

Magyar (moldva)



# Magyar őstörténeti műhelybeszélgetés

# **Magyar őstörténeti műhelybeszélgetés**

A Magyarorsághkutató Intézet Kiadványai 20.

# MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI MŰHELYBESZÉLGETÉS

SZERKESZTETTE:  
NEPARÁCZKI ENDRE



Magyarságkutató Intézet  
Budapest, 2020

Szakmai lektorok: Fehér Bence, Horváth Ciprián, Mátéffy Attila,  
Neparáczki Endre

Nyelvi lektorok: Bódi Zoltán, Ferenczi Gábor, Kardos Tamás, Rási Szilvia,  
Nagy Dóra, Szabó Zsuzsa, Katona József Álmos

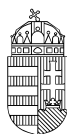
Az MKI szerkesztőbizottsága: Vizi László Tamás (elnök), Fehér Bence,  
Katona József Álmos, Kovács Attila, Pomozi Péter, Virág István

A kézirat elkészítését az Innovációs és Technológiai Minisztérium támogatta a 2019. évi Tématerületi Kiválósági Program keretében, a megállapodás száma: NKFIH-832-15/2019.

Továbbá a kézirat elkészítését az Innovációs és Technológiai Minisztérium támogatta a 2020-4.1.1.-TKP2020 számú pályázati program keretében a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal által kibocsátott Támogatói Okirat alapján, a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatással.

„A magyarság eredetének kutatása a Kárpát-medence történeti és recens népességeinek genetikai vizsgálatával” tématerület kutatásvezetője Neparáczki Endre PhD, a Magyarságkutató Intézet Archeogenetikai Kutatóközpontjának igazgatója.

A kötet megjelenését az EMMI támogatta.



EMBERI ERŐFORRÁSOK  
MINISZTERIUMA

© Szerzők, 2020

Szerkesztés © Neparáczki Endre, 2020

ISBN 978-615-6117-20-5

ISSN 2677-0261

# TARTALOM

A kiadó előszava .....	7
A szerkesztő előszava .....	9
Török Tibor: Hogyan illeszthetők a honfoglalók genetikai adatai az eddigi történeti képbe? .....	11
Tihanyi Balázs – Marcsik Antónia: Az Alföld történeti embertani képe a szarmata időszakról az Árpád-korig. Rövid összefoglalás .....	29
Juhász Zoltán – Sipos János: A magyar népzene őstörténetének kutatása korreláló zenei és genetikai típusok alapján .....	57
Agócs Gergely: A Kaukázus szérűjében. Az észak-kaukázusi türk népek zenefolklórjának magyar őstörténeti vonatkozásairól .....	81
Szabados György: A magyar őstörténet mint történettudományos kérdés. .	107
Somfai Kara Dávid: Kipcsak-török (kun) ajkú népek kutatása és a magyar őstörténet. ....	133
Sántha Attila: Az al-dunai „szkíta” nevű népről (813–1091 között). ....	143
Gáll Erwin – Fülöp Réka: A Kárpát-medencei honfoglalás kor régészeti kutatásának stádiuma. Régészeti források alapján levonható következtetések .....	165
M. Lezsák Gabriella: A magyar őstörténet kaukázusi forrásai .....	195
Türk Attila – Langó Péter: A magyarság korai történetének régészeti emlékei a legfrissebb leletek fényében .....	247
Pusztay János: A magyar nyelv eredetéről – másképp .....	273
Pomozi Péter: A történeti nyelvészet őstörténeti alkalmazhatóságáról: lehetőségek és korlátok .....	285
A kötet szerzői .....	317

# A MAGYAR NÉPZENE ŐSTÖRTÉNETÉNEK KUTATÁSA KORRELÁLÓ ZENEI ÉS GENETIKAI TÍPUSOK ALAPJÁN

JUHÁSZ ZOLTÁN - SIPOS JÁNOS

**ABSZTRAKT:** A dolgozatban 50 eurázsiai és amerikai népzenei kultúra összefüggéseinek elemzésével keressük a zene ősforrásait és a magyar népzene helyét Eurázsia zenei térképén. Egyúttal megismerjük, hogyan működik az elemzést segítő mesterséges intelligencia, amely zenei és genetikai típusok korrelált terjedését is kimutatja.

Az így kirajzolódó zenei-genetikai kapcsolatokról felsejlenek az ősi népmozgások és kultúrák máig meghatározó nyomai a magyar népzeneben. Abban bízunk, hogy ezeket a nyomokat a genetika, a régészet, a történettudomány, az antropológia, a néprajz, valamint a nyelvészet legújabb és folyamatosan bővülő eredményeivel összevetve közelebb juthatunk a magyar őstörténet megismeréséhez.

**KULCSSZAVAK:** Mesterséges intelligencia, számítógépes népzene kutatás, archeogenetika

**ABSTRACT:** **Research on the prehistory of Hungarian folk music based on correlated musical and genetic types.** In the study, we seek to locate the ancient sources and location of Hungarian folk music on the music-map of Eurasia by analysing the interrelations of 50 Eurasian and American folk music cultures. At the same time, we find out how the artificial intelligence supporting the analysis works, which shows the correlated spread of musical and genetic types.

The musical-genetic connections that emerge indicate the traces of ancient population movements and cultures that still prevail in Hungarian folk music today. We hope that by comparing these traces with the latest and increasingly numerous results of genetics, archaeology, history, anthropology, ethnography and linguistics, we will gain a better understanding of Hungarian prehistory.

**KEYWORDS:** Artificial intelligence, Computational ethnomusicology, Archaeogenetics

---

## 1. Bevezetés

„[...] Az a gyanúm, hogy a földkerekség minden népzeneje, ha elegendő anyag és tanulmány áll majd rendelkezésünkre, alapjában véve visszavezethető lesz majd néhány ősfomára, őstípusra, ős – stílus - fajra.” – írta Bartók 1937-ben.<sup>1</sup> A magyar népzene kutatás éppen Bartók és Kodály úttörő munkájára támaszkodva egyedülálló alapossággal írta le a magyar népzene típusait Kodály,<sup>2</sup> Vargyas,<sup>3</sup> Dobszay–Szendrey.<sup>4</sup> A vizsgálatok alapjául Járdányi Pál a dallamvonal vizsgálatát javasolta, és ehhez egy már-már matematikailag is értelmezhető definíciót adott Járdányi Pál.<sup>5</sup> Ez az analitikus szemlélet is hozzájárult, hogy a számítógépes kutatás Magyarországon az elsők között indulhatott meg, majd Európa más országaiban és Amerikában is meghonosodott.<sup>6</sup> A zenei összehasonlító kutatást a szomszédos népek zenéje mellett igyekeztek a magyar őstörténet szempontjából már a 20. sz. elején is fontosnak tartott területre, a Volga–Káma vidékére is kiterjeszteni. A Volga–Káma vidékén élő marik, csuvasok, tatárok és votjákok népzenejét Kodály úttörő párhuzamai után Vikár László és Bereczki

