти и помощни дисциплини, а от друга страна, е сериозно повлиян от политическата обстановка и

доминиращата в дадения период политическа доктрина. И до днес у нас единствен по рода си остава трудът на Д. Ангелов „Образуване на българската народност VII – IX век“¹, който е създаден с цел да отговори на все по-задълбочаващата се нужда от утвърждаване на единна гледна точка в българската историческа наука, която да послужи и за целите на възраждащия се през 70-те години на XX век български национализъм, изместил постепенно, но решително все по-отслабващия интернационализъм от първите две десетилетия на социалистическия период, както и доминиралата в определени моменти теза за водещата роля на славяните в историята на Дунавска България², респ. във формирането на българската средновековна народност.

На фона на известната идеологическа обремененост на изследванията от втората половина на XX в., монографията на В. Тъпкова-Заимова „Нашествия и етнически промени на Балканите през VI – VII в.“³ се откроява със своя комплексен и обективен характер. Доколкото темата на изследване не е формирането на държавността или характера на взаимоотношенията прабългари – славяни, то е освободено от всякакви идеологически парадигми и клишета, каквито присъстват например в иначе по-късния като време на създаване труд на Д. Ангелов. В. Тъпкова-Заимова много умело и педантично обрисова сложната етническа картина на Балканите през Великото преселение на народите (ВПН), послужила по-късно като основа за формиране на ранносредновековните народности. Особен принос на изследването е очертаната схема на мултиетапното византийското взаимодействие с нахлуващите варвари, както и многократно направеният извод – варварите не идват на Балканите като укрепнали народности, а като пъстра смес с разнообразни компоненти⁴.

Формирането на средновековните етноси на Балканите и в Европа и връзката им със съвременните такива е същевременно предмет на изследване и от една нова научна дисциплина, възникнала и развила се едва в последните петнадесетина години. Става въпрос за изследванията върху човешкия геном в миналото и настоящето и изясняването, посредством разнообразни математически и статистически методи, на важни въпроси, свързани с възникването и промените на популациите. Редица международни проучвания очертаха хипо-

¹ АНГЕЛОВ, Димитър. *Образуване на българската народност VII–IX век*. София: БАН, 1971. ISBN 854168755445.

² ЧОБАНОВ, Тодор. *Произходът на прабългарите. Дебатът през XXI век*. София: Университетско издателство „Св. Климент Охридски“, 2023, с. 27–185. ISBN 978-619-7688-20-7.

³ ТЪПКОВА-ЗАИМОВА, Василка. *Нашествия и етнически промени на Балканите през VI–VII в.* София: Наука и изкуство, 1966. ISBN 954-8475-05-7.

⁴ *Пак там*, с. 65, 87–88.

тезата, че съвременните балкански народи са преки наследници на средновековните си предшественици, без да настъпят съществени изменения за последните хиляда години⁵.

В този контекст предлаганото тук палеогеномно изследване осъществява детайлен анализ на конкретни индивиди от ранносредновековните български земи – от Битоля, Ряхово и Самоводене (IX – X в.)⁶, в контекста на останалите секвенирани образци от Ранното балканско средновековие – археологическите обекти Тимакум-Кулине (дн. Източна Сърбия), Нустар (Хърватия), Виминациум-Светиня и Виминациум-Гробайя (Източна Сърбия)⁷. Това е опит за преход от макро- към микрониво на анализ, надграждайки върху наблюденията на предходните мащабни изследвания за трансформацията на балканските популации през периода на ВПН.

Анализът се базира на комплексен набор от древни геноми, организирани в няколко основни референтни групи⁸. Хронологически най-старите референтни групи включват ловците събирачи от Железни врата (Serbia_Iron-Gates_Mesolithic), източноевропейските ловци събирачи (SAMEDG), западноевропейските ловци събирачи (Luxembourg_Loschbour), ранните земеделци от Анатолия (Turkey_Boncuklu_N), образци от иранския неолит (Iran_HajjiFiruz_N), както и африкански референтен геном, в качеството му на контролна група (Mbuti.DG). Балканските диахронни референтни групи обхващат образци от балканската бронзова и желязна епоха (balkans_ia), включващи албански образци от ранножелязната епоха, български образци от желязната епоха и гръцки микенски образци. Към тях се добавят образците от балканската римска епоха (balkan_roman), представени от некрополите на Виминациум, Сирмиум и Доклеа, както и гръко-римските образци. Ранновизантийските образци (byzantine) са представени от западноанатолийски популации от III – V в. и образци от района на Константинопол от IV – VII в.

⁵ ЧОБАНОВ, Тодор. *Цит. съч.*, с. 127–165.

⁶ LAZARIDIS, Iosif; ALPASLAN-ROODENBERG, Songül; ACAR, Ayşe; AÇIKKOL, Ayşen; AGELARAKIS, Anagnostis; AGHIKYAN, Levon et al. A genetic probe into the ancient and medieval history of Southern Europe and West Asia. *Science*, 2022, 377, pp. 940–951. Available from: <https://doi.org/10.1126/science.abq0755>.

⁷ REICH, David; LAZARIDIS, Iosif; OLALDE, Iñigo; CARRIÓN, Pablo; MIKIĆ, Ilija; ROHLAND, Nadin et al. Genetic history of the Balkans from Roman frontier to Slavic migrations. *Cell*, 2023, 186/25, p. 5473. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.10.009>.

⁸ Утвърдената практика в палеогеномиката е анализите да стъпват на добре изяснени архаични популации, обикновено мезолитни или неолитни общности, съществували продължително време без контакт помежду си и формирали уникални геномни сигнатури.

Сравнителните групи от миграционния период включват славянски образци (protoslavic) от раннославянските некрополи в Словения и Словакия, както и образци от Сунгир (Централна Русия). Германските образци (germanic) са представени от саксонските некрополи в Дрантум и Дунум, лангобардски образци от Италия и Панония, както и образци от Велбарската култура. Степните образци (steppe_posthunnic) включват сарматски образци от Панония, хунски образци от Централна Унгария и западнокитски образци. Като отделна група се разглеждат казахстанските сарматски образци (Kazakhstan_Sarmatian_IA), които демонстрират специфични характеристики и играят особена роля в анализа.

ОПИСАНИЕ НА ПОПУЛАЦИОННИТЕ ГРУПИ, ПРЕДМЕТ НА ИЗСЛЕДВАНЕТО, И ВКЛЮЧЕНИТЕ В ТЯХ ИНДИВИДУАЛНИ ОБРАЗЦИ⁹

Ранносредновековни Балкани (balkan_medieval): България – единични индивиди от некропола на средновековното селище Ряхово XI в., Велико Търново, XII в.; вторично погребение от Самоводене, централна Северна България, IX – X в.; дн. Северна Македония – единично погребение, Битоля, X в.; Сърбия – Източна Сърбия – некропол Светиня (Виминациум), XIII в., 4 индивида (погребенията са съпроводени с монетни имитации на български монети като погребални дарове); некропол Тимакум-Кулине (района на р. Тимок), VII в., 6 индивида, асоциирани с гарнизонен некропол в близост до ранносредновековното укрепление (два от индивидите носят следи от изхабяване на костите, асоциирани с ежедневна езда), както и съседен некропол, с погребения, носещи елемент на далекоизточна обрядност); Хърватия – Нустар, 6 индивида, некропол на военно укрепление в района на р. Дунав, вероятно играещо ролята на граничен пункт между Първото българско царство (ПБЦ) и Аварския хаганат през VIII в.

Балкани – римска епоха (balkan_roman): Гърция – района на Маратон, III – IV в. сл.н.е.; Сърбия – римско военно селище Виминациум¹⁰ и късноантично селище Рит, II – IV в. сл.н.е., общо 12 образца; Сърбия – Ниш, IV в., Сърбия – Сирмиум, III – IV в.; Черна Гора – римско селище Доклеа, II – IV в., 4 образца.

⁹ Образец в см на погребани индивиди, открити при редовни археологически проучвания и докладвани в рамките на първични публикации.

¹⁰ MICIĆ, Ilija. Population of Viminacium during the Migration Period: Segment without artificially deformed skulls. *Starinar*, 2015, p. 108. Available from: <https://doi.org/10.2298/STA1565103M>.

Балкани – желязна епоха (balkans_ia): Албания – ранножелязна епоха, 4 образца; България – желязна и ранножелязна епоха – 16 образца (10 от некропола при Капитан Андреево, 2 образца от некропола при Свиленград, 2 образца от Източните Родопи – надгробни могили Диамандиево и Стамболово, 2 образца от Казанлък – надгробни могили Розино, Велико Търново); Македония – желязна епоха, 8 образца; Гърция – Микена, XII – XVI в. пр.н.е., 12 образца.

Ранновизантийски образци (byzantine): Западна Анатолия (Никея), III – V в., 20 образца; района на Мраморно море и Константинопол, IV – VII в., 20 образца.

