

# Antropogenetiese verband tussen Negerbevolkingsgroepe in Suid-Afrika gegrond op genetiese afstandsbeplings („genetic distances”)

H.W. Hitzeroth  
Afrika-Instituut van S.A., Pretoria\*

## OPSOMMING

*Die studie is daarop gemik om die antropogenetiese verband tussen Negerbevolkingsgroepe in Suid-Afrika te bepaal. Die metode wat daarvoor aangewend word, is gegrond op die bepaling van genetiese afstande “genetic distances”), waaroor daar in die nuwere wetenskaplike literatuur verskeie formules ontwikkel is. Die data bestaan uit frekwensies van alleliese gene vir nege genetiese iso-ensiempolimorfismes, naamlik GPT, PGM<sub>1</sub>, PGM<sub>2</sub>, AcP, AK, EsD, GLO, G-6-PD en 6-PGD (afkortings word in teks verklaar), wat op sewe bevolkingsteekproewe, naamlik Ndebele, Pedi (Noord-Sotho), Shangana-Tsonga, Swazi, Venda, Tswana (Wes-Sotho) en Zulu bepaal is. Die resultate dui op 'n spesifieke patroon van genetiese ooreenstemminge en verskille tussen die bevolkingsgroepe. Hierdie bevinding word bespreek en geïnterpreteer in terme van moontlike etnogeografiese, ekogenetiese en bevolkingsgenetiese verklarings.*

## SUMMARY

*Anthropogenetic relationship between Negro population groups in South Africa based on genetic distances*

*The present study aims to establish the anthropogenetic relationship between Negro population groups in South Africa. The method applied for this purpose is based on the calculation of genetic distances for which several formulae have been developed in the recent scientific literature. The data consists of frequencies of allelic genes for nine genetic isoenzyme polymorphisms, namely GPT, PGM<sub>1</sub>, PGM<sub>2</sub>, AcP, AK, EsD, GLO, G-6-PD and 6-PGD (abbreviations are explained in the text), which were determined on seven population samples, namely Ndebele, Pedi (Northern Sotho), Shangana-Tsonga, Swazi, Venda, Tswana (Western Sotho) and Zulu. The results suggest a specific pattern of genetic resemblances and differences between the population groups. This finding is discussed and interpreted in terms of possible ethnogeographic, ecogenetic and population genetic explanations.*

## 1. Inleiding

Die heterogene bevolkingsamestelling van Suider-Afrika het oor die afgelope dekades uitdagende en vrugbare moontlikhede vir antropobiologiese navorsing gebied. Onder andere was die navorsing enersyds toegespits op die fisies antropologiese verband tussen die Bantusprekende Neger, die Khoi-khoi (of Hottentotte) en die San (of Boesmans), en andersyds op die fisies antropologiese variabiliteit tussen die stamme en etniese eenhede van die Suid-Afrikaanse Neger.

Met betrekking tot eersgenoemde onderwerp is die Khoi-khoi en die San op grond van baie ooreenstemmende fisies morfologiese kenmerke tot 'n enkele antropobiologiese eenheid, die Khoisan, saamgevat (Schultze, 1928; vgl. Hitzeroth, 1972). Meer onlangse navorsingsresultate, veral op die terrein van serogenetiese eienskappe (d.w.s. bloedgroepe en serum-

proteïnes), is vervolgens geïnterpreteer as aanduiding van 'n betekenisvolle mate van antropogenetiese ooreenstemming tussen die saamgevattede Khoisan en die Neger. Die afleiding het inderdaad aanleiding gegee tot die postuleer van 'n allesomvattende „African“ antropobiologiese eenheid (Zoutendyk et al., 1953; 1955; Weiner en Zoutendyk, 1959; Singer en Weiner, 1963; Singer, 1968; 1978). Dié hipotese is egter oor die algemeen skepties opgeneem en onder andere deur Tobias (1974) in 'n aanvaarbaarder perspektief geplaas. Nietemin, 'n betreklik groot mate van antropogenetiese ooreenstemming tussen die Khoisan en die Neger word wel uit die beskikbare data afgelui (vgl. Tobias, 1966; 1974). Met gebruikmaking van meerveranderlike metodes van statistiese ontleding (spesifiek die Penrose-metode) en gegrond uitsluitlik op kwantitatiewe kenmerke (d.w.s. afgesien van unieke morfologiese onderskeidende kenmerke), kon die antropometriese differensiasie tussen die Khoisan en die Suid-Afrikaanse Neger op 'n meer spesifieke wyse aangevoer word (Knussmann en Rösing, 1974; 1977;

\*Huidige adres: Departement van Gesondheid en Welsyn, (Genetiese Dienste), Pretoria.

Hitzeroth, 1976).

Met betrekking tot die fisies antropologiese variabiliteit tussen die stamme en etniese eenhede van die Suid-Afrikaanse Neger (soos etnologies gedokumenteer, onder anderdeur Van Warmelo, 1937; 1974; Wilson, 1969; Breutz, 1975), was daar menige antropometriese en morfologiese studie spesifiek daarop gerig (Dart, 1937; De Villiers, 1968; Tobias, 1974; vgl. Hitzeroth, 1972). Gelyktydig met hierdie klassiek fisies antropologiese benadering is daar meer bepaald ook die frekwensie van serogenetiese merkers vir vergelykende antropogenetiese doeleindes in aanmerking geneem. Inderdaad, reeds sedert die vroegste toepassing van bloedtiperings in Suid-Afrika is daar uiteenlopende antropogenetiese hipoteses ter verklaring van waargenome verskille en ooreenstemmings tussen Suid-Afrikaanse bevolkingsgroepe aangevoer (Pirie, 1921; Pijper, 1930; 1932; 1935; Elsdon-Dew, 1934; 1935; 1936; 1936 a; 1939; Shapiro, 1951; 1951 a; 1953). Sodanige vergelykende antropogenetiese studies kan natuurlik op 'n baie meer betroubare basis geplaas word, indien andersyds die spektrum van genetiese kenmerke wat in aanmerking geneem word, uitgebrei kan word en indien andersyds geskikte meer-veranderlike wiskundig-statistiese metodes van vergelykende ontledings aangewend kan word. Aan albei hierdie vereistes kan daar intussen voldoen word.

