

# A HUMÁN POPULÁCIÓGENETIKAI KUTATÁS NÉHÁNY ASPEKTUSA A MAGYARORSZÁGI VIZSGÁLATOK TÜKRÉBEN (Előzetes közlemény)

Írta: PAP MIKLÓS

Kossuth Lajos Tudományegyetem Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszéke, Debrecen

PAP, M.: *Some Aspects of Human Population Genetical Research in the Light of Investigations Performed in Hungary*. The author gives a brief survey of population genetical research on the present-day populations living in Hungary. The examination of some problems of theory and practice — among them the genetic investigation of spatial and temporal differences between the populations and the significance of populational approach — serves as a basic principle for the topical discussion of the investigations. It is beyond the scope of this paper to explore the whole bibliography of the theme, only a few of the relevant studies are referred to here.

*Key words:* population, population genetical approach, investigations in Hungary.

## Bevezetés

A *Homo sapiens* speciális helyet foglal el az élővilágban. Különleges evolúciós helyzete elsősorban abban áll, hogy új szuperorganikus fejlődési módot, a kultúra és civilizáció fejlődését indította el, ezzel új környezetet teremtett maga körül. A környezet változásaira az ember genetikai készletének változásával reagál. A biológiai változások tehát összefüggnek a kulturális társadalmi fejlődéssel. Nézetünk szerint a biológus-genetikus számára fontos feladatot kell hogy jelentsen az ember genetikai állományára ható tényezők meghatározása. További igény e hatások módjának ismerete, végső soron pedig elhárítása. Ehhez viszont alapvető fontosságú a genetikai variáció és a populációk génösszetételének kutatása, ismerete. A populáció szintjén tárhatók fel azok a tényezők, amelyek az adott populáció struktúráját és dinamikáját meghatározták, illetve meghatározzák. A térbeli és időbeli populációdifferenciák végeredményben az evolúció történéseinek, ezzel a genetikai folyamatoknak az eredményei, amelyek populációgenetikai ismeretek és módszerek alapján érthetők meg. Ez önmagában véve evidens, mert minden általunk térben és időben megismerhető, a feno- és genotípusban kimutatható adottságok és változások a populáció specifikus genetikai szerkezetében, illetve ennek változásában gyökereznek.

Az elmondottakkal függ össze a humánbiológiai, populációgenetikai kutatások jellemző vonása, miszerint a népeiségek biológiai-genetikai állapotának megítéléséhez, összehasonlításához alapul szolgáló jellegvariációk és ezekről nyert információk a populációstruktúra és az abból következő populációgenetikai hatások függvényeként kerülnek elemzésre (CAVALLI-SFORZA és BODMER 1971, JACQUARD 1974). E kutatások legfontosabb elméleti vonása az egyedi szemléletről a populációs szemléletre való áttérés.

A tanulmány címében megjelölt téma vázlatos megbeszéléséhez szükségesnek tartunk felvetni néhány elméleti problémát. Elsősorban azokat a kérdéseket fogjuk érinteni, amelyek elvi alapul szolgálnak a jelenben élő népeiségek populációgenetikai kutatásának rövid, a terjedelem szabta határokon belüli áttekintéséhez.

### A populációgenetikai megközelítésmód

Ismeretes, hogy a mikroevolúciós változás csak populációgenetikai megközelítésmóddal tárható fel. Minden élőlény — az ember is — szaporodási közösségekben, populációban él. A populációgenetika a népeiségek genetikai struktúráját és e struktúra transzmódálódását, azaz evolúcióját tanulmányozza. Genetikai megközelítésben, jelenlegi ismereteink szerint a populáció tekinthető elemi evolúciós szintnek. Ennek megfelelően a mikroevolúciós eseményeket ma sem láthatjuk másképpen, mint populációcentrikusan.

