



รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการ ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ใน  
ประชากรชาวไทยวนและไทลื้อ  
ซึ่งอาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย

โดย ดาวรุ่ง กังวานพงศ์ และ จตุพล คำปวนสาย

พฤษภาคม 2548

รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

โครงการ ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย  
ในประชากรชาวไทยวนและไทลื้อ  
ซึ่งอาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย

คณะผู้วิจัย

สังกัด

- |                       |  |
|-----------------------|--|
| 1. ดาวรุ่ง กังวานพงศ์ | ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์<br>มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ |
| 2. จตุพล คำปวนสาย     | ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์<br>มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ |

สนับสนุนโดยสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย

## บทคัดย่อ

**สัญญาเลขที่:** BGJ4580022

**ชื่อโครงการ:** ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวไทยวนและไทลื้อ  
ซึ่งอาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย

**ชื่อนักวิจัย:** รศ.ดร. คาวรุ่ง กังวานพงศ์  
ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
scidkngw@chiangmai.ac.th  
นายจตุพล คำปวนสาย  
ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
Jatupol\_K@hotmail.com

**ระยะเวลาโครงการ:** 2 ปี

คนไทยพื้นเมืองทางภาคเหนือของประเทศไทย เป็นกลุ่มคนที่พูดภาษาในตระกูลภาษาไท มีวัฒนธรรม ประเพณี รวมทั้งภาษาพูดที่เป็นเอกลักษณ์ นักวิชาการในสาขาต่างๆ ได้พยายามเสนอสมมติฐานจากหลักฐานทางประวัติศาสตร์และมานุษยวิทยา ถึงที่มาของบรรพชนของกลุ่มคนไททางภาคเหนือเหล่านี้ แต่จวบจนปัจจุบัน สมมติฐานเกี่ยวกับบรรพชนของชาวไทก็ยังคงเป็นข้อถกเถียงกันอย่างกว้างขวาง ในงานวิจัยนี้ จึงได้ใช้ความผันแปรทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในบริเวณ hypervariable region I จำนวน 522 คู่เบส เพื่อศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ระหว่างประชากร ที่พูดภาษาตระกูลภาษาไท ในภาคเหนือของประเทศไทย 4 กลุ่ม ได้แก่ ไทยวน ไทลื้อ ไทยอง และไทเงิน แล้วนำมาเปรียบเทียบกับกลุ่มประชากรที่พูดภาษาในตระกูลมอญ-เขมร 3 กลุ่ม ได้แก่ มลาบรี ปะหล่อง และพลาँग ในประชากรตัวอย่างทั้งหมด 649 คนจาก 14 หมู่บ้าน พบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่แตกต่างกันทั้งสิ้น 247 แบบ แยกออกจากกันโดยตำแหน่งที่มีความผันแปรจำนวน 140 ตำแหน่ง ซึ่งจากการวิเคราะห์ทางสถิติด้วยวิธี AMOVA พบว่าประชากรเกือบทั้งหมดมีความแตกต่างกัน แม้ว่าความผันแปรทางพันธุกรรมมากกว่า 90% จะพบภายในแต่ละประชากร ความแตกต่างทั้งในและระหว่างประชากรนี้เกิดจากการที่อัตราการอพยพของผู้หญิงระหว่างประชากรมีน้อย การแบ่งกลุ่มประชากรโดยใช้ข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียนี้ไม่สอดคล้องกับการจัดกลุ่มประชากรทางภาษาศาสตร์ ตำแหน่งทางภูมิศาสตร์ หรือประวัติการอพยพย้ายถิ่น สำหรับในกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมรนั้น ชาวมลาบรีมีความแตกต่างจากประชากรชาวปะหล่องและชาวพลาँगอย่างชัดเจน ซึ่งผลดังกล่าวสัมพันธ์กับประวัติความเป็นมาของชาวมลาบรี

**คำหลัก:** ความหลากหลายทางพันธุกรรม, ไมโทคอนเดรีย, พันธุศาสตร์ประชากร, ชาวไท

## Abstract

**Project Code :** BGJ4580022

**Project Title :** Mitochondrial DNA variation in Tai Yuan and Tai Lue populations residing in the northern part of Thailand

**Investigators:** Assoc. Prof. Dr. Daoroong Kangwanpong  
Department of Biology, Faculty of Science, Chiangmai University  
scidkngw@chiangmai.ac.th  
Mr. Jatupol Kampuansai  
Department of Biology, Faculty of Science, Chiangmai University  
Jatupol\_K@hotmail.com

**Project Period:** 2 Year

Northern native Thai people speak the language which belongs to the Tai language family. Their culture, tradition and language are unique. Experts in different academic fields have proposed the origin of Northern Thai ancestor hypotheses using historical and anthropological evidences. Until now, the ancestor hypothesis still has been widely debated. In this study, the genetic diversity of 522 bps fragment of mitochondrial DNA hypervariable region I in 4 Tai-speaking populations in the northern part of Thailand - Thai Yuan, Thai Lue, Thai Yong and Thai Kern, was analyzed in order to study the genetic structure and relationship among populations. The genetic comparison between 4 Tai populations and 3 Mon-Khmer speaking populations- Mlabri, Palong and Plang, was also performed. 247 different haplotypes defined by 140 polymorphic sites were observed in a total number of 649 individuals from 14 villages. Using AMOVA analysis, almost all populations are statistically differentiated, although more than 90% of the genetic variation is found within the population. The low female migration rate between populations might affect the differences within population and among populations. Grouping of populations using mitochondrial DNA data is not in accordance with the populations that are grouped by language family, geographic location or migration history. Among the Mon-Khmer speaking populations, the Mlabri is clearly distinct from the Plang and Palong, which have a close genetic relationship. The result is supported by the interpretation based on the history of Mlabri.

**Keywords:** genetic diversity, mitochondria, population genetics, Tai

## Executive Summary

**ชื่อโครงการ (ภาษาไทย)** ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวไทยวนและไทลื้อ ซึ่งอาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย

**ชื่อโครงการ (ภาษาอังกฤษ)** Mitochondrial DNA variation in Tai Yuan and Tai Lue populations residing in the northern part of Thailand

**ชื่อ-สกุล อาจารย์ที่ปรึกษา** นางสาวดารุง กังวานพงศ์  
Ms. Daoroong Kangwanpong  
รองศาสตราจารย์

**ชื่อ-สกุล นักศึกษา** นายจตุพล คำปวนสาย  
Mr. Jatupol Kampuansai

**ที่ทำงาน** ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่  
โทรศัพท์ : 053-943346-8 ต่อ 1305 โทรสาร: (053)892259  
E-mail address: scidkngw@chiangmai.ac.th

### 1. ความสำคัญและที่มาของปัญหา

คนไทยพื้นเมืองทางภาคเหนือหรือที่มักเรียกว่า คนเมือง นับเป็นกลุ่มชนที่มีวัฒนธรรม ประเพณี รวมทั้งภาษาพูดที่เป็นเอกลักษณ์ เช่น ไทยอง ไทลื้อ ไทยวน ไทเงิน และจากหลักฐานต่างๆ ได้บ่งชี้ว่ากลุ่มชนเหล่านี้มีความสัมพันธ์กับกลุ่มชนในประเทศจีนทางตอนใต้ โดยเฉพาะบริเวณที่เรียกว่าสิบสองปันนา และทางตะวันออกเฉียงใต้มาเป็นเวลานาน ทำให้ความสนใจในการติดตามหาบรรพชนทางเชื้อสายของชนชาติไทกลุ่มนี้มีมากขึ้นเรื่อยๆ ซึ่งจากหลักฐานเท่าที่มีในปัจจุบันสามารถแยกออกเป็นสองทฤษฎีใหญ่ๆ คือ อาจเป็นกลุ่มชนที่สืบเชื้อสายมาจากคนไทยทางตอนใต้และตะวันออกเฉียงใต้ของจีน ซึ่งต่อมาได้อพยพลงมาอยู่ตามลุ่มน้ำต่างๆ จนเข้ามาถึงบริเวณประเทศไทย และปัจจุบันยังคงพบกลุ่มชนที่พูดภาษาตระกูลไทและเรียกกลุ่มชาติพันธุ์ตามชื่อเดิมของตน ที่ยังอาศัยอยู่ตามเส้นทางที่คาดว่าเป็นเส้นทางของการอพยพของบรรพชนชาวไทย ส่วนอีกทฤษฎีหนึ่งกล่าวว่า บรรพชนของชาวไทยไทกลุ่มนี้น่าจะเป็นกลุ่มชนพื้นเมืองของดินแดนแถบนี้มาก่อนแล้ว (คาดว่าเป็นกลุ่มมอญ-เขมร) แต่ต่อมาได้รับเอา

วัฒนธรรม ประเพณี และภาษาพูดผ่านทางการติดต่อและการปกครองของกลุ่มคนไท ซึ่งตลอดเวลาที่ผ่านมา ยังไม่มีทฤษฎีใดที่โดดเด่นจนสรุปได้ว่าต้นตระกูลของคนไทยมาจากไหน นอกจากนี้กลุ่มชนต่างๆ เหล่านี้ยังได้มีการปะปนกับกลุ่มชาติพันธุ์อื่นๆ ทั้งทางเชื้อสายและวิถีการดำรงชีวิตมากขึ้นเรื่อยๆ ในช่วงเวลาที่ผ่านมามีวัฒนธรรม ประเพณีและเอกลักษณ์ทางชาติพันธุ์ค่อยๆ สูญหายไป นักวิชาการในหลายสาขาจึงเห็นถึงความสำคัญของการกลับมาสร้างความสำนึกทางชาติพันธุ์ เพื่ออนุรักษ์ศิลปะวัฒนธรรม รวมทั้งประเพณีอันดีงามและเป็นเอกลักษณ์ของกลุ่มชนเหล่านี้ ให้คงอยู่และเป็นที่รู้จักแพร่หลายมากขึ้น ซึ่งในงานวิจัยโครงการนี้จะใช้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรแต่ละกลุ่ม เพื่อป้องกันความสับสนระหว่างประชากรเหล่านั้น และจะเป็นข้อมูลเพื่อติดตามหาบรรพชนและการโยกย้ายถิ่นฐานของคนไทต่อไป