Gedurende die afgelope aantal jare is daar 'n verskeidenheid van wiskundig-statistiese formules ontwikkel waarvolgens verskille tussen bevolkings in terme van allelfrekwensies vir 'n willekeurige aantal genetiese loci tot 'n enkele parameter van genetiese afstand („genetic distance“) saamgevat kan word. Die teoretiese basis van die bekendste en besbeproefde van hierdie formules is deur Smith (1977) vergelykend en krities bespreek. In die onderhawige studie word daar ses verskillende afstandsformules op die gegewe data prakties toegepas en geëvalueer.

Die spektrum van genetiese kenmerke (loci) wat op bevolkingsteekproewe getoets kan word, is oor die afgelope jare besonder vinnig uitgebrei. Naas die genetiese variasie tussen bevolkings in terme van bloedgroepe en serumfaktore is daar sedertdien ook 'n soortgelyke variasie ten opsigte van 'n groot verskeidenheid van iso-ensiempolimorfismes gedokumenteer. Die meer-veranderlike afstandsberkening waarop hierdie studie gebaseer is, word gegrond op die volgende nege iso-ensiempolimorfismes, waarvan elkeen 'n mate van variasie tussen die afsonderlike Negersteekproewe openbaar: Glutamaatpiruvaattransaminase (GPT), Fosfoglukomutase 1 ( $PGM_1$ ), Fosfoglukomutase 2 ( $PGM_2$ ), Suurfosfatase (AcP), Adenilaatkinase (AK), Esterase D (EsD), Glioksalase I (GLO), Glukose-6-fosfaatdehidrogenase (G6PD) en 6-Fosfoglukonaatdehidrogenase (6PGD). Die genetiese afstande soos uit die data bereken, word vervolgens bespreek in terme van moontlike antropogenetiese en ekogenetiese verklarings wat dalk tot die waargenome genetiese afstandsprofiel kon bygedra het.

## 2. Bevolkingssteekproewe en Ontledingsmetodes

Die steekproewe waarop hierdie ondersoek gebaseer

is, omvat die volgende sewe etniese groepe uit Suid-Afrika: Ndebele, Noord-Sotho (Pedi), Shangana-Tsonga, Swazi, Venda, Tswana (Wes-Sotho) en Zulu. In totaal is daar 998 persone ondersoek, waarvan die Venda met  $n=47$  en die Swazi met  $n=69$  die kleinste twee en die Noord-Sotho met  $n=275$  die grootste steekproewe verteenwoordig. Die besonderhede met betrekking tot die steekproefneming en die samesetting van elke steekproef is by vorige geleenthede reeds volledig uiteengesit (Hitzeroth et al., 1976; Bender et al., 1977; Hitzeroth en Hummel, 1978).

Die bepaling van die genetiese variasie tussen die steekproewe in terme van die genoemde iso-ensiempolimorfismes is gegronde op die konvensionele styselgelektroforese en ensiempesifieke formasaankleurung. Die allelfrekwensies is volgens standaard bevolkingsgenetiese metodes bereken. Alle tegniese en rekenkundige besonderhede, tesame met die ru-data, is reeds soos volg gepubliseer: vir EsD (Hitzeroth et al., 1976); vir GLO (Bender et al., 1977); vir G6PD en 6PGD (Hitzeroth en Bender, 1980); vir GPT,  $PGM_1$ ,  $PGM_2$ , AcP en AK (Hitzeroth et al., 1981).

Die genetiese afstandsbeplings is gebaseer op die ses formules, naamlik vir  $D^2$ ,  $O^{2*}$ ,  $K^*$ ,  $L^*$ ,  $G^*$  en  $H$  soos uiteengesit (Smith, 1977). Na inspeksie van die berekende afstande is vasgestel dat die formules vir  $O^{2*}$ ,  $K^*$ ,  $L^*$ , en  $G^*$  feitlik identiese waardes oplewer (slegs geringe verskille in die vierde desimale syfer), terwyl dié gebaseer op  $D^2$  en  $H$  duidelik awyk, onder ander in alle gevalle waar die Shangana-Tsonga en die Swazi by die twee-twee-vergelykings betrokke is. 'n Verdere teoretiese en praktiese vergelykende evaluering van die wiskundig-statistiese metodes word vir 'n opvolgstudie in die vooruitsig gestel. As gevolg van bogenoemde waarneming t.o.v. die formules is die resultate verkry uit die formules vir  $O^{2*}$ ,  $K^*$ ,  $L^*$ , en  $G^*$  saamgevat en die verdere bespreking dan daarop gebaseer (vgl tabel 1). Vir die doeleindes van die hieropvolgende ontleding van die data is daar twee stelle van genetiese afstande bereken: die een stel is gebaseer op die vyf iso-ensiempolimorfismes GPT,  $PGM_1$ ,  $PGM_2$ , AcP en AK, d.w.s.  $m=5$  loci; die tweede stel is gebaseer op bogenoemde vyf plus die orige vier iso-ensiempolimorfismes G6PD, 6PGD, EsD en GLO, d.w.s.  $m=9$  loci. Die seleksie van die eersgenoemde vyf loci is gegronde op arbitrière oorwegings.