A populáció genetikai struktúrájának kutatása (CAVALLI-SFORZA és BODMER 1971) szükségszerűen felveti a populáció fogalmának kérdését. Mivel egy korábbi munkánkban (PAP 1979) már foglalkoztunk a fogalommal, e helyen csak röviden szözlünk erről.

Genetikai közelítésben használják a mendeli populáció fogalmát, amelyet DOBZHANSKY a következőképpen definiált: egyedek reproductív közössége, amely közös gene-pool-lal rendelkezik.

Ezt és más definíciókat alapul véve, humángenetikai értelemben a populáció fogalmának értelmezésére a következőket javasoltuk (PAP 1979): adott időben, adott területen élő tényleges szaporodási közösséget alkotó egyedek kisebb-nagyobb csoportja, amelynek tagjai közös gén-pool-lal rendelkeznek, és aktuális potenciális szülőpárok.

Bizonyos, hogy egy adott populáció legfontosabb jellemzője a más populációktól többé-kevésbé különböző genetikai összetétel és struktúra. Tekintet nélkül arra, hogy hogyan írják le a populációt, jelentősége a genetikai összefüggések szövedékében van. Többek között az allél-frekvenciákban, a kvantitatív és kvalitatív jellegek variációjának sajátosságában, a migráció, a párválasztási rendszer, az inbreeding, a természetes szelekció és más jellegzetességében van (BUETTNER—JANUSCH 1973, JACQUARD 1974). Fontosnak tartottuk a populáció-fogalom rövid megbeszélését amiatt is, hogy számos hazai, az ember genetikai variációjával foglalkozó tanulmányban különböző értelemben és gyakran helytelenül használják a fogalmat. Pedig a fogalom definíciójából is következik, hogy a humán népeiségek genetikai kutatásának már a mintavétel szintjén szigorú és jól körülhatárolt követelményei vannak, melyek mellőzésével nem lehet megalapozott az intra- és interpopulációs analízis.

Nem hagyható figyelmen kívül az a tény sem, hogy a népeiségek biológiailag nem különülnek el tökéletesen egymástól, hanem gén-pooljuk között potenciális és aktuális génáramlás van. Mindezek ellenére biztos alapot jelent a humán populációkutatás számára annak figyelembevétele, hogy a populáció egyedszáma, különösen effektív mérete ( $N_e$ ) és izoláltságának mértéke alapvetően meghatározza a genetikai struktúrát, a népeiség időben követhető átformálódását, annak dinamikáját és módját (WRIGHT 1931, MORTON és HUSSELS 1970, BODMER és CAVALLI-SFORZA 1976). A korszerű kutatások egyik fő jellemzője az, hogy a genetikai variabilitás forrását a populációban végbemenő dinamikus

folyamatokban keresik. Ez szorosan összefügg a populációgenetikai megközelítésmóddal, mely WRIGHT (1967—77) munkái alapján három területre bontható:

1. Természetes populációk genetikai variációinak felmérése, lehetőleg hosszabb időn át, hogy a változásokra is fény derüljön.

2. Elméleti populációgenetika: a természetben megfigyelt jelenségek leszűrt lényegi elemeit matematikai modellekben írják le, és vizsgálják e modellek viselkedését meghatározott feltételek között.

3. Kísérletes populációgenetika: ellenőrzött feltételek mellett vizsgálják a kísérleti élőlény populációjának genetikai változását, többnyire valamely elméleti modell tesztelése céljából.

A fentiekből kitűnik, hogy a humán populációk genetikai struktúrájának és variációjának problémaköre, azaz a WRIGHT-féle első megközelítésmód tartozik áttekintésünk tárgykörébe. Figyelembe kell vennünk továbbá, hogy a populációk léte, fejlődése összefügg egyrészt a biológiai-genetikai adottságokkal, másrészt a társadalmi-gazdasági feltételekkel. Ennek megfelelően a genetikai struktúra jellegzetességeinek és a változás dinamikájának feltárásához a társadalomtudományi kutatások eredményei sem nélkülözhetők. Példaként említjük némely lokális populáció izoláltságát előidéző gazdasági, vallási, szociális, pszichológiai, földrajzi és más, nem biológiai tényezők szerepét, melyeknek igen jelentős genetikai következményei vannak a népességre nézve.

