



รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการ ความผันแปรของโครโมโซม Y ของ
ชาวกะเหรี่ยง ม้ง และเย้า ในภาคเหนือตอนบน
ของประเทศไทยด้วยการวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลท์

โดย ดารุ่ง กังวานพงศ์ และ เมธวี ศรีคำมูล

พฤษภาคม 2545



รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการ ความผันแปรของโครโมโซม Y ของ
ชาวกะเหรี่ยง ม้ง และเย้า ในภาคเหนือตอนบน
ของประเทศไทยด้วยการวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลท์

โดย ดาวรุ่ง กังวานพงศ์ และ เมธวี ศรีคำมูล

พฤศจิกายน 2545

รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการ ความผันแปรของโครโมโซม Y ของ
ชาวกะเหรี่ยง ม้ง และเย้า ในภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย
ด้วยการวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลท์

คณะผู้วิจัย

สังกัด

- | | | |
|------------|------------|--|
| 1. ดาวรุ่ง | กัญวานพงศ์ | ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ |
| 2. เมธิ์ | ศรีคำมูล | ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ |

สนับสนุนโดยสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: BGJ/26/2544

ชื่อโครงการ: ความผันแปรของโครโมโซม Y ของชาวกะเหรี่ยง ม้ง และเข้าในภาคเหนือตอนบนของประเทศไทยด้วยการวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลต์

ชื่อนักวิจัย: รศ.ดร. คารุ่ง กังวานพงศ์
ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
scidkngw@chiangmai.ac.th

นายเมธวี ศรีคำมูล
ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
metawee_s@yahoo.com

ระยะเวลาโครงการ: 1 ปี

ชาวเขา เป็นคำที่ใช้เรียกชนเผ่าต่างๆที่อาศัยอยู่บริเวณพื้นที่สูงในภาคเหนือของไทย ซึ่งส่วนใหญ่จะอพยพเข้ามาในประเทศไทยด้วยเหตุผลหลายประการโดยเฉพาะด้านเศรษฐกิจ ชาวเขาแต่ละเผ่าจะมีวัฒนธรรมที่ผิดกันเป็นของตนเอง อันอาจส่งผลกระทบต่อประกอบทางพันธุกรรมได้ โดยเฉพาะอย่างยิ่งการโยกย้ายที่อยู่หลังแต่งงานซึ่งคาดว่าจะมีอิทธิพลต่อความผันแปรของโครโมโซม Y ได้ จึงได้ทำการศึกษาผลกระทบของธรรมเนียมดังกล่าวโดยวิเคราะห์ความผันแปรของไมโครแซทเทลไลต์ดีเอ็นเอในโครโมโซม Y จำนวน 15 ตำแหน่ง ในประชากรชาวกะเหรี่ยงซึ่งมีการโยกย้ายหลังแต่งงานโดยฝ่ายชายย้ายเข้าบ้านฝ่ายหญิง (ชาย 145 คน) กับประชากรชาวม้งและชาวเข่า (ชาย 97 คน และ 52 คน ตามลำดับ) ซึ่งฝ่ายหญิงจะย้ายเข้าบ้านฝ่ายชายหลังการแต่งงาน ทำการเพิ่มขยายชิ้นส่วนดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยเทคนิค polymerase chain reaction (PCR) โดยใช้ไพรเมอร์ที่คัดลอกด้วยซีฟลูออเรสเซนต์ ตรวจสอบขนาดของผลผลิตที่ได้ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติรุ่น ABI 377 โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ GENESCAN และ GENOTYPER จากการศึกษาชี้ให้เห็นว่า ความผันแปรของประชากรนั้น ได้รับอิทธิพลของการโยกย้ายที่อยู่หลังแต่งงานและการรับบุตรบุญธรรมซึ่งเป็นปัจจัยที่ไม่ได้คาดไว้ จึงกล่าวได้ว่าวัฒนธรรมอันเป็นสิ่งที่มนุษย์มีต่างจากสัตว์อื่นๆ เป็นปัจจัยสำคัญที่ต้องคำนึงถึงในการศึกษาโครงสร้างประชากรมนุษย์

คำหลัก: โครโมโซม Y, ไมโครแซทเทลไลต์, ความผันแปรทางพันธุกรรม, การโยกย้ายที่อยู่หลังแต่งงาน, ชาวเขา

Abstract

Project Code : BGJ/26/2544

Project Title : Y-Chromosomal Variation of Karen, Hmong and Yao in the Upper Northern Part of Thailand Based on Microsatellite

Investigators: Assoc. Dr. Daoroong Kangwanpong
Department of Biology, Faculty of Science, Chiangmai University
scidkngw@chiangmai.ac.th

Mr. Metawee Srikummool
Department of Biology, Faculty of Science, Chiangmai University
metawee_s@yahoo.com

Project Period: 1 Year

There are many groups of people known as hill-tribes living in the highlands of northern Thailand. Most have emigrated from other lands into Thailand for a variety of reasons, mostly economic. Each of these highland groups has unique cultural practices that can have an effect on their genetic composition. To get a better understanding of these effects – particularly post-marital residence, which might be a great factor influencing Y-chromosomal variation among populations – 15 Y microsatellite loci were typed. Three populations with differing rules of post-marital residence were studied in order to clarify the genetic effects of differing cultural practices. These groups were the matrilocal Karen (145 males) and the patrilocal Hmong and Yao (97 and 52 males, respectively). DNA at the selected loci was amplified by the polymerase chain reaction (PCR) using fluorescent-labeled primers. The amplicons were sized automatically using an ABI 377 automated sequencer, with GENESCAN and GENOTYPER software. The findings showed that the genetic variation of populations does appear to be influenced by post-marital residence and perhaps by an unexpected factor, adoption, as well. Therefore, culture, the characteristic that most distinguishes humans from other animals, is an important factor in determining human population structure.

Keywords: Y chromosome, microsatellite, genetic variation, matrilocality, patrilocality, hill-tribes

Executive Summary

- ชื่อโครงการ (ภาษาไทย) ความผันแปรของโครโมโซม Y ของชาวกะเหรี่ยง ม้ง และเย้า ในภาคเหนือตอนบน
ของประเทศไทยด้วยการวิเคราะห์ไมโครแซเทลไลต์
- ชื่อโครงการ (ภาษาอังกฤษ) Y-Chromosomal Variation of Karen, Hmong and Yao in the Upper
Northern Part of Thailand Based on Microsatellites
- ชื่อ-สกุล อาจารย์ที่ปรึกษา นางสาวดาวรุ่ง กังวานพงศ์
Ms. Daorung Kangwanpong
รองศาสตราจารย์
- ที่ทำงาน ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
โทรศัพท์ : 053-943346/8 โทรสาร : (053)892259
E-mail address : scidkgw@chiangmai.ac.th
- ชื่อ-สกุล นักศึกษา นายเมธี ศรีคำมูอ
Mr. Metawee Srikumool
- ที่ทำงาน ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
โทรศัพท์ : (053)943346/8 โทรสาร : (053)892259
E-mail address : metawee_s@hotmail.com

ความสำคัญและที่มาของปัญหา

ในประเทศไทยมีชาวเขาที่ได้รับการรับรองอย่างเป็นทางการถึง 9 เผ่า ส่วนใหญ่อาศัยอยู่ในเขตภาคเหนือตอนบน ตั้งชุมชนเป็นหมู่บ้านเล็กๆ กระจายอยู่ทั่วไป บางเผ่าตั้งหมู่บ้านอยู่ใกล้กับเผ่าอื่นๆ แต่ด้วยเหตุผลทางขนบธรรมเนียมประเพณีที่ยึดถือปฏิบัติอย่างเคร่งครัดสืบทอดมาจากบรรพบุรุษ ตลอดจนภาษาที่ใช้ ทำให้สามารถรักษาความเป็นชาติพันธุ์ของตนเองไว้ได้ แม้กระนั้นชาวเขาบางเผ่าก็มีความใกล้ชิดกันทางชาติพันธุ์มาก สำหรับที่มาของชาวเขาในประเทศไทยนั้นยังคลุมเครืออยู่มาก เพราะชาวเขามีการอพยพมาหลายครั้งจากหลายบริเวณ ทั้งในเขตประเทศเพื่อนบ้าน เช่น พม่า ลาว เวียดนาม และจากพื้นที่ไกลออกไป เช่น จีน ฮิเบต นอกจากนี้ยังเริ่มมีการปะปนกับเชื้อสายชาวไทยพื้นราบในระยะปัจจุบัน ทำให้การสืบค้นที่มาของประชากรและการวิเคราะห์โครงสร้างประชากรตลอดจนความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มทำได้ยากและมีความซับซ้อนยิ่งขึ้น การใช้ข้อมูลเฉพาะทางด้านประวัติศาสตร์ โบราณคดี มานุษยวิทยาและภาษาศาสตร์ ไม่เพียงพอที่จะสืบหาข้อสรุปที่แน่ชัดได้ จึงจำเป็นต้องอาศัยความรู้ทางพันธุศาสตร์เพิ่มเติมเข้ามาประกอบ เพื่อให้ได้ข้อมูลที่ถูกต้องมากที่สุด

ในการวิจัยนี้ จะใช้ความผันแปรของไมโครแซเทลไลต์ดีเอ็นเอจำนวน 15 ตำแหน่ง ในโครโมโซม Y เพื่อวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมระดับอนุของประชากรชาวเขา 3 เผ่า คือ กะเหรี่ยงซึ่งมีธรรมเนียมการโยกย้ายที่อยู่ของฝ่ายชายไปอยู่บ้านฝ่ายหญิง ใช้ภาษาตระกูลจีน-ทิเบต (Sino-Tibetan) กับม้งและเย้าซึ่งมีธรรมเนียมการโยกย้ายที่อยู่ของฝ่ายหญิงไปอยู่บ้านฝ่ายชาย ใช้ภาษาตระกูลเดียวกันคือ ม้ง-เมี่ยน (Hmong-Mien)

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างเชื้อสายและชาติพันธุ์อันเนื่องมาจากบทบาทของวัฒนธรรมในชาวกะเหรี่ยง ม้งและเย้า ที่มีผลให้เกิดความผันแปรต่อโครโมโซม Y
2. เพื่อศึกษาผลของการโยกย้ายถิ่นที่อยู่หลังการแต่งงาน ตลอดจนการแบ่งกลุ่มประชากรย่อยที่มีต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากร

ระเบียบวิธีวิจัย

3.1 กลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษานี้คือประชากรชาวเขา 3 เผ่า ได้แก่ เผ่ากะเหรี่ยงที่อาศัยอยู่ในเขตจังหวัดแม่ฮ่องสอนและเชียงใหม่ เผ่าม้งในจังหวัดเชียงใหม่ พะเยาและเชียงราย กับเผ่าเย้าจากจังหวัดเชียงราย พะเยาและน่าน ในการศึกษาจะสัมภาษณ์ข้อมูลเกี่ยวกับภาษา ประเพณี ประวัติการอพยพ การตั้งหมู่บ้าน และประวัติส่วนตัวของประชากรที่ศึกษาแต่ละคนด้วย

3.2 การเก็บตัวอย่างเลือดและการสกัดดีเอ็นเอ ทำโดยเจาะเลือดจากเส้นเลือดดำบริเวณข้อพับแขนแล้ว ลูกลูกเลือดปริมาตร 5 มล. จากอาสาสมัครเพศชายที่ไม่เป็นญาติกัน ด้วยหลอดเก็บเลือดสุญญากาศที่มี EDTA เป็นสารกันเลือดแข็งตัว เผ่ากะเหรี่ยง 145 คน เผ่าม้ง 97 คน และ เผ่าเย้า 52 คน โดยมีเจ้าหน้าที่สาธารณสุขหรือ นักเทคนิคการแพทย์เป็นผู้เจาะเลือด (โครงการผ่านการอนุมัติของคณะกรรมการพิทักษ์สิทธิสวัสดิภาพและป้องกันภัยอันตรายในการวิจัยกับมนุษย์ สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สุขภาพ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่แล้ว เมื่อวันที่ 14 กันยายน 2544) เลือดปริมาตร 0.5 มล. นำไปวิเคราะห์ Hb typing และ G6PD deficiency ณ โรงพยาบาลมหาวิทยาลัยเชียงใหม่ นำเลือดส่วนที่เหลือมาสกัดดีเอ็นเอจากเม็ดเลือดขาวด้วยวิธีอินออ์แกนิก แยกโปรตีนออกด้วยเกลือความเข้มข้นสูง และตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยแอลกอฮอล์

3.3 การศึกษาความหลากหลายของโครโมโซม Y ด้วยไมโครแซทเทลไลต์ ทำโดยเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของไมโครแซทเทลไลต์ดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยวิธี PCR จำนวน 15 ตำแหน่ง โดยอาศัยไพรเมอร์ที่ติดฉลากด้วยฟลูออเรสเซนต์ แล้วตรวจสอบขนาดของผลิตภัณฑ์ได้ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติรุ่น ABI 377 โดยใช้โปรแกรม GENESCAN™ และ GENOTYPER™ ใช้ GenoTYPE™ 50-500 DNA ladder และ GenoTYPE™ 80-500 DNA ladder (Gibco BRL) ที่ติดฉลากด้วยสี TAMRA เป็นดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน

3.4 การวิเคราะห์ข้อมูล วิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมทั้งรวมและเผ่ากับกลุ่มประชากรย่อยของแต่ละเผ่า คำนวณระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากรโดยใช้ค่า $\delta\mu^2$ ด้วยโปรแกรม Microsat แล้วสร้าง phylogenetic tree ด้วยโปรแกรม PHYLIP 3.5c package