## 3. Resultate en Bespreking

Die berekende genetiese afstande tussen elkeen van die sewe Negersteekproewe gebaseer op  $m=5$  en  $m=9$  iso-ensiem loci respektiewelik is in tabel 1 aangegetoon. 'n Algemene waarneming wat uit 'n inspeksie van die waardes voortvloeï, is die betreklik groot afstandsintervalle tussen die grootste en die kleinste genetiese afstande. Vir  $m=5$  loci is die interval 0,0028–0,0294, en vir  $m=9$  loci is dit 0,0063–0,0493. Dit wil dus voorkom of die genetiese afstande tussen

\*Die letters O, K, L en G stel die Griekse letters „Omega“, „Kappa“, „Lambda“ en „Gamma“ voor.

**TABEL 1**  
**Genetiese afstande tussen sewe Negerbevolkingsgroep in Suid-Afrika gegrond op  $m = 5$  en  $m = 9$  iso-ensiemloci respektiewelik en op die formules vir  $O^{2*}$ ,  $K^*$ ,  $L^*$ , en  $G^*$  afstandsparameters (sien teks)**

	Ndebele	N. Sotho (Pedi)	Shangana-Tsonga	Swazi	Venda	Tswana (W. Sotho)	Zulu
Ndebele	— —						
N. Sotho (Pedi)	0,0032 0,0071	— —					
Shangana-Tsonga	0,0163 0,0126	0,0164 0,0147	— —				
Swazi	0,0065 0,0199	0,0158 0,0375	0,0224 0,0372	— —			
Venda	0,0177 0,0187	0,0209 0,0188	0,0229 0,0185	0,0159 0,0493	— —		
Tswana (W. Sotho)	0,0028 0,0063	0,0079 0,0097	0,0157 0,0157	0,0053 0,0217	0,0141 0,0203	— —	
Zulu	0,0130 0,0137	0,0176 0,0179	0,0294 0,0221	0,0069 0,0316	0,0239 0,0201	0,0116 0,0160	—

die bevolkingsteekproewe 'n betreklik groot variasie toon.

'n Verdere onverwagte indruk voortvloeiende uit die resultate is dat die genetiese afstande vir  $m=9$  gemiddeld heelwat hoër is as dié vir  $m=5$ . Aangesien die berekende waardes rekenkundige gemiddeldes voorstel, dui bogenoemde waarneming daarop dat die vier addisionele genetiese polimorfismes (ingesluit by  $m=9$ , maar uitgesluit by  $m=5$  loci) oor die algemeen heelwat groter genetiese verskille openbaar en dus heelwat meer tot die afstandsparameters bydra as die vyf gemeenskaplike polimorfismes (ingesluit sowel by  $m=5$  as by  $m=9$  loci). Hierdie waarneming sal vervolgens in groter besonderheid bestudeer word (vgl. hieronder).

Met betrekking tot die kleinste afstandsparameters tussen tweetalle van steekproewe kan 'n mate van ooreenstemming tussen  $m=5$  en  $m=9$  loci opgemerk word. In albei gevalle is die genetiese afstande tussen Ndebele:Tswana, Ndebele:Pedi en Tswana:Pedi besonder laag. Bykomend kan vir  $m=5$  loci ook baie geringe afstande tussen Swazi aan die een kant teenoor Ndebele, Tswana en Zulu aan die ander kant opgelet word. Vir  $m=9$  loci toon die drie laasgenoemde tweetwee vergelykings egter hoë afstandswaardes. Hieruit volg dat met die insluiting van die addisionele vier genetiese polimorfismes vir  $m=9$ , die afstandswaardes veral m.b.t. die Swazi opmerklik groter is as vir  $m=5$  loci. Daar sal gevolglik vasgestel moet word of hierdie waarneming 'n egte en verklaarbare genetiese ver-

skynsel dan wel 'n artefak, d.w.s. 'n toevallige eienaardigheid van die data en/of steekproefneming verteenwoordig.

Met betrekking tot die grootste afstandsparameters tussen tweetalle van steekproewe is die ooreenstemming tussen  $m=5$  en  $m=9$  loci minder opvallend as vir die kleinste afstande. Betreklik hoë waardes word in albei gevalle bereik tussen Shangana-Tsonga en Zulu, asook Shangana-Tsonga en Swazi. Hierteenoor kom daar ook 'n aantal verskille tussen  $m=5$  en  $m=9$  loci tot uiting: die afstande tussen die steekproefpare Swazi:Venda, Swazi:Pedi en Swazi:Zulu vir  $m=5$  is betreklik laag, terwyl dit vir  $m=9$  van die grootstes is. Hierdie waarneming stem ooreen met wat hierbo reeds m.b.t. vergelykings met die Swazisteekproef (vir die kleinste afstandsparameters) beklemtoon is. Omgekeerd, die afstande tussen die steekproefpare Venda:Pedi, Venda:Shangana-Tsonga en Venda:Zulu vir  $m=5$  is besonder hoog, terwyl dit vir  $m=9$  slegs middelmatig is. Dit wil dus voorkom of met die insluiting van die addisionele vier genetiese polimorfismes vir  $m=9$  die afstandswaardes m.b.t. die Venda opmerklik kleiner is as vir  $m=5$  loci. Ook hierdie waarneming sal vervolgens ondersoek moet word in terme van die moontlike verklarings wat vir die Swazi (vgl hierbo) uitgewys is.