## 2. วัตถุประสงค์

2.1 เพื่อศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาวไทยวนและไทลื้อ กับความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างกลุ่มประชากรโดยอาศัยความหลากหลายทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย

2.2 เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างความสัมพันธ์ทางเชื้อสายกับภาษาและวัฒนธรรม ของชนที่พูดภาษาไทยซึ่งอาศัยอยู่ทางภาคเหนือของประเทศไทย เพื่อนำไปเปรียบเทียบกับประชากรกลุ่มอื่นๆ

## 3. ระเบียบวิธีวิจัย

3.1. กลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาคั้งนี้คือประชากรที่พูดภาษาในตระกูลภาษาไทย 4 กลุ่ม คือชาวไทยวน (คนเมือง) ไทลื้อ ไทยอง และไทจีน และประชากรที่พูดภาษาในตระกูลมอญ-เขมร 3 กลุ่มคือ ชาวมลลารี ชาวปะหล่อง และชาวพล่าง โดยในการศึกษานี้จะสัมภาษณ์ข้อมูลเกี่ยวกับภาษา ประเพณี ประวัติการอพยพ การตั้งหมู่บ้าน และประวัติส่วนตัวของประชากรที่ศึกษาด้วย

3.2. การเก็บตัวอย่างเลือดและการสกัดดีเอ็นเอ ทำโดยเจาะเลือดจากเส้นเลือดดำบริเวณข้อพับแขนปริมาตร 5 มล ใช้หลอดเก็บเลือดสุญญากาศที่มี EDTA เป็นสารกันเลือดแข็งตัว จากอาสาสมัครที่ไม่เป็นญาติพี่น้องกัน จากไทยวน 4 หมู่บ้าน ไทลื้อ 4 หมู่บ้าน ไทยอง 1 หมู่บ้าน ไทจีน 1 หมู่บ้าน มลลารี 1 หมู่บ้าน ปะหล่อง 1 หมู่บ้าน และพล่าง 2 หมู่บ้าน โดยกำหนดให้อาสาสมัครมีอายุ 40 ปีขึ้นไป (โครงการได้ผ่านการอนุมัติของ คณะกรรมการพิทักษ์สิทธิสวัสดิภาพและป้องกันอันตรายในการวิจัยกับมนุษย์ สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สุขภาพ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่แล้ว) จากนั้นนำมาสกัดดีเอ็นเอจากเม็ดเลือดขาวด้วยวิธีอินออร์แกนิก แยกโปรตีนออกด้วยเกลือความเข้มข้นสูง และตกตะกอนดีเอ็นเอด้วยแอลกอฮอล์

3.3. การศึกษาความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ทำโดยเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยวิธี PCR โดยอาศัยไพรเมอร์ที่ติดฉลากด้วยสีฟลูออเรสเซนต์ และวิเคราะห์ลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ hypervariable I ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสอัตโนมัติรุ่น ABI3730 เพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างของเบสแต่ละตำแหน่งที่ต่างกันในแต่ละบุคคล

3.4. การวิเคราะห์ข้อมูล ข้อมูลจากดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ได้จะนำมาวิเคราะห์ทางสถิติ เพื่อหาความหลากหลายทางพันธุกรรม ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากร แล้วสร้าง phylogenetic tree ด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์และแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

#### 4. สรุปผลการวิจัย

4.1 จากการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรที่พูดภาษาตระกูลไทและมอญ-เขมรที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย ทำให้ทราบว่าลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรตัวอย่างนั้นมีความแตกต่างกันและมีลักษณะเฉพาะในแต่ละหมู่บ้าน ซึ่งเป็นผลมาจากอัตราการอพยพของผู้หญิงระหว่างประชากรมีน้อย จึงทำให้แต่ละหมู่บ้านมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะเฉพาะขึ้นมา แม้ว่าจะเป็นกลุ่มประชากรที่ยังคงใช้ชื่อกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกัน โดยเฉพาะในชาว มลาบรี ซึ่งพบว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมที่ต่างจากกลุ่มประชากรอื่นอย่างชัดเจน

4.2 การแบ่งกลุ่มประชากรโดยอาศัยข้อมูลทางพันธุศาสตร์นั้น ไม่สอดคล้องกับการจัดแบ่งกลุ่มด้วยข้อมูลทางภาษาศาสตร์ การกระจายทางภูมิศาสตร์ หรือประวัติศาสตร์การอพยพ โดยข้อมูลของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียนั้นบ่งชี้ว่า ชาวไทลื้อกับชาวไทยองมีความสัมพันธ์กันอย่างใกล้ชิด ในขณะที่ชาวไทเขินนั้นต่างไปจากกลุ่มประชากรชาวไทยที่เคยมีถิ่นฐานเดิมบริเวณสิบสองปันนา มณฑลยูนนาน ประเทศจีน ในกลุ่มชาวไทยวนพบว่าชาวไทยวนจากจังหวัดสระบุรีมีความแตกต่างจากคนเมืองทางภาคเหนืออย่างชัดเจน โดยกลุ่มคนเมืองนั้นมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับกลุ่มประชากรที่พูดภาษาในตระกูลมอญ-เขมร คือ ชาวปะหล่องและชาวพม่ามากกว่า

#### ผลงานที่คาดว่าจะตีพิมพ์ในวารสารวิชาการนานาชาติ

วารสาร Human Genetics ซึ่งมี impact factor เท่ากับ 4.022

ชื่อเรื่อง Mitochondrial DNA Variation of Tai-speaking People in Northern Thailand

## เนื้อหางานวิจัย

### 1. ความเป็นมาและผลการวิจัยที่เกี่ยวข้อง

อาณาบริเวณซึ่งเป็นที่ตั้งของประเทศไทยปัจจุบันนั้น นับว่าเป็นพื้นที่ที่มีความสมบูรณ์ทั้งในด้านภูมิศาสตร์และวัฒนธรรม แม้จะไม่มี ความโดดเด่นทางอารยธรรมเทียบเท่ากับอารยธรรมเก่าแก่ของโลกที่ขนาบข้างอย่างอินเดียหรือจีน แต่ประวัติศาสตร์ของดินแดนบริเวณนี้ก็ยังคงเป็นเรื่องราวของบ้านเมืองใหญ่น้อยที่ค่อยๆ พัฒนาขึ้นบนรากฐานของการเกษตรและการค้า จากบ้านสู่เมือง จากเมืองกลายเป็นอาณาจักรที่ยิ่งใหญ่หลายครั้งหลายครา นับแต่อาณาจักรฟูนัน เจนละ ทวารวดี ศรีวิชัย สุโขทัย อโยธยา จวบจนถึงรัตนโกสินทร์ ซึ่งจากหลักฐานทางโบราณคดีก็ทำให้เชื่อได้ว่าเมื่อประมาณหนึ่งล้านปีก่อนก็น่าจะมีบรรพบุรุษของมนุษย์อาศัยอยู่ในดินแดนบริเวณนี้แล้ว (Penth, 2000) และมีการตั้งถิ่นฐานของกลุ่มชนต่างๆ เรื่อยมา เช่น ชาวลัวะ ชาวมอญ ชาวขอม รวมทั้งชาวไทย

คำว่าชนชาติไทยเป็นชื่อที่ใช้เรียกกลุ่มชนที่พูดภาษาในตระกูลไท-กะได (Tai-Kadai language family) ซึ่งเป็นกลุ่มย่อยกลุ่มหนึ่งในตระกูลภาษาเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ อันประกอบด้วย

1. ตระกูลภาษาจีน-ทิเบต (Sino-Tibetan)
2. ตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก (Austroasiatic)
3. ตระกูลภาษาแม้ว-เย้า (Miao-Yao)
4. ตระกูลภาษาออสโตรเนเซียน (Austronesian)
5. ตระกูลภาษาไท-กะได (Tai-Kadai) ซึ่งประกอบด้วยตระกูลย่อยไทและกะได

ภาษาตระกูลไทนี้ใช้กันเป็นบริเวณกว้าง จากตอนบนของเวียดนาม เกาหลีตอนใต้และตะวันตกของมณฑลกว่างสี ตอนใต้ของมณฑลยูนนาน เรื่อยไปทางตะวันตกถึงแคว้นอัสมัม ประเทศอินเดีย ส่วนตอนล่างคลุมบริเวณรัฐฉาน ประเทศไทยและลาว คนไทที่อยู่ในบริเวณต่างๆ ของเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ มักจะเรียกตนเองด้วยชื่อต่างๆ กัน เช่น ไท ลาว ลื้อ ไทดำ ไท(สยาม) ผู้ไท ฉาน ฯลฯ (ปราณี, ดิดต่อ ส่วนตัว) แม้จะมีการเรียกชื่อกลุ่มที่ต่างกัน แต่คนเหล่านี้ก็ยังคงมีวัฒนธรรมประเพณีรวมทั้งภาษาที่คล้ายคลึงกันและสามารถเชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างกันได้ เป็นที่ยอมรับกันในหมู่นักภาษาศาสตร์ว่าภาษาในตระกูลเดียวกันน่าจะมีจุดกำเนิดร่วมกันในที่แห่งหนึ่ง แล้วจึงกระจายออกไปยังถิ่นต่างๆ กลายเป็นภาษาประจำถิ่นที่แตกต่างกัน ซึ่งการกระจายของภาษานี้ก็น่าจะเกิดขึ้นจากการอพยพของผู้คนที่ เป็นเจ้าของภาษาออกไปจากจุดกำเนิด แสดงให้เห็นถึงการมีบรรพบุรุษร่วมกันในอดีตและแตกแขนงแยกออกไปภายหลัง (ถาวรและคณะ, 2541)