Раннославянски образци (protoslavic): Словения – VII – VIII в., раннославянски некропол, 2 образца; Словакия – VII – VIII в., раннославянски некропол, 2 образца; Сунгир, Русия – ранносредновековен некропол, VIII – IX в.; Унгария – VI – VII в., раннославянско погребение¹¹.

Старогермански групи (germanic): Дрантум, Саксония – 20 образца от средновековен некропол от XI – XIII в.; Дунум, Саксония – средновековен некропол от XIV – XVII в., 20 индивида; Бавария – старогермански некропол от VI – IX в., 8 образца; Веклице, Полша – култура Велбак, III – V в., 6 образца (некропол на селище, идентифициран като готски или вандалски); Алтинден, Германия – селище с некропол V – VII в., определено като саксонско, 6 образца; Бавария – селище с некропол IV – VII в., определено като алеманско, 4 образца; Унгария – лангобардски некропол VI в., 4 индивида; Словакия – индивидуални погребални могили IV – VII в., определени като германски военни лидери.

*Централноевропейски и източноевропейски образци, археологически асоциирани със степните формации*¹² (steppe posthunnic): Северно Прикавказие – Анапа и Кубан, 3 образца, VIII – X в.; късносарматски образци, IV – V в., региона източно от р. Тиса (от т.нар. Барбарикум¹³), 16 индивида. Късносар-

¹¹ GNECCHI-RUSCONE, Guido et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. *Cell*, 2022, 185/8, p. 1404. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>.

¹² JEONG, Choongwon; WANG, Ke; WILKIN, Shevan; TAYLOR, William Timothy Treall; MILLER, Bryan K.; BEMMANN, Jan H. et al. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 2022, 183/4, p. 891. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>.

¹³ Barbaricum (от гръцки: Βαρβαρικόν, „чужд“, „варварин“) е географско наименование, използвано от исторически и археологически специалисти за обозначаване на обширната територия, заета от варвари, която по римско време се е намирала отвъд границите, или лимеса, на Римската империя в Северна, Централна и Югоизточна Европа.

матски образци, III – V в., западно от р. Тиса по протежение на р. Дунав, в съвр. Унгария – 10 образца; определени като „хунски“ образци, 7 индивида от региона на Централна Унгария, V в. с ясен далекоизточен геномен характер на погребенията. Сарматски геном от Централна Унгария, I – II в. (т. нар. „златен хоризонт“, свързан с епохата на заселване на сарматските групи в Пустата¹⁴); късноскитски образци, лесостепната зона на Западна Украйна, III – VI в. пр.н.е., демонстрирали континуитет с образци от по-късната Черняховска култура и послужили за неин генетичен субстрат.

Не включихме трите налични черняховски образца поради технологична невъзможност – те са с много ниска резолюция на секвенирането¹⁵. Тези образци в анализите демонстрираха едновременно ранногермански и късноскитски компонент, както и близост между групите от Средна Висла, от една страна, и Зарубинецката култура, от друга. По тази причина използвахме късните западноскитски геноми, които са близо 20 на брой, като относителен заместник на индивидите от Черняховската култура поради голямата генетична близост между двете групи и сходната им популационна история. Включването на повече образци от Черняховската култура, с добра резолюция на секвенирането, би позволило изясняването на ролята на културата в етногенезата на балканските популации от Ранното средновековие.

Казахстански сармати (Kazakhstan_Sarmatian_IA): групата включва 7 индивида от периода III в. пр.н.е. – III в. сл.н.е., произхождащи от района на Северозападен Казахстан (между североизточния бряг на Каспийско море и южните склонове на Урал). Първоначално тези индивиди бяха включени в групата *steppe_posthunnic*, но последващият анализ разкри специфичната им роля в няколко отделни популационни процеса:

- Формиране на сарматските популации в Панонската низина¹⁶.
- Втори популационен импулс по време на хунската епоха.

¹⁴ ISTVANOVITS, Eszter. Sarmatians through the eyes of strangers. The Sarmatian warrior. In: *International Connections of the Barbarians of the Carpathian Basin in the 1st – 5th centuries A.D.* Eszter ISTVANOVITS; Valéria KULCSAR (eds.). Aszód-Nyíregyháza, 2001, p. 139. ISBN 9637220437.

¹⁵ Резолюция – брой на секвенираните (дигитализираните) СНП/SNP – специфични мутации в геномния код, служещи за формиране на индивидуалната геномна сигнатура на образца и ползвани за сравнения с други образци.

¹⁶ MOSCY, András. *Pannonia and Upper Moesia: A History of the Middle Danube Provinces of the Roman Empire*. London–Boston: Routledge, 1974, p. 213. ISBN 978-0710077141.

- Вероятен трети импулс, засвидетелстван в образците от Първото българско царство¹⁷ (Ряхово, Битоля и Самоводене). Особено значима е констатацията, че този трети импулс се проявява на Балканите паралелно, заедно, но независимо от сигнала, идентифициран като идващ на Балканите от групата *steppe_posthunnic*.

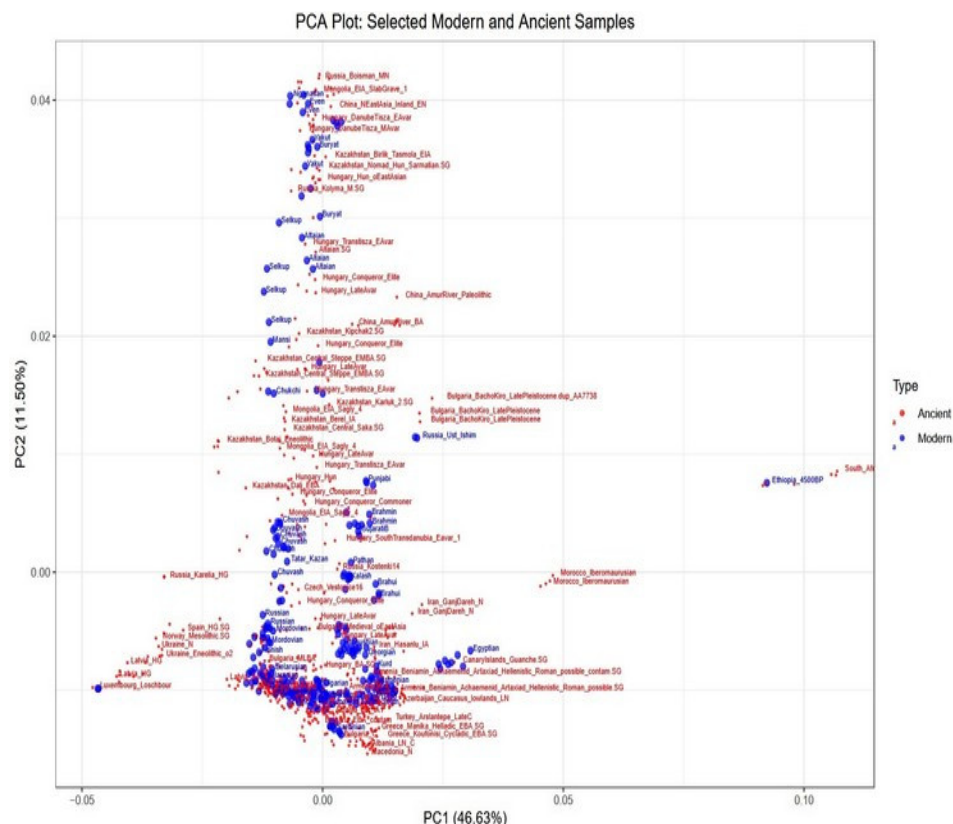
МЕТОДИ НА ПАЛЕОГЕНОМНИЯ АНАЛИЗ

В хода на изследването приложихме последователен подход при анализа на генетичните данни от Средновековните Балкани. В този анализ работим с огромен обем данни – всеки геном съдържа стотици хиляди уникални генетични маркери (СНП/SNP). Анализът на главните компоненти (РСА, фиг. 1, 2 и 3) е статистически метод, който редуцира тази сложност до две основни измерения, запазвайки максимално много информация за различията между индивидите. Методът работи, като проектира многомерните генетични данни в двуизмерно пространство, където първата ос (PC1) показва най-значимите генетични различия, а втората ос (PC2) – второто най-важно различие. Процентите до осите показват каква част от общата генетична вариация представя всяко измерение.

В получената графика близостта между точките отразява генетичната близост между индивидите – колкото по-близо са две точки, толкова по-сходни са генетично съответните индивиди или популации.