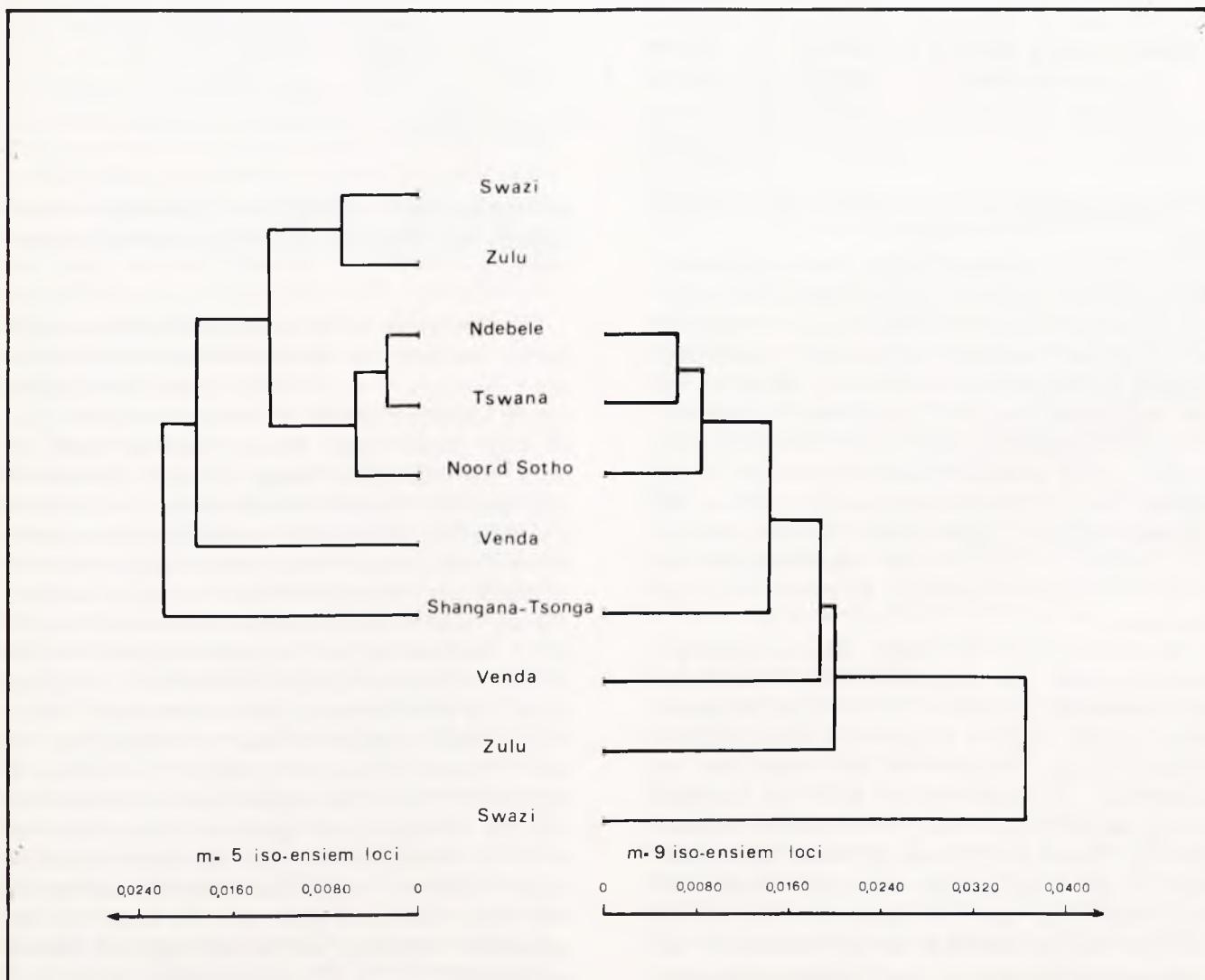
Na aanleiding van die waarneming soos hierbo beklemtoon, dat naamlik met die insluiting van die iso-ensiempolimorfismes G6PD, 6PGD, EsD en GLO in

die vergelykende afstandsbeplings, die genetiese afstande van die Swazi- en die Vendasteekproewe teenoor die ander, respektiewelik opmerklik groter en kleiner is as wanneer slegs  $m=5$  loci betrek word, is dit nodig om die oorspronklike allelfrekwensies nog eens na te gaan. 'n Inspeksie van die ru-data toon inderdaad dat vir die Swazi die allelfrekwensies vir  $\text{EsD}^1 = 1,00$  en vir  $\text{GLO} = 0,825$  heelwat hoër is as die ooreenkomsstige frekwensies van enigeen van die ander steekproewe (Hitzeroth et al., 1976; Bender et al., 1977). Eweneens is vir die Venda die allelfrekwensies vir  $\text{PGM}_1 = 0,7333$ , vir  $\text{PGM}_2 = 0,9778$  en ook vir die AcP-polimorfisme opvallend verskillend van ooreenkomsstige frekwensies van een van die ander steekproewe (Hitzeroth et al., 1981). Dit wil dus voorkom asof die allelfrekwensies van slegs sommige van die isoensiempolimorfismes, veral by *hierdie twee steekproewe*, 'n uitsonderlike mate van afwyking toon en dus vir die opvallende variasiepatroon ten opsigte van die genetiese afstande verantwoordelik kan wees. Sodanige afleiding word gesteun deur die feit dat die resultate vir die Venda ( $n=47$ ) en die Swazi ( $n=69$ ) op die kleinste twee van al die steekproewe gegrond is.