E tanulmány témája indokolja annak említését, hogy a humánbiológia/antropológia területén végbement jelentős fejlődés szorosan összefügg mindazokkal a szemléleti változásokkal, melyeket a tudományterületen kibontakozó trendek is jeleznek. Két trend említését különösen fontosnak tartjuk.

1. A tipológiai gondolkodást nagyrészt kiszorította a populációban történő gondolkodás. Ez talán a legnagyobb fogalmi revolúció, amelyik az utóbbi években végbement a humánbiológiában.

2. A recens humán népességeket érintő populációgenetika fejlődése. Egyre inkább kiszélesedik és gyakorlati jelentőségű a népességek genetikai struktúrájának kutatása és az ezúton kapott eredmények széles körű felhasználása (CAVALLI-SFORZA és BODMER 1971, LEVITAN és MONTAGU 1977).

A populációgenetikai szemléletnek és metodológiának a paleoantropológia területén történő térhódítása ugyancsak nyomon követhető, melyet egy új szakterület, a paleo-populációgenetika létrejötte jelez (SCHWIDETZKY 1979, 1982). Tanulmányunkban azonban nem térünk ki a paleoantropológiai témákra, hasonlóképpen nem tekintjük át azokat a kutatási területeket, melyek szűkebb értelemben a humánbiológia/antropológia tárgykörébe tartoznak.

Az előzőekben érintett elméleti kérdések figyelembevételével fogjuk körülhatárolni a populációgenetikai kutatás területére (vagy határterületére) eső eddigi vizsgálatokat. A főbb kutatási témák és nem a teljes bibliográfia bemutatását tekintjük feladatunknak.

### Magyarországi vizsgálatok

A humán populációk genetikai kutatását a humánbiológiai vizsgálatoktól élesen elválasztani mind elméleti, mind pedig gyakorlati szempontból indokolatlan. Ellenkezőleg, a két szakterület annyira összefonódott, hogy a különválasztás csak viszonylagos lehet. Következik mindez a humán és a szubhumán

evolúció, a genetikai variációk térben és időben történő kutatásából, továbbá abból a tényből, hogy az evolúció alapvető bázisa a populáció.

A hazai irodalomban szép példákat találunk egy-egy népesség, vagy egyes tájegységek lokális populációi genetikai státusának meghatározására. Modern populációgenetikai szemléletűek Csörsz (1927) Tépe községben végzett kutatásai. NEMESKÉRI 1944-ben elkezdett és munkatársaival évtizedeken keresztül végzett ivádi kutatásai jól ismertek a hazai és nemzetközi fórumokon.

A *genetikai struktúra* összetett problémáját aligha boncolhatjuk annak ismerete nélkül, hogy az adott népesség mióta van ott, ahol van, érte-e pl. jelentős migrációs hatás stb.

Ezeknek a kérdéseknek a részletes megválaszolását találjuk NEMESKÉRI és WALTER (1966) demográfiai és populációgenetikai tárgyú, a Bodroglóközben végzett kutatásainak anyagában. NEMESKÉRI et al. (1973) a turricsei, PAP (1970, 1979) a benki és tiszamogyorósi, CSOKNYAY (1979) a szamosangyalosi népességekben végeztek hasonló vizsgálatokat, ideértve a környező populációkkal fennálló biológiai, genetikai kapcsolatok elemzését is.

Ismeretes, hogy a *migráció* mértékét és hatását populációsztintű elemzésekkel lehet kimutatni. Ehhez leggyorsabb és ugyanakkor megbízható módszer a *párválasztási körzet* feltérképezése (NEMESKÉRI, Ivád, NEMESKÉRI és WALTER, Bodroglóköz, PAP, Tiszamogyorós).