อย่างไรก็ตามยังมีบางกระบวนการที่สามารถก่อให้เกิดการกระจายของภาษาได้ นั่นคือการรับเอาวัฒนธรรม ประเพณีและภาษาพูดจากกลุ่มชนข้างเคียงหรือโดยการเข้ามาปกครองของกลุ่มชนอื่น ทำให้ต้องใช้วัฒนธรรมและภาษาตามกลุ่มชนปกครองนั้นด้วย ซึ่งมักเรียกกระบวนการเหล่านี้ว่า การกลืน

ชาติพันธุ์ ซึ่งกระบวนการนี้ทำให้กลุ่มชนที่มีเชื้อสายแตกต่างกันสามารถมีวัฒนธรรม ประเพณี และ ภาษาพูดที่คล้ายกันได้ ดังนั้นในการที่จะศึกษาถึงบรรพชนของกลุ่มชนหนึ่งๆ จึงต้องแยกแยะให้ถือว่าเป็น บรรพชนทางเชื้อสาย (biological ancestor) คือมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกันทางสายเลือดเนื่องจากมีบรรพ ชนร่วมกันมาในอดีต หรือเป็นบรรพชนทางชาติพันธุ์ (ethnic ancestor) คือครอบคลุมนการมีภาษาและ วัฒนธรรมร่วมกัน ซึ่งในบางครั้งบรรพชนทั้งสองกลุ่มนี้อาจเป็นกลุ่มเดียวกันหรือไม่ก็ได้

ตลอดระยะเวลาอันยาวนานนับเนื่องแต่อดีต ประกอบกับอิทธิพลทั้งภายนอกและภายใน ได้ หล่อหลอมอาณาบริเวณของประเทศไทยจนมีความหลากหลายทั้งทางภาษา ความเชื่อ และเชื้อชาติ ทั้ง จากอารยธรรมขอม มอญ ลาว จีน ฯลฯ จนทำให้ดูราวกับว่าการติดตามหาบรรพชนของคนไททั้งบรรพ ชนทางเชื้อสายและบรรพชนทางชาติพันธุ์เป็นเรื่องที่ยากยิ่ง เพราะคนไทในแต่ละส่วนของประเทศก็จะ รับเอาวัฒนธรรมของกลุ่มชนที่อยู่ใกล้เคียงมา หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งก็เป็นการยากที่จะระบุว่าบรรพชน ของคนไท (สยาม) ทั้งประเทศนั้นมาจากที่ใดเพราะบรรพบุรุษของคนภาคเหนือ กลาง ใต้ และอีสาน อาจเป็นคนละกลุ่มก็ได้ ดังนั้นในการที่จะติดตามหาบรรพชนและการโยกย้ายถิ่นฐานของคนไทให้ได้ ข้อมูลที่ละเอียดและชัดเจนมากขึ้นจึงควรแยกบริเวณศึกษาเป็นส่วนๆ ไป

ภาคเหนือของประเทศไทยนั้น นับเป็นพื้นที่ซึ่งมีสภาพภูมิศาสตร์โดดเด่นในฐานะดินแดนที่ ประกอบด้วยภูเขาสลับกับหุบเขาและที่ราบมากมาย มีป่าไม้และดินอันอุดมสมบูรณ์ เป็นต้นกำเนิดของ แม่น้ำหลายสาย รวมทั้งมีพรมแดนติดต่อกับประเทศเพื่อนบ้านเป็นบริเวณกว้าง ทำให้ดินแดนแถบนี้เอื้อ อำนวยต่อการตั้งถิ่นฐานของกลุ่มชนต่างๆ คนไทพื้นเมืองของภาคเหนือหรือที่มักเรียกว่า คนเมือง เป็น กลุ่มชนที่มีวัฒนธรรม ประเพณีรวมทั้งภาษาพูดที่เป็นเอกลักษณ์ เช่น ไทยอง ไทลื้อ ไทยวน ไทจีน จาก ข้อมูลทางด้านภาษาศาสตร์ ทำให้นักวิชาการส่วนใหญ่เชื่อกันว่าบรรพบุรุษสายใหญ่ของคนไททางภาค เหนือก็คือชนชาติไทที่ตั้งถิ่นฐานอยู่ทางตอนใต้และตะวันออกเฉียงใต้ของจีน ซึ่งต่อมาได้มีการอพยพมา ตามเส้นทางลุ่มแม่น้ำซีเกียง แยกซีเกียง คำ แดง สาละวิน และโขง โดยการเคลื่อนย้ายนี้อาจเป็นไปหลาย ระลอกและกินเวลานับพันๆ ปี (กัญญา,2544) ซึ่งปัจจุบันยังคงมีกลุ่มชนที่พูดภาษาตระกูลไท-กะได และ เรียกกลุ่มชาติพันธุ์ตามชื่อเดิมของตนอาศัยอยู่ในบริเวณประเทศจีนทางใต้-ตะวันออกเฉียงใต้ และตาม ลุ่มน้ำต่างๆ เช่น กลุ่มไทลื้อในเขตมณฑลกวาสีซึ่งมีภาษาพูด ขนบธรรมเนียมประเพณี และวิถีการดำรง ชีวิตคล้ายคลึงกับกลุ่มไทลื้อซึ่งอาศัยอยู่ทางภาคเหนือของไทยเป็นอย่างมาก (กัญญา,2544) จากหลักฐาน ทางโบราณคดีบ่งชี้ว่าดินแดนทางภาคเหนือของประเทศไทยในสมัยก่อนที่กลุ่มชนชาวไทจะเข้ามายึด ครองนั้น ได้มีหลายชนชาติเข้ามาตั้งรกรากอาศัยอยู่ในดินแดนแถบนี้ก่อนแล้ว เช่น ชาวลัวะ ชาวมอญ (อาณาจักรหริภุญชัย) กลุ่มชนชาติไทกลุ่มแรกซึ่งอพยพเข้ามายังดินแดนบริเวณภาคเหนือนี้อยู่ในช่วง ประมาณปี ค.ศ.1150 (Penth,2000) คนไทกลุ่มนี้ส่วนใหญ่เป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่เรียกตนเองว่า ไทยวน (Yuan, Yun, Yon) ซึ่งต่อมาได้เข้ามาครอบครองดินแดนแถบนี้ทั้งหมด ก่อตั้งเป็นอาณาจักรล้านนา (Lanna) และขยายอาณาเขตออกไปอย่างกว้างขวาง ต่อมาจึงมีคนไทกลุ่มอื่นๆ ติดตามเข้ามาทั้งจากเหตุ

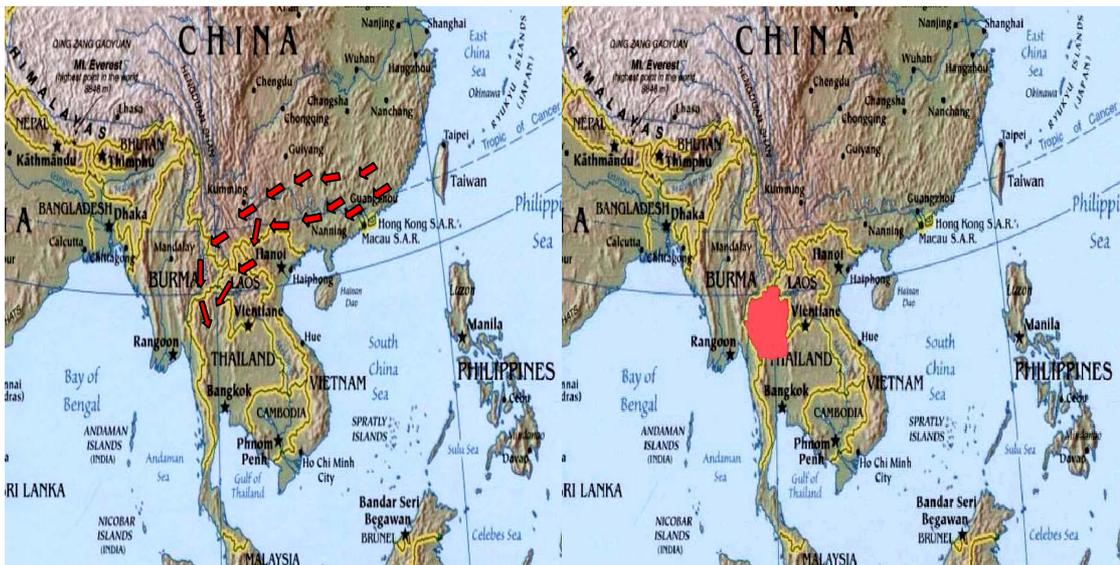
ทางการเมือง การปกครอง รวมทั้งความอุดมสมบูรณ์ของดินแดนบริเวณนี้ เช่น กลุ่มไทลื้อ ไทยอง ไทเงิน