ผลงานที่คาดว่าจะตีพิมพ์ในวารสารวิชาการนานาชาติ

วารสาร Am J Hum Genet ซึ่งมี impact factor เท่ากับ 10.426

ชื่อเรื่อง Effect of matrilocality and patrilocality on the genetic diversity of Karen Hmong and Yao of Northern Thailand

เนื้อหางานวิจัย

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างเชื้อสายและชาติพันธุ์อันเนื่องมาจากบทบาทของวัฒนธรรมในชาวกะเหรี่ยง ม้งและเย้า ที่มีผลให้เกิดความผันแปรต่อโครโมโซม Y
2. เพื่อศึกษาผลของการโยกย้ายถิ่นที่อยู่หลังการแต่งงาน ตลอดจนการแบ่งกลุ่มประชากรย่อยที่มีต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากร

อุปกรณ์และวิธีการทดลอง

1. กลุ่มตัวอย่าง

กลุ่มตัวอย่างที่ศึกษาประกอบด้วยประชากรชาวไทยภูเขา 3 เผ่า คือ เผ่ากะเหรี่ยง เผ่าม้งและเผ่าเย้า ซึ่งอาศัยอยู่ในบริเวณต่างๆ ในเขตภาคเหนือตอนบนของประเทศไทยดังต่อไปนี้

ชาวกะเหรี่ยง 145 คน แบ่งเป็น 4 กลุ่มคือ

กะเหรี่ยงสะกอ ต. แม่ทะนะ อ.แม่สะเรียง จ.แม่ฮ่องสอน	จำนวน 85 คน
กะเหรี่ยงโป บ้านตุงลอย ต.อมก๋อย อ.อมก๋อย จ.เชียงใหม่	จำนวน 22 คน
กะเหรี่ยงกระยา ศูนย์อพยพบ้านในสอย ต. ปางหมู อ.เมือง จ.แม่ฮ่องสอน	จำนวน 24 คน
กะเหรี่ยงตองสุ ต. ปางมะผ้า อ.ปางมะผ้า จ.แม่ฮ่องสอน	จำนวน 14 คน

ชาวม้ง 97 คน แบ่งเป็น 2 กลุ่มคือ

ม้งดำ บ้านแม่ขี ต.โป่งแยง อ.แม่วิม จ.เชียงใหม่	จำนวน 7 คน
บ้านเลาอี-แม่โต ต. บ่อสถี อ.ฮอด จ.เชียงใหม่	จำนวน 24 คน
บ้านขุนห้วยแม่เป่า ต.แม่เป่า อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย	จำนวน 21 คน
บ้านปางคำเหนือ ต.ผาช้างน้อย อ.ปง จ.พะเยา	จำนวน 11 คน
ม้งขาว บ้านขุนกลาง ต.บ้านหลวง อ.จอมทอง จ.เชียงใหม่	จำนวน 17 คน
บ้านกระแด ต.แม่เป่า อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย	จำนวน 17 คน

ชาวเย้า 52 คน จาก

ต. แม่ยาว อ.เมือง และ ต.แม่เป่า อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย	จำนวน 17 คน
บ้านใหม่ปางคำ ต.ผาช้างน้อย อ.ปง จ.พะเยา	จำนวน 13 คน
บ้านน้ำโค้ง ต.สะเนียน อ.เมือง จ.น่าน	จำนวน 22 คน

ศึกษาเอกสารเกี่ยวกับประวัติการอพยพ ภาษา ธรรมเนียม ประเพณี และลักษณะข้อมูลการตั้งหมู่บ้าน

สรุปได้ดังนี้

กะเหรี่ยง เป็นกลุ่มที่อาศัยอยู่ในบริเวณภาคเหนือตอนบนและภาคตะวันตกของประเทศไทยและบางส่วนในประเทศเมียนมาร์ปัจจุบัน และมีการอพยพเคลื่อนย้ายไปมาระหว่างประเทศทั้งสอง ดังนั้นฐานว่าเดิมที่อาศัยอยู่ในดินแดนตะวันออกของธิเบต ต่อมาได้มีการอพยพลงมาตามลำน้ำสาละวิน ใช้ภาษาในตระกูลจีน-ธิเบต (Sino-Tibetan) กลุ่มภาษาย่อยกะเหรี่ยง (Karenic) หลังแต่งงานแล้วชายจะย้ายไปอยู่บ้านฝ่ายหญิง ระบบครอบครัวเป็นแบบครอบครัวเดี่ยว ในประเทศไทย มี 4 กลุ่มย่อยคือ กะเหรี่ยงสะกอ กะเหรี่ยงโป กะเหรี่ยงกระยา และกะเหรี่ยงตองสุ (ขจิตกัย, 2538; Technical Service Club Tribal Research Institute, 1995)

กะเหรี่ยงสะกอ ต.แม่พะ อ.แม่สะเรียง จ.แม่ฮ่องสอน เป็นกลุ่มหมู่บ้านกะเหรี่ยงสะกอที่มีการจัดตั้งมานานกว่า 130 ปี ในระยะแรกให้เป็นพื้นที่เพาะปลูกข้าวไร่กับเป็นที่พักชั่วคราวในฤดูเพาะปลูก ต่อมาได้มีชาวกะเหรี่ยงอพยพเพิ่มเติมเข้ามาสร้างบ้านเรือนอยู่อาศัยถาวรมากขึ้นและจัดตั้งเป็นชุมชนในที่สุด เพื่อให้อยู่ใกล้พื้นที่ทำการเกษตร นอกจากนี้ยังมีการอพยพของเพศชายเข้ามาเป็นระยะๆ เนื่องจากการถือธรรมเนียมชายที่แต่งงานแล้วต้องย้ายมาอยู่บ้านฝ่ายหญิง

กะเหรี่ยงโป บ้านทุ่งลอย ต.อมก๋อย อ.อมก๋อย จ.เชียงใหม่

เป็นหมู่บ้านกะเหรี่ยงโปที่มีการจัดตั้งเมื่อประมาณ 30 ปีที่ผ่านมา ประชากรส่วนใหญ่อพยพมาจากบ้านทุ่งลอยเก่าที่ตั้งอยู่บริเวณใกล้เคียง เพื่อสะดวกต่อการเดินทางเพราะใกล้เส้นทางคมนาคม จากการสัมภาษณ์ทราบว่าประชากรของบ้านทุ่งลอยเก่าอพยพจากประเทศเมียนมาร์มานานมากกว่าร้อยปีมาแล้ว

กะเหรี่ยงคะยา ศูนย์อพยพบ้านโนสอย ต.ปางหมู อ.เมือง จ.แม่ฮ่องสอน

ศูนย์อพยพบ้านโนสอยเป็นค่ายอพยพนั้ภัยของกลุ่มกะเหรี่ยงคะยา ได้รับการสนับสนุนจากองค์การสหประชาชาติ เพื่อให้เป็นที่พักของชาวคะยาจากกรณีข้อขัดแย้งทางการเมืองกับรัฐบาลทหารเมียนมาร์ ประชากรทั้งหมดเป็นชาวคะยาที่อพยพมาจากรัฐคะยา ประเทศเมียนมาร์

กะเหรี่ยงดองสุ บ้านไม้ดิน ต.ปางมะผ้า อ.ปางมะผ้า จ.แม่ฮ่องสอน

เป็นหมู่บ้านชาวไทยใหญ่ที่อยู่บริเวณรอยต่อชายแดนไทยกับพม่า ที่มีชาวดองสุอพยพหนีภัยทางการเมืองจากเมืองบีน ประเทศพม่าเข้ามาอยู่เมื่อประมาณ 10 ปีเศษ เพื่อความปลอดภัยและมาประกอบอาชีพรับจ้างทำการเกษตร

ม้ง สันนิษฐานว่าเดิมบรรพบุรุษอาศัยอยู่ตามริมฝั่งแม่น้ำเหลืองในประเทศจีน ต่อมาเกิดการต่อสู้กับพวกจีนเมื่อฝ่ายแพจึงถอยร่นลงมาเรื่อยๆ จนมาอาศัยอยู่ทางตอนใต้ของจีน จากนั้นส่วนหนึ่งอพยพเข้าสู่ประเทศเวียดนามและลาว ในขณะที่อีกส่วนอพยพเข้าในพม่า ม้งจากลาวอพยพต่อเข้ามาสู่ประเทศไทยเมื่อประมาณ 60-80 ปีที่ผ่านมา ภาษาที่ใช้จัดอยู่ในตระกูลม้ง-มี่ยน (Hmong-Mien) กลุ่มภาษาย่อยม้ง หลังแต่งงานแล้วผู้หญิงจะย้ายเข้ามาอยู่บ้านของสามี ระบบครอบครัวเป็นครอบครัวขยาย ในประเทศไทยมี 2 กลุ่มย่อยคือ ม้งคำหรือม้งจี้ กับม้งขาวหรือม้งเคอร์ (จัดกัย, 2538; Technical Service Club Tribal Research Institute, 1995)

ม้งคำ บ้านแมงิ ต.โป่งแยง อ.แม่วิน จ.เชียงใหม่

เป็นกลุ่มม้งคำที่อพยพมาจากบ้านเมอานะระ อ.แม่ตอง จ.เชียงใหม่ จัดตั้งมานานประมาณ 40 ปี

บ้านเลาอี-แมโด ต.บ่อสถิ อ.ฮอด จ.เชียงใหม่

เป็นกลุ่มม้งคำที่อพยพมาจากบริเวณลพหลวง อ.เชียงดาว จ.เชียงใหม่ เมื่อประมาณ 40 ปีที่ผ่านมา เพื่อมาทำการเกษตร

บ้านขุนห้วยแม่เปา ต.แม่เปา อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย

เป็นกลุ่มม้งที่ส่วนใหญ่อพยพมาจาก อ.เทิง จ.เชียงราย เพื่อมาทำการเกษตร จัดตั้งมาประมาณ 30 ปี

บ้านปางคำเหนือ ต.ผาฮ้างน้อย อ.ปง จ.พะเยา

เป็นกลุ่มที่อพยพมาจากหลายพื้นที่เช่น อ. เชียงของ จ.เชียงราย อ.เชียงคำ จ.พะเยา อ.ทุ่งช้าง จ.น่าน เพื่อมาทำการเกษตร จัดตั้งมาประมาณ 20 ปี

มังขาว บ้านขุนกลาง ต.บ้านหลวง อ.จอมทอง จ.เชียงใหม่

เป็นหมู่บ้านที่ก่อตั้งมานานกว่า 60 ปี แต่ช่วงแรกมีการย้ายไปมาไม่ตั้งถิ่นฐานแน่นอนเนื่องจากการทำไร่เลื่อนลอย ต่อมาเมื่อประมาณปี 2519 จึงได้ตั้งหมู่บ้านเป็นหลักแหล่ง รวมเวลาถึงปัจจุบันประมาณ 25 ปี

บ้านกระแล ต.แม่เปา อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย

เป็นกลุ่มม้งที่อพยพมาจาก จ. พะเยา และ จ.น่าน เพื่อมาทำการเกษตร จัดตั้งมาประมาณ 30 ปี

เข้า ต้นนิฐานว่าบรรพบุรุษของเข้าอาศัยอยู่ในตอนกลางของจีน มีการอพยพไปมาเป็นบริเวณกว้างในแถบมณฑลอุหนาน กวางตุ้ง กุ้ยโจว กวางสี และยูนนานในประเทศจีน ลงมาถึงทางตอนเหนือของเวียดนาม จากการตรวจเอกสารทราบว่าเข้ามีเพียงกลุ่มเดียว (ไม่มีกลุ่มย่อย) สำหรับเข้าที่อยู่ในประเทศไทยได้อพยพมาจากลาว โดยเข้ามาหลายระลอกในช่วงร้อยกว่าปีที่ผ่านมา ซึ่งไม่มีหลักฐานทางเอกสารยืนยันได้อย่างชัดเจน ระบบครอบครัวเข้ามีทั้งแบบครอบครัวขยายและครอบครัวเดี่ยว เมื่อผู้ชายแต่งงานแล้วจะนำภรรยามาอยู่ที่บ้านของตน นอกจากนั้นเข้ายังนิยมรับบุตรบุญธรรมจากชนเผ่าอื่นเพื่อเป็นการเพิ่มแรงงานในครัวเรือนด้วย ซึ่งหลังจากทำพิธีรับบุตรบุญธรรมแล้วจะถือว่าเป็นเข้าโดยสมบูรณ์ (ขจิตภัย, 2538; Technical Service Club Tribal Research Institute, 1995) ในการศึกษานี้ใช้กลุ่มตัวอย่างเข้าจาก 3 พื้นที่

1. เข้า ต.แม่ยาว อ.เมือง และ ต.ศาลคว้น อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย

เข้าจาก 2 อำเภอมีการอพยพไปมาแล้วตั้งถิ่นฐานเพื่อการเกษตรโดย เข้าจาก ต.แม่ยาวเป็นกลุ่มที่อพยพมาจาก อ.พญาเม็งราย จ.เชียงราย เมื่อประมาณ 50 ปีที่ผ่านมา ในขณะที่เข้าจาก ต.ศาลคว้น อ.พญาเม็งราย อพยพมาจากบริเวณดอยผาหม่น จ.เชียงราย เมื่อประมาณ 30 ปีที่ผ่านมา