---

1 Bartók 1937.

2 Kodály 1976.

3 Vargyas 2002.

4 Dobszay–Szendrei 1988.

5 Járdányi 1974.

6 Csébfalvi et al. 1965; Huron 1996.



János terepmunkái,<sup>7</sup> ill. Vargyas Lajos<sup>8</sup> elemzése tették teljessé. Bartók anatóliai gyűjtése,<sup>9</sup> és az e nyomán kibontakozott, a törökségi népek egészére kiterjedő gyűjtő, osztályozó és összehasonlító munka pedig további ősi rétegeket tárt fel a magyarság zenei örökségében.<sup>10</sup> A felsorolt eredmények világosan bizonyítják, hogy a szójhagyomány útján öröklődő népzenei kultúrák igen híven őrzik akár az írott történelem előtti idők zenei örökségét is. A magyar népzene-kutatás eredményei tehát igazolták Bartók fenti sejtését, a „zenei őstípusok” kutatásának jogosságát. A genetika rokonsági mértékei, a régészet tárgyi adatai, a nyelvészet tipológiai következtései mellett tehát az összehasonlító népzene-kutatás eredményei is hozzájárulhatnak a magyarság őstörténetének, sajátos kultúrája eredetének megismeréséhez.

Bartóknak az egyetemes őstípusokra alapozott meglátása igen hasonlít az emberi népségeknél egy lehetséges genetikai leírásmódjára, mely a népségeket férfi és női haplocsoportok – Bartók fogalmai szerint nevezhetjük ezeket genetikai „őstípusoknak” – gyakoriságeloszlásaival jellemzi. Jóllehet a haplocsoportok fogalma világos, és bármely ember könnyen besorolható valamely haplocsoportba, a világ népdalainak besorolásához szükséges zenei „őstípusok” meghatározásával a magyar kutatókon kívül nemigen foglalkozott senki. Ha tehát a populációgenetika egyetemes leírásának mintájára a népzene egyetemes leírására törekszünk, először is az összehasonlítás közös alapjául szolgáló, egyszerre több kultúrában is megjelenő egyetemes zenei alaptípusokat kell meghatároznunk. Mivel erre más országok kutatói kevés figyelmet fordítottak, a feladatra létrehoztunk egy 50 eurázsiai és amerikai indián népzenei kultúrát reprezentáló adatbázist, és kidolgoztunk egy mesterséges intelligenciát, melyben az egyetemes típusokat egy algoritmus öntanuló módon határozza meg. Ezen őstípusok kultúrákra jellemző gyakoriságeloszlásaival a zenekultúrák a genetikai analóg módon jellemezhetők, összevethetők; a kultúrák rokonsági fokai pedig eloszlásaik hasonlóságával mérhetővé válnak.<sup>11</sup>

7 Vikár–Bereczki 1971; 1979; 1989; 1999.

8 Vargyas 1980 a, b.

9 Bartók 1949; 1976.

10 Sipos 2000; Sipos – Csáki 2009.

11 Juhász 2015.

A fentiek alapján feltételezhetjük, hogy ha találunk olyan haplocsoportok és zenei típusok alkotta „szövetségeket”, melyek tagjai egymással korreláltan változtatják gyakoriságaikat a kultúrák/népességek egy meghatározott csoportjában, akkor bizonyos ősi népességek mozgására, szétválására vagy más népességekkel való összeolvadására, ill. e történelmi folyamatok kulturális nyomaira következtethetünk.<sup>12</sup> Az így kapott szövetségek genetikai összetételét kortárs és archeogenetikai adatokkal összevetve kaphatunk igazolást eredményeink érvényességéről. Az ilyen, korreláltan terjedő zenei és/vagy genetikai szövetségeket, ősi népmozgások zenei lábnyomait feltáró öntanuló rendszert és eredményeit mutatja be ez a dolgozat.<sup>13</sup>

## 2. Adatok

Amint említettük, az egyetemes zenei típusok meghatározását egy kb. 15 éve folyamatosan fejlesztett, 50 eurázsiai és amerikai indián népzenei kultúra 51 000 dallamát tartalmazó adatbázis alapján végeztük el. Az adatbázis a dallamok kottáinak digitálisan kódolt formáit tartalmazza. A kultúrák és a dallamszámok a következők:

1 Kína Peking tart. (Pek, 1220), 2 Mongol (Mon, 1567), 3 Kirgiz (Kyr 1120), 4 Csuvas (Chu, 497), 5 Szicíliai (Sic, 1299), 6 Bulgar Dobrudzsa (Bul, 1027), 7 Azeri (Aze, 324), 8 Anatóliai Török (Tur, 2299), 9 Karaccáj (Kar, 1094), 10 Magyar (Hun, 2527), 11 Szlovák (Slo, 1937), 12 Morva (Mor, 688), 13 Román (Rom, 1133), 14 Kasub (É-Lengyelország) (Cas, 1569), 15 Finn (Fin, 2252), 16 Norvég (Nor, 1970), 17 Német (Ger, 2402), 18 Luxemburgi-Lotharingiai (Lul, 1149), 19 Francia (Fre, 2048), 20 Holland (Dut, 2488), 21 Ír-Skót-Angol (ISE, 2207), 22 Spanyol (Spa, 1401), 23 Dakota (Dak, 842), 24 Komi (Kom, 405), 25 Hanti-Manysi (Kha, 447), 26 Horvát-Szerb (Balkán) (Bal, 551), 27 Kurd (Kur, 615), 28 Orosz (Rus, 688), 29 Navajo (Nav, 436), 30 Warmiai (É-K Lengyelország) (War), 31 Közép-Lengyelország (GPI), 32 Közép-andoki indián (And), 33 Görög (Gre, 400), 34 Észt (Est, 705), 35 Lapp (Lap, 751), 36 Finn runó (Fir, 236), 37 Rutén (Rsn, 520), 38 Ujgur (Uyg, 486), 39 Kazak (Kaz, 752), 40 Mari (Cseremisiz, Volga rvidék) (Chr, 454), 41 Tatár

12 Sharma et al.2009; Thangaraj et al. 2009; Malyarchuk 2010.

13 Juhász et al. 2019.

(Tat, 477) 42 Votják (Vot, 205), 43 Japán (Jap, 667), 44 Székely-Moldva (Sek, 1919), 45 Mangistau Kazak (Mns, 267), 46 Kína Shanxi tart. (Shn, 814), 47 Bulgár Rodope (Rod, 340), 48 Litván (Lit, 807), 49 Tuvai (Tuv, 332), 50 Hakasz (Hak, 322).