ต่อมาเมื่อความรู้ทางด้านพันธุศาสตร์มีความก้าวหน้ามากขึ้น ได้มีการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางเชื้อสายของกลุ่มชนที่พูดภาษาในตระกูลแตกต่างกันที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย ได้แก่ ตัวแทนกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลไทจากภาคเหนือ กลาง ใต้ และกลุ่มชาติพันธุ์ลาว โดยกลุ่มคนไทภาคเหนือจากจังหวัดเชียงใหม่ (ไทยวน) เชื่อว่าบางส่วนสืบเชื้อสายมาจากชาวไทเงินและไทลื้อ แต่ยังไม่สามารถยืนยันได้ว่ามีการเคลื่อนย้ายมาจากภายนอกหรือเป็นคนพื้นเมืองของเอเชียอาคเนย์มาแต่ดั้งเดิม, ตัวแทนของกลุ่มชาติพันธุ์เขมร (ออสโตรเอเชียติก) จากจังหวัดสุรินทร์, ตัวแทนกลุ่มภาษาตระกูลจีน-ทิเบต ได้แก่ ชาวเขาเผ่าต่างๆจากภาคเหนือและภาคตะวันตกของประเทศไทย รวมทั้งกลุ่มคนเชื้อสายจีนจากภาคกลางของประเทศไทย และกลุ่มที่พูดภาษามลายู (ออสโตรเนเซียน) จากจังหวัดนครศรีธรรมราช ซึ่งการศึกษาได้อาศัยการวิเคราะห์เปรียบเทียบความถี่ของอัลลีล ได้แก่ กลุ่มเลือด ฮีโมโกลบิน ฯลฯ จำนวน 34 อัลลีลจาก 13 ตำแหน่งยีน พบว่าคนไทยกลุ่มตัวอย่างมีความใกล้ชิดทางเชื้อสายมากที่สุดกับพวกเขมร ก่อนห่างจากพวกมลายู และห่างมากที่สุดจากคนพื้นเมืองหลายกลุ่มจากทางตอนใต้ของประเทศจีน ซึ่งจากหลักฐานนี้สนับสนุนสมมติฐานที่ว่าบรรพชนทางเชื้อสายของกลุ่มชาติพันธุ์ไทยในพื้นที่ตอนกลางของเอเชียอาคเนย์น่าจะเป็นคนพื้นเมืองดั้งเดิมของเอเชียอาคเนย์ นอกจากนี้ยังพบว่าชาวไทยวนจากจังหวัดเชียงใหม่ ก็มีความใกล้ชิดเชิงพันธุกรรมกับกลุ่มคนไทยและเขมรจากทางตอนใต้ของภูมิภาคเอเชียอาคเนย์ หรืออาจกล่าวได้ว่าบรรพชนทางเชื้อสายของชาวไทลื้อและไทเงินอาจเป็นคนพื้นเมืองดั้งเดิมของเอเชียอาคเนย์ซึ่งมีความใกล้ชิดทางเชื้อสายกับบรรพชนของกลุ่มคนไทย (ปัจจุบัน) และมอญ-เขมรในพื้นที่ตอนกลางของเอเชียอาคเนย์ ซึ่งจากการศึกษาครั้งนี้นับเป็นการปฏิเสธทฤษฎีการเคลื่อนย้ายครั้งใหญ่ของบรรพชนทางเชื้อสายของคนไทยลงมาจากทางตอนใต้ของประเทศจีน และเป็นหลักฐานสนับสนุนว่า บรรพชนทางเชื้อสายของคนไทยน่าจะเป็นกลุ่มชนที่ตั้งถิ่นฐานอยู่บริเวณนี้มาก่อนแล้ว เช่นกลุ่มชาติพันธุ์เขมร แต่สาเหตุที่ทำให้ภาษาและวัฒนธรรมไทยสามารถแพร่กระจายได้อย่างกว้างขวางและรวดเร็วในพื้นที่แถบนี้ น่าจะเป็นกลไกทางการเมืองและวัฒนธรรมบางอย่าง เช่น การปกครองด้วยระบบศักดินา การกลืนกลุ่มชาติพันธุ์อื่นภายใต้อำណัติให้เป็นชนชาติไท (เสมอชัย, 2544)

ปัจจุบันจึงดูเหมือนกับว่าทฤษฎีการติดตามหาบรรพชนทางเชื้อสายของชนชาติไท โดยเฉพาะคนไทยพื้นเมืองทางภาคเหนือ ซึ่งมีความสัมพันธ์กับกลุ่มชนในประเทศจีนทางตอนใต้-ตะวันออกเฉียงใต้ โดยเฉพาะบริเวณที่เรียกว่าสิบสองปันนามาเป็นเวลานาน ได้แยกออกเป็นสองทฤษฎีใหญ่ๆ คือ

1. มีการอพยพของกลุ่มคนไทจากทางตอนใต้และตะวันออกเฉียงใต้ของจีนลงมาตามลุ่มน้ำต่างๆ จนเข้ามาถึงบริเวณประเทศไทยปัจจุบัน และ
2. เป็นกลุ่มชนพื้นเมืองของดินแดนแถบนี้มาก่อนแล้ว (คาดว่าในกลุ่มมอญ-เขมร) แต่รับเอาวัฒนธรรม ประเพณี และภาษาพูดผ่านการปกครองของกลุ่มคนไท และกระบวนการกลืนชาติพันธุ์

อย่างไรก็ตามด้วยหลักฐานที่มีในปัจจุบัน ทำให้ไม่มีทฤษฎีใดที่โดดเด่นจนสรุปได้ว่าต้นตระกูลไทยมาจากไหน และยังคงมีข้อโต้แย้งกันไปตามระเบียบวิชาการของแต่ละสาขา นอกจากนี้ในปัจจุบันกลุ่มชนต่างๆ เหล่านี้ได้มีการปะปนกับกลุ่มชาติพันธุ์อื่นๆ ทั้งทางเชื้อสายและวิถีการดำรงชีวิตมากขึ้นเรื่อยๆ จนทำให้วัฒนธรรม ประเพณีและเอกลักษณ์ทางชาติพันธุ์ค่อยๆ สูญหายไป นักวิชาการในหลายสาขา จึงเล็งเห็นถึงความสำคัญของการกลับมาสร้างความสำนึกทางชาติพันธุ์เพื่ออนุรักษ์ศิลปะ วัฒนธรรม รวมทั้งประเพณีอันดีงามและเป็นเอกลักษณ์ของกลุ่มชนนี้ให้คงอยู่และเป็นที่รู้จักแพร่หลายมากขึ้น



ภาพ 1 ทฤษฎีเกี่ยวกับบรรพชนทางเชื้อสายของชนชาติไท

ชาย-การอพยพของกลุ่มคนไทจากทางตอนใต้และตะวันออกเฉียงใต้ของจีน  
 ขวา- เป็นกลุ่มชนพื้นเมืองของดินแดนแถบนี้มาก่อนแล้ว

ในศตวรรษใหม่นี้ความรู้ด้านอนุพันธุศาสตร์นับเป็นองค์ความรู้ใหม่ที่มีบทบาทสำคัญยิ่ง เพราะสามารถนำไปใช้ให้เกิดประโยชน์ในการศึกษาวิวัฒนาการ และการติดตามหาต้นกำเนิดของมนุษย์ได้แม่นยำมากขึ้น จึงทำให้ข้อมูลทางด้านนี้เป็นที่ยอมรับกันอย่างแพร่หลายจากนักวิทยาศาสตร์ทั่วโลก โดยเฉพาะในแง่การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุกรรมของประชากร และการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างประชากรโดยอาศัยความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (mitochondrial DNA) และ โครโมโซม Y ซึ่งได้รับความสนใจเพิ่มมากขึ้นเป็นลำดับ เพราะมีข้อได้เปรียบหลายประการ กล่าวคือ ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียจะถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิงไปสู่ลูกหลานเพศเดียวกันเท่านั้น (maternal uniparentally inheritance) ในขณะที่ดีเอ็นเอในโครโมโซม Y จะถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายชาย (paternal uniparentally inherited) ซึ่งลักษณะเช่นนี้ทำให้สามารถสืบย้อนกลับไปหาบรรพสตรีและบรรพบุรุษได้ง่าย ประกอบกับปัจจุบันได้มีการค้นพบตำแหน่งที่ดีเอ็นเอมีรูปแบบหลากหลาย (polymorphic loci) มากขึ้นเรื่อยๆ จึง

ทำให้การศึกษาวิจัยด้านนี้รวดเร็ว ได้ข้อมูลที่สามารถนำมาวิเคราะห์เพิ่มเติม ทำให้ตอบปัญหาได้ชัดเจนขึ้น (Ayub *et al.*, 2000; Deka *et al.*, 1996; Hammer and Zegura, 1996) นอกจากนี้ข้อมูลของการกลายพันธุ์จะทำให้สามารถสืบค้นหาต้นกำเนิดประชากรได้ เช่น การติดตามต้นกำเนิดของมนุษย์โดยศึกษาความผันแปรของลำดับเบสในจีโนมมนุษย์ทั้ง ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย และดีเอ็นเอในโครโมโซม Y พบว่ามนุษย์ปัจจุบันนี้มีต้นกำเนิดมาจากทวีปแอฟริกาเมื่อประมาณ 150,000 ปีที่ผ่านมา จากนั้นจึงค่อยมีการอพยพกระจายไปยังภูมิภาคต่างๆทั่วโลก (Cann *et al.*, 1987; Underhill *et al.*, 2000) เรียกว่า Out of Africa theory

งานวิจัยตามโครงการนี้ มีจุดมุ่งหมายที่จะใช้ความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรที่พูดภาษาตระกูลไท-กะได ตระกูลย่อยไท ทางภาคเหนือของประเทศไทย เพื่อวิเคราะห์ความเก่าแก่และความสัมพันธ์กับประชากรกลุ่มอื่นๆ อันจะเป็นข้อมูลในการติดตามหาบรรพชนและการโยกย้ายถิ่นฐานของกลุ่มชนต่อไป

## 2. วัตถุประสงค์/เป้าหมายของการวิจัย

2.1 เพื่อศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาวไทยวนและไทลื้อ กับความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างกลุ่มประชากรโดยอาศัยความหลากหลายทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย

2.2 เพื่อศึกษาความสอดคล้องระหว่างความสัมพันธ์ทางเชื้อสายกับภาษาและวัฒนธรรม ของชนที่พูดภาษาไทยซึ่งอาศัยอยู่ทางภาคเหนือของประเทศไทย เพื่อนำไปเปรียบเทียบกับประชากรกลุ่มอื่นๆ

## 3. อุปกรณ์และวิธีการทดลอง

### 3.1 กลุ่มประชากรตัวอย่าง

กลุ่มประชากรตัวอย่างที่ศึกษาประกอบด้วยประชากรที่พูดภาษาตระกูลภาษาไท 4 กลุ่ม คือ ชาวไทยวน (คนเมือง) ไทลื้อ ไทยอง และไทจีน และประชากรที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมร 3 กลุ่ม คือ ชาวมลาบรี ชาวปะหล่อง และชาวพล่าง โดยทำการเก็บตัวอย่างเลือดจากหมู่บ้านต่างๆ ดังต่อไปนี้ (ตาราง 1)

#### ไทยวน (คนเมือง)

ต.แม่แฝกใหม่ อ.สันทราย จ.เชียงใหม่	39	คน
ต.บ้านเป้า อ.แม่แตง จ.เชียงใหม่	50	คน
ต.ศรีเตี้ย อ.บ้านโฮ้ง และต.หนองล่อง กิ่งอ.เวียงหนองล่อง จ.ลำพูน	50	คน
ต.ต้นตาล อ.เสาไห้ จ.สระบุรี	44	คน

### ไทลื้อ

บ.เฮี้ย ต.ศิลาแดง อ.บัว จ.น่าน	51	คน
บ.หนองบัว ต.ป่าคา อ.ท่าวังผา จ.น่าน	44	คน
ชุมชนไทลื้อ ต.แม่สาย อ.แม่สาย จ.เชียงราย	50	คน
บ.หลวงเหนือ ต.หลวงเหนือ อ.ดอยสะเก็ด จ.เชียงใหม่	46	คน

### ไทยอง

บ.มะกอก และบ.ห้วย ต.มะกอก อ.ป่าซาง จ.ลำพูน	62	คน
--	----	----

### ไทจีน

ต.ทุ่งรวงทอง อ.แม่วาง และ บ.ท่าเคื่อ ต.บ้านแม่ อ.สันป่าตอง จ.เชียงใหม่	60	คน
--	----	----

### มลาบรี (ตองเหลือง)

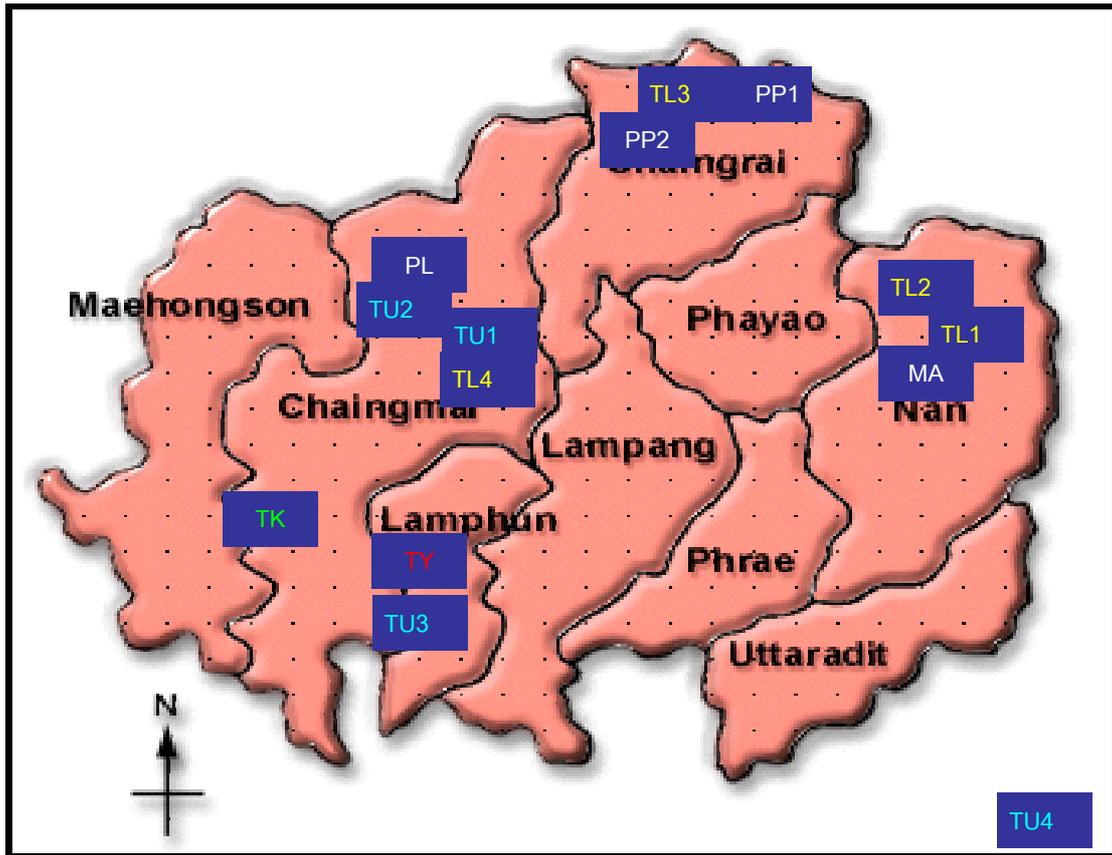
บ.ห้วยหยวก อ.เวียงสา จ.น่าน	19	คน
-----------------------------	----	----

### ปะหล่อง

บ.นอแล ต.ม่อนปิ่น อ.ฝาง และ บ.ปางแดง ต.เขียงดาว อ.เขียงดาว จ.เชียงใหม่	51	คน
--	----	----

### พม่า

บ.ปายางผาแตก (ผาคำ) ต.เวียงผางคำ อ.แม่สาย จ.เชียงราย	38	คน
บ.ลัวะพัฒนา ต.ป่าตึง อ.แม่จัน จ.เชียงราย	45	คน



ภาพ 2 สถานที่ตั้งของหมู่บ้านของประชากรที่ใช้ในการศึกษา

ศึกษาเอกสารเกี่ยวกับประวัติศาสตร์ชาติพันธุ์ การอพยพ ภาษา ธรรมเนียม ประเพณี และสัมภาษณ์ ข้อมูลการตั้งหมู่บ้าน สรุปได้ดังนี้

ชาวไทยวนหรือคนเมือง (Tai Yuan or Kon Muang) ในปัจจุบันคำว่าคนเมืองนั้นเป็นชื่อเรียกกลุ่มคนไททางภาคเหนือของประเทศไทย และมีภาษาท้องถิ่นของตนเรียกว่า ภาษาเมือง โดยกลุ่มชนนี้อาศัยกระจัดกระจายอยู่ทั่วไปในทุกจังหวัดทางภาคเหนือ ในอดีตนักวิชาการเคยเชื่อว่า กลุ่มคนเมืองนี้เป็นกลุ่มที่สืบเชื้อสายมาจากชาวไทยวน ซึ่งเป็นผู้สร้างเมืองเชียงใหม่ขึ้นเป็นศูนย์กลางของอาณาจักรล้านนา แต่ต่อมาได้เปลี่ยนมาเรียกตัวเองว่าคนเมือง เพื่อแสดงถึงความเป็นเอกลักษณ์ของตนเองที่แตกต่างไปจากชาวลาว ดังที่คนไทยในภาคอื่นนิยมเรียกและเข้าใจว่าคนเมืองเป็นกลุ่มชนเดียวกับชาวลาว แต่ต่อมา มีนักวิชาการในหลายสาขาแสดงหลักฐานที่บ่งบอกว่ากลุ่มคนเมืองนี้น่าจะเป็นกลุ่มชนที่สืบเชื้อสายมาจากกลุ่มชนชาติมอญ-เขมร เช่น ชาวละว้า หรือชาวมอญ ซึ่งเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดิมที่อาศัยอยู่ในดินแดนบริเวณนี้ แต่ต่อมาได้รับเอาวัฒนธรรมของชาวไทยวนมาใช้ ซึ่งในปัจจุบันปัญหาเกี่ยวกับบรรพชนทางเชื้อสายของกลุ่มคนเมืองนี้ยังคงเป็นข้อถกเถียงกันอยู่ โดยกลุ่มตัวอย่างคนเมืองในภาคเหนือที่นำมาศึกษาในครั้งนี้เป็นกลุ่มคนเมืองที่อาศัยอยู่ในบริเวณแอ่งที่ราบเชียงใหม่-ลำพูน และตั้งถิ่นฐานอยู่ใกล้แม่น้ำปิง เพราะจากหลักฐานทางประวัติศาสตร์การตั้งถิ่นฐานของกลุ่มชนในสมัยก่อนนั้นมักจะนิยมตั้งหมู่