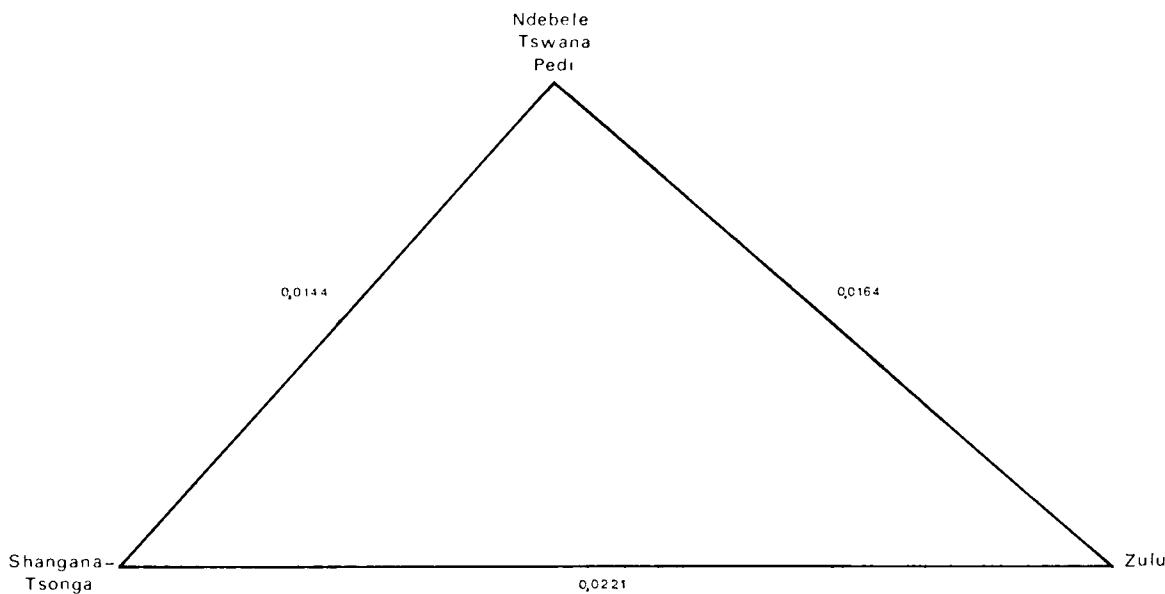
Die bespreking van steekproefgroottes waarna hierbo verwys is, sal gegronde moet wees op die foutvariansie van 'n multinomiaalverdeling. Smith (1977; p.477, formule 10.8) gee 'n *benaderde verband* tussen die standaardfout (van die „measure of divergence”, of gemiddelde genetiese afstand tussen bevolkingsgroepes  $X$  en  $Y$ ), die „measure of divergence” of gemiddelde genetiese afstand as sodanig en die steekproefgroottes  $n_X$  en  $n_Y$ , afkomstig van die twee bevolkings  $X$  en  $Y$ . Soos daar genoem, geld hierdie benaderde wiskundige verband ook as gebruik gemaak word van alleliese geen-frekwensies in plaas van fenotiepfrekwensies, met dié voorbehoed dan dat  $n_X$  (of  $n_Y$ ) = aantal alleliese gene =  $2 \times$  aantal persone in steekproef  $X$  (of  $Y$ ). Vervolgens is vir die doeleindes van hierdie bespreking veronderstel dat die twee steekproewe afkomstig van bevolkings  $X$  en  $Y$  ewe groot sal wees (wat die optimale situasie sal wees); dit wil sê  $n_X = n_Y = 2n$ . Volgens hierdie aannames kan formule 10.8 (Smith, 1977; p.477) soos volg geskryf word:

$$\text{SE} = 2 \cdot \text{div}/n$$

waar  $\text{SE}$  = die standaardfout van die genetiese afstand;  $\text{div}$  = die „measure of divergence” of gemiddel-



FIGUUR 1. Dendrogram ter illustrasie van die genetiese verband tussen sewe Negerbevolkingsgroepes in Suid-Afrika in terme van genetiese afstande („genetic distances”), soos in tabel 1 gelys



*FIGUUR 2. Illustrasie van die genetiese afstande tussen enkele geselekteerde bevolkingsgroepe (sien teks), gegrond op die data van tabel 1*

de genetiese afstand en  $n =$  die steekproefgrootte is. Vervolgens is aangeneem dat  $\text{div} \geq 2 \times \text{SE}$  moet wees indien die genetiese afstand tussen steekproewe X en Y betekenisvol verskil. Na substitusie van hierdie verband in bogenoemde formule en vereenvoudiging volg:  $n \geq 16/\text{div}$ .

Uit tabel 1 (vir  $m = 9$  loci) kan afgelei word dat die kleinste en grootste genetiese afstande van die Venda en die Swazi enersyds teenoor alle ander bevolkingsgroepe andersyds waargeneem word by die vergelyking Venda teenoor Shangana-Tsonga (genetiese afstand = 0,0185) en Swazi teenoor Venda (genetiese afstand = 0,0493) respektiewelik. Na substitusie van daardie onderskeie uiterste genetiese afstande in laasgenoemde formule volg dit dat die steekproefgroottes in die orde van minstens  $n = 325$  tot  $n = 865$  persone behoort te wees (afhangende van die genetiese afstand wat tussen die bevolkingsgroepe vasgestel is) ten einde statisties betroubare bevolkingsgenetiese afleidings te verseker. Omgekeerd kan afgelei word dat met steekproefgroottes van  $n = 47$  en  $n = 69$  (vgl. Venda en Swazi van hierdie studie) die genetiese afstande in die grootte-orde van 0,34 en 0,23 respektiewelik behoort te wees alvorens hulle as betekenisvol aangetoon kan word. By steekproefgroottes van minder as die vereiste aantal moet rekening gehou word met die betreklik hoë waarskynlikheid dat die statistiese betroubaar-