Az 50 vizsgált zenekultúrát alkotó-örökítő népeket genetikailag a női (mitochondriális) haplocsoportok eloszlásaival jellemeztük. A haplocsoportok genetikai meghatározói csak anyáról lányra (ill. apáról fiúra) öröklődő, kevésbé változékony DNS-szakaszok. Bár a haplocsoportok a viszonylagos stabilitás ellenére is tovább bonthatók egyenes ágon keletkező, tehát faszerkezetesen fejlődő alcsoportokra, mindazonáltal teljes számuk így sem haladja meg a 100-as nagyságrendet, vagyis az emberiség bármely tagja egyértelműen besorolható e viszonylag szűk genetikai típusok valamelyikébe. Ebből és a vizsgálat viszonylagos egyszerűségéből adódóan egy népesség genetikai leírásának legegyszerűbb módja, ha egy olyan eloszlásvektorral jellemezzük, melynek elemei a haplocsoportok százalékos részarányait mutatják az adott népességben – a haplocsoport eloszlásának vektorával.

Ennek alapján a fenti népek populációgenetikai leírására egy mitokondriális haplocsoport táblázatot állítottunk össze, melyben a népeket egységesen a következő haplocsoportok gyakoriságeloszlásai jellemzik:

L, M\*, C, Z, G, D, N\*, I, W, Y, A, S, X, R\*, HV\*, H, V, J, T, F, B, U\*, U2, U4, U5, K.

A zenei és genetikai adatok forrásait az 1. és 2. sz. melléklet tartalmazza.

## 3. Módszerek

### 3.1 Az egyetemes népdaltípusok meghatározása

A napjainkban folyó pszichológiai kutatások is megerősítik, hogy az ember zenei érzékelését alapvetően két jellemző – a dallamvonal és a tonalitás – határozza meg.<sup>14</sup> Ennek megfelelően egy dallam leírására mi is két vektort definiáltunk:

14 Schmuckler 2016.

A hangmagasságot félhangnyi egységekben mérjük, egy dallam időbeli lefutását pedig a hangmagasság kis időegységenként mért, 64 elemű idősorával jellemezzük: a dallamvonalvektorral.

Egy adott dallam tonalitásának jellemzésére minden lehetséges hangmagasságnak meghatározzuk az adott dallamban mért relatív összidejét, és ezek eloszlását egy 24 dimenziós fokeloszlás-vektorban adjuk meg. (Kétoktávnyi, vagyis  $2 \cdot 12 = 24$  félhangnyi lehetséges hangterjedelmet definiáltunk.)

A dallamok teljes matematikai leírását az 1. ábra illusztrálja.

Így tehát 51 000 dallamunk mindegyikét egy-egy vektorpáros (64D dallamvonal és 24D fokeloszlásvektor) képviseli. Az „Önszervező felhő” algoritmus ezt az 51 000 vektorpárost csoportosította hasonlóságaik alapján 624, már csak egymáshoz hasonló dallamokat tartalmazó fürtbe. Egy-egy fürt tagjainak átlagolásával pedig kaptunk 624 vektorpárost; ezek jellemzik a legjobban az adott fürt közös tulajdonságait, tehát ezeket tekinthetjük az egyetemes dallamtípusoknak, azaz Bartók „őstípusainak.”

Innen nyilvánvaló, hogy egy adott kultúrát egy 624 elemű eloszlás jellemez – ennek  $i$ -edik eleme mutatja meg, hogy milyen arányban vannak jelen az  $i$ -edik egyetemes zenei típus változatai az adott kultúrában.

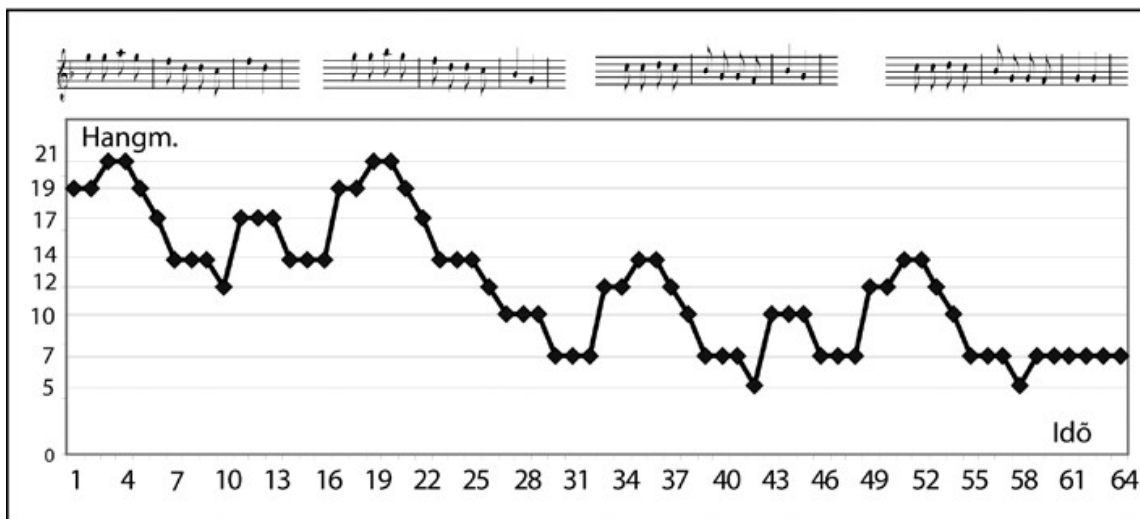
### **3.2. A vizsgált kultúrák populációgenetikai jellemzése**

A szakirodalomban fellelhető adatokból a Pamjav Horolma által vezetett genetikai kutatócsoport összeállította az összes általunk vizsgált zenekultúrát jellemző 26-elemű mitochondriális haplocsoport-eloszlásokat.<sup>15</sup> A felbontást az adatok egységes kezelésének igénye korlátozta. Ugyanakkor meggondolandó az is, hogy az alcsoportok túlságosan finom felbontása egyre közelebb múlt folyamataiba enged csak betekintést, mi pedig a neolitikumtól ismert népességmozgások időtávlátában akartunk vizsgálni.