A lokális populációk biológiai kapcsolatain túl alapvető fontosságú a *népesség belüli struktúra* ismerete, az abban lezajlott változások mérése. A populáció genetikai struktúráját többféle módon elemezhetjük. A demográfiai paraméterektől kiindulva a genetikai markerek, polimorfizmusok vizsgálata útján kapott génfrekvenciáig, amelyekre a további analízisek építhetők.

Ha a potenciális szülőpárok közül kiemeljük azokat, akik elérve a reprodukciós kort házasságra léptek, egyszerre feltárul előttünk a populáció demogenetikai struktúrájának egyik aspektusa. Kitűnik, hogy bizonyos családok (részpulációk, demek) relatív aránya jelentős, más esetben kevésbé jelentős a populáció gene-pooljából való részesedésben.

Az *effektív populációméret* ( $N_e$ ) ismeretében az analízisek újabb szintjére juthatunk. A tiszamogyorósi populáció genetikai struktúrájának elemzése alapján írták le a *populációstruktúra becslés modellt* (PAP 1979), mellyel rávilágíthatunk egy-egy részpuláció (endo-deme) populáción belüli szerepére, a génkészletre gyakorolt hatására. A modell érvényességét erősítik a benki, domaházi és a mezőkövesdi vizsgálatok (MARTOS et al. 1982).

Ismeretes, hogy a *belházasodás és vérrokonság* (NEMESKÉRI 1944, 1976, CZEI-ZEL et al. 1974, PAP 1979) alapvetően befolyásolja a populációban a genotípus gyakoriságokat. A *vérrokoni házaságokat* magába foglaló pedigrek fontos információkkal szolgálnak a genetikai elemzésekhez. Az ilyen jellegű vizsgálatokra előnyösek az ún. kis népességek. A kis *endogám népességek* (esetenként *izolátumok*) vizsgálata a nemzetközi gyakorlatnak megfelelően a populációgenetikai kutatás fontos része. Így attól elkülöníteni és speciális magyar humánbiológiai kutatásként interpretálni értelmetlenség. A kis népességek speciális genetikai modellként szolgálhatnak a populációk közötti genetikai hasonlóság, ill. (ennek komplementerje) a distancia mérésében. A külföldön végzett kutatások pozitív példáit követve, helyes lenne, ha Magyarországon egységes populációgenetikai szemlélet alapján történne a népességek humánbiológiai, genetikai kutatása.

A hazai humán populációgenetikai kutatás további területei: A genetikai markerek kutatása terén a *vércsoport*, enzim- és szérumpolimorfizmus vizsgálá-

tokat kell kiemelni. ABO és Rh: BACKHAUSZ és NEMESKÉRI (1955, 1960), EIBEN (1964), REX-KISS és HORVÁTH (1971). BALOGH (1975), PAP (1979), TAUSZIK és SIMONOVITS (1980).

A *szérumcsoportok* közül a haptoglobín génfrekvenciára vonatkozó adatokat közölte BUDVÁRI (1962), HORVÁTH és SIMON (1963), WALTER (1965), WALTER és NEMESKÉRI (1967), REX-KISS és SZABÓ (1971), HEVÉR (1976), PAP (1979), PAP et al. (1978).

A Gc-géngyakoriságokról WALTER (1965), WALTER és NEMESKÉRI (1967), JOÓ et al. (1968), PAP (1979) vizsgálatai ismertek. Hatékony vizsgálómódszerek kerültek a populációgenetikai kutatás eszköztárába az elektorforetikus, általában a biokémiai módszerek elterjedése révén. A *vörösvérsejt és szérum enzim-polimorfizmus* rutinvizsgálatok köre jelentősen bővült az igazságügyi orvostani gyakorlatban.

