

**Тамилла СУЛЕЙМАНОВА**  
**Бакинская Музыкальная Академия имени**  
**У.Гаджибейли**  
**suleymanova.tamilla@gmail.com**

## **ВЫЧИСЛИТЕЛЬНАЯ МОДЕЛЬ РИТМИЧЕСКОГО СХОДСТВА АЗЕРБАЙДЖАНСКИХ МУЗЫКАЛЬНЫХ БАХРОВ**

Одной из фундаментальных проблем вычислительного музыковедения является моделирование не только мелодического сходства, но и ритмического. Данный процесс включает в себя моделирование механизмов восприятия и распознавания ритмов человеком, филогенетический анализ ритмов в эволюционных науках (evolutionary studies), разработку новых алгоритмов для измерения степени схожести ритмов в области поиска музыкальной информации, вычислительного музыковедения и других междисциплинарных наук.

Среди способов математического измерения сходства музыкального ритма, наиболее часто используемым в области поиска музыкальной информации является измерение расстояния Левенштейна (или дистанции редактирования, англ. Levenshtein distance или edit distance). Суть данного метода заключается в том, что расстояние Левенштейна определяется как минимальное число операций изменения символов в двух последовательностях, необходимое для трансформации одной последовательности в другую. Разрешены три операции – вставка, удаление и замена.

Филогенетическое дерево, или эволюционное дерево, отражает эволюционные взаимосвязи между биологическими организмами имеющими общего предка. Оно

основано на измерении сходства между физическими свойствами или генетическим материалом, например, молекулами ДНК, пары организмов внутри какой-либо группы. Филогенетические методы также применяются для исследования эволюции культурных объектов.

Существует несколько различных методов конструирования филогенетических деревьев. В данном исследовании музыкального ритма был избран метод основанный на расстоянии (distance-based approach). Данный метод подразумевает наличие матрицы дистанций, которая содержит расстояние между каждой парой ритмов. Програмное обеспечение SplitsTree-4, разработанное в Тюбингенском университете, предоставляет возможность создания филогенетических деревьев из матрицы дистанций, полученной для группы объектов.

Как отмечает музыковед Эльхан Бабаев, «музыкальная ритмика мугама, подобно метрике стихосложения аруз, является квантитативной», то есть единицей измерения является наименьшая ритмическая длительность. Э.Бабаев называет остигатные ритмоформулы ударного сопровождения «музыкальным бахром». Он также отмечает, что музыкальный бахр состоит из нескольких однородных ритмических фигур (ритмоблоков). В результате проведенного исследования, Бабаевым было выявлено одиннадцать бахров, составляющих основу всех жанров народной и ашыгской музыки с остигатно-формульной организацией.

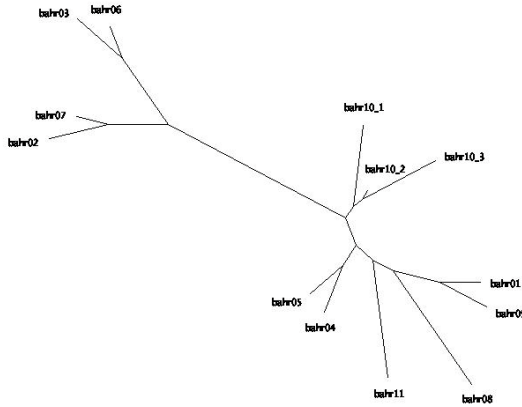
Используя вышеописанные филогенетические методы, широко применяемые не только в области биоинформатики, но и для прослеживания эволюции и генетических связей между различными небιологическими объектами внутри определенной группы, в частности, в музыке, постараемся определить генетическую связь данных ритмоформул,

определить насколько они отличны друг от друга, и какие ритмы имеют общего предка.

Прежде всего, для того чтобы провести данный эксперимент, необходимо закодировать данные ритмоформулы при помощи символов, так как описанные выше программы работают со строками символов, как исходными данными. За наименьшую единицу примем одну шестнадцатую, которую обозначим символом «x». для удлинения же длительности будем использовать символ «.». Например, четыре шестнадцатые обозначим как [xxxx], две восьмые – [x.x.], четверть – [x...] и так далее.

bahr01	=
'x.xxx.'	
bahr02	=
'x..xx.x.x...'	
bahr03	=
'x.xxxxx.x...'	
bahr04	=
'x.xx.xx.'	
bahr05	=
'x.xxxxx.'	
bahr06	=
'x.xxxxx.x.x.'	
bahr07	=
'x..xx.x.x.x.'	
bahr08	=
'xx.xx.'	
bahr09	=
'x.xxxx'	
bahr10_1	=
'x..xx.x.'	
bahr10_2	=
'x.xxx.x.'	
bahr10_3	=
'xxxxx.x.'	
bahr11	=
'x.x.x.xx'	

Как видно из рисунка, три ритмблока, составляющие бахр №10, имеют «общего предка». Также, бахры 3 и 6, 2 и 7, 5 и 4, 1 и 9 находятся на графике ближе всех друг к другу, что говорит об их генетической связи и ритмическом сходстве.



**Tamilla Süleymanova**

## **AZƏRBAYCAN MUSIQİ BƏHLƏRİNİN RİTMİK OXŞARLIĞINI HESABLAMA MODELİ**

*Xülasə*

Bu məqalədə musiqidə genetik əlaqələrin üzə çıxarılması məsələsi müzakirə olunur. Burada Azərbaycan musiqi bəhlələrinin ritmik oxşarlığının hesablama metodları vasitəsilə araşdırılması verilmişdir.

**Tamilla Suleymanova**

**A COMPUTATIONAL MODEL OF RHYTHMIC  
SIMILARITY OF AZERBAIJANI  
MUSICAL BAHRIS**

*Summary*

In this paper we discuss the problem of investigating genetic relations in music. A computational model is applied to measure the similarity between azerbaijani musical bahris.

Nizami G nclvinin anadan olmasının 880 illiyin h sr  
edil n Respublika G ncl r Konfransının program v  
materialları Şg Bakı: Elm v t hsil, 2021.- oktyabr.-  
S.197-202.