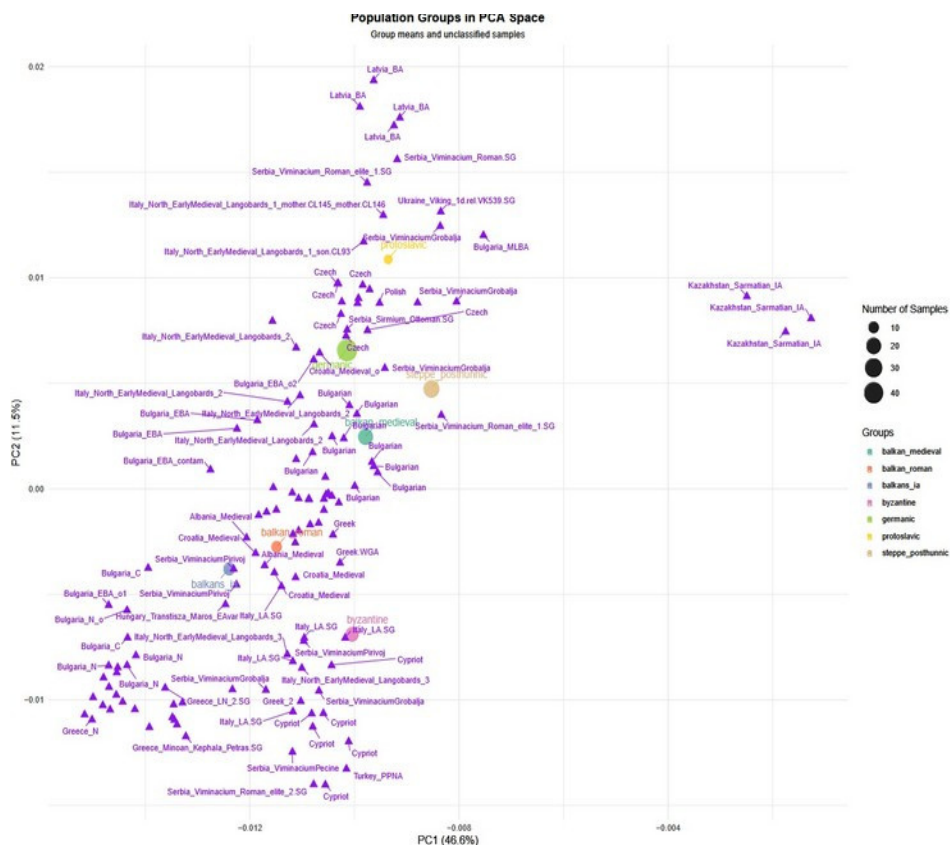
Направихме анализа на три етапа:

¹⁷ RASHEV, Rasho. On the origin of the Proto-Bulgarians. In: *Studia protobulgarica et mediaevalia europensia*. Veliko Tarnovo, 1992, pp. 23–33. ISBN 9549942554.



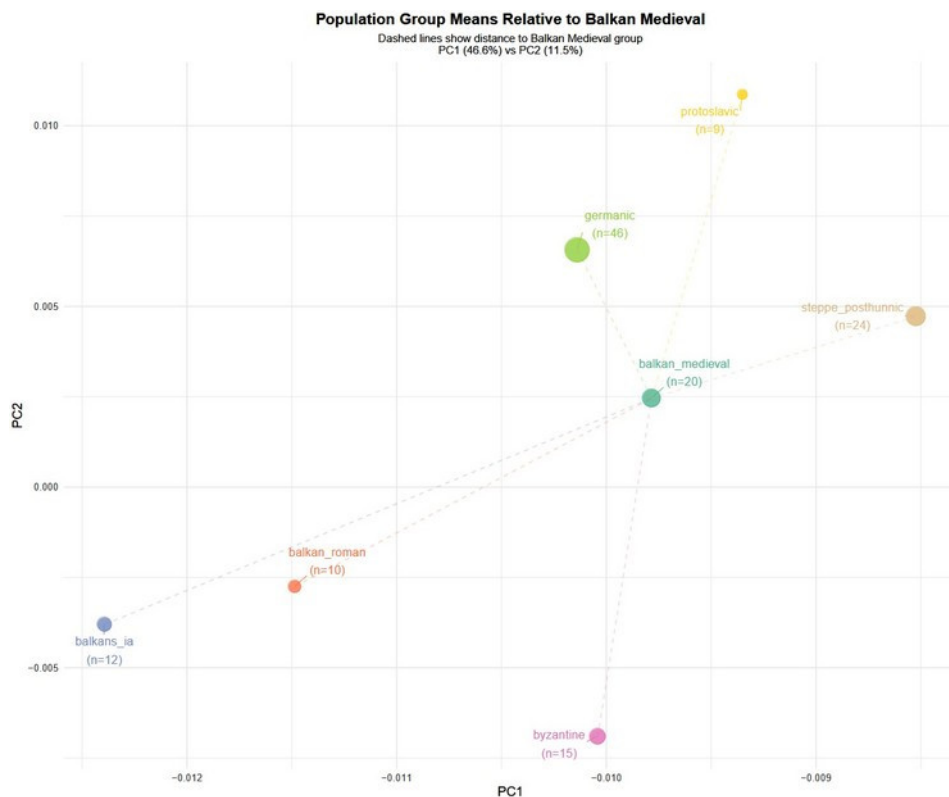
Фиг. 1. Първи плот: широкомащабен анализ с над 2000 проби от цяла Евразия, където всяка точка е отделен индивид. Този плот ни помогна да видим общата картина и да идентифицираме основните генетични групировки в евразийското пространство

Това ни позволи да видим общата картина на генетичните варианти и мястото на балканските средновековни образци в Евразия, в Европа и спрямо референтните популации, както и потенциалните популации донори.



Фиг. 2. Втори плот: фокусиран анализ върху балканските и свързаните с тях популации. Тук виждаме както индивидуални проби (триъгълници), така и средноаритметичните позиции на идентифицираните макрогрупи (цветни кръгове). Размерът на кръговете показва броя на индивидите в групата

Стратегическо групиране на пробите (позициите, отбелязани с оцветени кръгове на плота във фиг. 2 и фиг. 3):



Фиг. 3. Трети плот: финален ПСА анализ, показващ само усреднените позиции на основните групи и техните взаимоотношения със средновековната балканска популация (пунктирани линии). Този плот най-ясно демонстрира относителните позиции на различните популации и техните генетични дистанции до балканската средновековна популация. Тази последователност от анализи ни позволява да проследим както широката картина на евразийските генетични вариации, така и специфичните взаимоотношения между балканските популации през различните исторически периоди

На база резултатите от първите две ПСА, формираните генетични клъстери и археологическия контекст на образците, формирахме седем основни групи, които можем да видим във фиг. 3:

- Ранносредновековни Балкани (balkan_medieval) – включваща проби от България, Северна Македония, Сърбия и Хърватия от VIII – XIII в.
- Балкани – римска епоха (balkan_roman) – проби от II – IV в. от различни римски селища.
- Балкани – желязна епоха (balkans_ia) – предримски проби от Централните и Източните Балкани.

- Ранновизантийски образци (byzantine) – от Западна Анатолия и района на Константинопол.
- Древни източноевропейци (protoslavic) – ранносредновековни проби от Централна и Източна Европа.
- Германски групи (germanic) – включващи различни германски племена.
- Постхунски степни популации (steppe_posthunnic) – хунски и сарматски проби.

РЕЗУЛТАТИ

На **фиг. 3** виждаме позициите на основните популационни групи в генетичното пространство, където всяка група е представена с цветен кръг. Размерът на кръговете показва броя на индивидите в групата, а позицията им отразява тяхната генетична структура. Ключовите наблюдения и изводи са:

Предримските балкански популации от желязната епоха (balkans_ia, син кръг) се намират в долната лява част на графиката. Тяхната позиция показва генетична близост с неолитните балкански и егейски популации, но с известно отместване в посока на европейските бронзови популации, което отразява индоевропейското влияние през бронзовата епоха.

Балкано-римската група (balkan_roman, оранжев кръг) се намира на значително разстояние от групата от желязната епоха, измествайки се нагоре и надясно (т.е. по посока северноевропейски и по посока анатолийски групи) в графиката. Това отместване показва съществена генетична трансформация, започнала вероятно още през елинистичната епоха и осъществявана през Късната античност, преди периода на Великото преселение. Позицията ѝ е междинна между желязната и средновековната балканска група (balkan_medieval, зелен кръг), което подсказва напредващ процес на сериозна популационна промяна. Такива явления се наблюдават навсякъде в териториите на Римската империя и се дължат на съществени миграционни процеси, част от които – организирани от римската държава, в т.ч. разполагане на военни части, водещо до формиране на нови популации и нови населени места.

Интересно е разпределението на индивидуалните проби от Виминациум¹⁸, II – V в. сл.н.е. (видими на фиг. 2 като триъгълници), които показват значителна вариация – някои се групират с местното население от желязната епоха, други – с източните степни или северноевропейски популации. Един индивид се групира и с протославянските образци. Това разнообразие е особено

¹⁸ MICIK, Ilija. *Op. cit.*, p. 108.