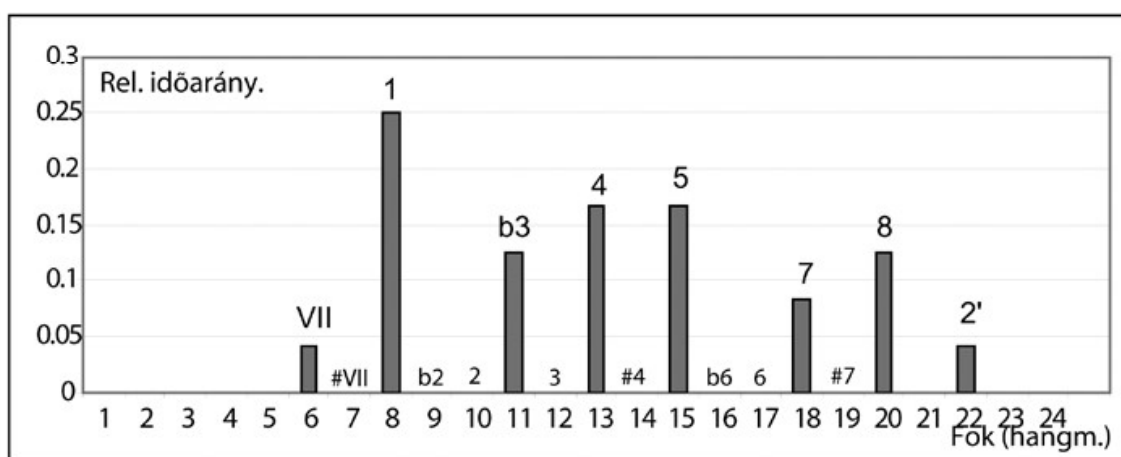
---

15 Pamjav et al. 2012.

Magyar lá-pentaton dallam



a



b

1. ábra Egy magyar népdal dallamvonal- (a) és fokeloszlás-vektora (b)

### 3.3. A zenei és genetikai típusok korrelált terjedésének vizsgálata

Eljutottunk tehát odáig, hogy kultúránkat zeneileg az egyetemes zenei típusok helyi változatainak részarányaival, genetikailag pedig a szintén egyetemes haplocsoportok helyi részarányaival jellemezzük. Tegyük fel most, hogy valaha létezett néhány domináns „forrás”-kultúra, a maguk jellegzetes zenei és genetikai típuseloszlásaival. Modellkísérlettel igazolható, hogy amennyiben ezek a forráskultúrák az idők során szétválások és keveredések láncolatain mentek keresztül, akkor saját genetikai és zenei típusaik részarányai a folyamatokban részt vett kultúrákban korrelációnövekedést mutatnak.<sup>16</sup> Egy bizonyos maximum elérése után azonban elkezdődik a teljes homogenizálódás felé tartó lassú folyamat, melynek során a korrelációk lassan (a felfutó időszaknál sokkal lassabban) a 0 felé konvergálnak. Mindez akkor is igaz, ha a folyamatokban a domináns forrásokon kívül más, inkább csak befogadó kultúrák is részt vesznek. A genetikai sodródás és a szétválások alkalmával fellépő „bottleneck”-effektusok elvben természetesen csökkentik a korrelációkat, ám a tapasztalat szerint a mi esetünkben a legerősebb folyamatok még jócskán mérhetőek maradtak.

A modellkísérletek szerint kimondható, hogy genetikai és/vagy zenei típusok korrelációinak mérésével jó eséllyel kimutathatók ősi népmozgások és az általuk kiváltott kulturális kölcsönhatások nyomai mai kultúrákban is. A korreláció mérésére az alábbi módszert dolgoztuk ki:

1. Rendezzük a vizsgált 50 kultúrát egy tetszőlegesen választott sorba: legyen pl. az A kultúra sorszáma 1, a B-é 2 stb. A sorrend tetszőlegesen választható, ám ettől kezdve rögzített.
2. Válasszunk ki két típust: pl. X-et és Y-t. A két típus bármelyike lehet akár genetikai, akár zenei.
3. Rangsoroljuk az 50 kultúrát aszerint, hogy melyikben milyen részarányt képviselnek az X típus változatai. A legmagasabb rangot, 1-et

---

16 Juhász et al. 2016.

kapja az a kultúra, amelyben X változatai a legnagyobb arányt képviselik,  $1-1/50$ -t az, amelyikben a második legnagyobbat stb. A kultúrák előre rögzített sorrendjében tehát kaptunk egy számsort 0 és 1 közötti értékekkel: az X típus rangvektorát.

4. Határozzuk meg ugyanígy Y rangvektorát is.

Az így kialakított rangvektorok korrelációját a matematika „rangkorrelációnak” nevezi. Nyilvánvaló, hogy minél hasonlóbb X és Y rangvektora, annál szorosabb korrelációban terjednek a kultúrák között. Általában kimondhatjuk tehát, hogy a hasonló rangvektorok elkülönülő csoportjai párhuzamosan terjedő genetikai és/vagy zenei típusokra utalnak. Egy ilyen csoport genetikai tagjai egy ősi forrásnépesség legfontosabb haplocsoportjaival, a zenei tagok pedig a legfontosabb egyetemes zenei típusaival azonosak.

A módszer a valóságban figyelembe veszi, hogy nem várhatók egész Euráziára kiterjedő csoportos korrelált terjedések, így öntanuló algoritmusunk egyúttal a csoportosan terjedő „típuszövetségeknek” otthont adó népességek részalmazait is megkeresi (kultúrkörök). A keresés lényegében egy soklépéses iteratív folyamat, melynek során a rangkorrelációt leginkább csökkentő népességek fokozatos kizárása, majd a rangkorreláció újraszámolása követi egymást, ezért az algoritmust „iteratív rangkorrelációs algoritmusnak” neveztük el.

Az eredmények külső hitelesítésére éppen az algoritmus által kiválogatott kultúrkörök földrajzi értelmezhetősége szolgál. A földrajzi közelség követelménye ui. teljesen hiányzik az algoritmus céljaiból, így egy kultúrkört hitelesít, ha mégis földrajzilag összefüggő területet fed le.

A hitelesítés és értelmezés másik lehetőségét a genetikai összetevők összevetése adja archeogenetikai adatokkal. Ha ui. egy zenei-genetikai szövetség genetikai komponensei szignifikánsan kimutathatók valamely ősi népesség uralkodó haplocsoportjai közt, akkor joggal feltételezzük, hogy megtaláltuk az adott szövetség tényleges forrásnépességét.

Sok esetben fennáll, hogy valamely adott terület ősi és kortárs haplocsoport-eloszlásai nagy átfedést mutatnak, jeleként annak, hogy az adott ősi népesség ma is meghatározó az adott területen. Ha ehhez még a hipotetikus zenei-genetikai szövetség zenei összetevői is átfednek az adott terület mai zenei típusaival, akkor egyúttal az ősi zenekultúra folytonosságára is következtethetünk.