2. เข้า บ้านใหม่ปางคำ ต.ผาช้างน้อย อ.ปง จ.พะเยา

เข้ากลุ่มนี้อพยพมาจาก บริเวณดอยภูลังกา ต.ผาช้างน้อย อ.ปง จ.พะเยา เมื่อประมาณ 40 ปีที่ผ่านมา เพื่อความปลอดภัยจากการปราบปรามผู้ก่อการร้ายคอมมิวนิสต์ของรัฐบาล และความสะดวกในการคมนาคม

3. เข้า บ้านน้ำโค้ง ต.สะเนียน อ.เมือง จ.น่าน

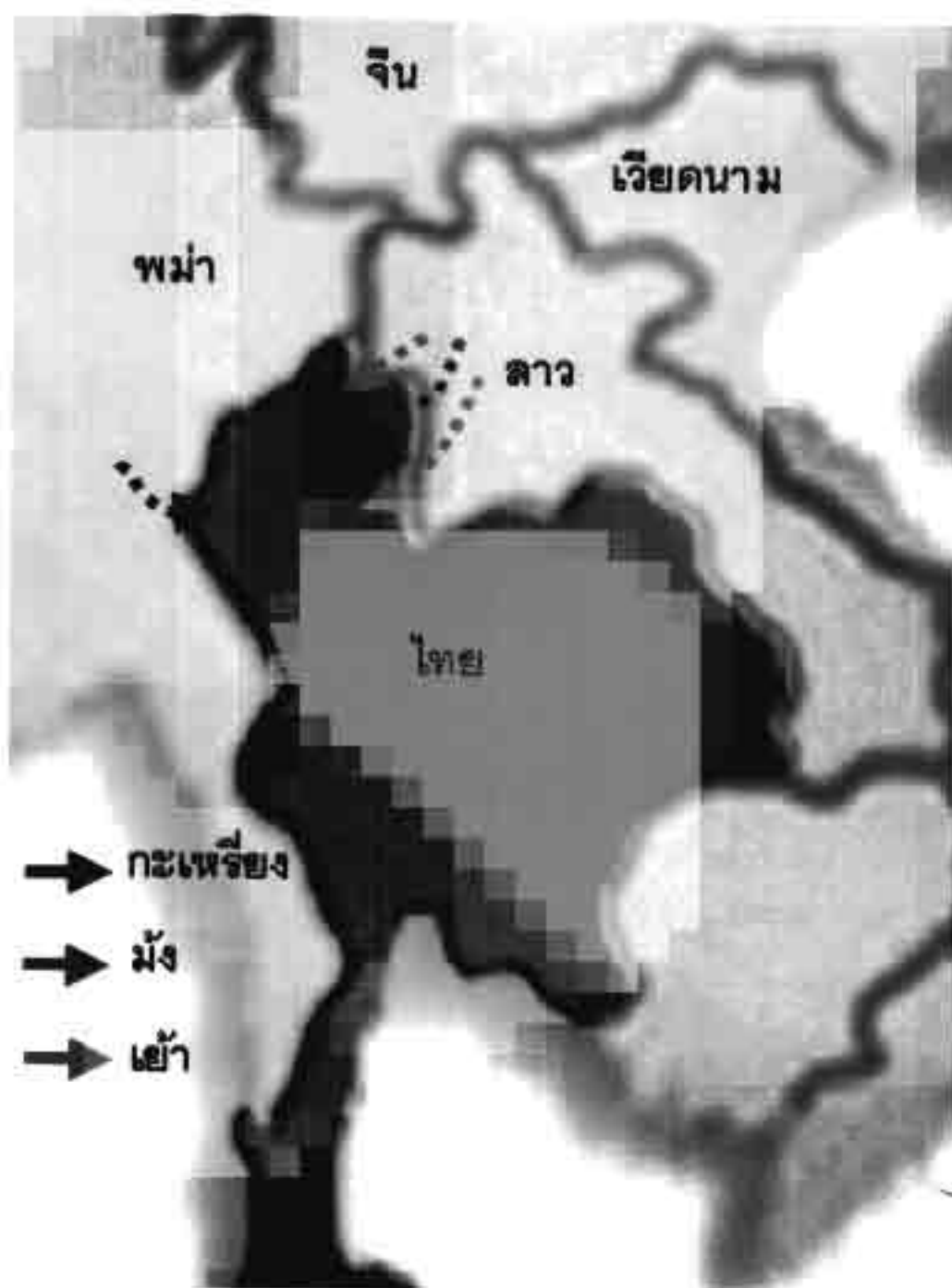
เข้ากลุ่มนี้อพยพมาจาก อ.ปง จ.พะเยา อ.ทุ่งช้าง และ อ.ปัว จ.น่าน เมื่อประมาณ 40 ปีที่ผ่านมา เพื่อมาทำการเกษตร

จากการสัมภาษณ์ อ. และแวน ศรีสมบัติ หัวหน้ากลุ่มเข้าบ้านปางคำ อ.ปง จ.พะเยา ซึ่งเป็นลูกหลานของ พญาศิริศรีสมบัติ ผู้นำเข้ากลุ่มแรกที่เข้ามาในประเทศไทยทราบว่า เข้ากลุ่มแรกเข้ามาในประเทศไทยเมื่อประมาณ 170 - 180 ปีที่ผ่านมา โดยเป็นเข้าที่มาจาก ยูนนาน (บริเวณทางตอนใต้ของจีนปัจจุบัน) อพยพมาตั้งชุมชนอยู่ในเขตประเทศลาวปัจจุบัน ในครั้งนั้นเมื่อชุมชนมีความเข้มแข็งมากขึ้นสามารถป้องกันตนเองและปราบปรามโจรผู้ร้ายได้ เจ้าเมืองน่านในขณะนั้นจึงได้แต่งตั้งหัวหน้ากลุ่มเข้าเป็นพญาศิริศรีสมบัติ ต่อมาพญาศิริศรีสมบัติได้ปกครองครัวและเข้าบางส่วนเข้ามาตั้งชุมชนบริเวณภูแว (เขต อ.เวียงกลาง จ.น่าน ในปัจจุบัน) จากนั้นได้เคลื่อนย้ายไปอยู่ที่บริเวณดอยภูลังกา (ในเขตจังหวัดพะเยา) เมื่อประมาณ 40-50 ปีที่ผ่านมาบริเวณภูลังกามีกลุ่มผู้ก่อการร้ายเข้าไปอยู่อาศัย ชาวเข้าจึงย้ายลงมาอยู่บริเวณบ้านปางคำในปัจจุบัน เพื่อความปลอดภัยจากการปราบปรามผู้ก่อการร้ายของรัฐบาลและความสะดวกในการคมนาคม

สำหรับกลุ่มเข้าบ้านน้ำโค้ง ต.สะเนียน จ.น่าน นั้น อ.และแวน ให้ข้อมูลเพิ่มเติมว่า เข้าจาก อ.ปง อ.ทุ่งช้าง และ อ.ปัว เป็นกลุ่มเดียวกับกลุ่มของพญาศิริศรีสมบัติที่ยังคงอาศัยอยู่ใน จ.น่าน และมีเข้าที่อพยพจากลาวเข้ามาสมทบเรื่อยๆ ในภายหลังตามเส้นทางของพญาศิริศรีสมบัติ

ส่วนเข้าจากเชียงราย อ.และแวน ให้รายละเอียดว่า ประกอบด้วยเข้าที่อพยพเข้ามา 2 เส้นทาง โดยส่วนใหญ่เป็นกลุ่มที่อพยพจากลาวเข้ามาใหม่ภายหลังทางด่าน อ.เชียงของ จ.เชียงราย กับบางส่วนที่อพยพจากลาวผ่านทาง จ. น่าน แล้วไปตั้งถิ่นฐานบริเวณ จ.เชียงราย

เส้นทางอพยพของชาวกะเหรี่ยง ม้ง และเย้า เข้าสู่ประเทศไทย



2. การเก็บตัวอย่างเลือดและการสกัดดีเอ็นเอ

วิธีการเก็บตัวอย่าง

ทำการเจาะเลือดจากเส้นเลือดดำบริเวณข้อพับแขนแล้วคัดเลือดยังหลอด 5 มล. ด้วยหลอดเก็บเลือด 5 มล. ที่มี ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA) เป็นสารกันเลือดแข็งตัว (anticoagulant) จากอาสาสมัครเพศชายที่ไม่เป็นญาติกัน กลับหลอดไปมาให้เลือดกับ EDTA ผสมเข้ากันดีแล้วเก็บในที่เย็น

เลือก 0.5 มล. จะนำไปตรวจ hemoglobin typing และภาวะพร่องเอนไซม์ G-6-PD ณ โรงพยาบาลมหาวิทยาลัยเชียงใหม่ แล้วส่งผลการตรวจให้เจ้าหน้าที่สาธารณสุขในพื้นที่เพื่อเป็นข้อมูลสุขภาพของประชากร

(โครงการได้ผ่านการอนุมัติของคณะกรรมการพิทักษ์สิทธิสวัสดิภาพและป้องกันภัยอันตรายในการวิจัยกับมนุษย์ สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สุขภาพ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่)

การสกัดดีเอ็นเอ

เลือดที่ได้จะถูกทำลายเม็ดเลือดแดงด้วย red cell lysis buffer (RCLB) แล้วนำเซลล์เม็ดเลือดขาวมาสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธีอินอร์แกนิก (Seielstad *et al.*, 1998) โดยแยกโปรตีนออกจากเซลล์ด้วยความเข้มข้นสูง แล้วตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยแอลกอฮอล์ ดังรายละเอียดต่อไปนี้

1 นำตัวอย่างเลือดที่เหลือ (4.5 มล.) มาเติม red cell lysis buffer (RCLB) 10 มล. เขย่าไปมาเพื่อให้เม็ดเลือดแดงแตก

RCLB ประกอบด้วย 1 mM NH_4HCO_3
115 mM NH_4Cl

2 บั่นที่ความเร็ว 3,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เก็บตะกอนเซลล์

3 เติม RCLB อีก 10 มล. บั่นที่ความเร็ว 3,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 นาที เก็บตะกอนเซลล์

4 ละลายตะกอนเซลล์ใน white cell lysis buffer (WCLB) 1.8 มล.

WCLB ประกอบด้วย 100 mM Tris-Cl (pH 7.6)
40 mM EDTA (pH 8.0)
50 mM NaCl
0.2 % SDS

5 แบ่งตะกอนเซลล์ที่ละลายแล้วเป็น 2 หลอด หลอดละ 900 ไมโครลิตร สกัดดีเอ็นเอโดยใช้กระบวนการเดียวกัน โดยเติม proteinase K ความเข้มข้น 20 มก. ต่อ มล. ปริมาตร 5 ไมโครลิตรในแต่ละหลอด

6 แช่ใน waterbath เป็นเวลา 2 ชั่วโมง ที่อุณหภูมิ 50 องศาเซลเซียส เขย่าบ้างเป็นบางครั้ง

7 เติมสารละลายเกลืออิ่มตัว (6 M NaCl) 300 ไมโครลิตร เขย่าให้เข้ากัน แล้วบั่นด้วยความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที

8 เก็บสารละลายชั้นบนแบ่งใส่หลอดใหม่ 2 หลอด หลอดละ 600 ไมโครลิตร แล้วเติมไอโซโพรพานอลแช่เย็นจัด 600 ไมโครลิตร ในแต่ละหลอดพลิกกลับไปมาเบาๆ จะเห็นดีเอ็นเอตกตะกอนออกมา

9 บั่นที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที เก็บตะกอนไว้ แล้วล้างตะกอนด้วยเอทานอล 70 เปอร์เซ็นต์ 1 มล. ทั้งไว้ให้แห้ง ละลายตะกอนดีเอ็นเอใน TE buffer 200 ไมโครลิตร

3. การตรวจสอบความผันแปรของโครโมโซม Y ไมโครแซทเทลไลท์

ทำการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยวิธี PCR จำนวน 15 ตำแหน่ง ดังนี้ DYS19, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS388, DYS389 I/II, DYS426, DYS436, DYS437, DYS439, Y-GATA-A7.1, Y-GATA-A7.2 และ Y-GATA-A10 ตามวิธีการของ Thomas *et al.* (1999), White *et al.* (1999) และ Ayub *et al.* (2000) โดยอาศัยไพรเมอร์ที่ติดฉลากด้วยฟลูออเรสเซนต์ ตรวจสอบขนาดของผล

ผลิตภัณฑ์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติรุ่น ABI 377 โดยใช้โปรแกรม GENESCAN™ และ GENOTYPER™ (PE-Applied Biosystem) ใช้ GenoTYPE™ 50-500 DNA ladder และ GenoTYPE™ 60-500 DNA ladder (Gibco BRL) ที่ติดฉลากด้วยสี TAMRA เป็นดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน

ไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอที่ใช้ในการศึกษาสามารถแบ่งได้เป็น 2 ประเภทตามจำนวนเบสซ้ำในแต่ละหน่วย (repeat unit) คือ จำนวนซ้ำ 3 เบส (trinucleotide repeat) และ จำนวนซ้ำ 4 เบส (tetranucleotide repeat)

ตารางแสดงประเภท ลำดับเบสของ primer แต่ละตัวและช่วงขนาดผลผลิต PCR ของแต่ละตำแหน่งเป็น ดังนี้