heidsintervalle (soos gedefinieer deur die standaardfout van elke afstandsbepling) die relatief geringe genetiese afstande tussen die Venda en Swazi enersyds en die ander steekproewe andersyds oorskry en dit insluit. In die lig van bogenoemde lyk dit geregtig om af te lei dat toevallige variasie eerder as 'n egte genetiese effek vir die inkonsistente genetiese afstandsbeplings teenoor die Swazi en Venda verantwoordelik is. Dit volg ook uit hierdie bevinding in die algemeen dat die genetiese afstande soos in tabel 1 gelys, verkiesslik op heelwat groter steekproewe gebaseer behoort te wees alvorens die waargenome afstande in terme van statisties betekenisvolle verskille geëvalueer kan word. Die onderstaande interpretasie en besprekking van die resultate moet dan ook eerder gesien word as die uitkenning van moontlike patronen van ooreenstemminge en differensiasie en nie (in hierdie stadium) as wiskundig-statistiese afleidings nie.

Afgesien van bogenoemde uitsonderlike effekte wat met die Swazi- en Vendasteekproewe in verband staan, toon die afstandsbeplings ten opsigte van die origine bevolkingsteekproewe sowel vir  $m = 5$  as vir  $m = 9$  loei 'n herkenbare en konsistente patroon. Die Ndebele, Pedi en Tswana vorm naamlik 'n groep wat betreklik geringe genetiese afstande tussen mekaar vertoon. Die genetiese afstande van hierdie drie teenoor die Shangana-Tsonga en die Zulu is matig groot, ter-

wyl die genetiese afstand tussen die laasgenoemde tweetal heelwat hoër is. Hierdie gevolg trekking word in die dendrogram van figuur 1, asook in vereenvoudigde vorm in figuur 2 uitgebeeld. Hierdie spesifieke afstandsprofiel sal vervolgens in die lig van verskillende moontlike verklarings nader ondersoek moet word (vergelyk ook oorsprong en samestelling van die steekproewe soos aangehaal).

Uit 'n etnogeografiese oogpunt beskou, volg dit dat veral Ndebele en Noord-Sotho, asook Ndebele en Tswana reeds sedert baie geslagte in noue geografiese, biologiese en kulturele kontak met mekaar lewe. Vervolgens hoort die Tswana (Wes-Sotho) en die Pedi (Noord-Sotho) tot die oorkoepelende groep van Sotho-sprekende volkere in Suider-Afrika. Bogenoemde feite strook met die bevinding van 'n betreklike nou antropogenetiese ooreenstemming tussen die Ndebele, Pedi en Tswana. Hierteenoor is uit etnohistoriese bronne (Wilson, 1969; Van Warmelo, 1974) duidelik dat die Shangana-Tsonga Transvaal uit Mosambiek binnegedring het en naas die Nguni-(Shangana-)element uit Natal ook 'n groot Tsonga-komponent uit Mosambiek in hulle samestelling herberg. Dit wil voorkom asof hierdie feit weerspieël word deur die hoër genetiese afstande tussen die Shangana-Tsonga en die ander bevolkingsgroepe. Naas bogenoemde beknopte uiteensetting kan dit lonend wees om by wyse van opvolgstudies verdere etno-historiese en etnogeografiese leidrae in fyner besonderhede op te volg ten einde die antropogenetiese waarnemings van hierdie studie verder te kan verklaar.

'n Tweede oorweging ter verklaring van die waargenome genetiese afstandsprofiel gaan uit van die moontlikheid van ekogenetiese seleksie en aanpassing aan verskillende biologies-klimatologiese omgewings-toestande en alle faktore wat daar mee gepaard gaan. Die navorsing na die aanpassingswaarde van baie van die genetiese polimorfismes, veral ook die iso-ensiempolimorfismes van hierdie studie, en die redes vir hulle kenmerkende geografiese verspreidingspatroon staan heeltemal aan die beginpunt van belowende navorsing. Slegs t.o.v. die iso-ensieme van die G6PD-polimorfisme kon daar met 'n hoë mate van waarskynlikheid uitgewys word dat die verspreiding daarvan ook in Suider-Afrika gekorreleer is met (en waarskynlik veroorsaak is deur) die voorkoms van malaria (Hitzeroth en Bender, 1980). Daar kan verwag word dat ook van die ander genetiese polimorfismes dalk onderworpe is aan sodanige effekte van seleksie en aanpassing en dat van die waargenome variasie tussen bevolkings dalk daaraan toegeskryf kan word.

'n Verdere rigting van ondersoek, wat eweneens in hierdie verband ter sake is, gaan uit van die moontlikheid van oneweredige verbastering tussen Khoisan-aan die een kant en Negervolkere aan die ander kant gedurende lang periodes van buurskap in Suider-Afrika. Hiervolgens sou moontlik suidoostelike Negervolkere vir langer periodes in nouer geografiese en biologiese kontak met Khoisanvolkere gelewe het as byvoorbeeld die noordeliker Negervolkere. Die effek hiervan sou dan vir die waargenome genetiese afstandsprofiel (ten minste gedeeltelik) verantwoordelik

kan wees. Verbastering tussen Khoisan en Neger is inderdaad omvattend gedokumenteer (vgl. De Villiers, 1968; Hitzeroth, 1972; Tobias, 1974), en eerste vergelykende antropogenetiese bevindinge dui inderdaad op ongelyke bydraes van Khoisan tot die samestelling van die huidige Suider-Afrikaanse Neger (Jenkins et al., 1970; Jenkins en Corfield, 1972). 'n Ondersoek meer spesifiek en kwantitatief op die onderhawige probleem toegespits, sou vereis dat bevolkingsgenetiese studies gegrond op 'n reeks verteenwoordigende genetiese merkers en op meer veranderlike afstandsparameters, soos in hierdie studie reeds toegepas, ook tot Khoi- en Sansteekproewe uitgebrei sal moet word.