A gépi osztályozások statisztikai szignifikanciáját a Student-t próba alkalmazásával, ill. az inferencia- és a távolságmátrixok korrelációjával, valamint Mantel-teszttel ellenőriztük.<sup>17</sup>

## 4. Eredmények

Az iteratív rangkorrelációs algoritmus összesen 19 korreláló zenei-genetikai szövetséget tárt fel. Egy-egy ilyen szövetségben a zenei és genetikai típusok rangvektorai hasonlóak, így a csoport jól jellemezhető ezen rangvektorok átlagával: egy 50 elemű vektorral, melynek elemei a megfelelő kultúra/népesség átlagos rangját mutatják a szövetséghez tartozó típusok rangvektoraiban. Dolgozatunkban a 19-ből azt a 4 szövetséget mutatjuk be, amelyeket a magyar népzene őstörténete szempontjából a legfontosabbnak tartjuk.

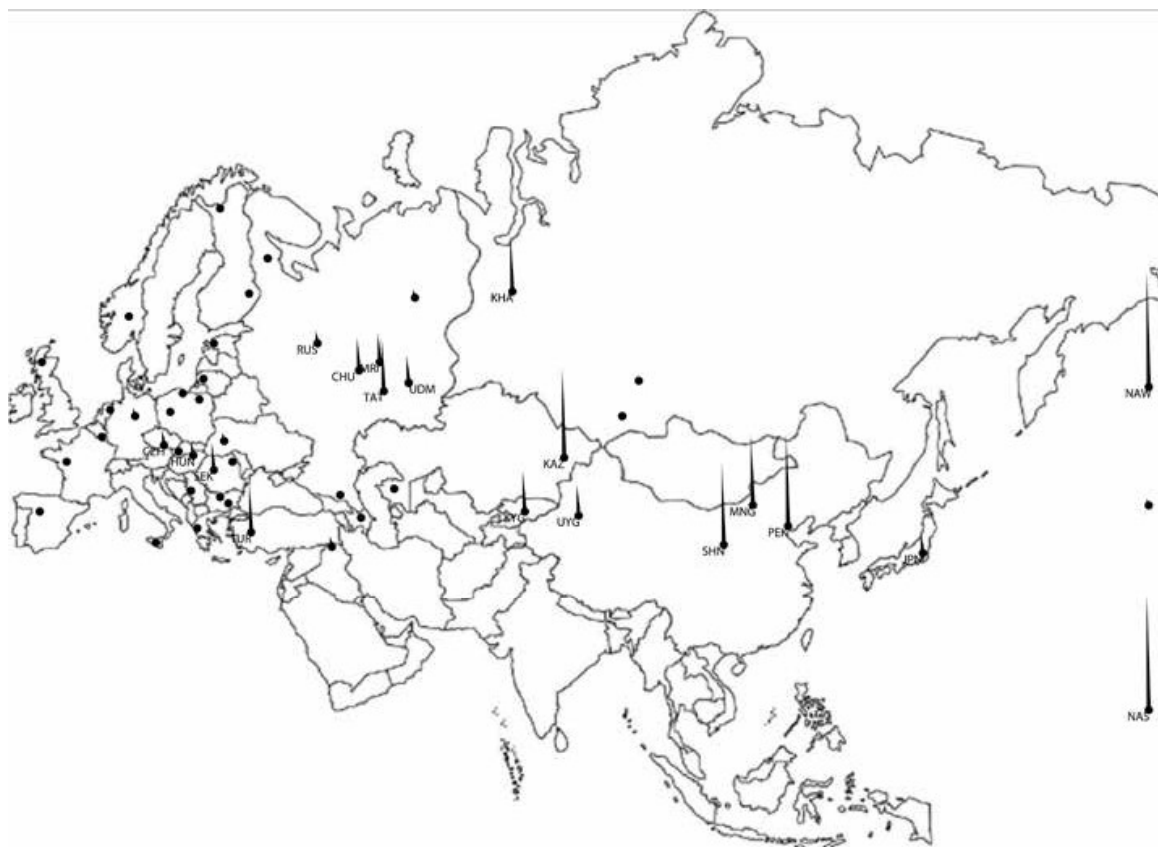
Első példánkban egy Belső-Ázsia területén és az amerikai indiánoknál legerősebb szövetség földrajzi megoszlását látjuk (1. sz. szövetség). A csökkenő rangvektorértékek jól mutatják a szövetség tagjainak együttes terjedését K-Európa és a Kárpát-medence felé. A szövetséget alkotó genetikai és zenei típusok éppen a Kárpát-medencéig mutathatók ki egyre csökkenő súllyal, de Ny-Európában a súlyuk már elenyésző. A genetika összetevők – az A, C és D haplocsoportok – kimagasló súlya a szibériai és belső-ázsiai népekben (mongol, burját, jakut, jukagir, stb.), ideértve a neolit és bronzkori temetőik népességeit is: Serovo, Baraba1 (Kr. e. 8000, 4000–1800), Altai bronzkor, Baraba2 (Kr.e.1800–1000), Qin, Xiongnu (röv: SER, BB1, ABA, BB2, QIN, XIO,  $0.33 \leq \text{átedés} \leq 0.43$ ), kétségtelenné teszi, hogy a szövetség zenei tagjainak forrásvidéke is Belső-Ázsia.

Az A, C és D haplocsoportok az amerikai indiánoknál még a fentieknél is meghatározóbbak (NAW, NAC, NAS,  $0.5 \leq \text{átfedés} \leq 0.75$ ); ez lehet a magyarázata a meglepően szoros rokonságnak Belső-Ázsia bizonyos népzenei, a magyar és az indián népzeneik között. A zenei elemzés kimutatta, hogy a szóban forgó zenei típusok jellemzően valamely félhang nélküli pentaton skálán moz-

---

17 Juhász et al. 2019.





2. ábra Az 1. sz. zenei-genetikai szövetség súlyai Eurázsia térképén. (Az oszlopok a népek átlagos súlyát mutatják a szövetséghez tartozó zenei és genetikai típusok rangvektoraiban.)

gó, oktávnyi vagy még nagyobb hangterjedelmű, ereszkedő, gyakran szabályos kvintváltó dallamtípusok. A magyar népzében ezek fontosságára már Kodály is rámutatott, ősiségüket a Volga–Káma vidéki mari és csuvas párhuzamokkal igazolva. Most látjuk, hogy ezek a típusok a Volga–Káma vidékre is és hozzánk is a belső-ázsiai forrásvidékről kerülhettek a népvándorlás különböző hullámaival, olyan népekre, amelyekben a „szibériai” A, C és D haplocsoportok jelentős súlyt képviseltek. Fontos megjegyezni, hogy a Kárpát-medencében jelen ismereteink szerint a korai avarságban képviselték a legnagyobb súlyt az A, C és D haplocsoportok, így nem zárhatjuk ki, hogy a szövetség mondott zenei típusai – melyek a magyar népzében kb. 20% súlyt képviselnek – már az avarok megjelenése óta jelen vannak. Dallampéldáink az egyik ilyen típus változatait mutatják Belső-Ázsiától a Kárpát-medencéig.

