

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	การวิเคราะห์โครโมโซม Y แสโพลไทป์ในกะเหรี่ยงและม้ง ด้วยไมโครแซทเทลไลท์	
ชื่อผู้เขียน	นายเมธวี ศรีคำมูล	
วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต	สาขาวิชาชีววิทยา	
คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์	รองศาสตราจารย์ ดร. ดาวรุ่ง กังวานพงศ์	ประธานกรรมการ
	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ปริศนา จรรย์วิทย์วัฒน์	กรรมการ
	ศาสตราจารย์ นพ. ชานินทร์ ภูพัฒน์	กรรมการ

### บทคัดย่อ

โครโมโซม Y แสโพลไทป์คืออัลลีลในโครโมโซม Y บริเวณที่ไม่เกิดรีคอมบิเนชัน ในที่นี้คือไมโครแซทเทลไลท์หลายรูปแบบที่กระจายอยู่ทั่วไปในบริเวณนี้ มีการถ่ายทอดไปด้วยกันทั้งหมดโดยไม่มีการเปลี่ยนแปลง จากรุ่นหนึ่งสู่อีกรุ่นผ่านทางฝ่ายชายเท่านั้น ยกเว้นในกรณีที่เกิดการกลายพันธุ์สะสมมาในหลายชั่วอายุคน การวิเคราะห์ความถี่ของไมโครแซทเทลไลท์อัลลีล และแสโพลไทป์ในโครโมโซม Y จะสามารถใช้เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร ตลอดจนหาความแตกต่างของความหลากหลายทางพันธุกรรม และระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรได้ ข้อมูลเหล่านี้ทำให้ทราบโครงสร้างประชากรได้ในระดับหนึ่ง ซึ่งเมื่อประกอบกับประวัติการอพยพเคลื่อนย้ายของประชากร ก็อาจจะนำไปสู่การค้นหาค้นหาต้นตอของประชากรแต่ละกลุ่มได้

วิธีการศึกษาทำได้โดย สกัดดีเอ็นเอจากเซลล์เม็ดเลือดขาวของชายชาวไทยภูเขาเผ่ากะเหรี่ยง (matrilocal) 21 คนและเผ่าม้ง (patrilocal) 29 คน แยกโปรตีนออกด้วยเกลือความเข้มข้นสูง ตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยอัลกอฮอล์ และทำการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอเป้าหมายซึ่งเป็น tetranucleotide repeats ที่ตำแหน่ง DYS19, DYS389 และ DYS393 โดยอาศัยเทคนิค polymerase chain reaction (PCR) จากนั้นนำผลผลิตดีเอ็นเอที่เพิ่มปริมาณแล้วมาวิเคราะห์หาขนาดอัลลีลที่ตำแหน่งดังกล่าว ด้วยวิธี polyacrylamide gel electrophoresis และย้อมด้วย silver

ผลการศึกษาพบว่า ที่ตำแหน่ง DYS19 ในเผ่ากะเหรี่ยงมี 3 อัลลีล ในม้งมี 4 อัลลีล ที่ตำแหน่ง DYS389 ในเผ่ากะเหรี่ยงพบ 4 อัลลีล ในม้งมี 2 อัลลีล ตำแหน่ง DYS393 ในเผ่ากะเหรี่ยงและม้งมี 4 อัลลีลเท่ากัน ส่วนแสโพลไทป์ที่รวบรวมได้มี 11 แบบในชาวไทยภูเขาทั้งสองเผ่า แต่มีความถี่และรูปแบบต่างกัน ความถี่อัลลีลของไมโครแซทเทลไลท์ทั้งสามตำแหน่งและแสโพลไทป์แสดงความแตกต่างระหว่าง 2 ประชากรอย่างมีนัยสำคัญ ระยะห่างทางพันธุกรรมคำนวณจากแสโพลไทป์ มีค่า 1.7967 แสดงว่าประชากรชาวไทยภูเขาที่ศึกษามีแบบแผนโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ต่างกัน ซึ่งส่วนหนึ่งได้รับอิทธิพลจากวัฒนธรรมประเพณีที่ติดต่อกันมาอย่างเคร่งครัด และทั้งสองเผ่า

ยังมีต้นตอที่มาของบรรพบุรุษเป็นคนละกลุ่มกัน คาดว่าวิทยานิพนธ์นี้จะเป็นประโยชน์ในการศึกษาความสัมพันธ์กับ  
ประชากรอื่น และนำไปประยุกต์ใช้กับการศึกษาด้านวิวัฒนาการได้ต่อไป

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Chiang Mai University

<b>Thesis Title</b>	Analysis of Y Chromosome Haplotypes in Karen and Hmong Based on Microsatellite	
<b>Author</b>	Mr. Metawee Srikummool	
<b>M.S.</b>	Biology	
<b>Examining Committee</b>	Assoc. Prof. Dr. Daoroong Kangwanpong	Chairperson
	Asst. Prof. Prisana Jariyavitayawatra	Member
	Prof. Dr. Tanin Bhoopat	Member

### ABSTRACT

Y chromosome haplotype is microsatellite alleles in non-recombining portion of Y chromosome, which is polymorphic and inherited unchanged together as a group within paternal lineage, except for intervening mutations that accumulate through generations. The analyses of microsatellite allelic frequencies and haplotypes in Y chromosome give rise to the study of genetic diversity of the population, interpopulation variability and genetic distance. These data can be used to construct the population structure and with additional history of migration, the ancestor can be traced back.

DNA was extracted from white blood cells of 21 Karen males (matrilocal group) and 29 Hmong males (patrilocal group) by inorganic salting out procedure. Tetranucleotide repeats microsatellite loci DYS19, DYS389 and DYS393 were amplified using polymerase chain reaction (PCR) technique. Polyacrylamide gel electrophoresis and silver staining were used to identify allele size.

At the locus DYS19, three alleles were found in Karen, while 4 alleles were found in Hmong. At the locus DYS389 Karen had 4 alleles and Hmong had 2 alleles. Four alleles were observed at the locus DYS393 both in Karen and Hmong. When haplotypes were constructed, 11 types were observed equally in both tribes, but with different frequency and pattern. Microsatellite allelic frequencies at 3 loci as well as haplotype frequencies showed significant difference between 2 populations. Genetic distance calculated from haplotypes was 1.7967. It can be interpreted that hilltribe populations studied had different genetic structure, which in part had been influenced by their strictly followed culture and tradition. Moreover these two populations had different ancestors. It is expected

that this thesis will be useful for further study in population relationship and for application in other related evolutionary studies.

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Chiang Mai University