บ้านใกล้กับแม่น้ำ เพื่อประโยชน์ด้านการเกษตรกรรม โดยคนเมืองคำบลแม่แฝกใหม่ อำเภอสันทราย จังหวัดเชียงใหม่ เป็นกลุ่มที่อยู่ทางด้านตะวันออกของแม่น้ำปิง คนเมืองคำบลบ้านเป่า อำเภอแม่แตง จังหวัดเชียงใหม่ตั้งหมู่บ้านอยู่ทางด้านตะวันตกของแม่น้ำปิง ทั้งสองกลุ่มนี้อาศัยอยู่ทางด้านเหนือของตัวเมืองเชียงใหม่ ในขณะที่คนเมืองคำบลศรีเตี้ย อำเภอบ้านโฮ่ง และคำบลหนองล่อง กิ่งอำเภอเวียงหนองล่อง จังหวัดลำพูน เป็นกลุ่มคนเมืองจากทางด้านใต้ของเมืองเชียงใหม่ กลุ่มคนเมืองทั้งสามกลุ่มนี้มีการตั้งถิ่นฐานอยู่ในบริเวณดังกล่าวมาตั้งแต่สมัยสร้างเมืองเชียงใหม่ (ประมาณ 700 ปีก่อน) ส่วนชาวไทยวนจากคำบลต้นตาล อำเภอเส้าไห้ จังหวัดสระบุรีนั้น เป็นกลุ่มชาวไทยวนที่มีประวัติศาสตร์แตกต่างไปจากกลุ่มชาวไทยวน (คนเมือง) ทางภาคเหนือ กล่าวคือ ชาวไทยวนกลุ่มนี้เป็นกลุ่มที่อพยพมาจากอำเภอเชียงแสน จังหวัดเชียงราย ซึ่งเชื่อว่าเป็นกลุ่มชนที่สืบเชื้อสายโดยตรงจากชาวไทยวนที่อพยพมาจากบริเวณลิบสองปันนา ภายใต้การนำของพระยาเม็งราย ต่อมาในสมัยรัชกาลที่ 1 ชาวไทยวนที่อำเภอเชียงแสนนี้ ได้ถูกกวาดต้อนให้มาอาศัยอยู่ที่จังหวัดสระบุรี ซึ่งอยู่ใกล้กับเมืองหลวงใหม่คือ กรุงเทพมหานคร ในปัจจุบันชาวไทยวนคำบลต้นตาล อำเภอเส้าไห้ จังหวัดสระบุรีนี้ ยังคงนิยมเรียกตัวเองว่าชาวไทยวน และพูดภาษาเมืองอยู่ ซึ่งนับเป็นการรักษาเอกลักษณ์และวัฒนธรรมของตนเองได้เป็นอย่างดี

**ชาวไทลื้อ (Tai Lue)** ชาวไทลื้อมีถิ่นฐานเดิมอยู่ในบริเวณลิบสองปันนา มณฑลยูนนาน ทางตอนใต้ของประเทศจีน ซึ่งต่อมาได้มีการอพยพเข้ามาตั้งถิ่นฐานทั้งในเขตประเทศจีน พม่า ลาว และภาคเหนือของไทย ในประเทศไทยพบชาวไทลื้ออาศัยอยู่บริเวณจังหวัดน่าน พะเยา เชียงราย แพร่ ลำพูน ลำปาง และเชียงใหม่ ลักษณะเด่นของชาวไทลื้อคือ ภาษาไทลื้อ และการแต่งกาย โดยเฉพาะหญิงชาวไทลื้อมักนิยมโพกศีรษะด้วยผ้า สีขาว หรือชมพู ชาวไทลื้อบ้านเฮี้ย คำบลศิลาแลง อำเภอปัว และบ้านหนองบัว คำบลป่าคา อำเภอท่าวังผา จังหวัดน่าน เข้ามาตั้งถิ่นฐานในประเทศไทยเมื่อประมาณ 200-300 ปีก่อน โดยอพยพมาจากเมืองเชียงรุ่งผ่านมาทางประเทศลาว ปัจจุบันไทลื้อบ้านหนองบัวเป็นแหล่งท่องเที่ยวที่รู้จักกันอย่างกว้างขวางถึงลักษณะสถาปัตยกรรมไทลื้อ และผ้าทอลายน้ำไหล ส่วนชาวไทลื้อจากชุมชนไทลื้อ คำบลแม่สาย อำเภอแม่สาย จังหวัดเชียงราย เป็นกลุ่มชาวไทลื้อที่พึ่งอพยพเข้ามาอาศัยอยู่ในประเทศไทยเมื่อไม่นานมานี้ (น้อยกว่า 100 ปี) โดยมีเส้นทางอพยพผ่านมาทางประเทศพม่า ในขณะที่ชาวไทลื้อจากบ้านหลวงเหนือ คำบลหลวงเหนือ อำเภอคอยสะเก็ด จังหวัดเชียงใหม่ มีการตั้งถิ่นฐานอยู่ทางภาคเหนือนี้นานเป็นเวลานานมากกว่า 400 ปี

**ชาวไทยอง (Tai Yong)** ชาวไทยองเป็นกลุ่มชนพื้นเมืองจากเมืองยอง ในบริเวณลิบสองปันนา มณฑลยูนนาน ประเทศจีน โดยเมืองยองนั้นสร้างขึ้นเมื่อราวพุทธศตวรรษที่ 19 โดยมีเจ้าเมืองซึ่งเป็นชนชาวพื้นเมืองเชื้อสายไทลื้อ (นักวิชาการบางท่านแสดงความเห็นว่าชาวไทยองน่าจะเป็นชนชาติเดียวกับชาวไทลื้อ เพียงแต่มีถิ่นฐานอยู่คนละเมืองกัน) การตั้งถิ่นฐานของชาวไทยองในประเทศไทยครั้งสำคัญนั้นเกิดขึ้นในสมัยพระเจ้ากาวิละ ซึ่งได้พยายามรวบรวมผู้คนเพื่อทำการฟื้นฟูเมืองเชียงใหม่ และเมือง

ลำพูนขึ้นมาอีกครั้ง จากอุบายกลการศึก "เก็บผักใส่ซ้าเก็บข้าใส่เมือง" ในครั้งนั้นได้ทำให้มีการกวาด  
ต้อนผู้คนจากเมืองของแบบเทครัว จึงเป็นเหตุให้มีบรรพชนชาวของได้อพยพมาตั้งถิ่นฐานในล้านนา  
โดยมาตั้งถิ่นฐานที่เมืองลำพูน และตั้งถิ่นฐานในบริเวณที่ราบลุ่มแม่น้ำซึ่งเหมาะต่อการทำการเกษตร  
โดยเฉพาะเขตอำเภอป่าซาง จังหวัดลำพูน ซึ่งจวบจนปัจจุบันนี้ชาวไทยของยังคงรักษาขนบประเพณีและ  
วัฒนธรรม โดยเฉพาะภาษาของของตนไว้ได้

**ชาวไทยเงิน (Tai Kern)** ไทยเงินเป็นชนชาติหนึ่งในกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลไท ชาวไทยเงินส่วนใหญ่  
อาศัยอยู่ในเมืองเชียงตุง รัฐฉาน ประเทศพม่า ไทยเงินเรียกตัวเองว่า “จีน” ซึ่งมาจากชื่อแม่น้ำในเมือง  
เชียงตุง ภาษาพูดและเขียนของไทยเงินมีความคล้ายคลึงกันกับไทยองและไทลื้อมาก ในประเทศไทยพบ  
ชาวไทยเงินบริเวณอำเภอแม่วาง และอำเภอสันป่าตอง ในจังหวัดเชียงใหม่

**มลาบริหรือผีตองเหลือง (Mlabri or Phi Tong Luang)** มลาบริ หรือ ผีตองเหลือง ข่าตองเหลือง ม้า  
คู่ (ภาษาม้ง) ชนกลุ่มนี้เรียกตัวเองว่า มลาบริ หรือ คนป่า ไม่ชอบถูกเรียกว่า ผีตองเหลือง แต่ผู้คนในที่  
ราบคุ้นเคยกับคำว่าผีตองเหลืองมากกว่า อาจเนื่องมาจากคนกลุ่มนี้มักหายตัวไปอย่างว่องไวเมื่อเผชิญกับ  
คนแปลกหน้า จะทิ้งไว้เพียงเพียงพักซึ่งมุงด้วยใบตองกล้วยป่าที่ผ่านการใช้งานมาหลายวันจนใบตอง  
เปลี่ยนจากสีเขียวเป็นสีเหลืองไปแล้ว มลาบริเป็นกลุ่มชาติพันธุ์มองโกลอยด์ดั้งเดิม เป็นกลุ่มชนเร่ร่อน  
ไม่ตั้งถิ่นฐานเป็นหลักแหล่ง เดิมมีถิ่นฐานอยู่ในเขตจังหวัดสาละบุรี ประเทศลาว ต่อมาเริ่มอพยพไปอยู่  
ตามที่ต่างๆ เช่น แถบภูเขียง จังหวัดชัยภูมิ แถบภูกระดึง จังหวัดเลย และตามดอยสูงในป่าทางภาคเหนือ  
ของประเทศไทย ปัจจุบันพบชาวมลาบริอาศัยอยู่ในเขตอำเภอร่องควาง จังหวัดแพร่ และอำเภอเวียงสา  
จังหวัดน่าน มีประชากรรวม 125 คน ซึ่งกลุ่มนี้เป็นกลุ่มที่อพยพมาจากจังหวัดสาละบุรีของลาว เข้าสู่  
ประเทศไทยเมื่อราวหนึ่งศตวรรษที่ผ่านมา มลาบริเป็นกลุ่มสังคมล่าสัตว์ (Hunting and Gathering  
Society) พวกเขาจะสร้างที่พักชั่วคราว มีลักษณะเป็นเพิงสร้างจากไม้ไผ่ ขนาดของเพิงจะขึ้นอยู่กับ  
จำนวนสมาชิกแต่ละครอบครัว ปกติชาวมลาบริจะอพยพตามลักษณะภูมิประเทศที่อุดมสมบูรณ์ โดยจะ  
อาศัยอยู่ในแต่ละพื้นที่เป็นเวลา 5-10 วัน แล้วย้ายไปที่อื่นที่มีอาหารเพียงพอ ซึ่งรูปแบบการอพยพนี้จะ  
วนกลับมาที่เดิมในรัศมีประมาณ 30 ตารางกิโลเมตร ชาวมลาบริยึดมั่นในประเพณีของตนอย่างเคร่งครัด  
โดยจะไม่ยอมรับแบบแผนในการเป็นผู้ผลิตทำการเกษตร และการแต่งงานกับชนต่างเผ่า เพราะเชื่อว่า  
ผีตองเหลือง นักภาษาศาสตร์จัดชาวมลาบริไว้ในกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก (Austroasiatic  
Language Family) ตระกูลย่อยมอญ-เขมร (Mon-Khmer language subfamily) สาขาขมุ (Khmuic  
Branch) (Princess Maha Chakri Sirindhorn Anthropology Centre)