Populációgenetikai szempontból az SP, PGM, AK, ADA, GPT, EsD izoenzimek vizsgálatát emelhetjük ki (SZABÓ 1980, PAP 1979, PAP és BÉRES 1981).

A hemoglobin-S és glukóz-6-foszfát dehidrogenáz def. megoszlásáról WALTER et al. (1965) a pseudocholinesteráz előfordulásáról WALTER et al. (1965) közöltek populációgenetikai adatokat.

A genetikai markerek vizsgálatának sorában fontos megemlíteni a protán és deután zavarok, a szintézisvesztés gyakoriságának feltérképezését (EIBEN és BAKONYI 1971, EIBEN és KARDOS 1978, PAP 1979, PAP et al. 1983).

A recens népeiségek *multifaktoriális* meghatározottságú jellegvariációiról igen gazdag ismeretanyag áll rendelkezésünkre. E kutatási terület áttekintése nem tartozik e tanulmány tárgykörébe. Itt csupán azokra a tanulmányokra hivatkozunk, amelyek összefoglaló jellegüknel fogva is körülhatárolják a kutatási témákat. Az idevágó kutatások egy-egy populációra vagy a jellegvariációk regionális összehasonlító vizsgálatára vonatkoznak (NEMESKÉRI és THOMA 1961, FARKAS és LIPTÁK 1970, FARKAS 1982, KELEMEN 1968, EIBEN 1972, 1982, SZILÁGYI 1976, GLADKOVA és TÓTH 1973, 1975, GYENIS 1974, 1983, PAP 1979, BACSÓ et al. 1981, BODZSÁR 1982).

\*

(Közlésre beérkezett: 1984. március 24-én.)

#### IRODALOM

- BACKHAUSZ, R.—NEMESKÉRI, J. (1955): Résultats des recherches séroanthropologiques effectuées au Bodrogeköz (Hongrie Nord-Est). — J. Génét. hum. 4; 219—233.  
— (1960): Häufigkeit der ABO-Blutgruppen und des D-Faktors in Ungarn. — Z. Morph. Anthrop. 51; 103—112.  
BACSÓ, J.—PAP, M.—MÁTHÉ, G. (1981): Preliminary results in the determination of Zn distribution in a human population. — Coll. Anthrop. Suppl. 5; 13—16.  
BALOGH, E. (1975): A génfrekvencia változásának vizsgálata egy kelet-magyarországi populáció (Turricse) egy nagy családi ágának (M. Garda) hat nemzedékén. — Anthrop. Közl. 19; 31—45.  
BODMER, W. F.—CAVALLI-SFORZA, L. L. (1976): *Genetics, Evolution and Man*. — W. H. Freeman and Co., San Francisco.  
BODZSÁR, É. B. (1982): The indices of the physique and the socio-economic factors based on a growth study in Bakony girls. — Anthrop. Közl. 26; 129—134.  
BUDVÁRI, R. (1962): A haptoglobincsoportok. — Orv. Hetil. 103; 1112—1116.