Vrae en skynbare teenstrydighede wat na aanleiding van laasgenoemde bespreking na vore kom en afsonderlik opgevolg behoort te word, is:

- (a) Hoe kan die gepostuleerde relatiewe antropogenetiese homogeniteit van die hedendaagse Suider-Afrikaanse Neger (vgl. Shapiro, 1951; 1951a; 1953; De Villiers, 1968; Tobias 1974) verklaar word in die lig van die groot skommeling van Khoisanbydraes tot sy genetiese samestelling; byvoorbeeld Xhosa 60%, teenoor Ndebele 5% Khoisanbydrae (Jenkins et al., 1970)?
- (b) Hoe is die groot mate van antropogenetiese ooreenstemming tussen Khoisan en Neger, waarna in die inleiding verwys is (vgl o.a. Tobias, 1966; 1974), versoenbaar met sulke opvallende verskille tussen hulle, t.o.v. sekere polimorfismes dat hulle by uitstek dien om die groot verskille in Khoisanbydraes tot die samestelling van die Suider-Afrikaanse Neger te kwantifiseer (Jenkins et al., 1970)?

Dit wil voorkom of albei probleme verband hou met die bevolkingsgenetiese eienaardighede van die klein aantal spesifieke genetiese merkers wat hieraan ten grondslag lê en bestudeer is. Dit sou dan des te meer regverdiging bied vir 'n meer veranderlike analitiese benadering gegrond op baie meer en gesikte genetiese kenmerke ten einde genoemde probleme verder na te gaan.

#### 4. Erkenning

Die berekening van die genetiese afstande is by die Rekensentrum van die Universiteit van die Witwatersrand, Johannesburg, uitgevoer. Die basiese antropogenetiese navorsing is deur die Alexander von Humboldt-Stiftung, Bonn-Bad, Godesberg, deur toekenning van 'n navorsingsbeurs aan die oueur moontlik gemaak.

#### VERWYSINGS

1. BENDER, K., FRANK, R. & HITZEROTH, H.W. (1977). Glyoxalase 1 polymorphism in South African Bantu-speaking Negroids, *Hum. Genet.*, 38, 223-226.
2. BREUTZ, P.L. (1975). Die Südost-Bantu. In: *Die Völker Afrikas und ihre traditionellen Kulturen*, Teil I. H. Baumann (Franz Steiner Verlag, Wiesbaden).
3. DART, R.A. (1937). I. Racial Origins. In: *The Bantu-speaking Tribes of South Africa* (7de uitgawe, 1962). I. Schapera (Maskew Miller, Kaapstad).
4. DE VILLIERS, H. (1968). *The Skull of the South African Negro*. (Witwatersrand University Press, Johannesburg).