ตำแหน่ง	Primer และสีฟลูออเรสเซนซ์ที่ใช้ติดฉลาก	ลำดับเบสของ primer	ประเภทของเบสซ้ำ	ขนาดอัลลีล (คู่เบส)
DYS19	DYS19R DYS19L 6FAM	ATGGCATGTAGTGAGGACA CTACTGAGTTTCTGTTATAGT	tetranucleotide repeat	178-206
DYS388	DYS388R DYS388L 5TET	CAGATCGCAACCACTGCG GTGAGTTAGCCGTTTAGCGA	trinucleotide repeat	120-145
DYS390	DYS390R 6FAM DYS390L	TGACAGTAAATGAACACATTGC TATATTTTACACATTTTGGGCC	tetranucleotide repeat	188-224
DYS391	DYS391Rna DYS391L 6FAM	ACATAGCCAAATATCTCCTGGG CTATTCATTCAATCATACACCCATAT	tetranucleotide repeat	154-186
DYS392	DYS392Rna 5HEX DYS392L	CAGTCAAAGTGGAAGTAGTCTGG AAAAGCCAAGAAGGAAACAAA	trinucleotide repeat	158-182
DYS393	DYS393R 5HEX DYS393L	AACTCAAGTCCAAAAATGAGG GTGGTCTTCTACTTGTGTCAATAC	tetranucleotide repeat	107-135
DYS389i and DYS389ii	DYS389R DYS389La 5TET	CCTGAGTAGCAGAAGAATGTCATA CCAACTCTCATCTGTATTATCTATGTG	tetranucleotide repeat	146-166 104-140
DYS426	DYS426Ra DYS46L 5HEX	CTCAAAGTATGAAAGCATGACCA GGTGACAAGACGAGACTTTGTG	trinucleotide repeat	90-96
DYS436	DYS436R DYS436L 6FAM	GCAATCCAACCTTCAGCCAAT CCAGGAGAGCACACACAAAA	trinucleotide repeat	128-143
DYS437	DYS437R DYS437L 5HEX	AGACCCTGTCATTCACAGATGA GACTATGGGCGTGAGTGCAT	tetranucleotide repeat	186-202
DYS439	DYS439R DYS439L 5TET	GCCTGGCTTGGAATTCTTTT TCCTGAATGGTACTTCCTAGGTTT	tetranucleotide repeat	238-258
Y-GATA-A7.1	Y-GATA-A7.1 F 5HEX Y-GATA-A7.1 R	CAAATTTGCCAACTCTTTC TCTATCCTCTGCCTATCATTTATTA	tetranucleotide repeat	161-181
Y-GATA-A7.2	Y-GATA-A7.2 F 5TET Y-GATA-A7.2 R	AGGCAGAGGATAGATGATATGGAT TTCAGGTAAATCTGTCCAGTAGTGA	tetranucleotide repeat	174-190
Y-GATA-A10	Y-GATA-A10 F 6FAM Y-GATA-A10 R	ATAAATGGAGATAGTGGGTGGATT CCTGCCATCTCTATTTATCTTGCATATA	tetranucleotide repeat	160-172

4. การวิเคราะห์ข้อมูล

เก็บข้อมูลขนาดผลผลิต PCR ของไมโครแซทเทลโลไต์ดีเอ็นเอ แล้วนำไปคำนวณหาความถี่อัลลีลของไมโครแซทเทลโลไต์แต่ละตำแหน่ง โดยสมการ

$$P_i = \frac{n_i}{N}$$

เมื่อ P_i คือความถี่ของอัลลีลที่ i , n_i คือจำนวนของอัลลีลที่ i ในประชากร N คือจำนวนประชากรทั้งหมด แล้วจึงนำมาหาความหลากหลายทางพันธุกรรม และทดสอบความแตกต่างของรูปแบบการกระจายตัวและความถี่อัลลีลระหว่างประชากร

ความหลากหลายทางพันธุกรรม

จากค่าความถี่อัลลีลที่ได้สามารถนำมาหาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมได้โดยสมการ

$$D_j = 1 - \sum P_i^2$$

เมื่อ D_j คือความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ตำแหน่ง j และ P_i คือความถี่ของอัลลีลที่ i

ความแตกต่างของรูปแบบการกระจายตัวและความถี่อัลลีลระหว่างประชากร

การหาความแตกต่างระหว่างประชากรว่ามีรูปแบบการกระจายตัวและความถี่อัลลีลแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ จะใช้การทดสอบความเป็นอิสระระหว่าง 2 ประชากรใดๆ (contingency chi-square) เป็นตัวสถิติทดสอบ โดยการคำนวณค่าโอกาสความเป็นอิสระจากโปรแกรมคอมพิวเตอร์ Microsoft Excel 2000.

ระยะห่างทาง พันธุกรรมและ Phylogenetic tree

ระยะห่างทางพันธุกรรมใช้ค่า $\delta\mu^2$ ซึ่งเป็นค่าแตกต่างของจำนวนเบสซ้ำเฉลี่ยที่ตำแหน่งใดๆ ระหว่างสองประชากร เป็นดัชนีวัดที่มีความเหมาะสมสำหรับข้อมูลไมโครแซทเทลโลไต์ดีเอ็นเอซึ่งมีรูปแบบต่างๆ มาก (polymorphism) (Nei and Kumar, 2000) โดยค่า $\delta\mu^2$ จะคำนวณจากโปรแกรมคอมพิวเตอร์ Microsat 2.1 (<http://hpgl.stanford.edu/projects/microsat/>)

Phylogenetic tree จะสร้างจากใช้ค่า $\delta\mu^2$ โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ Phylip 3.5C package (<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>)

ผลการตรวจ hemoglobin typing และภาวะพร่องเอนไซม์ G-6-PD

จากการส่งตัวอย่างเลือดของชาวเขาไปตรวจ hemoglobin typing และ ภาวะพร่องเอนไซม์ G-6-PD พบว่า ผู้ชายมีทั้งคนมีจีโนไทป์ของ hemoglobin ปกติแบบ AA ในขณะที่ผู้ชายเข้าเป็น heterozygous แบบ E trait (AE) คิดเป็นร้อยละ 10.87 ส่วนผู้ชายกะเหรี่ยงเป็น heterozygous แบบ E trait ร้อยละ 1.36 และ heterozygous แบบ F trait (AF) ร้อยละ 0.68 สำหรับภาวะการพร่องเอนไซม์ G-6-PD ผู้ชายกะเหรี่ยง มีและไม่มีภาวะพร่องเอนไซม์ G-6-PD คิดเป็นร้อยละ 7.57, 2.13 และ 10.87 ตามลำดับ

ผลการตรวจ hemoglobin typing และภาวะพร่องเอนไซม์ G-6-PD นี้จะรายงานให้เจ้าหน้าที่สาธารณสุขในชุมชนของกลุ่มตัวอย่างเพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานทางสุขภาพและเป็นข้อมูล phenotype บางลักษณะของกลุ่มชนเหล่านี้ ซึ่งจะไม่ใช้วิเคราะห์ในงานวิจัยนี้

ความถี่และการกระจายของอัลลีล

ตารางที่ 1 แสดงการกระจายและความถี่ของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอแต่ละตำแหน่งในโครโมโซม Y จำนวน 15 ตำแหน่งในประชากร 3 เผ่าคือ กะเหรี่ยง (สะกอ ไป ทองฮะ และคะยา) ม้ง (ขาว และดำ) และ เข่า ตารางดังกล่าวจะทำให้ทราบการกระจายและความถี่ของอัลลีลในแต่ละตำแหน่ง เมื่อพิจารณาที่แต่ละตำแหน่ง มีข้อสังเกตดังนี้

ตำแหน่ง DYS19 ทั้ง 3 เผ่าพบรวมทั้งหมด 8 อัลลีล โดยในชาวกะเหรี่ยงรวม 145 คนจะพบทั้ง 6 อัลลีล ด้วยความถี่ต่างๆ (มีอัลลีล 191 มากที่สุด ด้วยความถี่ 0.4069) แต่กะเหรี่ยงแบ่งเป็นกลุ่มย่อย 4 กลุ่ม แต่ละกลุ่มจะมีการกระจายและความถี่ของอัลลีลต่างกันออกไป เช่นกลุ่มย่อยคะยาและไปพบ 5 อัลลีลเท่ากัน มีอัลลีล 195 เป็นอัลลีลที่พบบ่อยที่สุดเหมือนกัน (ความถี่ 0.4167 และ 0.5455 ในคะยาและไปตามลำดับ) แต่มีบางอัลลีลต่างกัน กล่าวคือ กะเหรี่ยงคะยาไม่มีอัลลีล 203 มีแต่อัลลีลขนาด 183, 187, 191, 195 และ 199 ในขณะที่อัลลีลทั้ง 5 แบบที่พบในกลุ่มไปประกอบด้วย อัลลีลขนาด 187, 191, 195, 199 และ 203 นั่นคือไม่มีอัลลีล 183 แม้อัลลีล 195 จะเป็นอัลลีลที่พบมากที่สุดในกลุ่มคะยาและไป แต่อัลลีล 191 เป็นอัลลีลที่พบมากสุดในกลุ่มสะกอกับกลุ่มทองฮะด้วยความถี่ที่สูงมาก (ความถี่ 0.4118 และ 0.7857 ตามลำดับ) จึงทำให้อัลลีล 191 มีความถี่มากสุดในกะเหรี่ยง

สำหรับม้งรวม 97 คน ในตำแหน่ง DYS19 พบรวมทั้งหมด 4 อัลลีลคือ อัลลีล 191, 195, 199 และ 203 โดยมีอัลลีล 203 เป็นอัลลีลที่พบบ่อยที่สุด ด้วยความถี่ 0.3608 ทั้งม้งดำและม้งขาวมีครบเหมือนกันทั้ง 4 อัลลีล แต่มีอัลลีลที่พบบ่อยในแต่ละกลุ่มไม่เหมือนกันคือ ม้งดำมีอัลลีลที่พบบ่อยเป็น 203 (ความถี่ 0.3651) ม้งขาวมีอัลลีลพบบ่อยเป็น 195 (ความถี่ 0.4706)

ในเข่ารวม 52 คน ที่ตำแหน่ง DYS19 นี้ พบอัลลีลรวมทั้งสิ้น 5 อัลลีล คือ 187, 191, 195, 199 และ 203 (ไม่มีอัลลีล 183) โดยพบอัลลีล 199 บ่อยที่สุด (ความถี่ 0.3654) นอกจากนี้ยังพบว่ายังมีเพียงกลุ่มเข่าจากพะเยาเท่านั้นที่พบทั้ง 5 อัลลีลและมีอัลลีลพบบ่อยที่สุดเป็นอัลลีล 187 (ความถี่ 0.4615) แม้ว่ากลุ่มเข่าจากเชียงรายและจากน่านจะพบเพียง 4 อัลลีล (ไม่พบอัลลีล 203 ทั้ง 2 กลุ่ม) แต่มีอัลลีลที่พบบ่อยเป็นอัลลีล 199 เหมือนกัน (ความถี่ 0.3529 และ 0.4545 ตามลำดับ)

จากการพิจารณาค่าตำแหน่งอื่นๆที่ละตำแหน่ง โดยการวิเคราะห์ทำนองเดียวกับ DYS19 จะเห็นความเหมือนหรือความแตกต่างของประชากรทั้ง 3 เผ่าในทำนองเดียวกัน

ตาราง ความถี่ของ Y ไมโครแซทเทลไลต์ดีเอ็นเอ 15 ตำแหน่งในประชากรแต่ละเผ่าและกลุ่มย่อย

ประชากร*	K (n=145)	K-K (n=24)	K-P (n=22)	K-S (n=85)	K-T (n=14)	Hm (n=97)	Hm-B (n=63)	Hm-W (n=34)	Y (n=52)	Y-CR (n=17)	Y-PA (n=13)	Y-NA (n=22)
DYS19												
183	0.02069	0.083333	0	0.011765	0	0	0	0	0	0	0	0
187	0.082759	0.041667	0.045455	0.117647	0	0	0	0	0.230769	0.058824	0.461538	0.227273
191	0.408897	0.333333	0.227273	0.411765	0.785714	0.237113	0.285714	0.147059	0.192308	0.352941	0.076923	0.136364
195	0.386207	0.416667	0.545455	0.388235	0.071429	0.319588	0.238095	0.470588	0.192308	0.235294	0.153846	0.181818
199	0.062069	0.125	0.045455	0.035294	0.142857	0.082474	0.111111	0.029412	0.365385	0.352941	0.230769	0.454545
203	0.041379	0	0.136364	0.035294	0	0.360825	0.365079	0.352941	0.019231	0	0.076923	0
รวม	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

หมายเหตุ

* K คือ เผ่ากะเหรี่ยง

K-K คือ กะเหรี่ยงตะบะยา

K-T คือ กะเหรี่ยงตองสุ

K-S คือ กะเหรี่ยงสะกอ

Y คือเผ่าเย้า

Y-CR คือ เข้าจากเชียงใหม่

Y-NA คือ เข้าจากน่าน

Y-PA คือ เข้าจากพะเยา

Hm คือ เผ่าม้ง

Hm-B คือ ม้งดำ

Hm-W คือ ม้งขาว

החומר	K (n=145)	K-K (n=24)	K-P (n=22)	K-S (n=85)	K-T (n=14)	Hm (n=97)	Hm-B (n=83)	Hm-W (n=34)	Y (n=62)	Y-CR (n=17)	Y-PA (n=13)	Y-NA (n=22)
DYS388												
122	0.296552	0.125	0.318182	0.317847	0.428571	0.051546	0.079365	0	0.134615	0.235294	0.076923	0.090909
125	0	0	0	0	0	0	0	0	0.019231	0.058824	0	0
128	0.475862	0.583333	0.5	0.447059	0.428571	0.587629	0.634921	0.5	0.5	0.529412	0.307692	0.590909
131	0.213793	0.25	0.136364	0.235294	0.142857	0.247423	0.190476	0.352941	0.269231	0.117647	0.615385	0.181818
134	0.013793	0.041667	0.045455	0	0	0.113402	0.095238	0.147059	0.076923	0.058824	0	0.136364
ממו	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
DYS389I												
145	0.013793	0.083333	0	0	0	0.051546	0.047619	0.058824	0	0	0	0
149	0.42069	0.25	0.836364	0.411765	0.428571	0.608247	0.666667	0.5	0.519231	0.470588	0.615385	0.5
153	0.158621	0.291667	0.045455	0.129412	0.285714	0.247423	0.174603	0.382353	0.211538	0.294118	0.230769	0.136364
157	0.37931	0.25	0.318182	0.447059	0.285714	0.092784	0.111111	0.058824	0.269231	0.235294	0.153846	0.363636
161	0.02059	0.083333	0	0.011765	0	0	0	0	0	0	0	0
165	0.006897	0.041667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ממו	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