- BUETTNER-JANUSCH, J. (1973): *Physical Anthropology: A Perspective*. — J. Wiley, Inc. New York, London, Sydney, Toronto.
- CAVALLI-SFORZA, L. L.—BODMER, W. F. (1971): *The Genetics of Human Populations*. — Freeman and Co. San Francisco.
- CSOKNYAY J. (1978): Szamosangyalos népességének biodemográfiai és családrekonstrukciós vizsgálata. — Doktori értekezés, Debrecen, 190 p.
- CSÖRSZ, K. (1927): Statisztikai, alkattani és öröklődéstanai vizsgálatok az Alföldről. — Debr. T. I. Tud. Egyetem, II. oszt. Munkái, II. 1—151.
- CZEIZEL, E.—BODNÁR, L.—ILLEI, GY.—MOLNÁR, E. (1974): A vérrokon házasságok gyakorisága Magyarországon. — Orv. Hetil. 115; 3091—3094.
- EIBEN, O. (1964): Adatok Vas megye népességének ABO vércsoport és D-faktor megoszlásához. — *Anthrop. Közl.* 8; 83—91.
- (1972): Genetische und demographische Faktoren und Menarchealter. — *Anthrop. Anz.* 33; 205—212.
- (1982): The Körmen growth study: body measurements. — *Anthrop. Közl.* 26; 181—210.
- EIBEN, O.—BAKONYI, H. (1971): A vörös/zöld szintézisvizsgálata egy dél-magyarországi mintában. — *Anthrop. Közl.* 15; 67—68.
- EIBEN, O.—KARDOS, I. (1978): A vörös/zöld szintézisvizsgálata egy északkelet-magyarországi mintában. — *Anthrop. Közl.* 22; 115—116.
- FARKAS, G. (1982): On social and natural factors exerting influence on maturation of girls. — *Anthrop. Közl.* 26; 135—139.
- FARKAS, GY.—LIPTÁK, P. (1970): Újabb adatok a magyarság etnikai embertanához. Tápé népességének antropológiai vizsgálata. — *Anthrop. Közl.* 14; 35—70.
- GLADKOVA, T. D.—TÓTH, T. (1973): Dermatoglyphika Vengrov. — IX. Mezsdun. Kongr. Anthrop. i Etnogr. Nauk. Chicago. Izdatelstvo Nauka, Moszkva, 1—19.
- (1975): K problema proizshozhgyenyija vengrov po dannüm dermatoglyphiki. — *Vopr. Antr.* 51; 43—56.
- GYENIS, GY. (1974): Hautleistensystemuntersuchungen bei drei ungarischen Populationen. — *Humanbiol. Budapest.* 1. 125 p.
- (1983): Észak-magyarországi népességek biológiai távolsága (A palóc néprajzi csoport dermatoglyphiája). — Kandidátusi értekezés, Budapest, 117 p.
- HEVÉR, Ö. (1976): Haptoglobin subtypes in Hungary. — *Hum. Hered.* 26; 324—326.
- HORVÁTH, E.—SIMON, J. (1963): Untersuchungen über die Verteilung der Hp-Typen bei unseren Blut-Spendern. — *Folia haemat. (Leipzig)* 80; 208—212.
- JACQUARD, A. (1974): *The Genetic Structure of Populations*. — Springer, Berlin, Heidelberg, New York.
- JOÓ-SZABADOS, T.—RACKWITZ, A. (1968): Die Verteilung einiger Serumgruppen in der Bevölkerung von Budapest. — *Folia haemat. (Leipzig)* 90; 419—423.
- KELEMEN, A. (1968): Dömsöd, egy központi fekvésű község népességének embertani helye. — *Anthrop. Közl.* 12; 125—160.
- LEVITAN, M.—MONTAGU, A. (1977): *Textbook of human genetics*. — Oxford University Press, New York.
- MARTOS, G.—PAP, M.—HOLLÓ LELESZI, V. (1982): Frequency of consanguineous marriages and degree of endogamy in the population of Mezőkövesd. — *Homo* 33; 168—174.
- MORTON, N. E.—HUSSELS, J. (1970): Demography of inbreeding in Switzerland. — *Hum. Biol.* 42; 65—78.
- NEMESKÉRI, J. (1944): Ivád község — Ivády család. — *Századok* 77; 192—218.
- (1976): Az Ivády nemzetség beházasodási tendenciái és hatásuk Ivád népesedéstörténetére. — *Anthrop. Közl.* 20; 13—54.
- NEMESKÉRI, J.—SZILÁGYI, K.—BALOGH, E.—Joubert, K. (1973): Egy kelet-magyarországi népesség (Turrice) isonómia vizsgálata a pedigrek különböző rokonsági kapcsolatában. — *Anthrop. Közl.* 17; 3—19.
- NEMESKÉRI, J.—THOMA, A. (1961): Ivád: An isolate in Hungary. — *Acta Gen.* 11; 230—250.
- NEMESKÉRI, J.—WALTER, H. (1966): Demográfiai és populációgenetikai kutatások a Bodrogközben. — *Demográfia* 9; 336—341.
- PAP M. (1970): A benki népesség embertani és genetikai vizsgálata. — Doktori értekezés, Debrecen, 140 p.
- (1979): Some aspects of population structure and genetic variability in the Tiszamogyorós population in Hungary. — *Acta Biol. Debr.* 16. Suppl. 1; 1—102.
- PAP, M.—BÉRES, J. (1981): Genetic variations of human esterase D in a Hungarian population. — *Acta Biol. Debr.* 18; (in press).
- PAP, M.—CSOKNYAY, J.—BOGNÁR, G. (1978): Some new data on the population genetics of haptoglobin. — *Acta Biol. Debr.* 15; 323—325.