характерно за военния некропол, докато пробите от некропола на цивилното селище Рит, в близост до Виминациум, показват по-хомогенна картина, близка до местната популация от предходната епоха, с лек анатолийски примес. Очевидният извод тук е, че военната популация, погребвана в некропола си, е съставена както от набирани в региона лица, така и от индивиди, рекрутирани в отдалечени зони на Северна Европа и даже в степите.

Средновековната балканска група (balkan_medieval) заема позиция, която отразява сложно смесване между различни популационни компоненти. Пунктираните линии на фиг. 3 показват нейните относителни дистанции до другите групи от графиката, демонстрирайки комплексната ѝ генетична структура.

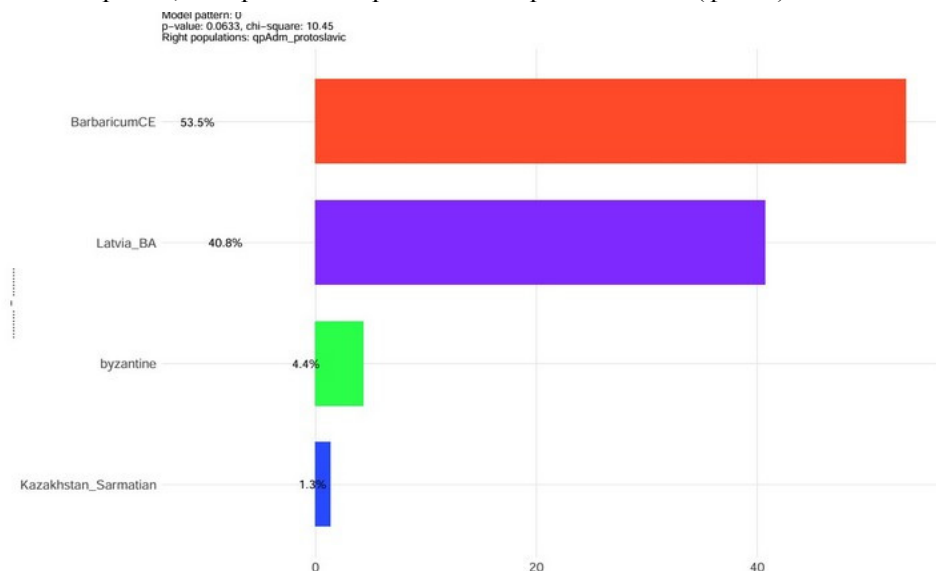
Хипотезата за многостъпкова, постепенна трансформация и смесване на заселващи се и заварени групи, формулирана преди шестдесет години от В. Тъпкова-Заимова¹⁹, се потвърждава от генетичните дистанции, но създава методологически предизвикателства при моделирането на произхода на средновековната популация, тъй като комплексността на балкано-римската група затруднява статистическото ѝ използване като единен референтен източник. При моделиране на произхода на средновековните популации чрез qpAdm, алгоритъмът отхвърля балкано-римската популация като предшественик на последвалата балканска средновековна популация, предпочитайки вместо това комбинация между по-старата балканска група и географски по-отдалечени групи, т.е. популациите от балканската желязна епоха са предпочетени пред балкано-римската група, както и протославянските, къснохунските и византийските популации. Това противоречие вероятно отразява сложносъставната природа на някогашната балкано-римска популация, която вече е представлявала резултат от значително популационно смесване, протекло в продължителен период. В нейния състав, освен местен балкански компонент от желязната епоха, има източносредиземноморски елементи (Сирия и Месопотамия) и ранен северен/степен принос. Именно тази комплексност прави групата труден обект за статистическо моделиране – алгоритъмът предпочита да „разложи“ нейния принос на съставните му компоненти, използвайки по-древни и по-хомогенни популации като сурогатни източници.

На фиг. 3 средновековната балканска група (balkan_medieval) заема специфична позиция в генетичното пространство, която разкрива сложна история на популационно смесване. Наблюдаваме интересен парадокс в данните: докато в PCA анализа средновековният балкански клъстер показва по-

¹⁹ ТЪПКОВА-ЗАИМОВА, Василка. *Цит. съч.*, с. 65, 87–88.

голяма близост до германските групи, отколкото до протославянските, статистическото моделиране чрез qpAdm рисува съвсем различна картина – QPAdm анализът идентифицира значителен протославянски принос (35 – 40%) в средновековните балкански популации, докато германският компонент е минимален. Това привидно противоречие между PCA и qpAdm резултатите може да се обясни чрез ограниченията на двата метода. PCA анализът, концентрирайки се върху основните направления на генетична вариация, улавя предимно „повърхностните“ различия между популациите. QPAdm, от друга страна, анализира пълния набор от генетични варианти и може да открие по-дълбоки популационни връзки.

Протославянските групи носят специфична комбинация от генетични компоненти: 1. значително балтийско ловно-събираческо наследство; 2. ранен степен принос; 3. ограничено средиземноморско влияние (фиг. 4).



Фиг. 4. Генетични компоненти при протославянските групи

Тази комбинация прави протославянските групи идеален източник, от гледна точка на статистическите методи, ползвани от алгоритъма за анализ, за обяснение на централноевропейския компонент в средновековните балкански популации. Важно е да отбележим, че този модел не предполага (по-скоро отхвърля) единична, директна, масова славянска миграция от Прибалтика на Балканите, а по-скоро процес, който, освен географско придвижване, включва и междинно популационно смесване с трети групи. Анализът на раннославянски геноми от дн. Словакия (фиг. 4) потвърждава горното, показвайки вече смесена популация със сарматски, германски, романски (трите

групиран като „Барбарикум“ в генетичния анализ, на който ще се спрем детайлно по-нататък) и средиземноморски елементи още преди миграцията си на Балканите.

Показателно е, че протославянският компонент се открива последователно във всички изследвани от нас средновековни балкански популации от Далмация до Черно море, варирайки между 25% и 45%, включително в ранносредновековните албански образци, както например и в съвременните гръцки образци от Централна и Северна Гърция. Това географско разпространение и статистическа устойчивост говорят за систематичен демографски процес, а не за изолирани явления, като същевременно регионалните вариации в интензитета му подсказват сложна картина на многоетапно популационно смесване.

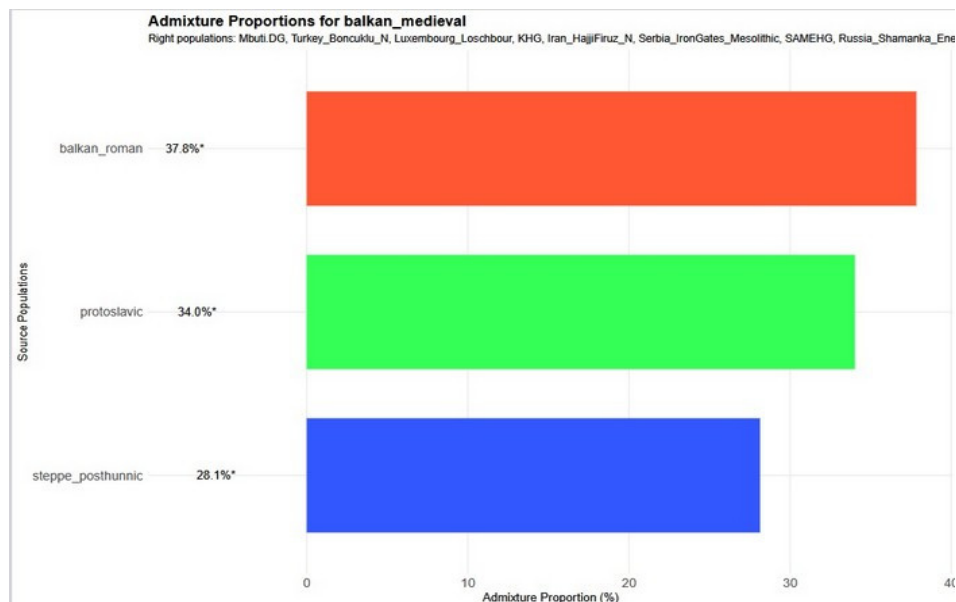
Византийските проби (IV – VII в.) формират специфичен клъстер (фиг. 2) в генетичното пространство, който показва интересна комбинация от приемственост и трансформация. В основата си групата демонстрира силна връзка с романските популации от Западна Анатолия, но с няколко съществени особености: по-слабо степно влияние в сравнение с балканските групи и отчетливо кавказко присъствие в някои индивиди. Особено интересни са два византийски образца, които се отклоняват значително от основния клъстер (фиг. 2). Те показват близост с хунските индивиди и със специфичен образец от Самоводене (България, IX – X в.). Генетичният анализ на тези отклоняващи се индивиди разкрива необичайна комбинация:

- 10% далекоизточен компонент;
- 70% степен постхунски компонент (подобен на прикавказките образци от Анапа, на които ще се спрем по-късно);
- 30% германски компонент;
- практически отсъстващ протославянски елемент.