ลำดับ หมายเลข	K (n=145)	K-K (n=24)	K-P (n=22)	K-S (n=85)	K-T (n=14)	Hm (n=97)	Hm-B (n=63)	Hm-W (n=34)	Y (n=52)	Y-CR (n=17)	Y-PA (n=13)	Y-NA (n=22)
DYS389I												
105	0.006897	0.041667	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
109	0.006897	0	0	0.011765	0	0	0	0	0	0	0	0
113	0.068966	0.125	0.045455	0.047059	0.142857	0.082474	0.111111	0.029412	0.076923	0.117647	0	0.090909
117	0.77931	0.541667	0.772727	0.870588	0.642857	0.587629	0.603175	0.558824	0.519231	0.352941	0.846154	0.454545
121	0.110345	0.166867	0.181818	0.058824	0.214286	0.268041	0.206349	0.382353	0.288462	0.411765	0.153846	0.272727
125	0.027586	0.125	0	0.011765	0	0.061856	0.079365	0.029412	0.096154	0.117647	0	0.136364
129	0	0	0	0	0	0	0	0	0.019231	0	0	0.045455
รวม	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
DYS390												
208	0.048276	0.041667	0.090909	0.011765	0.214286	0.041237	0.047619	0.029412	0.057692	0.058824	0	0.090909
210	0.406897	0.291667	0.318182	0.494118	0.214286	0.134021	0.190476	0.029412	0.115385	0.235294	0.153846	0
214	0.241379	0.291667	0.318182	0.2	0.285714	0.680412	0.634921	0.764706	0.403846	0.470588	0.307692	0.409091
218	0.262069	0.375	0.227273	0.235294	0.285714	0.14433	0.126984	0.176471	0.423077	0.235294	0.538462	0.5
222	0.041379	0	0.045455	0.058824	0	0	0	0	0	0	0	0
รวม	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

מיקום	K (n=145)	K-K (n=24)	K-P (n=22)	K-S (n=85)	K-T (n=14)	Hm (n=97)	Hm-B (n=63)	Hm-W (n=34)	Y (n=52)	Y-CR (n=17)	Y-PA (n=13)	Y-NA (n=22)
Y-GATA-A7.1												
184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
186	0.317241	0.125	0.363636	0.341176	0.428571	0.391753	0.492063	0.205882	0.5	0.352941	0.692308	0.5
172	0.593103	0.666667	0.454545	0.635294	0.428571	0.319588	0.301587	0.352941	0.346154	0.352941	0.307692	0.363636
176	0.089655	0.208333	0.181818	0.023529	0.142857	0.268041	0.174603	0.441176	0.134615	0.294118	0	0.090909
180	0	0	0	0	0	0.020619	0.031746	0	0.019231	0	0	0.045455
ממוצע	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Y-GATA-A7.2												
174	0.013793	0.041667	0	0.011765	0	0.020619	0.031746	0	0.019231	0.058824	0	0
178	0.427586	0.5	0.318182	0.435294	0.428571	0.103093	0.142857	0.029412	0.153846	0.176471	0.230769	0.090909
182	0.496552	0.333333	0.636364	0.505882	0.5	0.453608	0.285714	0.764706	0.384615	0.470588	0.230769	0.409091
186	0.062069	0.125	0.045455	0.047059	0.071429	0.42288	0.539683	0.205882	0.269231	0.235294	0.076923	0.409091
190	0	0	0	0	0	0	0	0	0.173077	0.058824	0.461538	0.090909
ממוצע	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

Figure 1 (cont)

ความแตกต่างระหว่างประชากร

รูปแบบการกระจายและความถี่อัลลีลสามารถใช้ในการประเมินความแตกต่างระหว่างประชากรว่ามีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ โดยทดสอบความเป็นอิสระระหว่าง 2 ประชากร (contingency chi-square test) ตาราง 2 แสดงค่าโอกาสของความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญของไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอรวม 15 ตำแหน่งและแยกทดสอบทีละตำแหน่งระหว่างประชากรคู่ต่างๆที่ระบุ ซึ่งผลจากการทดสอบพบว่าประชากรทั้ง 3 เผ่ามีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 99 ($\text{prob} < 0.01$) เมื่อทดสอบความเป็นอิสระของประชากรทั้ง 3 ที่ละคู่พิจารณาจากไมโครแซเทลโลไทต์แต่ละตำแหน่ง พบว่าไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอ 6 ตำแหน่ง มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 99 ($\text{prob} < 0.01$) คือตำแหน่ง DYS19, DYS390, DYS392, DYS439, Y-GATA-A7.2 และ Y-GATA-A10 และจากการทดสอบความเป็นอิสระระหว่างกลุ่มม้งดำและม้งขาวโดยใช้ข้อมูลรูปแบบการกระจายและความถี่ของอัลลีลรวมทั้ง 15 พบว่าม้งทั้ง 2 กลุ่มเป็นอิสระต่อกันอย่างมีนัยสำคัญ ($\text{prob} < 0.01$)

ความหลากหลายทางพันธุกรรม

จากความถี่อัลลีลของไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอสามารถนำมาประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ทั้งในระดับของชนเผ่าและระดับกลุ่มประชากรย่อย ในระดับชนเผ่าพบว่าในชาวกะเหรี่ยง ชาวม้งและชาวเขมามีความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของ 15 ตำแหน่งเท่ากับ 0.4754, 0.4842 และ 0.5364 ตามลำดับ ในระดับกลุ่มย่อยความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ย 15 ตำแหน่งของแต่ละกลุ่มเป็นดังนี้ กะเหรี่ยงสะกอ 0.4280, กะเหรี่ยงโป 0.4576, กะเหรี่ยงคลองสูง 0.5061, กะเหรี่ยงคะยา 0.5201, ม้งดำ 0.4739, ม้งขาว 0.4533, เข่าจากเขียงราย 0.5435, เข่าจากพะเยา 0.4316 และ เข่าจากน่าน 0.5055 ความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของแต่ละเผ่าและแต่ละกลุ่มย่อยได้แสดงไว้ในรูป 1

ตาราง 2 ค่าโอกาสของความแตกต่างทางสถิติคืออย่างมีนัยสำคัญของการกระจายที่ต่างๆ

ตำแหน่ง	โอกาสความเป็นอิสระของการกระจายที่ต่างๆเมื่อทดสอบด้วย contingency chi-square									
	K/Hm	K/Y	Y/Hm	K-K/K-S	K-K/K-P	K-K/K-T	K-P/K-S	K-P/K-T	K-S/K-T	Hm-B / Hm-W
รวม	6.276 [^] -59 *	1.8064 [^] -28 *	1.01626 [^] -19 *	1.256 [^] -10 *	0.03587 *	0.5881	0.0441 *	0.4301	2.514 [^] -5 *	7.41203 [^] -5 *
DYS19	8.4573 [^] -10 *	4.477764 [^] -8 *	2.0188 [^] -11 *	0.13231	0.23594	0.08032	0.22099	0.00503 *	0.03227 *	0.06232
DYS388	1.3748 [^] -6 *	0.01517 *	0.21917	0.07817	0.41074	0.17863	0.18972	0.79638	0.63282	0.09957
DYS389I	1.4320 [^] -5 *	0.42462	0.01726 *	0.00114 *	0.02611 *	0.5707	0.28443	0.11941	0.41555	0.1348
DYS389II	0.01272 *	0.00444 *	0.60049	0.00395 *	0.24356	0.62328	0.42547	0.54329	0.16553	0.15084
DYS390	5.2674 [^] -10 *	0.00082 *	0.00136 *	0.19055	0.66375	0.4055	0.1823	0.72603	0.00354 *	0.14641
DYS391	0.48951	0.30226	0.05998	2.73482 [^] -6 *	0.00879 *	0.30389	0.75565	0.1161	0.00987 *	0.23191
DYS392	6.6703 [^] -22 *	1.13303 [^] -12 *	0.00702 *	1.07794 [^] -5 *	0.04297 *	0.26443	0.00244 *	0.24724	0.00564 *	0.03353 *
DYS393	4.9758 [^] -9 *	0.30312	0.00066 *	0.79829	0.35477	0.86933	0.03423 *	0.52794	0.51985	0.03292 *
DYS436	0.41244	0.54825	1	1	1	0.18454	1	0.2036	0.01326 *	1
DYS437	0.00318 *	0.13342	0.75283	0.01199 *	0.02838 *	0.03267 *	0.93821	0.42602	0.04283 *	0.18692
DYS439	0.03714 *	1.6522 [^] -6 *	7.6648 [^] -9 *	0.27618	0.33962	0.21563	0.00725 *	0.0529	0.00047 *	0.03221 *
Y-GATA-A7.1	2.0720 [^] -5 *	0.00944 *	0.29327	0.00153 *	0.15814	0.10476	0.01234 *	0.91225	0.08913	0.00835 *
Y-GATA-A7.2	1.9735 [^] -12 *	8.0250 [^] -10 *	0.00048 *	0.25636	0.18122	0.67264	0.70524	0.717	0.95849	0.00011 *
Y-GATA-A10	0.00437 *	0.00068 *	0.00063 *	0.00787 *	0.06915	0.505	0.87239	0.20713	0.22531	0.37312
DYS426	0.41244	0.54825	1	1	1	0.18454	1	0.2036	0.13265	1

สัญลักษณ์ ^ แทน X10 ยกกำลัง เช่น 6.276[^]-59 หมายถึง 6.276 คูณสิบยกกำลังลบห้าสิบเก้า

* หมายถึงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่น 95 % (prob < 0.05)

อักษรย่อมีความหมายดังนี้

K คือ แม่กะเหยิง

Hm คือ แม่ม้ง

Y คือ แม่เข้า

K-K คือ กะเหยิงตะยา

K-P คือ กะเหยิงโป

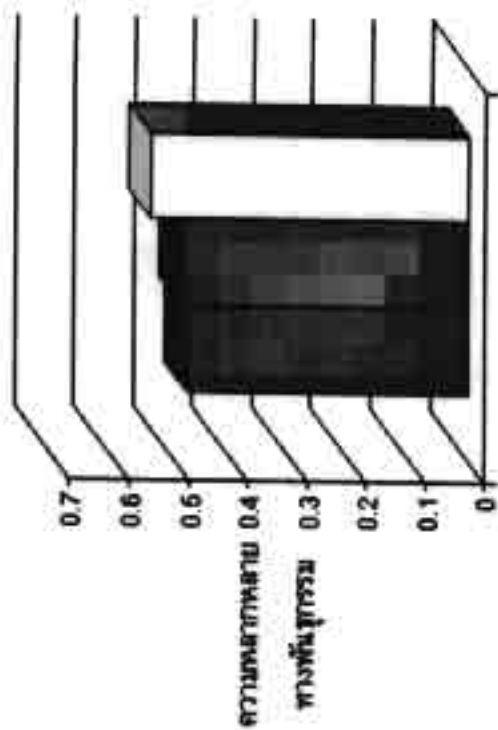
K-S คือ กะเหยิงสะกอ

K-T คือ กะเหยิงตองตู

Hm-B คือ ม้งดำ

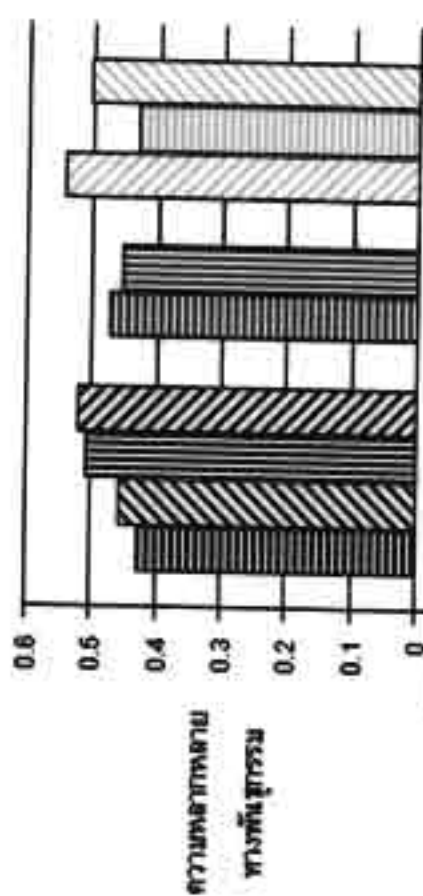
Hm-W คือ ม้งขาว

(ก) ความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของแต่ละเผ่า



กขหรือม้ง	0.4745
ม้ง	0.4842
เย้า	0.5364

(ข) ความหลากหลายทางพันธุกรรมของแต่ละเผ่าย่อย



กขหรือม้ง	0.428
กขหรือม้งไป	0.4676
กขหรือม้งคอง	0.5061
กขหรือม้งคอง	0.6201

ม้งดำ	0.4739
ม้งขาว	0.4533

เย้าจากเขียงราย	0.5435
เย้าจากพะเยา	0.4316
เย้าจากน่าน	0.5055

รูป 1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของแต่ละเผ่า (ก) และกลุ่มย่อย (ข)

