

บทคัดย่อ

เพื่อเป็นการศึกษาข้อมูลทางประชากรพันธุศาสตร์ในชนกลุ่มน้อยที่ยังคงรักษาขนบธรรมเนียมประเพณีวัฒนธรรมและภาษาพูดของกลุ่มไว้ได้เป็นอย่างดีซึ่งอาศัยอยู่ในภูมิภาคต่างๆของประเทศไทย 5 กลุ่มชน ได้แก่ ไทยภูเขา ผู้ไทย ของ ลาวโซ่ง และชาวก ในภาคเหนือ ตะวันออกเฉียงเหนือ ตะวันออก กลาง และได้ ตามลำดับ ผู้วิจัยได้ทำการศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมอันประกอบด้วย 1. ชนิดของฮีโมโกลบิน ด้วยวิธี cellulose acetate electrophoresis 2. บีตาโกลบินยีนแอสเฟโพลไทป์ (β -globin gene haplotypes) ในกลุ่มยีนบีตา-โกลบินบนโครโมโซมที่ 11 ด้วยวิธี พีซีอาร์ แล้วตัดด้วยเอ็นไซม์ตัดจำเพาะ 7 ตำแหน่ง 3. ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอโพลีมอร์ฟิสม (mtDNA polymorphism) ชนิด Asian specific 9bp deletion (region V) ด้วยวิธี พีซีอาร์ 4. mtDNA polymorphism ในส่วน D-loop major noncoding region ด้วยการนำ direct DNA sequencing จากดีเอ็นเอที่เพิ่มจำนวนได้ด้วยวิธี พีซีอาร์ แล้ววิเคราะห์ข้อมูลเพื่อศึกษา nucleotide diversity ภายในกลุ่มชนและระหว่างกลุ่มชนสร้างเป็น phylogenetic tree ดูความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรที่ศึกษา ผลการศึกษาพบความถี่ของยีนฮีโมโกลบินอี(HbE)ในกลุ่มคนไทยภูเขา ผู้ไทย ของ ลาวโซ่งและชาวก เท่ากับ 0.01 , 0.31 , 0.60 , 0.05 และ 0.06 ตามลำดับ โดยผลบีตาโกลบินยีนแอสเฟโพลไทป์ ระบุว่า กลุ่มคนของซึ่งมีอุบัติการณ์ของHbEสูงที่สุดนั้นมี origin ของHbEต่างจากกลุ่มชนอื่นๆ โดยไปคล้ายกับกลุ่มคนเขมรที่เคยมีรายงานมาแล้ว ส่วนกลุ่มชนอื่นๆนั้นมี origin ของHbEที่เหมือนกันและเหมือนกับที่เคยมีรายงานในประชากรไทยทั่วไปและลาว ซึ่งสอดคล้องกับผลของ mtDNA polymorphism ที่พบว่ากลุ่มคนของมีความสัมพันธ์กับกลุ่มชนอื่นๆน้อย ส่วนลาวโซ่ง ผู้ไทย ไทยภูเขา รวมไปถึงคนไทยทั่วไปในจังหวัดเชียงใหม่และขอนแก่นนั้นมีความสัมพันธ์กันจึงเชื่อว่าHbEที่มีอุบัติการณ์สูงในกลุ่มผู้ไทยน่าจะเป็นแหล่งกำเนิดของHbEที่แพร่เข้าไปในกลุ่มประชากรไทยทั่วไป ส่วนชนกลุ่มน้อยที่มีอุบัติการณ์ของ HbE ต่ำ ก็น่าจะได้รับเข้าไปจากกลุ่มประชากรไทยทั่วไปที่ไม่สามารถสืบประวัติได้ และนอกจากนี้ผล mtDNA polymorphism ยังระบุว่ากลุ่มคนชาวก เป็นกลุ่มคนที่มีความสัมพันธ์กับกลุ่มชนอื่นน้อยมาก ข้อมูลที่ได้จากการศึกษานี้เป็นข้อมูลพื้นฐานที่ทำให้เกิดความรู้ความเข้าใจในเรื่องประวัติศาสตร์ชนชาติไทยได้มากขึ้นและจะมากยิ่งขึ้นหากนำวิธีการศึกษานี้ไปศึกษาในกลุ่มชนอื่นๆของประเทศไทยเพิ่มเติมอีก

Abstract

In order to provide population genetics data of small ethnic groups of Thai population we have studied five ethnic groups living in different geographical regions. Five selected ethnic groups studied include Hill tribes in the north, Phu Tai in the northeast, Chong in the east, Lao Song in the middle and aboriginal Sakai in the south of the country. Four genetic markers including types of hemoglobin determined by hemoglobin electrophoresis, β -globin gene haplotypes determined using PCR, an Asian specific 9 bp deletion in region V of mtDNA and mtDNA sequence polymorphisms in the D-loop major non-coding region determined by direct DNA sequencing were studied and determined ethnic relationships by phylogenetic tree analysis. It was found that the HbE gene frequencies in Hill tribes, Phu Tai, Chong, Lao Song and Sakai were 0.01, 0.31, 0.60, 0.05 and 0.06, respectively. β -Globin gene haplotype analysis indicates that HbE in Chong population has a different origin with other groups but has the same origin with Cambodian reported previously. HbE in the four remaining groups share the same origin with general Thai and Laos populations. Data on mtDNA polymorphisms also indicates that the Chong and Sakai populations are less related to other groups whereas Lao Song, Phu Tai and Hill tribes are closely related to the general Thai population living in Chiangmai and Khon Kaen provinces. The result from this study shows that both genetic markers on nuclear DNA and the mtDNA polymorphisms could provide useful information related to the history of Thai population. Further study on other small ethnic groups should provide a more insight into the study of history and ethnic relationships among Thai population.