<p>Kína (Peking tart)</p>	<p>Mongol</p>
<p>Dakota</p>	<p>Andok</p>
<p>Csuvas</p>	<p>Magyar</p>

3. ábra Az 1. sz. zenei-genetikai szövetségbe tartozó rokon dallamok

Második példánkban a szövetséget alkotó zenei és genetikai típusok súlya a kurd terület és Anatólia felől a Balkánon át a Kárpát-medencéig tartó összefüggő területen mutatnak egyre csökkenő tendenciát (2. sz. szövetség). Ennek pontosan megfelel, hogy a szövetség legfontosabb genetikai tagjainak – az X, U\*, U2, N\*, HV\*, K haplocsoportoknak együttese a legnagyobb súlyt a mai török, bulgár, román, székely, magyarországi magyar és morva népekben képviseli (BUL, HUN, MOR, ROM, TUR, SEK,  $0.46 \leq \text{átfedés} \leq 0.58$ ). Ugyanez a genetikai együttes már a neolit Termékeny Félhold-beli, ibériai, balkáni, Kárpát-medencei népegekben (NEO, IBN, EMN, STR, NHU,  $0.5 \leq \text{átfedés} \leq 0.55$ ) is nagy súlyt képviselt, ezért joggal következtetünk a neolitikumban a Termékeny Félhold felől éppen a balkáni és ibériai útvonalakon Európa felé kimutatott meghatározó népmozgások ma is létező nyomaira. Néhány dallam-



4. ábra A 2. sz. zenei-genetikai szövetség súlyai Eurázsia térképén. (Az oszlopok a népek átlagos súlyát mutatják a szövetséghez tartozó zenei és genetikai típusok rangvektoraiban.)

példa segítségével ismét képet alkothatunk arról a zenekultúráról, mely feltehetőleg ezzel a népmozgással mozgott együtt. Ezek a dallamok határozottan hétfokú, a félhangközöket is tartalmazó hangsorokon mozognak, és bár szintén ereszkedő dallamvonalúak, de ritkán lépnek az 5. fok fölé, így hangterjedelmük is jóval szűkebb, mint az első szövetségben tárgyalt típusoké. A magyarországi neolit földműves vonaldíszes és Starchevo-kultúrák genetikai összefüggései ismét felvetik annak lehetőségét, hogy ezek az ősi zenei típusok akár évezredek óta itt élhetnek a Kárpát-medencében.

A következő szövetség forrásvidékét a Kárpát-medence, a Kaukázus, Anatólia és Szicília négyszöge jelöli ki (3. sz. szövetség). Meghatározó haplocsoport együttese nagyon hasonló az előző, neolit földműveseknek tulajdonított

The image displays six musical systems, each representing a different folk tune. Each system consists of two staves: a treble clef staff on top and a bass clef staff on the bottom. The tunes are labeled as follows:

- Kurd:** Shows a melody with a descending line and some chromaticism.
- Azeri:** Features a more rhythmic melody with frequent eighth notes.
- Török:** Displays a melody with a mix of eighth and sixteenth notes.
- Horvát:** Shows a simpler melody with a clear descending contour.
- Magyar:** Features a melody with a mix of eighth and sixteenth notes.
- Román:** Shows a melody with a mix of eighth and sixteenth notes.

5. ábra A 2. sz. zenei-genetikai szövetségbe tartozó rokon dallamok

együtteshez (X, U\*, U2, HV\*, T, K J és H), így nem meglepő, hogy ezt legnagyobb arányban tartalmazó népeiségek köre is hasonló (TUR, KUR, SEK, ROM,  $0.5 \leq \text{átfedés} \leq 0.55$ ), ill. főleg neolit földműves népeiségek (IBN, EMN, NHU, STR,  $0.46 \leq \text{átfedés} \leq 0.54$ ).



6. ábra A 3. sz. zenei-genetikai szövetség súlyai Eurázsia térképén. (Az oszlopok a népek átlagos súlyát mutatják a szövetséghez tartozó zenei és genetika típusok rangvektoraiban.)

A szövetséget alkotó zenei típusok azonban világosan elkülönülnek az előző, kis hangterjedelmű típusoktól. Ezek a típusok ui. jellemzően oktáv hangterjedelműek és ereszkedő dallamvonalúak, így e téren meggyőző kapcsolatot mutatnak a belső-ázsiai típusokkal. Tonalitásuk azonban ezekétől is eltér, mivel zömmel hétfokú, főleg moll jellegű (dór, eol, fríg) modális hangnemek jellemzik őket, míg a pentaton skálák közül szinte csak a lá-pentatóniával mutatnak kapcsolatot – vagy teljes dallamok, vagy jellegzetes dallamrészek formájában.

E szövetség csökkenő súlyai a forrásvidéktől K-Európa és Belső-Ázsia felé, ill. Ny-Európa felé irányuló terjedést mutatnak. A napjainkban folyó népzenei gyűjtőmunkának hála, meggyőző magyar, török, karacsáj, gagauz, szicíliai dallampárhuzamok igen nagy számával támaszthatjuk már alá, hogy legalábbis a Kárpát-medence, a Kaukázus előtere és Anatólia térségében számolnunk kell egy sajátos ősi zenekultúra jelenlétével, mely ma is erősen meghatározza a térség népzeneit. Az e kultúrával korreláltan terjedő genetikai típusok határozottan neolitik földműves eredetű népekre utalnak. A neolitik földműves bevándorlók és a helyi mezolitik európai vadász őslakosok keveredését haplocsoportjaink közül az U4 és U5 haplocsoportok jelenléte mutathatná, ám ezek teljes hiánya a 3. sz. szövetségből éppen e keveredés hiányára vagy legalábbis csekély voltára utal. Hogy ez tényleg így van-e, arra nagyobb felbontású genetikai vizsgálatok adhatnak választ.