**ปะหล่อง (Palong)** ชาวปะหล่องเรียกตัวเองว่า Ta-ang ส่วนคำว่า ปะหล่อง มาจากภาษาไทยใหญ่ ไทใหญ่บางกลุ่มเรียกชาวปะหล่องว่า "คุณลอย" หมายถึง คนลอย ส่วนชาวพม่าเรียก "ปะลวง" ชาวปะหล่องมีถิ่นฐานเดิมอยู่ในเขตตะวันตกเฉียงเหนือของรัฐชานและรัฐคะฉิ่นในประเทศพม่า รวมทั้งมณฑลยูนนานในประเทศจีน ชาวปะหล่องที่อาศัยอยู่ในประเทศไทยอพยพมาจากพม่าเมื่อประมาณปี พ.ศ.2527 โดยอาศัยอยู่ใน 4 หมู่บ้านคือ บ้านนอแล บ้านห้วยหมากเหลี่ยม บ้านสวนซา อำเภอฝาง และบ้านปางแดง อำเภอเชียงดาว จังหวัดเชียงใหม่ นักภาษาศาสตร์จัดให้ภาษาปะหล่องอยู่ในตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก ตระกูลย่อยมอญ-เขมร (Mon-Khmer language subfamily) สาขาปะหล่อง (Palaungic Branch) การแต่งกายของหญิงชาวปะหล่องถือเป็นเอกลักษณ์ของเผ่า กล่าวคือ การสวมห่วง หวายลงรักแกะลาย หรือใช้เส้นหวายเล็กๆ ย้อมสีดกเป็นลาย บางคนก็ใช้โลหะสีเงินลักษณะเหมือนแผ่นสังกะสีนำมาตัดเป็นแถบยาวตอกลายและขดเป็นวงสวมใส่ปนกัน ชาวปะหล่องจะเรียกห่วงที่สวมเอวนี้ว่า "หนองว่อง" หญิงชาวปะหล่องจะสวมหนองว่องตลอดเวลา ด้วยความเชื่อว่าเป็นสัญลักษณ์ของการเป็นลูกหลานนางฟ้า โดยมีตำนานที่เล่าสืบต่อกันมาว่ามีนางฟ้าชื่อ "หรอยเงิน" ได้ลงมายังโลกมนุษย์ แต่โชคร้ายไปติดเรือของพวกมูเซอทำให้กลับสวรรค์ไม่ได้ ต้องอยู่ในโลกมนุษย์และเป็นบรรพบุรุษของมนุษย์หลายกลุ่ม ชาวปะหล่องเชื่อกันว่าพวกตนก็เป็นลูกหลานของนางฟ้าหรอยเงิน ดังนั้นจึงต้องสวมหนองว่องซึ่งเปรียบเสมือนเรือดักสัตว์ไว้เป็นสัญลักษณ์เพื่อระลึกถึงนางฟ้าหรอยเงินตลอดเวลา ชาวปะหล่องเชื่อกันว่าการสวมหนองว่องจะทำให้เกิดความสุขเมื่อตายไปจะได้ขึ้นสวรรค์ หากถอดออกจะทำให้สิ่งไม่เป็นมงคลเข้าครอบงำ หญิงชาวปะหล่องมักจะสวมติดตัวตลอดเวลาแม้แต่ในเวลาอนก็ตาม หญิงชายชาวปะหล่องมักจะแสดงฐานะของตนด้วยการเลี่ยมฟันด้วยโลหะคล้ายทองทั้งปากและประดับด้วยพลอยหลากสี การแต่งงานของชาวปะหล่องนั้นชาวปะหล่องไม่นิยมแต่งงานกับคนต่างเผ่า หญิงชาวปะหล่องหลังแต่งงานจะต้องย้ายไปอยู่บ้านฝ่ายชาย (Princess Maha Chakri Sirindhorn Anthropology Centre)

**พล่าง (Plang)** ชาวพล่างเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่ในประเทศจีน พม่า และไทย ชาวจีนเรียกกลุ่มชนนี้ว่า BLANG, HKAWA หรือ PULANG ชาวพล่างในประเทศไทยมักเรียกตัวเองว่า ไทคอย คนคอย หรือ ไทหรอย ซึ่งชาวพล่างกลุ่มนี้เป็นกลุ่มที่อพยพมาจากบริเวณสิบสองปันนา มณฑลยูนนาน ประเทศจีน โดยเข้ามาอาศัยอยู่ในรัฐชานประเทศพม่าช่วงหนึ่ง จากนั้นจึงอพยพเข้ามาตั้งถิ่นฐานในบริเวณรอยต่อระหว่างประเทศพม่าและประเทศไทยทางอำเภอแม่สายและอำเภอแม่จัน จังหวัดเชียงราย เมื่อประมาณปี 2517 นักภาษาศาสตร์จัดกลุ่มชาวพล่างไว้ในกลุ่มชนที่พูดภาษาเดียวกับชาวปะหล่องคือตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก ตระกูลย่อยมอญ-เขมร (Mon-Khmer language subfamily) สาขาปะหล่อง (Palaungic Branch) ชาวพล่างดำรงชีวิตด้วยการทำเกษตรกรรม นับถือศาสนาพุทธนิกายหินยาน บางส่วนนับถือศาสนาคริสต์ (Ethnologue: Language of the world)



8) เก็บสารละลายชั้นบนแบ่งใส่หลอดใหม่ 2 หลอด หลอดละ 600 ไมโครลิตร แล้วเติมไอโซโพรพานอล แชนั่นจัด 600 ไมโครลิตร ในแต่ละหลอดพลิกกลับไปมาเบาๆ จะเห็นดีเอ็นเอตกตะกอนออกมา

9) ปั่นที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที เก็บตะกอนไว้ แล้วล้างตะกอนด้วยเอทานอล 70 เปอร์เซ็นต์ 1 มล ทิ้งไว้ให้แห้ง ละลายตะกอนดีเอ็นเอใน TE buffer 200 ไมโครลิตร

### 3.3.3 การตรวจสอบความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย

1) เพิ่มขยายชิ้นส่วนของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ D-loop ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase Chain Reaction - PCR) โดยใช้ไพรเมอร์ 1 คู่ คือ LHmt และ LLmtA ที่จำเพาะกับบริเวณ D-loop ซึ่งมีลำดับเบสดังนี้

LHmt 430 CTG TTA AAA GTG CAT ACC GCC 410

LLmtA 15704 CTA AGC CAA TCA CTT TAT TG 15723

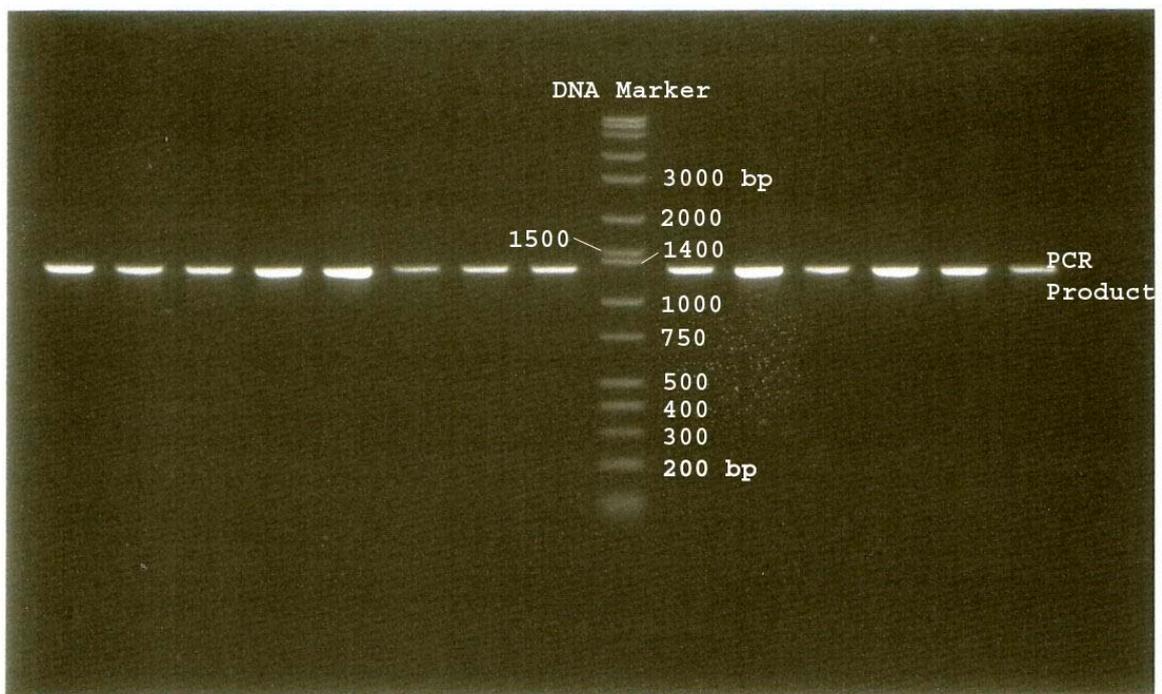
เตรียมสารเพื่อทำ PCR ในหลอดทดลองขนาด 0.2 มล ดังนี้