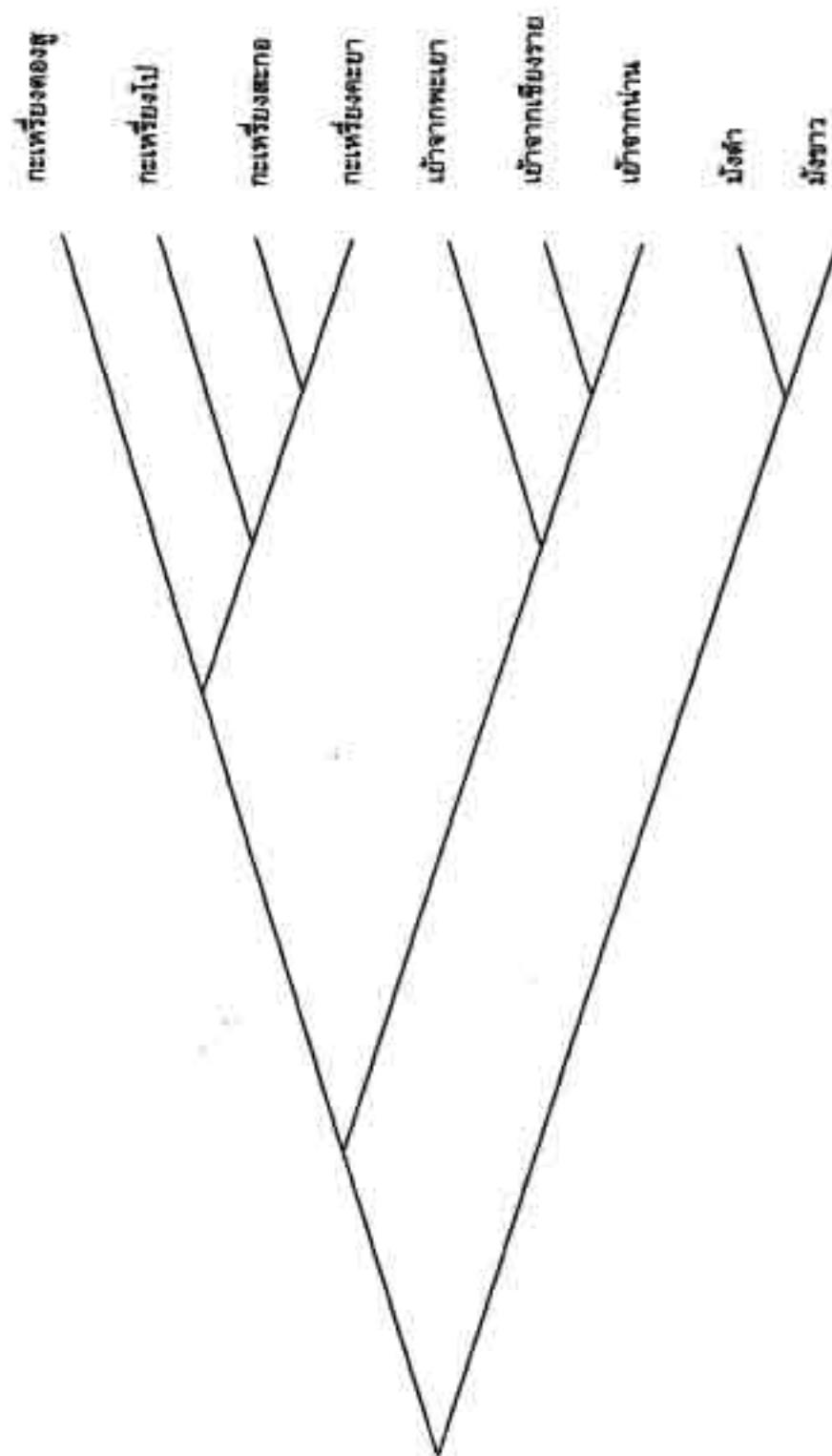
ระยะห่างทางพันธุกรรมและ Phylogenetic tree

ในการหาระยะห่างทางพันธุกรรมของแต่ละกลุ่ม คณะผู้วิจัยได้แบ่งประชากรออกเป็น 9 กลุ่ม คือกลุ่มกะเหรี่ยงสะกอ กะเหรี่ยงโป กะเหรี่ยงคลองสุ กะเหรี่ยงคะยา ม้งดำ ม้งขาว เย้าจากเชียงราย เย้าจากพะเยา และเย้าจากน่าน และวัดระยะห่างทางพันธุกรรมโดยใช้ค่า $\delta\mu^2$ ของไมโครแซเทลโลไต์ดีเอ็นเอ 11 ตำแหน่ง ที่เป็น tetranucleotide repeat เท่านั้นคือ ตำแหน่ง DYS19, DYS390, DYS391, DYS393, DYS389i, DYS389ii, DYS437, DYS439, Y-GATA-A7.1, Y-GATA-A7.2 และ Y-GATA-A10 จำนวนโดยอาศัยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ MICROSAT 2.1 โดยกำหนดให้จำนวนเบสซ้ำในแต่ละชุดเท่ากัน นอกจากนี้ยังมีรายงานว่าไมโครแซเทลโลไต์ดีเอ็นเอที่มีจำนวนเบสซ้ำในแต่ละชุดไม่เท่ากันจะมีอัตราการเกิดการกลายพันธุ์ไม่เท่ากัน (Eisen, 1999) ฉะนั้นในการคำนวณจึงต้องแยกไมโครแซเทลโลไต์ดีเอ็นเอแต่ละประเภทออกจากกัน พิจารณาระยะห่างทางพันธุกรรมที่แสดงไว้ในตาราง 3 แสดงให้เห็นว่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรกลุ่มย่อยภายในเผ่าเดียวกันจะน้อย แต่เมื่อเปรียบเทียบกับกลุ่มอื่นนอกเผ่าจะมีระยะห่างทางพันธุกรรมมากขึ้น เช่น เมื่อพิจารณากะเหรี่ยงสะกอเทียบกับกะเหรี่ยงโป กะเหรี่ยงคะยา และกะเหรี่ยงคลองสุ พบว่าระยะห่างทางพันธุกรรมมีค่า 0.067, 0.050, 0.054 ตามลำดับ เมื่อคำนวณระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกะเหรี่ยงสะกอกับม้งดำ ม้งขาว เย้าเชียงราย เย้าพะเยา และเย้า น่าน ระยะห่างทางพันธุกรรมจะมีค่ามากคือ 0.242, 0.260, 0.124, 0.309 และ 0.210 ตามลำดับ สามารถพิจารณาได้ทำนองเดียวกันเช่นนี้กับทุกกลุ่มย่อย

เมื่อสร้าง phylogenetic tree แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรทั้ง 3 เผ่าและกลุ่มย่อย (รูป 2) จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรม ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ PHYLIP 3.5c package สามารถแบ่งประชากรออกเป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มกะเหรี่ยงและเย้า กับกลุ่มม้ง แสดงว่าเย้ามีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับกะเหรี่ยงมากกว่ากับม้ง โดยประชากรย่อยของแต่ละเผ่านี้จะแยกกันอยู่ในเผ่าเดียวกัน ซึ่งแสดงว่ากลุ่มย่อยของแต่ละเผ่ามีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสายมาก

ตาราง 3 ระยะห่างทางพันธุกรรมของทั้ง 3 เผ่าและกลุ่มย่อย

ประชากร	K-S	K-T	K-K	K-P	Hm-B	Hm-W	Y-CR	Y-PA	Y-NA
K-S									
K-T	0.067								
K-K	0.05	0.095							
K-P	0.054	0.137	0.096						
Hm-B	0.242	0.282	0.303	0.112					
Hm-W	0.26	0.363	0.282	0.09	0.094				
Y-CR	0.124	0.074	0.119	0.101	0.151	0.178			
Y-PA	0.309	0.218	0.327	0.344	0.327	0.451	0.191		
Y-NA	0.21	0.161	0.206	0.196	0.193	0.237	0.053	0.082	



รูป 2 Phylogenetic tree แบบ root แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรทั้ง 3 เผ่าและกลุ่มย่อย

อภิปรายผลการศึกษา

ความสัมพันธ์ระหว่างเชื้อสายและชาติพันธุ์

ผลการศึกษารูปแบบการกระจายและความถี่อัลลีลของไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอตำแหน่งต่าง ๆ ทั้ง 15 ตำแหน่งในประชากร ชาวกะเหรี่ยง ชาวม้งและชาวเข่าคังได้แสดงไว้ในตาราง 1 แสดงให้เห็นว่าไมโครแซเทลโลไทต์แต่ละตำแหน่งมีคุณลักษณะเฉพาะตัว สามารถนำมาใช้ในการพิจารณาเพื่อศึกษาความสัมพันธ์ของประชากรได้ ในที่นี้จะพิจารณา 2 ลักษณะคือ พิจารณาอัลลีลที่พบบ่อย โดยถือว่าอัลลีลที่พบได้บ่อย (มีความถี่อัลลีลมาก) จะเป็นอัลลีลดั้งเดิมของประชากร ส่วนอัลลีลที่มีความถี่น้อยกว่าจะปรากฏขึ้นภายหลัง และพิจารณารูปแบบการกระจายและความถี่ของอัลลีลต่าง ๆ ทั้งในแต่ละตำแหน่งและรวมทุกตำแหน่งว่ามีแนวโน้มไปในทิศทางเดียวกันหรือไม่ โดยดูจากการทดสอบ contingency Chi square การพิจารณารูปแบบการกระจายและความถี่ของอัลลีลนี้จะสะท้อนให้เห็นโครงสร้างที่ต่างกันของประชากรในปัจจุบัน

จากรูปแบบการกระจายและความถี่ของอัลลีลที่พบบ่อยของไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอบางตำแหน่งซึ่งมีอัลลีลที่พบบ่อยที่สุดของสามประชากรเป็นอัลลีลเดียวกัน คือตำแหน่ง DYS388, DYS389i, DYS389ii และ DYS391 มีอัลลีลที่พบบ่อยที่สุดคืออัลลีล 128, 149, 117 และ 162 ตามลำดับนั้น น่าจะให้อธิบายได้ว่าประชากรทั้งสามกลุ่มอาจเคยมีบรรพชนร่วมกันมา แล้วจึงมาแยกจากกันเป็นกลุ่มต่าง ๆ ภายหลัง ซึ่งอธิบายได้ด้วยทฤษฎีแห่งกำเนิดเดียวของมนุษย์ปัจจุบันที่ว่ามนุษย์ปัจจุบันมีจุดกำเนิดในแอฟริกาแล้วจึงอพยพไปยังภูมิภาคต่างๆ ในภายหลัง (Cann *et al.*, 1987; Underhill *et al.*, 2000)

เมื่อพิจารณาไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอตำแหน่ง DYS392 ที่มีอัลลีลขนาด 171 คู่เบสมากที่สุดในชาวม้งและชาวเข่า แต่มีอัลลีลขนาด 174 คู่เบสมากที่สุดในชาวกะเหรี่ยง ตำแหน่ง DYS437 ที่มีอัลลีลขนาด 189 คู่เบสมากที่สุดในชาวม้งและชาวเข่า แต่มีอัลลีลขนาด 185 คู่เบสมากที่สุดในชาวกะเหรี่ยง และตำแหน่ง Y-GATA-A7.1 ที่มีอัลลีลขนาด 168 คู่เบสมากที่สุดในชาวม้งและชาวเข่า แต่มีอัลลีลขนาด 172 คู่เบสมากที่สุดในชาวกะเหรี่ยง จะเห็นว่ามีความสัมพันธ์กับการจัดกลุ่มประชากรทั้งสามตามหลักภาษาศาสตร์คือภาษากะเหรี่ยงจะอยู่ในภาษาตระกูลจีน-ทิเบต ส่วนภาษาม้งและเข่าอยู่ในกลุ่มตระกูลภาษาม้งเยียน (Technical Service Club Tribal Institute, 1995)

มีไมโครแซเทลโลไทต์ดีเอ็นเอบางตำแหน่งแสดงให้เห็นความแตกต่างระหว่างประชากรกลุ่มดังกล่าวได้อย่างชัดเจน เช่น ตำแหน่ง DYS19 โดยในชาวกะเหรี่ยงจะมีอัลลีลที่พบบ่อยที่สุดคือขนาด 191 คู่เบส ส่วนชาวเข่ามีอัลลีลที่พบบ่อย คือ 203 คู่เบส ในขณะที่ชาวม้งมีอัลลีลที่พบบ่อยที่สุดคือ 199 คู่เบส ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ Santos *et al.* (1996) ซึ่งศึกษาการกระจายความถี่อัลลีลของไมโครแซเทลโลไทต์ตำแหน่ง DYS19 ในประชากรต่างๆ ทั่วโลก รวม 1,183 ตัวอย่าง พบว่าการกระจายตัวของอัลลีลของไมโครแซเทลโลไทต์ตำแหน่งนี้จะแตกต่างกันในแต่ละประชากร นอกจากตำแหน่ง DYS19 แล้วยังมีตำแหน่ง DYS390 ด้วยที่ให้ผลลักษณะเช่นเดียวกัน และเมื่อใช้ contingency chi-square test เป็นตัวสถิติทดสอบความเป็นอิสระของรูปแบบการกระจายและความถี่อัลลีลรวมของไมโครแซเทลโลไทต์ทั้ง 15 ตำแหน่งจากประชากรทั้ง 3 กลุ่ม พบว่ามีความแตกต่างกันของประชากรทั้ง 3 อย่างมีนัยสำคัญ ($prob < 0.01$)