A következő szövetség mutat példát a mezolitik európai vadász, a neolitik földműves és a szibériai eredetű haplocsoportok keveredéséből alakult összetett népekre és az azzal korreláltan terjedő zenekultúrára (4. sz. szövetség). E szövetség haplocsoportjai három részre oszthatók: Az A, C és D haplocsoportok együttesét már megismertük, mint a Belső-Ázsia központú 1. sz. szövetség genetikai összetevőjét. Jelen vannak ugyanakkor a neolitik földműveseknek tulajdonított N\*, J, T és U\*, valamint a mezolitik vadász összetevőt jelölő U4 és U5 haplocsoportok is. A régészeti feltárások és a genetika eredményei egyaránt mutatják, hogy ez az összetétel leegyszerűsítve 2 lépcsőben jött létre. Először a termékeny Félholdból beáramló neolitik földművesek (N\*, J, T és U\*) K-Európában és a Kárpát-medencében keveredtek a helyi ritka népeket alkotó mezolitik vadászokkal (U4 és U5). Az így kialakult népesség a bronzkorban erős hullámokat bocsátott ki D-Szibéria felé, ahol is további keveredés történt a helyi népezzel (A, C, D). Az így fokozatosan összeolvadó népességnek tulajdonítható pl. az andronovói kultúra (Kr.e. 1500-500). Ez az „andronovói” népesség az egyik fő forrása később az Európa felé meginduló (visszainduló) népvándorlás kori népezzeknek. Mindezt jól alátámasztja, hogy az így kialakult haplocsoport-szövetség legnagyobb súllyal éppen az andronovói (BB3) és a honfoglaló karosi (KAR) népességben mutatkozik, a jelenkori népek között pedig az obi-ugorokban (KHA) és a Volga-Káma vidéki népekben (CHU, TAT, VOT)

<p>Magyar (moldva)</p> 	<p>Török</p> 
<p>Szicíliai</p> 	<p>Karacsáj (Kaukázus)</p> 
<p>Andok</p> 	<p>Román</p> 

7. ábra A 3. sz. zenei-genetikai szövetségbe tartozó rokon dallamok

találjuk meg a legerősebb hatását. Mindamellett a magyar, észti, karéliei finn és tuvai haplocsoport-eloszlásokkal is jelentős közös részt mutat. Hogy ennek a genetikai szövetségnek vannak zenei következményei is, az Kodály, Vargyas és Vikár említett Volga–Káma vidéki párhuzamai ismeretében várható. A közeli nyelvrokonnak tartott obi-ugorokkal viszont eddig csak a magyar siratók kis hangterjedelmű, kétsoros, rögtönzött megformálású dallamai között mutattak példákat a kutatók (Vargyas, Paksa). A nagyobb számú dallamadatbázisban végzett gépi kutatás viszont megmutatta, hogy más, inkább az 1. vagy 3. sz. szövetségekben kimutatott típusoknak is vannak megfelelői az obi-ugor dallamok között. A fenti megfontolások fényében ezek valószínűsíthető közös eredete az andronovói népességben keresendő.



8. ábra A 4. sz. zenei-genetikai szövetség súlyai Eurázsia térképén. (Az oszlopok a népek átlagos súlyát mutatják a szövetséghez tartozó zenei és genetikai típusok rangvektoraiban.)



<p>Hanti</p> 	<p>Tatár</p> 
<p>Kína</p> 	<p>Magyar</p> 
<p>Finn</p> 	<p>Karacsáj</p> 

9. ábra A 4. sz. zenei-genetikai szövetségbe tartozó rokon dallamok

## 5. Következtetések

A magyar nyelvterületen még a 20. sz. végén is, sőt még ma is található olyan közösségek, a hagyományhoz ragaszkodó emberek, akik híven tanúskodnak az íratlan műveltség – a népi kultúra – működéséről. A népi kultúra szemünk láttára ma is születő alkotásaiban – így a népdal eléneklésében, hangszeres megszólaltatásában is – megfigyelhető, hogy az alkotó vagy előadó alapvetően a már meglévő, a hagyományban őrzött formák újrafogalmazására törekszik, sohasem akar gyökeres, a hagyományból kilépő újításokat bevezetni, elismertetni közösségével. Ez a működésmód a variánsok születésének, elhalásának, újraszületésének végtelen láncolatát eredményezi, ezzel pedig végső soron éppen az alapvető üzenetek, jelképek hosszú távú fennmaradását biztosítja. Ez a működésmód lehet a magyarázata annak, hogy ma élő írástalan zenekultúrákban több ezer éves, összehangolt, korreláltan megjelenő hagyományokat találunk.

Az archeogenetika módszerei és sikerei nyilvánvalóvá tették, hogy van értelme a kultúrák tárgyi nyomait népeiségek mozgásával összefüggésben vizsgálni, még ha nem is feltétlenül igaz, hogy a két dolog minden esetben szorosan összekapcsolódik. Azonban az, hogy módszeresen keressük azokat az eseteket, amelyekben a kapcsolat valóban fennáll, mindenképpen logikus törekvés. E dolgozat alapfeltevése is ehhez igazodik: nem biztos, hogy a zenei anyanyelvek mozgása minden esetben az anyák mozgásával hozható összefüggésbe, de mivel ez mégis csak elég kézenfekvő, a genetikai és zenei kapcsolatok keresése indokolt.

Hasonlóan gondolkodhatunk arról a felvetésről is, hogy a genetikai és kulturális kölcsönhatások bonyolult láncolatai úgy összezavarhatják a viszonyokat, hogy nem érdemes korrelációkat keresni, mert azok úgyszólván csak megtévesztő eredményeket hozhatnak. Bár ez a lehetőség sem kizárt, jogos törekvés feltárni azokat az összefüggéseket, amelyek mégis kimutathatók. Módszerünk működőképességének igazolására apai és anyai vonalak korrelált terjedését is vizsgáltuk, és azt találtuk, hogy a haplocsoportok mai népeiségekben való korreláló gyakoriságai jól tükrözik az ismert ősi népeiségmoz-

gások hatásait.<sup>18</sup> Ezt most csak megerősíti, hogy jelen dolgozatban ezekhez még zenei korrelációkat is tudunk mutatni.

Az itt példaként bemutatott négy genetikai-zenei „szövetség” a magyar népzene szempontjából legfontosabb folyamatokra kívánt összpontosítani. Korrelációs vizsgálataink szerint népzeneink különböző rétegei kapcsolatba hozhatók a neolit földműveseknek a Kelet-Európába és a Kárpát-medencébe való beáramlásával (kb. Kr.e. 6000–3000), az ennek nyomán kialakult kelet-európai és Kárpát-medencei népesség dél-szibériai megjelenésével<sup>19</sup> (kb. Kr. e. 2000–1000), majd az ennek nyomán kialakult nomád népességeknek a K-Európába és a Kárpát-medencébe való visszaáramlásával (népvándorlás). Mivel ez a leírás mód felveti, hogy népzeneink bizonyos rétegei már akár évezredek óta is jelen lehetnek a Kárpát-medencében, erős kritikára számíthat a szakma meghatározó képviselőitől.

Mindamellet az archeogenetika adatbázisainak és eszköztárának rohamos fejlődése magában is elég ahhoz, hogy eredményeinket csak biztató kezdő lépéseknek tekintsük, melyek reményt adnak arra, hogy a jövőben sokkal pontosabb képet alkothatunk a zene ősnyelveiről és a magyarság zenekultúrájának alakulásában kifejtett hatásukról.