Тази находка демонстрира присъствието на индивиди с ясен степен произход в сърцето на Византийската империя. Същевременно уникалният контекст на погребението от Самоводене (вторично погребение в неолитна могила, без ясен религиозен ритуал) затруднява интегрирането на двата индивида в по-широк исторически наратив.

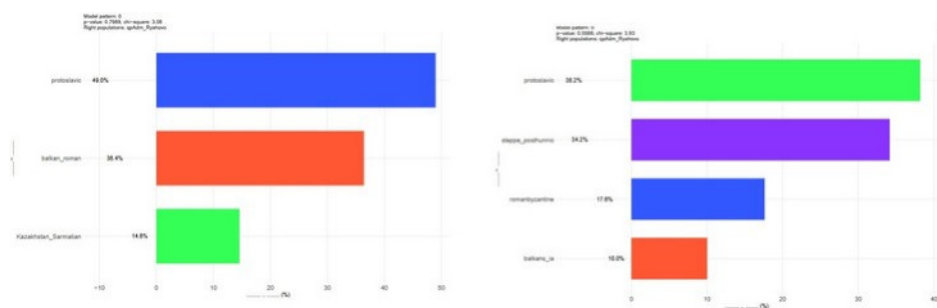
По отношение на формирането на новата генетична структура на Балканите в периода на Великото преселение, qpAdm анализът разкри сложна картина на популационно смесване с няколко основни модела. При усредняване на всички средновековни балкански популации (включващи образци от Нустар,

Светиня, Гробая, Тимок-Кулине, Ряхово и Битоля) се наблюдават следните основни компоненти (фиг. 5):



Фиг. 5. Образци от Нустар, Светиня, Гробая, Тимок-Кулине, Ряхово и Битоля. Балкано-романски елемент (37,8%), протославянски принос (34%), постхунски степен компонент (28,1%)

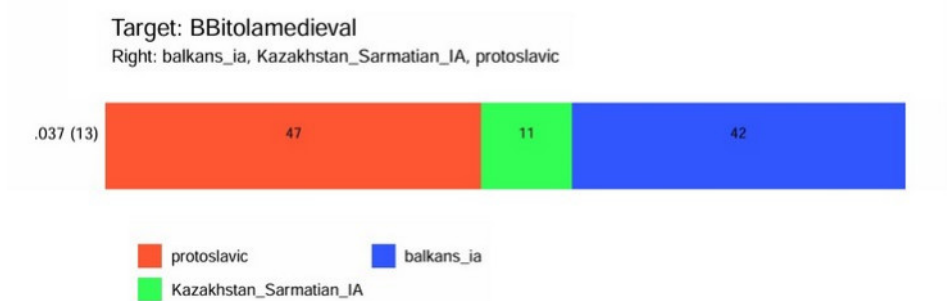
Особено информативни и интересни за нас са индивидуалните анализи на некрополите от централните части на Първото българско царство. Индивидът от Ряхово (X в.) показва различен модел на смесване (фиг. 6):



Фиг. 6. Образец от Ряхово. Виждаме силен протославянски компонент (49%), значителен местен балкано-романски компонент (36,4%) и казахстански сарматски принос (14,7%)

Сходен модел се наблюдава и при образца от Битоля (фиг. 7), където съотношението между компонентите е почти идентично (47% протославянски, 42% балкански от желязната епоха, 11% казахстански сарматски), което пред-

полага определена популационна кохерентност в централните части на Първото българско царство.



Фиг. 7. Образец от Битоля

Тук трябва да отбележим нещо очевидно от фигурата с модела – валидните варианти на модели за образеца от Ряхово са два, а не един (фиг. 6). Във втория валиден модел образците на казахстанските сармати са включени в по-голяма макрогрупа, обединяваща в себе си късните панонски сармати от V в., хунските образци от времето на Атила от Панония и трите образеца от Анапа – Северно Прикавказие от VIII – X в., принадлежали на степно-номадска група с погребален обред, вписващ се в рамките на погребалните обреди от езическия период на Първото българско царство. Към тази група, при втория модел, добавихме и образците на казахстанските сармати. Резултати – отделянето на казахстанските сармати (в първия валиден модел) в отделна група от следхунската дава по-ясен сигнал за принос в Ряхово и създава модел с по-висока статистическа валидност ($P=0.776$), като ни дава ясна картина на директно степно влияние в ПБЦ в размер на 14,6%, идващо от източния край на Понто-Каспийската степ, откъдето са казахстанските образци (от обекта Айгирли). Влиянието на степната макрогрупа от следхунския период върху индивида от Ряхово е двойно по-голямо от това (близо 28%), но по-неясно (моделът е с по-малък коефициент на валидност/вероятност). Тъй като образците от казахстанските сармати присъстват и в тази група, е възможно да долавяме двоен сигнал, пристигнал по две различни траектории, от Казахстан до ПБЦ – едната – директно от Казахстан (тук единичният сигнал е ясен), и втори сигнал от Казахстан, пристигнал обаче в рамките на доста по-смесена група, формирала се в постхунската зона и постхунските времена в Барбарикума на Централна Унгария.

И двата модела демонстрират стабилен славянски компонент (38 – 49%) в индивида от Ряхово, но виждаме дестабилизация в балкано-римския компонент, който е по-голям при единично представяне на степния сигнал само през казахстанските сармати и по-малък като размер при модел, в който казахстанските сармати са част от една макрогрупа заедно с панонските сармати и хуните, т.е. дълбоко смесената популация на къснохунския „Барбарикум“. Във втория случай локалният балкански компонент в Ряхово спада и се мести към постхунската група, докато римовизантийският бележи увеличение. Това показва, че в Ряхово действително има неотдавнашен византийско-анатолийски компонент, различен от локалният балкански античен компонент и че този локален балкански компонент от Античността е бил представен също и в популациите на Барбарикум (варварската зона на Панония) и е станал част първо от римо-сарматското население, после в късносарматското и хунското, и в крайна сметка – в смесената степна постхунска популация. Тъй като в Казахстанската степ този сигнал отсъства, ако моделираме Ряхово само с Казахстанска степ, вместо с образците от постхунския степен Барбарикум, този компонент се изтегля от образците от древната балканска желязна епоха, защото трябва да дойде отнякъде. И в двата случая обаче, за разлика от повечето други ранносредновековни образци, в Ряхово има ясен сигнал и за наличието на скорошен византино-анатолийски компонент в размер не по-малък от 19% (т.е. 1/5 от генома, което вероятно означава византийски дядо или баба с корени от Западна Анатолия).

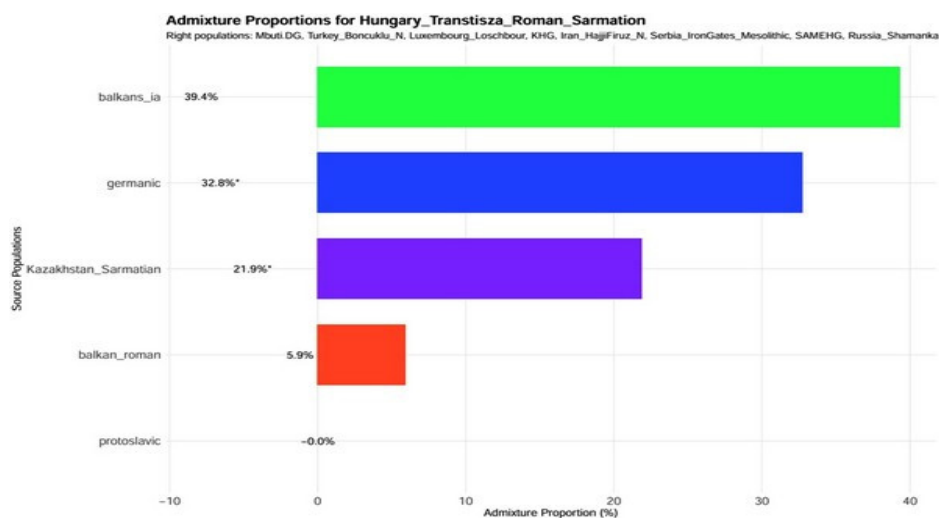
Ако се върнем на моделирането на образаца от Битоля (IX – X в., фиг. 7), можем да видим, че Битоля показва подобен модел на Ряхово, когато се моделира с казахстански сармати (Ряхово показва 49% протославяни, 36,4% балкано-римска група, 14,6% казахстански сармати). Компонентът казахстански сармати в Битоля е по-нисък от Ряхово (11% спрямо 14,6%), а протославянският и романо-балканският компонент е малко по-висок, за което може да не е без значение по-южното местоположение на Битоля спрямо Ряхово. Ако моделираме Битоля с по-широката степна постхунска група вместо с казахстанските сармати, виждаме: 55,3% протославяни, 25,5% степен постхунски компонент, 19,2% балканска желязна епоха. В сравнение с казахстанско-сарматския модел (47% протославяни, 42% балканци желязна епоха, 11% казахстански сармати), можем да видим как използването на по-широката степна постхунска група променя пропорциите на образаца от Битоля:

По-голям протославянски компонент (55,3% спрямо 47%). Значително по-нисък балкански локален компонент от желязната епоха (19,2% спрямо 42%). По-висок степен компонент (25,5% късна степ срещу 11% казахстански сар-

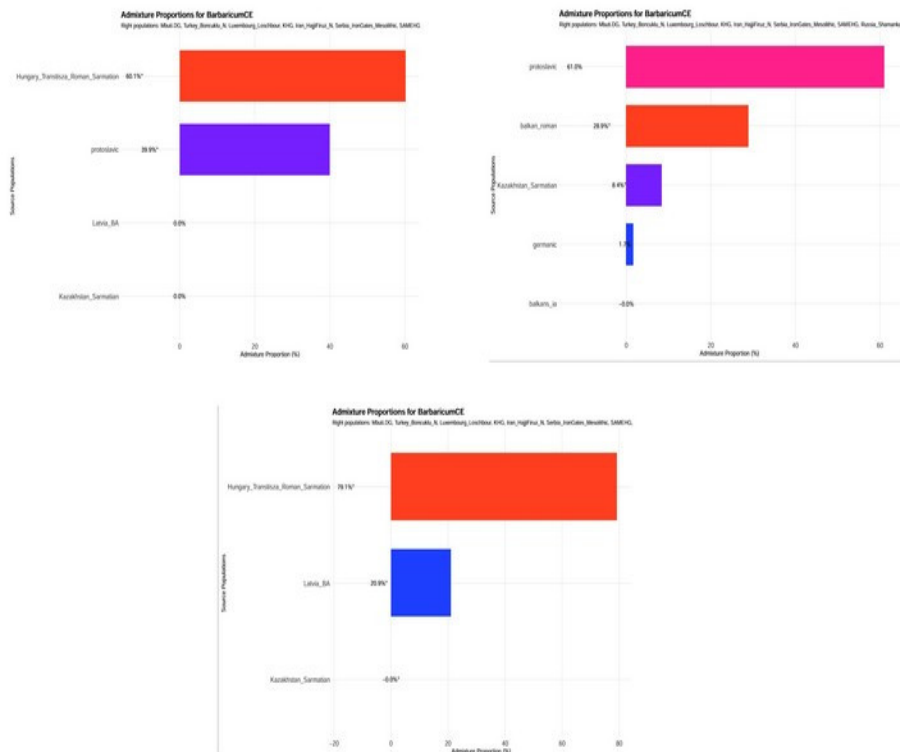
мати). Тези особености предполагат, че когато използваме по-широката, късна степна постхунска група (която включва елементи от Барбарикум), част от това, което е било уловено от алгоритмите като *balkans_ia* (т.е. балканска желязна епоха) в модела с *Kazakhstan_Sarmatian*, сега го откриваме като „протославянско“ или „степно-постхунско“ вероятно поради сложните взаимоотношения между тези популации, които споменахме, и пресечната точка на тези три групи в къснохунския Барбарикум между Дунав, Сава и Тиса, през и след времето на Атила.

Ролята и мястото на протославянските образци. Анализът на протославянските групи (фиг. 4) разкрива изключително сложна картина на популационно наслагване. QPAdm моделирането показва, че най-добрият статистически модел ($p=0.0633$) включва: доминиращ компонент от Барбарикум (53,5%); значителен балтийски принос от бронзовата епоха (40,8%); малък византийски елемент (4,4%); минимален директен казахстански сарматски компонент (1,3%).

Особено важно е да се отбележи, че самият компонент „Барбарикум“ представлява сложна, многослойна популация, формирана в Панонската низина и по течението на Дунав през римския и постримския период. В основата ѝ лежи ранен романо-сарматски субстрат, вероятно свързан с Черняховската култура (фиг. 8), който още в началния си етап показва смесване между сарматски, германски и местни елементи.



Фиг. 8. Към този базов слой в по-късните фази (хунски и постхунски период) се добавят нови компоненти, включително балтийски/протославянски елементи, създавайки своеобразен „популационен палимпсест“ (фиг. 9)



Фиг. 9. „Популационен палимпсест“

Тази сложна история на популационно смесване обяснява защо Барбарикум групата се явява ключов градивен елемент не само за протославянските популации, но и за постхунските степни групи, германските общности и впоследствие – като част от степния компонент в средновековните балкански популации, без която моделите на балканската популация не са статистически валидни. Тя служи като своеобразен „популационен мост“, пренасяйки и преработвайки различни генетични влияния, които оформят специфична, демографски влиятелна централноевропейска база, повлияла едновременно на германските, славянските, балканските и степните групи през ВПН и Ранното средновековие, без нито една от тях да е техен наследник.

Информативна е позицията на протославянските групи в генетичното пространство (фиг. 3 и фиг. 2). Техните позиции (PC1: 0.008-0.012, PC2: 0.009-0.013) ги поставят в междинна позиция между германските и степните групи от Барбарикум и Понтийската степ. По оста изток – запад те са по-близо до сарматските групи, докато по оста север – юг показват силна връзка с балтийските популации от бронзовата епоха (фиг. 2 и фиг. 4).

Анализът на панонските сармати от II – V в., който направихме, добавя важен времеви елемент към тази картина. Докато ранните сарматски геноми от Панония (I – II в., фиг. 9) показват смесица от сарматски, германски и балканоромански елементи, протославянският компонент се появява в размер от 20% в образци на сарматите от предхунската, хунската и постхунската епоха в Панония (фиг. 10), понякога съпроводен с допълнителен казахстански сарматски импулс от около 10% и с малък (3 – 4%) далекоизточен принос.

Тези данни и ранната поява на индивиди с доминиращ „славянски“ компонент в района на Тиса (фиг. 10) и Балатон, още през III – V в., предполагат, че това, което идентифицираме като „протославянски“ компонент, е възможно да представлява не славяни или протославяни, а по-ранна източноевропейска/балтийска популационна динамика, предхождаща с два века историческите славянски миграции. Данните от анализа, извършен от статистическия алгоритъм, за наличието на „славяни“ два века преди появата на славяните на историческата сцена, следва да се разглеждат критично, разграничавайки генетични и етнически атрибуции при интерпретацията на резултатите от генетичния анализ. Все пак не бива да се подценява възможността да става въпрос за собствено протославянска общност, която по определени исторически съображения да остава дълго „невидима“ за авторите на съчинения от онази епоха.

Значима за историческата интерпретация на палеогеномните резултати и възможно релевантна за реалните исторически събития е по-високата пропорция на протославянския компонент в сравнение с германския в постхунските степни групи и в средновековните балкански популации. QpAdm анализът показва, че при тях протославянският компонент е не само консистентно по-висок от германския, но и демонстрира забележително стабилна пропорция в различните анализирани групи, както и устойчиво присъствие (и дисперсия) през постхунския и ранносредновековния период.

Тези резултати сочат, че протославянските групи са играли съществена роля като демографски мост между различните популации и са били значим компонент във формирането на новите популации. Тяхното влияние е било по-силно от германското, по-устойчиво във времето и по-равномерно разпределено в различните региони, което ги прави ключов фактор в демографските промени през този период в Източна и Южна Европа. Тяхната междинна позиция между балтийски, германски и степни популации от Барбарикум вероятно е създала предпоставки за интеграционните процеси на популациите в региона и е дала начало на хомогенизацията им, служейки за обща база.

Ниският германски принос в qpAdm моделите на балканската средновековна популация, достигащ едва около 5%, изглежда изненадващ на фона на относителната близост на германските групи до средновековните балканци в РСА пространството (фиг. 2 и 3). Този резултат обаче вероятно отразява реална демографска ситуация, а не методологически артефакт. Германските групи от периода на Великото преселение показват значителна вътрешна хетерогенност, натрупана в резултат на собствената им сложна история на миграции и взаимодействия с различни популации. В генетичната структура на германските групи от този период открихме базов балтийски компонент, към който обаче се добавят придобит относително голям балкано-средиземноморски елемент и разнообразни степни влияния. Тази сложна генетична картина е резултат от продължителните многовековни контакти на германските племена с Римската империя и участието им в процесите на Великото преселение на народите. В резултат на това германските групи показват генетична близост до различни европейски популации, но същевременно се оказват труден, неподходящ от гледна точка на алгоритмите за анализ източник при моделиране на популационно смесване. Ниският процент германски принос в средновековните балкански популации вероятно отразява ограничено демографско влияние, въпреки значителното културно и политическо присъствие на германски групи в региона. Това може да се дължи и на относителна социална сегрегация между германските и местните групи, или на краткия период на германско присъствие на Балканите в сравнение с други мигрирали популации. Особено показателно е, че дори в некрополите с ясни археологически индикации за германско присъствие (Гробайа, Черняхов), генетичният принос на германските групи остава относително нисък, което предполага ограничено популационно смесване.