ชาวกะเหรี่ยงซึ่งแบ่งเป็น 4 กลุ่มย่อยคือกะเหรี่ยงสะกอ กะเหรี่ยงโป กะเหรี่ยงคลองสุ และกะเหรี่ยงคะยานั้นมีอัลลีลที่พบบ่อยเป็นอัลลีลเดียวกันในหลายตำแหน่งเช่น DYS388, DYS389ii, DYS391, DYS392, DYS436, DYS437, DYS426 และ Y-GATA-A7.1 แสดงว่ากะเหรี่ยงทั้ง 4 กลุ่มมีความใกล้ชิดกันทางเชื้อสายมาก อย่างไรก็ตามไมโครแซเทลโลไทต์บางตำแหน่งชี้ให้เห็นว่าแม้ประชากรจะมีความใกล้ชิดกันทางเชื้อสายมากก็มีความแตกต่างระหว่างกลุ่มแฝงอยู่ได้ เช่น เมื่อพิจารณาตำแหน่ง DYS19 และ DYS439 ที่ตำแหน่ง DYS19 อัลลีลที่พบบ่อยในกลุ่มคลองสุคือขนาด 191 คู่เบส ในขณะที่อัลลีลที่พบบ่อยในกลุ่มที่เหลือเป็นอัลลีลเดียวกันขนาด 195 คู่เบส ที่ตำแหน่ง

DYS439 อัลลีลที่พบบ่อยในกลุ่มตองซูกือ 248 คู่เบส แต่อัลลีลที่พบบ่อยในสามกลุ่มที่เหลือเป็น 244 คู่เบส ทำให้กลุ่มย่อยตองซูกือค่อนข้างต่างจากอีก 3 กลุ่ม

การทดสอบความเป็นอิสระของการกระจายและความถี่ของอัลลีลรวมของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอจำนวน 15 ตำแหน่งที่ระบุ จากตาราง 2 ชี้ให้เห็นว่ากลุ่มสกอมีโครงสร้างประชากรแตกต่างจากกลุ่มอื่นทุกกลุ่มอย่างมีนัยสำคัญ ($\text{prob} < 0.05$) ที่เป็นเช่นนี้อธิบายได้ว่า เนื่องจากสกอเป็นกะเหรี่ยงกลุ่มใหญ่ มีจำนวนประชากรมากที่สุด ในกะเหรี่ยงทั้งหมด และตั้งถิ่นฐานเป็นบริเวณกว้างกระจายอยู่ทั่วภาคเหนือ ทำให้การกระจายและความถี่ของอัลลีลในกลุ่มสกอต่างจากกลุ่มอื่นได้ อย่างไรก็ตามดังได้กล่าวไปแล้วข้างต้นว่ากะเหรี่ยงทั้ง 4 กลุ่มนี้มีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสาย ฉะนั้นจึงน่าจะสรุปได้ว่าแม้เดิมประชากรมีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสาย แต่ในเวลาที่ผ่านไปเมื่อไม่มีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมระหว่างกัน ประชากรที่มีการแยกย้ายจากกันไปอยู่ในพื้นที่ต่างๆ ก็จะมีโครงสร้างทางพันธุกรรมในรุ่นลูกหลานต่างกัน

ในกลุ่มม้งคำและม้งขาวจะเห็นว่าส่วนใหญ่อัลลีลที่พบบ่อยในตำแหน่งต่างๆ ของทั้งสองกลุ่มย่อยจะเป็นอัลลีลเดียวกันและอัลลีลที่พบในกลุ่มหนึ่งก็มักพบในอีกกลุ่มหนึ่งด้วยแม้จะด้วยความถี่ที่ต่างกัน แสดงว่าแต่เดิมกลุ่มม้งทั้งสองน่าจะมีการพบปะร่วมกัน นั่นคือมีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสายมาก แม้จะมีการแยกเป็นกลุ่มย่อยเนื่องจากมีความเชื่อและขนบธรรมเนียมประเพณีที่ยึดถือและปฏิบัติต่างกันก็ตาม กลุ่มย่อยทั้ง 2 กลุ่มดังกล่าวเป็นกลุ่มที่มีการโยกย้ายหลังแต่งงานของฝ่ายหญิงจึงไม่พบมีผลกระทบกับความแตกต่างของโครโมโซม Y อย่างไรก็ตาม ความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($\text{prob} < 0.05$) ของการกระจายและความถี่ของอัลลีลรวมของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอทั้ง 15 ตำแหน่งชี้ให้เห็นว่าทั้งสองกลุ่มย่อยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ต่างกัน อาจกล่าวได้ว่าแม้เดิมกลุ่มย่อยทั้งสองจะมีการพบปะร่วมกัน แต่ในช่วงระยะเวลาที่ผ่านมาจะมีปัจจัยหลายประการ เช่น เกิดการกลายพันธุ์แล้วถ่ายทอดมา การแยกอาศัยอยู่ในพื้นที่ต่างกัน การอพยพเข้ามาในประเทศไทยในเวลาต่างๆ กัน การเคลื่อนย้ายที่อยู่เพื่อการหาไร่เลื่อนลอย เหล่านี้ล้วนแต่ทำให้การกระจายและความถี่ของอัลลีลในสองกลุ่มค่อยๆ เปลี่ยนไปแล้วต่างกันได้ในที่สุด

ส่วนในชาวเข่าแม้จะมีเพียงกลุ่มเดียวในประเทศไทย แต่จากกลุ่มตัวอย่างใน 3 บริเวณที่ศึกษาพบพบว่าแต่ละกลุ่มมีอัลลีลที่พบบ่อยและรูปแบบการกระจายและความถี่ของอัลลีลค่อนข้างเฉพาะตัว ซึ่งสอดคล้องกับประวัติการอพยพของเข่าเข้ามาในประเทศไทยดังที่ได้กล่าวไว้แล้วในประวัติของประชากร นอกจากนี้ชาวเข่ายังนิยมรับบุตรบุญธรรม โดยมากเป็นการรับเด็กชาย (ไม่ว่าจะเป็นเข่าเดียวกันหรือต่างเผ่า แม้กระทั่งคนไทย ซึ่งอาศัยอยู่ในบริเวณใกล้เคียง) เพื่อเป็นการเพิ่มแรงงานในครัวเรือน จึงน่าจะเป็นอีกเหตุผลหนึ่งที่ทำให้รูปแบบการกระจายและความถี่ของอัลลีลของโครโมโซม Y ในเข่าแต่ละพื้นที่แตกต่างกัน

ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มประชากรนั้นอาจสามารถแบ่งออกได้เป็น ความสัมพันธ์ทางชาติพันธุ์ หมายถึงการมีภาษาและวัฒนธรรมร่วมกัน กับความสัมพันธ์ทางเชื้อสาย ซึ่งหมายถึงการมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันทางสายเลือด เนื่องจากมีการพบปะร่วมกันมาในอดีต (ถาวร และคณะ 2539) จาก phylogenetic tree ที่สร้างจากระยะทางทางพันธุกรรมที่คำนวณจากค่า $\delta\mu^2$ ของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอถึง 11 ตำแหน่งจากประชากรกลุ่มต่างๆ นั้น จะเห็นว่ากะเหรี่ยง 4 กลุ่มย่อย เข่าจาก 3 บริเวณและม้งทั้ง 2 กลุ่มถูกจัดรวมกันในแต่ละเผ่าและแยกออกเป็นกลุ่มระหว่างเผ่าอย่างชัดเจน ซึ่งเป็นการยืนยันว่ากลุ่มย่อยของแต่ละประชากรนั้นมีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสาย สำหรับม้งกับเข่าซึ่งอยู่ในตระกูลภาษาเดียวกัน จาก phylogenetic tree แสดงให้เห็นว่าทั้ง 2 เผ่าไม่ได้มีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสาย จึงกล่าวได้ว่าความสัมพันธ์ระหว่างม้งกับเข่านี้เป็นความสัมพันธ์กันทางชาติพันธุ์

ผลของการโยกย้ายถิ่นหลังแต่งงาน และการแบ่งกลุ่มย่อย

จากค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอรวมทั้ง 15 ตำแหน่งในโครโมโซม Y ของทั้ง 3 เผ่า สามารถเรียงลำดับความหลากหลายทางพันธุกรรมจากน้อยไปมากตามลำดับได้ดังนี้ คือ กลุ่มกะเหรี่ยง กลุ่มม้ง และกลุ่มเย้า ในทางทฤษฎีแล้ว ความหลากหลายทางพันธุกรรมของโครโมโซม Y ในประชากรที่ถือธรรมเนียมปฏิบัติในการโยกย้ายถิ่นหลังแต่งงานโดยฝ่ายชายเข้าสู่อำนาจฝ่ายหญิง น่าจะสูงกว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของโครโมโซม Y ในประชากรที่มีการโยกย้ายถิ่นหลังแต่งงานของฝ่ายหญิงสู่บ้านฝ่ายชาย (Srikumtsool et al., 2001)

จากการศึกษาพบว่ากลุ่มกะเหรี่ยงซึ่งเป็นกลุ่มที่มีการโยกย้ายหลังแต่งงานของฝ่ายชาย กลับมีความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยน้อยกว่ากลุ่มม้งและกลุ่มเย้าที่มีการโยกย้ายหลังแต่งงานของฝ่ายหญิง เหตุผลที่เป็นเช่นนี้ คาดว่า เนื่องมาจากความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของม้งดำและม้งขาวเป็นค่าที่คำนวณจากประชากรหลายหมู่บ้านที่อยู่กระจายทั่วภาคเหนือ (ม้งดำจากจังหวัดเชียงใหม่ เชียงราย และ พะเยา ม้งขาวจากจังหวัดเชียงใหม่และ เชียงราย) จึงอาจเป็นสาเหตุของการเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมได้ เมื่อเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มกะเหรี่ยงกับกลุ่มม้งในระดับประชากรย่อยเทียบกัน จะเห็นได้ว่ากะเหรี่ยงคงดูแลและรักษาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยมากกว่าทั้งม้งดำและม้งขาว ซึ่งสอดคล้องกับทฤษฎีข้างต้น

Srikumtsool et al., (2001) ได้ทำการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของกะเหรี่ยงสะกอซึ่งถือธรรมเนียมชายย้ายเข้าบ้านภรรยาหลังแต่งงาน เพียงหมู่บ้านเดียวเปรียบเทียบกับประชากรที่ถือธรรมเนียมหญิงย้ายเข้าบ้านสามีหลังแต่งงาน (อาข่า กับลีซู กลุ่มละ 1 หมู่บ้าน ม้ง 4 หมู่บ้าน) พบว่ากลุ่มสะกอที่ศึกษามีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่ากลุ่มอาข่า ลีซู และม้ง

จากการศึกษาดังกล่าวและการศึกษาในงานวิจัยนี้อาจกล่าวได้ว่า ธรรมเนียมการโยกย้ายหลังแต่งงานของฝ่ายชายนั้นมีผลต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรจริง แต่อย่างไรก็ตามเมื่อประชากรที่ศึกษามีขนาดใหญ่ขึ้น การโยกย้ายหลังแต่งงานอาจไม่ส่งผลกระทบต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรนั้นมากนัก เพราะโครโมโซม Y ที่ย้ายไปมานั้นก็จะเป็นโครโมโซม Y ที่มีอยู่แล้ว นอกจากนี้การแต่งงานภายในหมู่บ้านเดียวกันแม้จะมีการเคลื่อนย้ายของโครโมโซม Y จากครอบครัวหนึ่งไปอีกครอบครัวหนึ่งก็ไม่ทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของหมู่บ้านนั้นเพิ่มขึ้น จากการสัมภาษณ์อาสาสมัคร ทราบว่าส่วนใหญ่ก็มีการแต่งงานภายในหมู่บ้านเดียวกัน

สำหรับกลุ่มเย้าซึ่งมีความหลากหลายทางพันธุกรรมของโครโมโซม Y มากที่สุดนั้น สามารถอธิบายได้ว่ากลุ่มเย้ามีการรับบุตรบุญธรรมจากกลุ่มต่างๆ ทั้งที่เป็นประชากรชาวเย้าด้วยกันเองและจากชนเผ่าอื่น (ซึ่งจากการสัมภาษณ์ทำให้ทราบว่าส่วนมากแล้วนิยมรับเด็กผู้ชายเพื่อเพิ่มแรงงานของครอบครัว) จึงเป็นการรับโครโมโซม Y ของประชากรอื่นเข้ามาในกลุ่มของตนเอง ทำให้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมมาก

ผลของการแบ่งกลุ่มประชากรย่อยที่มีต่อความหลากหลายทางพันธุกรรมของโครโมโซม Y จะเห็นชัดเจนในกลุ่มม้งเพราะจะไม่มีการเคลื่อนย้ายของโครโมโซม Y ในประชากรทำให้โครโมโซม Y อยู่คงที่ (fixed) จากความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของกลุ่มม้งดำและม้งขาวเมื่อคำนวณแยกกันมีค่า 0.4739 และ 0.4533 ตามลำดับ ในขณะที่ความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของกลุ่มม้งมีค่า 0.4842 (มากกว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมเฉลี่ยของม้งดำกับม้งขาว ที่เป็นเช่นนี้อธิบายได้ว่า ม้งซึ่งเดิมเป็นกลุ่มที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงอยู่แล้ว เมื่อแยกจากกัน เพราะมีความเชื่อที่ต่างกัน โครโมโซม Y ในประชากรก็จะถูกแบ่งเป็นสองกลุ่มเช่นกัน โดยแต่ละกลุ่มอาจมีโครโมโซม Y ไม่เหมือนกัน มีการกระจายและความถี่ของอัลลีลไม่เท่ากัน ส่งผลให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสองกลุ่มไม่เท่ากันด้วย ในเวลาที่ผ่านมาพร้อมกับมีการถ่ายทอดโครโมโซม Y จากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลานสืบมาภายในกลุ่มย่อยของตน โดยไม่มีการแลกเปลี่ยนโครโมโซม Y ระหว่างกัน (หรือมีน้อยมาก) แต่ละกลุ่มจะมีโครงสร้างและความหลากหลาย

หลายทางพันธุกรรมเป็นของตนเองในที่สุด ฉะนั้นการนำมั้งทั้ง 2 กลุ่มย่อยกลับมารวมกันอีกครั้งแล้วหาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม อัลลีลบางอัลลีลที่มีในกลุ่มย่อยหนึ่งแต่ไม่มีในกลุ่มย่อยหนึ่ง จะถูกนำกลับมารวมกันเพื่อเป็นตัวแทนของเผ่ามั้งทั้งหมด จึงทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของเผ่ามั้งสูงขึ้น

เนื่องจากแต่ละประชากรจะประกอบด้วยทั้งผู้ชายและผู้หญิง ฉะนั้นในการศึกษาอิทธิพลของการโยกย้ายถิ่นหลังแต่งงานและการแบ่งกลุ่มประชากรย่อยจึงน่าจะทำการศึกษาทั้งในสองฝ่าย ซึ่งนอกจากศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของโครโมโซม Y แล้วยังควรศึกษาไมโทคอนเดรียซึ่งมีการถ่ายทอดผ่านทางเพศหญิง กับออโตโซมและโครโมโซม X ซึ่งถ่ายทอดผ่านทั้งสองเพศไปพร้อมกันด้วย เพื่อให้ได้ข้อสรุปที่ชัดเจนขึ้น

สรุปผลการวิจัย

1. การจัดกลุ่มทางภาษาศาสตร์โดยจัดเผ่ามั้งและเข้าไว้ในตระกูลภาษาเดียวกันนั้นเป็นการจัดกลุ่มโดยใช้วัฒนธรรมและการมีบรรพบุรุษทางชาติพันธุ์ร่วมกัน แต่ทั้งสองประชากรนั้นไม่ได้มีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสายมากนัก
2. กลุ่มประชากรย่อยของแต่ละเผ่าจะมีความสัมพันธ์กันทางเชื้อสายอย่างชัดเจน
3. วัฒนธรรมของแต่ละประชากร เช่นการโยกย้ายถิ่นหลังแต่งงาน การรับบุตรบุญธรรมมีบทบาทต่อการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างพันธุกรรมของประชากร

เอกสารอ้างอิง

- ขจิตกัย บุรุษพัฒน์. 2538. ชาวเขา. กรุงเทพฯ. สำนักพิมพ์แพรวพิตยา.
- ถาวร วัชรากัย, ชัยวัฒน์ ปิ่นน้อย, ทวีศักดิ์ ศิริวัฒนพงศ์ และคณะ. 2539. ขอบฟ้าใหม่ในการบ่งชี้ความเป็นไทย: การตีความจากหลักฐานความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างคนไทยบางกลุ่มกับกลุ่มชาติพันธุ์ต่างตระกูลภาษาบางกลุ่ม. ใน *Proceedings of the 6th international conference on Thai studies theme VII*. Chiang mai. Thailand. p 287-305.
- Ayub O., Mohyuddin A., Qamar R., *et al.* 2000. Identification and characterization of novel human Y-chromosomal microsatellites from sequence database information. *Nucleic Acids Res.*, 28(2), e8.
- Cann R., Stoneking M., Wilson A. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325, 31-36.
- Deka R., Jin L., Shriver M.D., *et al.* 1996. Dispersion of human Y chromosome haplotypes base on five microsatellites in global populations. *Genome Res.*, 6, 1177-1184.
- Eisen J.A. 1999. Mechanistic basis for microsatellite instability. in Goldstein D.B., Schlotterer C. (Ed.), *Microsatellites evolution and Applications*. New York. Oxford University Press, Inc. p34-48.
- Foley R. 1998. The context of human genetic evolution. *Genome Res.*, 8, 339-347.
- Hammer M.F., Horai S. 1995. Y chromosomal DNA variation and the peopling of Japan. *Am. J. Hum. Genet.*, 56, 954-962.
- Hammer M.F., Zegura S.L. 1996. The role of the Y chromosome in human evolutionary studies. *Evol. Anthropol.*, 5, 116-134.
- Hancock J.M. 1999. Microsatellites and other simple sequences : genomic context and mutational mechanisms. in Goldstein D.B., Schlotterer C. (Ed.), *Microsatellites evolution and applications.*, New York, Oxford University Press Inc., p.1-23.
- Lum J. K., Cann R. 2000. MtDNA lineage analysis: origin and migration of micronesians and polynesians. *Am. J. Phy. Anthropol.*, 113, 151-168.

- Kangwanpong D., Srikummool M., Suttisarakorn S., Seielstad M. 2001. Genetic diversity and distances among the 6 hill tribes of Thailand. 10th International Congress of Human Genetics, Vienna, Austria.
- Kayser M., Caglia A., Corach D., *et al.* 1997. Evaluation of Y- chromosome STRs: a multicenter study. *Int. J. Legal. Med.*, 110, 125-133.
- Muller S., Golmoka M., Walter H. 1994. The Y-specific SSLP of the locus DYS19 in four different European sample. *Hum. Heredity*, 44, 298-300.
- Nei M., Kumar S. 2000. Molecular evolution and phylogenetics. New York. Oxford University Press, Inc.
- Quintana-Murci L., Semino O., Poloni E.S., *et al.* 1999. Y- chromosome specific YCAII, DYS19 and YAP polymorphisms in human populations: a comparative study. *Ann. Hum. Genet.*, 63, 153-166.
- Roewer L., Kayser M., Dieties P., *et al.* 1996. Analysis of molecular variance (AMOVA) of Y chromosome specific microsatellites in two closely related human populations. *Hum. Mol. Genet.*, 5, 1029-1033.
- Santos F.R., Geretsaikhon T., Munkhtuja B., Oyunsuren T., Epplen T., Pena S.D. 1996. Geographic difference in the allele frequencies of the human Y-linked tetranucleotide polymorphism DYS19. *Hum Genet.* 97, 303-313.
- Scozzari R., Cruciani F., Malaspina P., *et al.* 1997. Differential structuring of human populations for homologous X and Y microsatellite loci. *Am. J. Hum. Genet.*, 61, 719-733.
- Seielstad M., Bekele E., Ibrahim M., Toure A., Traore M. 1999. A view of modern human origins from Y chromosome microsatellite variation. *Genome Res.*, 9, 558-567.
- Seielstad M.T., Minch E., Cavalli-Sforza L.L. 1998. Genetic evidence for a higher female migration rate in humans. *Nat. Genet.*, 20, 278-280.
- Srikummool M., Kangwanpong D., Singh N., Seielstad M. 2001. Y-chromosomal variation in uxorilocal and patrilocal populations in Thailand. In: Jin L, Seielstad M, Xiao C.(Ed.), Genetic, linguistic and archaeological perspectives on human genomic diversity in southeast Asia., Singapore, World Scientific Press, p69-82.

- Technical Service Club Tribal Research Institute. 1995. The hill tribes of Thailand. 4th ed. Chiang Mai, Nantakarn.
- Thomas M.G., Bradman N., Flinn H.M. 1999. High throughput analysis of 10 microsatellite and 11 diallelic polymorphisms on the human Y-chromosome. *Hum Genet.*, 105, 577-581.
- Thomas M.G., Parfitt T., Weiss D.A., *et al.* 2000. Y chromosomes traveling south: the Cohen modal haplotype and the origins of the Lemba-the "black Jews of southern Africa". *Am. J. Hum. Genet.*, 66, 674-686.
- Thomas M.G., Skorecki K., Ben-Ami H., Parfitt T., Bradman N., Goldstein D.B. 1998. Origins of old testament priests. *Nature*, 394, 138-140.
- Underhill P.A., Shen P., Lin A.A., *et al.* 2000. The architecture of Y chromosome diallelic haplotype diversity: an emerging portrait of mankind. *Nat. Genet.*, 26, 358-361.
- Watson E., Bauer K., Aman R., Weiss G., von Haeseler A., Paabo S. 1996. MitDNA sequencing diversity in Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 59, 437-444.
- White P.S., Tatum O.L., Daaven L.L., Longmire J.L. 1999. New, male-specific microsatellite markers from the human Y chromosome. *Genomics.*, 57, 433-437.

Outputที่ได้จากโครงการ

ประโยชน์ที่ได้รับจากโครงการ

โครงการวิจัยนี้เป็นโครงการวิจัยพื้นฐานที่มีประโยชน์ในเชิงวิชาการทั้งในแง่การสร้างนักวิจัยใหม่ระดับปริญญาเอกและการสร้างองค์ความรู้ใหม่เกี่ยวกับการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของมนุษย์ ทำให้ทราบว่าในการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของมนุษย์นั้นปัจจัยทางวัฒนธรรมที่แตกต่างกันในแต่ละประชากรเป็นสิ่งที่ต้องคำนึงถึงอย่างยิ่งเพราะปัจจัยเหล่านั้นมีผลโดยตรงต่อการข้อสรุปของการวิจัย ซึ่งต่างจากการศึกษาในสิ่งมีชีวิตอื่นที่ไม่มีวัฒนธรรมมาเกี่ยวข้อง นอกจากนี้ข้อมูลที่ได้ยังสามารถนำไปเชื่อมโยงกับการศึกษาทางชาติพันธุ์วิทยาและมานุษยวิทยาในการศึกษาความสัมพันธ์ของประชากรกลุ่มต่างๆได้

ผลงานตีพิมพ์ที่คาดว่าจะได้จากโครงการ

ทางคณะผู้วิจัยคาดว่าจะนำเสนอบทความเรื่อง Effect of post-marital practice on the genetic diversity of Karen, Hmong and Yao in northern Thailand. ในวารสาร American Journal of Human Genetics โดยจะชี้ให้เห็นความสัมพันธ์ระหว่างธรรมเนียมการโยกย้ายบ้านเรือนหลังแต่งงานของฝ่ายชายและฝ่ายหญิงกับความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรแต่ละกลุ่ม ขณะนี้กำลังอยู่ระหว่างการเตรียมเนื้อหาบทความ

การเสนอผลงานในที่ประชุม

ได้นำเสนองานวิจัยเรื่อง Y-chromosomal variation among the hill-tribes of northern Thailand is influenced by cultural differences ในการประชุมวิชาการ Human Origins & Disease ณ Cold Spring Harbor laboratory, New York, สหรัฐอเมริกา ระหว่างวันที่ 30 ตุลาคม ถึง 3 พฤศจิกายน 2545 (ถึง abstract ที่แนบมาด้วย)

ภาคผนวก

Abstracts of papers presented
at the 2002 meeting on

HUMAN ORIGINS & DISEASE

October 30–November 3, 2002

Arranged by

Douglas Wallace, *University of California, Irvine*
Christopher Stringer, *Natural History Museum, London*
Mary-Claire King, *University of Washington, Seattle*



Cold Spring Harbor Laboratory
Cold Spring Harbor, New York

Y-CHROMOSOMAL VARIATION AMONG THE HILL-TRIBES OF NORTHERN THAILAND IS INFLUENCED BY CULTURAL DIFFERENCES

M. Srikumool¹, M. Seielstad², D. Kangwanpong¹

¹ Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University, Chiang Mai, Thailand, ² Program for Population Genetics, Harvard School of Public Health, Boston, Massachusetts, U.S.A.

Human cultural variation in the rules of postmarital residence can influence migration rate differences between the sexes. Evidence of this has been found in the hill-tribe populations of Northern Thailand, where variation on the paternally inherited Y chromosome is higher in uxori-local populations (where a husband resides with the family of his wife) such as the Karen and Lahu, than it is in patrilo-cal populations such as the Akha, Hmong, Lisu, with one exception, in the Iu Mien. The Iu Mien have institutionalized a tradition of adopting children from other tribes, and this might lead to greater Y chromosomal diversity in this community, since its members have arrived from diverse communities.

To confirm this observation, Y-chromosomal diversity was studied in 4 subgroups (126 males of Skaw, Pwo, Taungthu and Kayah) of the Karen – a predominantly uxori-local tribe, and 3 villages (52 males) of the patrilo-cal Iu Mien, using 15 microsatellite loci on the NRPY. As expected, the Iu Mien show higher average genetic diversity in comparison to the Karen (0.494 and 0.473 respectively). Our interviews of community members indicate that adopted children from outside the Iu Mien populations were mostly males. This suggests that substantial Y-chromosomal gene flow, primarily via adoption, may result in the higher diversity of Y chromosomes in the Iu Mien population. The precise cultural practices as well as demographic information for each population, therefore, should be considered carefully in evaluating the influence of different social traditions on human genetic diversity.