## K Ö S Z Ö N E T N Y I L V Á N Í T Á S

Köszönjük Pamjav Horolmának, Fehér Tibornak, Török Tibornak és Neparáczki Endrének a genetikai adatok összeállításában és az eredmények genetikai értelmezésében nyújtott segítségét.

18 Juhász–Dudás–Pamjav 2018.

19 Allentoft et al. 2015.

## IRODALOM

- Allentoft et al. 2015:** Allentoft M. – Sikora M. – Sjögren K. G. et al.: Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522. (2015) 167–172. <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Bartók, 1937:** „Népdalkutatás és nacionalizmus”, lásd *Bartók Összegyűjtött Írásai*, közr. Szöllősy András (Budapest, 1967), 597–599.
- Bartók 1949:** Bartók B.: On Collecting Folk Songs in Turkey. *Tempo*, 13. (1949) 15–19, 38.
- Bartók 1976:** Bartók B.: *Turkish Folk Music from Asia Minor*. (ed. Benjamin Suchoff) Princeton University Press, Princeton, 1976.
- Domokos Mária (szerk):** Corpus Musicae Popularis Hungaricae I–XII. A magyar népzene tára (1951–2012), Balassi, Budapest.
- Csébfalvy et al. 1965:** Csébfalvy K. – Havass M. – Járdányi P. – Vargyas L.: Systematization of Tunes by Computers. *Studia Musicologica*, VII. (1965) 253–257.
- Dobszay – Szendrei 1988:** Dobszay L. – Szendrei J.: *A magyar népdaltípusok katalógusa*. MTA Zenetudományi Intézet, Budapest, 1988.
- Huron 1996:** Huron D.: The melodic arch in Western folksongs. *Computing in Musicology*, 10. (1996) 3–23.
- Járdányi 1974:** Járdányi P.: Experiences and Results in Systematizing Hungarian Folksongs. *Studia Musicologica*, XXII. (1974) 17–20.
- Juhász 2015:** Juhász Z.: A Search for Structural Similarities of Oral Musical Traditions in Eurasia and America Using the Self Organizing Cloud Algorithm. *Journal of New Music Research*, 44. (2015) 3. 196–218.
- Juhász et al. 2016:** Juhász Z. – Fehér T. – Németh E. – Pamjav H.: mtDNA analysis of 174 Eurasian populations using a new iterative rank correlation method. *Molecular Genetics and Genomics*, 291. (2016) 493–509.
- Juhász – Dudás – Pamjav 2018:** Juhász Z. – Dudás E. – Pamjav H.: A new self-learning computational method for footprints of early human migration processes, *Molecular Genetics and Genomics*, 293. (2018) 1579–1594. doi: 10.1007/s00438-018-1469-7
- Juhász et al. 2019:** Juhász Z. – Dudás E. – Vágó-Zalán A. – Pamjav H.: A simul-

- taneous search for footprints of early human migration processes using the genetic and folk music data in Eurasia. *Molecular Genetics and Genomics*, 294. (2019) 941–962. doi: 10.1007/s00438-019-01539-x. Epub 2019 Apr 4.
- Kodály Z. (1976):** A magyar népzene. A példatárát szerk. Vargyas Lajos. (1976) Zeneműkiadó, Budapest.
- Malyarchuk et al. 2010:** Malyarchuk B. – Derenko M. – Denisova G. – Wozniak M. – Grzybowski T. – Dambueva I. – Zakharov I.: Phylogeography of the Y-chromosome haplogroup C in northern Eurasia, *Annals of Human Genetics*, 74. (2010) 539–546.
- Pamjav et al. 2012:** Pamjav H. – Juhász Z. – Zalán A. – Németh E. – Damdin B.: A comparative phylogenetic study of genetics and folk music. *Molecular Genetics and Genomics*, 287. (2012) 337–349. [http://rspb.royalsocietypublishing.org/lookup/external-ref?access\\_num=10.1007/s00438-012-0683-y&link\\_type=DOI](http://rspb.royalsocietypublishing.org/lookup/external-ref?access_num=10.1007/s00438-012-0683-y&link_type=DOI)
- Schmuckler 2016:** Schmuckler M. A.: Tonality and Contour in Melodic Processing. In: Hallam S. – Cross I. – Thaut M. (Eds.): *The Oxford Handbook of Music Psychology (2nd ed.)*. Oxford University Press, Oxford, 2016. 143–165.
- Sharma et al. 2009:** Sharma S. – Rai E. – Sharma P. – Jena M. – Singh S. – Darvishi K. – Bhat K. A. – Bhanwer A. J. S. – Tiwari P. K. – Bamezai R. N. K.: The Indian origin of paternal haplogroup R1a1\* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *Journal of Human Genetics*, 54. (2009) 47–55.
- Sipos 2000:** Sipos J.: *In the Wake of Bartók in Anatolia*. Balassi Kiadó, Budapest, 2000.
- Sipos – Csáki 2009:** Sipos J. – Csáki É.: *The Psalms and Folk Songs of a Mystic Turkish Order*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 2009.
- Thangaraj et al. 2009:** Thangaraj K. – Nandan A. – Sharma V. – Sharma V. K. – Eaaswarkhanth M. – Patra P. K. – Singh S. – Rekha S. – Dua M. – Verma N. – Reddy A. G. – Singh L.: Deep Rooting In-Situ Expansion of mtDNA Haplogroup R8 in South Asia. *PLoS One*, 4. (2009) 8. e6545.
- Vargyas 1980a:** Vargyas L.: A magyar zene őstörténete. I. *Ethnographia*, 91. (1980) 1. 1–34.

- Vargyas 1980b:** Vargyas L.: A magyar zene őstörténete. II. *Ethnographia*, 91. (1980) 2. 192–236.
- Vargyas L. (2002):** *A magyarság népzeneje*. Második, javított kiadás. Szerk. Paksa Katalin. Planétás, Budapest, 2002.
- Vikár – Bereczki 1971:** Vikár L. – Bereczki G.: *Cheremis Folksongs*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1971.
- Vikár – Bereczki 1979:** Vikár L. – Bereczki G.: *Chuvash Folksongs*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1979.
- Vikár – Bereczki 1989:** Vikár L. – Bereczki G.: *Votyak Folksongs*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1989.
- Vikár – Bereczki 1999:** Vikár L. – Bereczki G.: *Tatar Folksongs*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1989.
- Wiora 1953:** Wiora W.: *Europäischer Volksgesang. Gemeinsame Formen in charakteristischen Abwandlungen*. Arno Volk Verlag, Köln, 1953.