РОЛЯТА НА СТЕПНИТЕ ГРУПИ В БАЛКАНСКАТА ТРАНСФОРМАЦИЯ

Анализът на степния компонент в средновековните балкански популации разкрива сложна картина от множество източници и няколко времеви хоризонта на влияние. Нашите данни идентифицират две основни степни групи с различен принос към балканските популации:

1. Казахстанските сармати, които демонстрират отличителен генетичен профил, различен както от скитските, така и от постхунските популации²⁰.

²⁰ TÖRÖK, Tibor; MARÓTI, Zoltán; NEPARÁCZKI, Endre; SCHÜTZ, Oszkár; MAÁR, Kitti; VARGA, Gergely I.B. et al. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 2022, 32/13, p. 2858. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093>.

Техният принос се проявява в два отделни импулса: ранен импулс към панонските сармати (~25%); втори импулс в постхунския период (15 – 20%) в късните панонски сармати и в хунските образци.

2. Постхунските степни групи, които през V в. представляват вече смесена популация, включваща базов степен компонент, малък източноазиатски елемент и значителен европейски принос. В тази смес се вписват и образците от VIII – X в. на ранносредновековни индивиди от Анапа – Северно Прикавказие, които в настоящото изследване включихме в къснохунската група. Географското разпространение на степното влияние показва градиент – по-силно присъствие в централнобалканските региони (Ряхово, Велико Търново, Самоводене, Битоля), постепенно отслабване към егейските и адриатическите крайбрежни зони и минимално присъствие в Западна Анатолия. Особено информативни са некрополите по Дунавския лимес (Нустар и Тимок), където наблюдаваме съвместно и едновременно присъствие на индивиди със силен степен компонент и на такива с предимно местен профил.

Времето динамично разкрива постепенен процес на акумулация през периода VI – IX в., включващ повече от една степна масова миграция:

1. Начало през римския период със сарматското проникване в Барбарикум и по линия на военните римски лагери, разположени на Балканите.
2. Интензификация през хунската епоха, както в централноевропейските образци, така и в балканските.
3. Врѣх през постхунския период.
4. Трайна интеграция на степната популация в рамките на средновековните балкански популации, доказана от стабилните пропорции (15 – 25%) във всички изследвани средновековни некрополи.

Тази картина на постепенна интеграция и трайно установяване на степния компонент в балканския генофонд подчертава значимостта на степните групи за формирането на средновековните балкански популации.

Резултатите от нашето изследване разкриват сложна, многостъпкова картина на популационна трансформация на Балканите, започнала още през римската епоха и продължила през цялото Ранно средновековие. През I – IV в. наблюдаваме първата значима промяна в генетичната структура на балканското население. Изходната ситуация през желязната епоха показва относително хомогенна популация, генетично близка до егейските групи. През римския

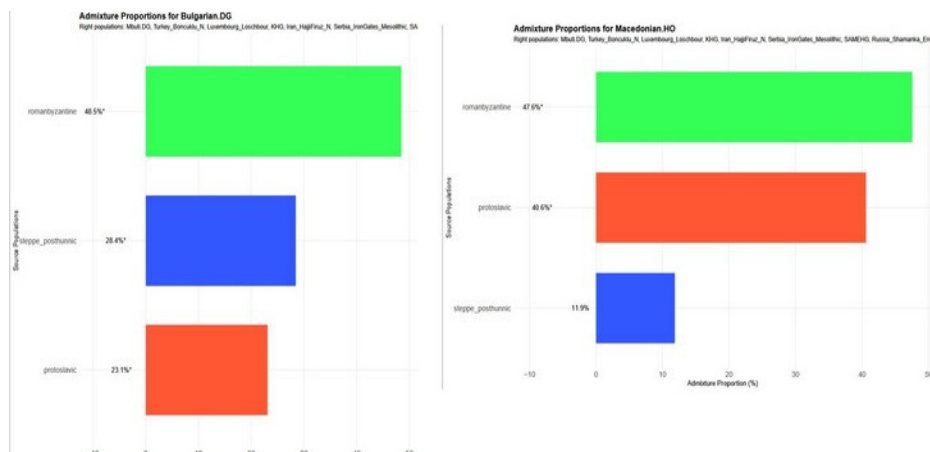
период виждаме да настъпва съществена двупосочна промяна, характеризира се с навлизането на значителен източносредиземноморски компонент, достигащ около 30%, и ранен степен компонент от около 15 – 20%. Тази трансформация е особено изразена в градските и военните центрове, което подсказва определена роля на римската урбанизация и военна организация в демографските процеси.

Формирането на средновековната балканска популация през VI – IX в. надгражда върху тази вече променена късноантична основа. Анализът показва сложна генетична композиция, включваща балкано-римска основа от около 35 – 40%, значителен степен и постхунски елемент (25 – 30%), съществен протославянски принос (25 – 40%) и по-малък, но забележим германски компонент (5 – 7%). Тази картина показва ясни регионални особености – в централните и източните части на Балканите откриваме по-силно изразена степен и славянски компонент, докато южните райони демонстрират по-добро запазване на късноантичната основа, а крайбрежните зони показват по-значително византийско влияние, а образците от граничните укрепления на някогашния Дунавски лимес демонстрират хетерогенност и съществени различия от индивид до индивид в първата фаза на Ранното средновековие (Тимакум-Кулине).

Особено интересна е картината на взаимодействие между различните мигриращи групи. Хунските групи представляват сложна смесица от източно-азиатски (7% – 30%), сарматски (8% – 30%) и местен европейски компонент (25% – 50%).

Постхунските сармати от Панония показват друг модел на смесване, включващ казахстанско сарматски (10%), протославянски (20%) и местен елемент от Панония, който е по-стара смесица от сарматски, романо-балкански и германски компоненти²¹. В същото време наблюдаваме интензивни контакти между славянски и германски групи, които водят до формирането на своеобразен популационен континуум по оста изток – запад, който се запазва и през следващото хилядолетие.

²¹ GNECCHI-RUSCONE, Guido Alberto; SZÉCSENYI-NAGY, Anna; KONCZ, István; CSIKY, Gergely; RÁCZ, Zsófia; ROHRLACH, Adam Benjamin et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. *Cell*, 2022, 185/8, p. 1404. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>.



Фиг. 10. QAdm анализ на индивиди, принадлежащи към съвременните популации от региона на Северна Македония и България

Резултатите демонстрират, че трансформацията на балканските популации през разглеждания период представлява процес на постепенна интеграция и трансформация, а не на единична популационна подмяна. До такива изводи стига още преди шестдесет години и В. Тъпкова-Заимова, при това въз основа единствено на данните от писмените извори. Особено показателна е близостта между образците от Ряхово и Битоля (IX – X в.), които демонстрират почти идентичен модел на смесване с протославянски (47 – 49%), балкано-романски (36 – 42%) и казахстански сарматски компонент (11 – 14,6%). Тази близост между два географски отдалечени некропола от централните части на Първото българско царство предполага наличието на относително хомогенна популация в рамките на държавата още в началото на X в., откогато са образците. Интензивността на смесване варира в различните региони, като се наблюдава градиент на лека редукция на степния компонент от север на юг и от изток на запад, но навсякъде процесът води до формирането на нова, стабилна популационна структура, универсално представена в некрополите от Централните и Източните Балкани. Тази структура, веднъж формирана окончателно през X в., е удивително трайна през следващите 1000 години и се запазила непроменена до наши дни (можем да го видим във фиг. 2, където средновековните образци попадат в средата на съвременните български индивиди). Процесът на популационна трансформация, довел до съществуването на съвременната българска популация, има дълбоки корени в римската епоха и продължава през целия период на Великото преселение на народите, като създава генетична основа, чиито основни характеристики откриваме и в останалите съвременни балкански популации. QAdm анализът на индивиди, принадлежащи към съвременните популации от региона на

Северна Македония и България (фиг. 10), потвърждава трайността на установената популационна структура, като показва сходни основни компоненти, макар и с малки нюанси от индивид до индивид, в пропорциите – романо-византийски (47 – 48%), протославянски (23 – 40%) и степен постхунски (11 – 28%).