5. ELSDON-DEW, R. (1934). The distribution of the three primitive serological races in the Bantu, *S. Afr. med. J.*, 8, 712-714.
6. ELSDON-DEW, R. (1935). The blood groups of the Hottentot, *S. Afr. med. J.*, 9, 651-653.
7. ELSDON-DEW, R. (1936). The Blood Groups of the Bantu of Southern Africa, *Publication of the SAIMR*, No. 39, Vol. VII, 217-300.
8. ELSDON-DEW, R. (1936). a. The application of blood grouping to South African ethnology, *S. Afr. J. Sci.*, 33, 976-992.
9. ELSDON-DEW, R. (1939). Blood Groups in Africa, *Publication of the SAIMR*, No. 44, Vol IX, 29-94.
10. HITZEROTH, H.W. (1972). Die Fisiese Antropologie van die Inheemse Mense in Suidelike Afrika, *Mededeling van die Afrika-Instituut Nr. 18*. (Afrika-Instituut, Pretoria).
11. HITZEROTH, H.W. (1976). On the identity of the stone-working Tjimba of South West Africa. A comparative multivariate anthropometric analysis, *Cimbebasia* (Series B), 2, 209-226.
12. HITZEROTH, H.W., BENDER, K. & WOLFSWINKEL, J.M. (1976). Esterase D polymorphism in South African Negroids. *S. Afr. J. Sci.*, 72, 301-303.
13. HITZEROTH, H.W. & HUMMEL, K. (1978). Serum protein polymorphisms Hp, Tf, Gc, Gm, Inv and Pt in Bantu-speaking South African Negroids, *Anthrop Anz.*, 36, 127-141.
14. HITZEROTH, H.W. & BENDER, K. (1980). Erythrocyte G-6-PD and 6-PGD genetic polymorphisms in South African Negroes, with a note on G-6-PD and the malaria hypothesis. *Hum. Genet.*, 54, 233-242.
15. HITZEROTH, H.W., BENDER, K. & FRANK, R., (1981). South African Negroes: Isoenzyme polymorphisms (GPT, PGM<sub>1</sub>, PGM<sub>2</sub>, AcP, AK and ADA) and tentative genetic distances, *Anthrop. Anz.*, 39, 20-35.
16. JENKINS, T., ZOUTENDYK, A. & STEINBERG, A.G. (1970). Gammaglobulin groups (Gm and Inv) of various Southern African populations, *Am. J. phys. Anthropol.*, 32, 197-218.
17. JENKINS, T. & CORFIELD, V. (1972). The red cell acid phosphatase polymorphism in Southern Africa: population data and studies on the R, RA and RB phenotypes, *Ann. hum. Genet.*, 35, 379-391.
18. KNUSSMANN, R. & RÖSING, F.W. (1974). Die Ähnlichkeitsverhältnisse im südwestlichen Afrika nach anthropometrischen Merkmalen. In: *Biology of Human Populations*. W. Bernhard & A. Kandler (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart).
19. KNUSSMANN, R. & RÖSING, F.W. (1977). The structure of similarities in southwestern Africa according to anthropometric characteristics, *J. hum. Evol.*, 6, 211-215.
20. PIJPER, A. (1930). The blood groups of the Bantu, *Trans. Roy. Soc. S. Afr.*, 18, 310-315.
21. PIJPER, A. (1932). Blood groups of Bushmen, *S. Afr. med. J.*, 6, 35-37.
22. PIJPER, A. (1935). Blood groups in Hottentots, *S. Afr. med. J.*, 9, 192-195.
23. PIRIE, J.H.H. (1921). Blood testing preliminary to transfusion, with a note on the group distribution among South African natives, *Med. J.S. Afr.*, 16, 109-112.
24. SCHULTZE, L. (1928). Zur Kenntnis des Körpers der Hottentotten und Bushmänner, *Jenaische Denkschriften*, 17, Fisher, Jena.
25. SHAPIRO, M. (1951). The ABO, MN, P and Rh blood group systems in the South African Bantu. A genetic study, *S. Afr. med. J.*, 25, 165-170 and 25, 187-192.
26. SHAPIRO, M. (1951). a. Further evidence of homogeneity of blood group distribution in the South African Bantu, *S Afr. med. J.*, 25, 406-411.
27. SHAPIRO, M. (1953). Blood groups and skin colour, *J. forens. Med.*, 1, 2-10.
28. SINGER, R. & WEINER, J.S. (1963). Biological aspects of some indigenous African populations, *S.W.J. Anthropol.*, 19, 168-176.
29. SINGER, R. (1968). Investigations on the Biology of the Hottentot and Bushmen Populations in Southern Africa. In: *Biology of Man in Africa*. Proceedings International Biological Programme, Section Human Adaptability, 1970. T. Dzierzykray-Rogalski (Polish Academy of Sciences, Warskou).
30. SINGER, R. (1978). The Biology of the San. In: *The Bushmen: San Hunters and Herders of Southern Africa*, P.V. Tobias (Human en Rousseau, Kaapstad).
31. SMITH, C.A.B. (1977). A note on genetic distance. *Ann. hum. Genet.*, 40, 463-479.
32. TOBIAS, P.V. (1966). The Peoples of Africa south of the Sahara. In: *The Biology of Human Adaptability*, P.T. Baker & J.S. Weiner (Clarendon Press, Oxford).
33. TOBIAS, P.V. (1974). 1. The Biology of the Southern African Negro. In: *The Bantu-speaking Peoples of Southern Africa*. W.D. Hammond-Tooke (Routledge & Kegan Paul, London).
34. VAN WARMELO, N.J. (1937). III. Grouping and Ethnic History. In: *The Bantu-speaking Tribes of South Africa* (7de uitgawe, 1962). I. Schapera (Maskew Miller, Kaapstad).
35. VAN WARMELO, N.J. (1974). 3. The Classification of Cultural Groups. In: *The Bantu-speaking Peoples of Southern Africa*. W.D. Hammond-Tooke (Routledge & Kegan Paul, London).
36. WEINER, J.S. & ZOUTENDYK, A. (1959). Blood group investigation on Central Kalahari Bushmen. *Nature*, 183, 843-844.
37. WILSON, M. (1969). II. The Nguni People, III. The Sotho, Venda and Tsonga. In: *The Oxford History of South Africa*. M. Wilson en L. Thompson (Clarendon Press, Oxford).
38. ZOUTENDYK, A., KOPEC, A.C. & MOURANT, A.E. (1953). The blood groups of the Bushmen. *Am. J. phys. Anthropol.*, 11, 361-368.
39. ZOUTENDYK, A., KOPEC, A.C. & MOURANT, A.E. (1955). The blood groups of the Hottentots. *Am. J. phys. Anthropol.*, 13, 691-698.

(Vervolg van bl. 55)

## AFDELING INGENIEURSWESE, TAK WITWATERSRAND

### Taalkursus georganiseer deur die Tak Witwatersrand

In opvolging van die kursus i.v.m. *Gevorderde Afrikaans vir Ingenieurs* wat in 1981 aangebied is deur die Tak Noord-Transvaal van die Afdeling Ingenieurswese, het die Tak Witwatersrand in Januarie en Februarie 1982 'n soortgelyke kursus aangebied. Die kursus het ten doel gehad om belangstellendes te help om die taal korrek te gebruik. Algemene taalgebruik, tegniese terme, registerme en vertalings is behandel in lesings deur:

1. Mev. H. van Schalkwyk (Technikon, Pretoria)
2. Prof. A. de V. Cluver (UNISA)
3. Mnr. E. Boshoff (Prokureur van Pretoria)
4. Mnr. J.H. Jordaan (SAS Taalburo)

Die lesings is aangebied op Woensdag 20 Januarie; 27 Januarie; 3 Februarie en 10 Februarie van 17h00 tot 18h30 by die Randse Afrikaanse Universiteit. Die aanbieding het goeie belangstelling uitgelok, aangesien sowat 50 persone geregistreer het.