- PAP, M.—SZILÁGYI, K.—MOLNÁR, V.—MOLNÁR, L. (1983): Frequency of red/green colour blindness in twenty-seven Hungarian populations. — *J. Hum. Evol.* 12; (in press).
- REX-KISS, B.—HORVÁTH, E. (1971): Ergebnisse der Blut- und Serumgruppenbestimmungen in Ungarn. — *Zeitschr. Immun. — Forsch.* 141; 449—459.
- REX-KISS, B.—SZABÓ, L. (1971): Results of haptoglobin types investigation in Hungary. — *Humangenetik* 13; 78—80.
- SCHWIDETZKY, I. (1979): Paleo-population genetics. — *J. Hum. Evol.* 8; 661—667.
- (1982): Paläo-Populationsgenetik: Eine Einführung. — *Homo* 33; 65—69.
- SZABÓ, L. (1980): A vörösvérsejt izoenzim polimorfizmusok jelentősége a származásmegállapításban. — *Kandidátusi értekezés, Budapest*, 145 p.
- SZILÁGYI, K. (1976): Börlérendszeri minták nemzedékenkénti változásai a turricsei Garda nemzetség választott ágaiban. — *XII. Biol. Vándorgy. Debrecen*, 230.
- TAUSZIK, T.—SIMINOVITS, J. (1980): Magyarország népességének vércsoport térképezése az ABO és Rh(D) gyakoriság szerint. Bevezető tanulmány. — *Transzfúzió* 13; 19—24.
- WALTER, H. (1965): Untersuchungen zur Häufigkeitsverteilung der Serumgruppen Hp, Gc und Gm in Ungarn, sowie in West- und Osteuropa. — *Anthrop. Anz.* 29; 313—321.
- WALTER, H.—NEMESKÉRI, J. (1967): Demographical and serogenetical studies on the population of Bodrogköz. (NE Hungary). — *Hum. Biol.* 39; 224—240.
- WALTER, H.—NEUMANN, S.—BACKHAUSZ, R.—NEMESKÉRI, J. (1965): Populationsgenetische Untersuchungen über die Pseudocholinesterase-Varianzen bei Ungarn und Deutschen. — *Humangenetik* 1; 551—556.
- WALTER, H.—NEUMANN, S.—NEMESKÉRI, J. (1965): Populationsgenetische Untersuchungen über die Verteilung von Hämoglobin S und Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenasemangel im Bodrogköz (NO-Ungarn). — *Humangenetik*, 1; 651—657.
- WRIGHT, S. (1931): Evolution in Mendelian populations. — *Genetics* 16; 97—159.
- (1967—1977): *Evolution and the Genetics of Populations* — Vol. I—IV. Genetic and Biometric Foundations, Chicago, University of Chicago Press.

A szerző címe: DR. PAP MIKLÓS

Author's address: KLTE Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszéke  
Debrecen  
H-4010