* * *

ЕТИКЕТИ, ИЗПОЛЗВАНИ В АНАЛИЗА И ПЛОТОВЕТЕ (ФИГУРИТЕ)

balkan_medieval = c("Bulgaria_Medieval", "Bulgaria_Medieval_oEastAsia",
"Serbia_ViminaciumSvetinja", "Serbia_TimacumKuline",
"Croatia_Nustar", "Macedonia_Medieval")
balkan_roman = c("Greece_Roman", "Serbia_ViminaciumRit",
"Serbia_Naissus_LateAntiquity", "Serbia_Sirmium_Roman",
"Montenegro_Doclea_Roman").
balkans_ia = c("Albania_BA_IA1", "Bulgaria_EIA", "Bulgaria_IA",
"Greece_BA_Mycenaean").
byzantine = c("Turkey_EarlyByzantine", "Turkey_Roman").
protoslavic = c("CEE_EarlyMedieval", "Russia_Sunghir_Medieval", "Hungary_Avar")
steppe_posthunnic = c("Russia_Caucasus_Medieval",
"Hungary_DanubeTisza_LSarmation_EHun",
"Hungary_Hun", "Hungary_Transtisza_LSarmation_EHun",
"Hungary_Transtisza_Roman_Sarmation", "Ukraine_IA_WesternScythian",
"Ukraine_Scythian")
germanic = c("Germany_Drantum_Saxon_Medieval",
"Germany_Dunum_Saxon_Medieval",
"Germany_EarlyMedieval", "Hungary_Langobard",
"Poland_Weklice_WielbarkCulture_Roman",
"Germany_AltInden_Saxon_EMedieval",
"Germany_EMedieval_Alemanic_SEurope",
"Slovakia_TesarkeMlynany_Germanic_MigrationPeriod",
"Slovakia_Zohor_Germanic_Roman", "Germany_Schleswig_Saxon_LMedieval")

* * *

ЦИТИРАНИ ИЗТОЧНИЦИ | REFERENCES

АНГЕЛОВ, Димитър. *Образуване на българската народност VII–IX век*. София: БАН, 1971. ISBN 854168755445.

ТЪПКОВА-ЗАИМОВА, Василка. *Нашествия и етнически промени на Балканите през VI–VII в.* София: Наука и изкуство, 1966. ISBN 954-8475-05-7.

ЧОБАНОВ, Тодор. *Произходът на прабългарите. Дебатът през XXI век*. София: Университетско издателство „Св. Климент Охридски“, 2023, с. 27–185. ISBN 978-619-7688-20-7.

ANGELOV, Dimitar. *Obrazuvane na balgarskata narodnost VII–IX vek*. Sofia: BAN, 1971. ISBN: 854168755445.

CHOBANOV, Todor. *Proizhodat na prabalgariite. Debatat prez XXI vek*. Sofia: Universitetsko izdatelstvo „Sv. Kliment Ohridski“, 2023, s. 27–185. ISBN 978-619-7688-20-7.

JEONG, Choongwon; WANG, Ke; WILKIN, Shevan; TAYLOR, William Timothy Treal; MILLER, Bryan K.; BEMMANN, Jan H. et al. A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 2022, 183/4, p. 891. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>.

GNECCHI-RUSCONE, Guido Alberto; SZÉCSENYI-NAGY, Anna; KONCZ, István; CSIKY, Gergely; RÁCZ, Zsófia; ROHRLACH, Adam Benjamin et al. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. *Cell*, 2022, 185/8, p. 1404. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>.

ISTVANOVITS, Eszter. Sarmatians through the eyes of strangers. The Sarmatian warrior. In: *International Connections of the Barbarians of the Carpathian Basin in the 1st – 5th centuries A.D.* Eszter ISTVANOVITS; Valéria KULCSAR (eds.). Aszód-Nyíregyháza, 2001, p. 139. ISBN 9637220437.

LAZARIDIS, Iosif; ALPASLAN-ROODENBERG, Songül; ACAR, Ayşe; AÇIKKOL, Ayşen; AGELARAKIS, Anagnostis; AGHIKYAN, Levon et al. A genetic probe into the ancient and medieval history of Southern Europe and West Asia. *Science*, 2022, 377, pp. 940–951. Available from: <https://doi.org/10.1126/science.abq0755>.

MICIK, Ilija. Population of Viminacium during the Migration Period: Segment without artificially deformed skulls. *Starinar*, 2015, p. 108. Available from: <https://doi.org/10.2298/STA1565103M>.

MOSCY, András. *Pannonia and Upper Moesia: A History of the Middle Danube Provinces of the Roman Empire*. London–Boston: Routledge, 1974, p. 213. ISBN 978-0710077141.

RASHEV, Rasho. On the origin of the Proto-Bulgarians. In: *Studia protobulgarica et mediaevalia europensia*. Veliko Tarnovo, 1992, pp. 23–33. ISBN 9549942554.

REICH, David; LAZARIDIS, Iosif; OLALDE, Iñigo; CARRIÓN, Pablo; MIKIĆ, Ilija; ROHLAND, Nadin et al. Genetic history of the Balkans from Roman frontier to Slavic

migrations. *Cell*, 2023, 186/25, p. 5473. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.10.009>.

TAPKOVA-ZAIMOVA, Vasilka. *Nashestviya i etnicheski promeni na Balkanite prez VI–VII v.* Sofia: Nauka i izkustvo, 1966. ISBN 954-8475-05-7.

TÖRÖK, Tibor; MARÓTI, Zoltán; NEPARÁCZKI, Endre; SCHÜTZ, Oszkár; MAÁR, Kitti; VARGA, Gergely I.B. et al. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 2022, 32/13, p. 2858. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093>.



ANNUAL OF SOFIA UNIVERSITY
“ST. KLIMENT OHRIDSKI”
FACULTY OF HISTORY
VOLUME 108, 2025

PALEOGENOMIC OBSERVATIONS ON THE
POPULATION IN DIFFERENT PARTS OF MEDIEVAL
BULGARIA AND ITS CONNECTION WITH MODERN
BALKAN POPULATIONS

RES. SVETOSLAV STAMOV
ASSOC. PROF. TODOR CHOBANOV, PHD

Institute of Balkan Studies with Centre of Thracology

45 Moskovska St., Sofia 1000, Bulgaria

<https://orcid.org/0000-0003-0881-4175> | <https://orcid.org/0009-0005-8283-4758>

lab.dna@historymuseum.org | todor.chobanov@balkanstudies.bg

<https://doi.org/10.60053/GSU.IF.1.108.17-46>

Received 2025-05-15; reviewed 2025-07-17; accepted 2025-07-22; published online 2025-11-25

CRediT | *Contributor Role Taxonomy*

Svetoslav Stamov ([ORCID 0000-0003-0881-4175](https://orcid.org/0000-0003-0881-4175); lab.dna@historymuseum.org)

Conceptualization, Methodology, Formal Analysis, Investigation, Visualization,
Writing – Original Draft;

Todor Chobanov ([ORCID 0009-0005-8283-4758](https://orcid.org/0009-0005-8283-4758);

todor.chobanov@balkanstudies.bg)

Conceptualization, Methodology, Investigation, Writing – Review & Editing.

The study was carried out within the framework of the research project “*Ages of History*”, funded by the [Bulgarian National Research Fund](#) under contract No. KP-06-N70/8 of 13 Dec. 2022.

Note for the print edition. The publication includes detailed images that are available online in higher resolution.

The author(s), 2025. Published by St. Kliment Ohridski University Press on behalf of the Faculty of History of Sofia University “St. Kliment Ohridski”. This publication is released to the public under the terms of the [Creative Commons Attribution License](#) (CC BY 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), which permits unrestricted reuse, redistribution, and reproduction, provided the original article is properly cited.

Abstract. The results of the present ancient DNA research demonstrate that the transformation of the Balkan populations during the period under study represents a process of gradual integration and transformation rather than a single population replacement. Such conclusions were reached sixty years ago by V. Tupkova-Zaimova, based solely on the data from written sources. Particularly revealing is the proximity between the specimens from Ryakhovo and Bitola (9th – 10th centuries), which demonstrate an almost identical pattern of mixing with Proto-Slavic (47 – 49%), Balkan-Roman (36 – 42%) and Kazakh-Sarmatian components (11 – 14,6%). This proximity between two geographically distant necropolises from the central parts of the First Bulgarian Kingdom suggests the presence of a relatively homogeneous population within the state as early as the early 10th century, when the specimens date from. The intensity of mixing varies from region to region, with a gradient of slight reduction of the steppe component from north to south and east to west, but everywhere the process leads to the formation of a new, stable population structure, universally represented in the necropolises of the Central and Eastern Balkans. This structure, once finally formed in the 10th century, was remarkably durable over the next 1000 years and has remained unchanged to the present day (we can see it in Fig. 2, where the medieval specimens fall in the middle of the modern Bulgarian individuals). The process of population transformation that led to the existence of the modern Bulgarian population has deep roots in the Roman era and continued throughout the period of the Great Migration of Peoples, creating a genetic basis whose main characteristics are also found in other modern Balkan populations like the one in North Macedonia.

Keywords: ancient DNA, qpAdm modeling, Balkan populations, population structure, First Bulgarian Kingdom, migration period, medieval period.

- ❶ The ancient genomes used in this publication were obtained from the public database of ancient genomes available through the Allen Ancient DNA Resource – a public repository for ancient genomes at Harvard University (<https://reich.hms.harvard.edu/allen-ancient-dna-resource-aadr-downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data>).