	ความเข้มข้นสุดท้าย	ปริมาตร(ไมโครลิตร)
10X PCR buffer	1X	3.5
25 mM MgCl <sub>2</sub>	4 mM	5.6
2.5 mM dNTP	800 μM	11.2
20 μM primer H1	0.52 μM	0.91
20 μM primer L1	0.52 μM	0.91
5U/μl AmpliTaq Gold™ polymerase	0.875 U	0.175
DNA template	50 ng	1.0
น้ำกลั่นปราศจากเชื้อ		11.075
	<u>รวม</u>	<u>35.0</u>

เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่องควบคุมอุณหภูมิ (Thermocycle) รุ่น ABI9700 (AppliedBiosystem) โดยใช้อุณหภูมิต่างๆ ดังนี้

ช่วงที่1 (1รอบ)	95 <sup>o</sup> C	15 นาที (Activation)
ช่วงที่2 (30 รอบ)	94 <sup>o</sup> C	1 นาที (denaturation)
	56 <sup>o</sup> C	1 นาที (annealing)
	72 <sup>o</sup> C	1 นาที (extension)
ช่วงที่3 (1รอบ)	72 <sup>o</sup> C	10 นาที (Final Extension)

ตรวจสอบผลผลิต PCR ที่ได้โดยการ run ใน 1% agarose gel electrophoresis ที่ผสมด้วย ethidium bromide จากนั้นตรวจดูแถบดีเอ็นเอภายใต้แสงอัลตราไวโอเล็ต ขนาดผลผลิต PCR ที่ได้จะมีขนาดประมาณ 1200 คู่เบส



ภาพ 3 ผลผลิต PCR ที่ได้มีขนาดประมาณ 1200 คู่เบส

2) ทำความสะอาดผลผลิต PCR โดยใช้ Dynal PCR cleanup Standard Procedure (<http://www.dynalbiotech.com>) และเครื่อง Biomek FX dual arm instrument

3) ทำการหาลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ตำแหน่ง 16048-16569 (ซึ่งจะครอบคลุมบริเวณ hypervariable region 1) โดยใช้ Sequencing Primers 5 ตัว ได้แก่

SeqLmt-A	15897 GTA TAA ACT AAT ACA CCA GTC TTG T 15921
SeqLmt-B	15979 ACC ATT AGC ACC CAA AGC TA 15998
SeqLmt-C	16203 AGC AAG TAC AGC AAT CAA CC 16222
SeqHmt-D	16420 TGA TTT CAC GGA GGA TGG T 16402
SeqHmt-E	100 CAG CGT CTC GCA ATG CTA TCG CGT G 76

โดยในแต่ละหลอดจะใช้ไพรเมอร์ 1 ชนิด และสารต่างๆ ดังนี้

	ปริมาตร (ไมโครลิตร)
Cleaned up PCR product	5 (>20ng)
10 pmol/ $\mu$ l sequencing primer	1
BigDye terminator v3.0	0.5
Sequencing Buffer	1.75
MQ water	1.75
<b>รวม</b>	<b>10</b>

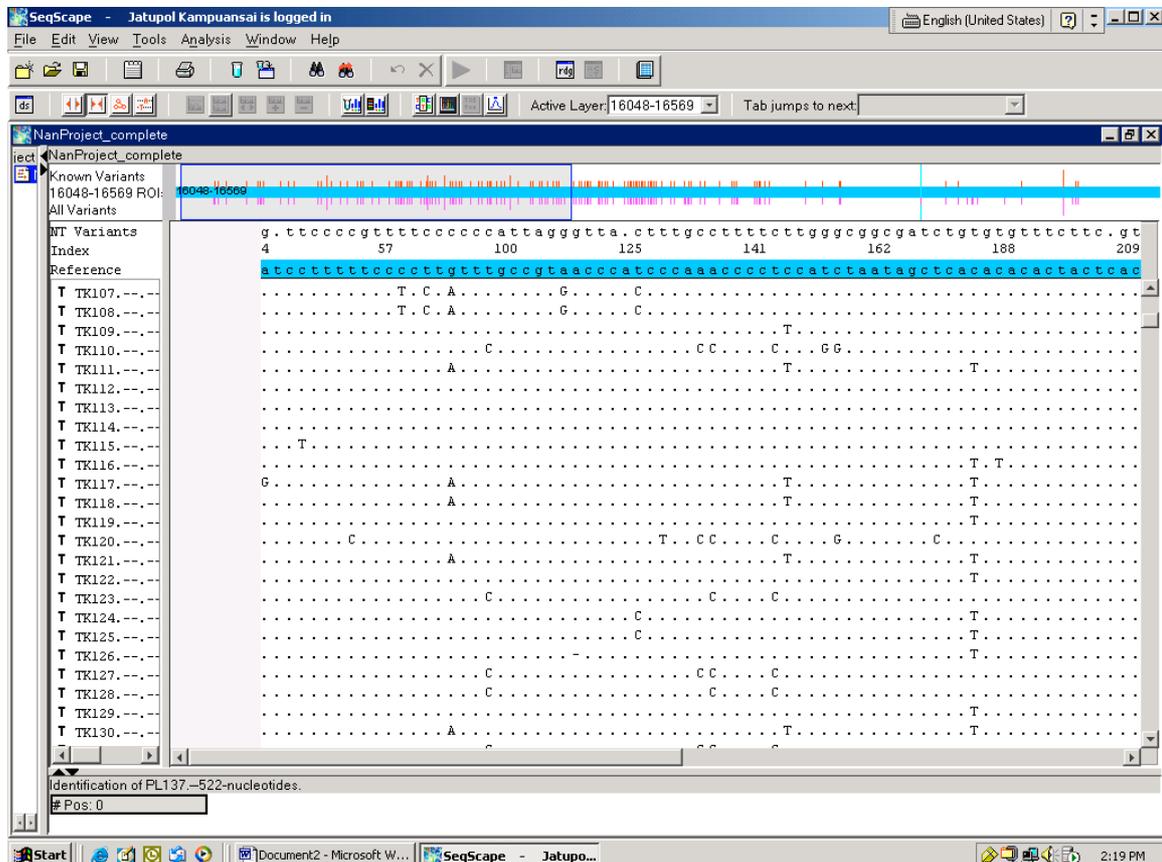
ทำปฏิกิริยาด้วยเครื่องควบคุมอุณหภูมิ (Thermocycle) รุ่น ABI9700 (AppliedBiosystem) โดยใช้ อุณหภูมิต่างๆ ดังนี้

95 °C	10 วินาที (denaturation)
50 °C	5 วินาที (annealing)
60 °C	2 นาที 30 วินาที (extension)

ทำปฏิกิริยาทั้งหมด 40 รอบ

4) จากนั้นทำความสะอาดผลผลิตที่ได้ด้วย Dynal PCR cleanup Standard Procedure (<http://www.dynalbiotech.com>) อีกครั้ง

5) หาลำดับเบสด้วยเครื่อง ABI3730 DNA Analyzer (AppliedBiosystem) และใช้โปรแกรม Seqscape V 2.0 เพื่อ Assembly และ Alignment ข้อมูลที่ได้ โดยใช้ลำดับเบสดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของ Cambridge Reference Sequence เป็นข้อมูลอ้างอิง (<http://www.mitomap.org/mitoseq.html>)



ภาพ 4 การทำ Assembly และ Alignment ด้วยโปรแกรม Seqscape V 2.0

### 3.3 การวิเคราะห์ผลข้อมูล

#### 3.3.1 การนับจำนวนแฮปโลไทป์

นำข้อมูลลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ตำแหน่ง 16048-16569 จากตัวอย่างทั้งหมดจำนวน 649 คน (14 หมู่บ้าน) มา นับจำนวนแฮปโลไทป์ทั้งหมดที่แตกต่างกัน จำนวนแฮปโลไทป์ในแต่ละหมู่บ้าน และจำนวนตำแหน่งที่มีความผันแปร (polymorphic site) โดยใช้โปรแกรม Arlequin 2.0: A software for population Genetics Data Analysis

#### 3.3.2 การหาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

คำนวณค่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์ในแต่ละหมู่บ้านด้วยโปรแกรม Arlequin 2.0 ซึ่งค่าความหลากหลายนี้จะถูกคำนวณด้วยสมการ

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

เมื่อ D คือความหลากหลายทางพันธุกรรม และ  $P_i$  คือความถี่ของแฮปโลไทป์ที่ i ในหมู่บ้าน

### 3.3.3 Mismatch distribution และ Neutrality test

Mismatch distribution หรือ distribution of pairwise differences เป็นกราฟที่แสดงถึงการกระจายของจำนวนเบสที่แตกต่างกันระหว่างแฮปโลไทป์แต่ละคู่ ลักษณะรูปร่างของกราฟจะบ่งบอกถึงคุณสมบัติของประชากร (demographic) ที่เป็นผลมาจากการเพิ่มจำนวนของประชากร (population expansion) กล่าวคือ ในประชากรที่มีการเพิ่มจำนวนประชากรอย่างรวดเร็วเพียงครั้งเดียว จะพบกราฟการกระจายเป็นรูประฆังคว่ำ มีจุดสูงสุดเพียงจุดเดียว (unimodal, smooth, bell shaped) ในขณะที่กราฟการกระจายแบบไม่สม่ำเสมอ (multimodal, ragged) บ่งบอกว่าประชากรนั้นมีจำนวนประชากรที่คงที่เป็นระยะเวลายาวนาน โดยการทดสอบว่าลักษณะการกระจายของกราฟเป็นแบบใด อาจทำได้โดยการเปรียบเทียบกราฟที่ได้ว่าเหมือนหรือแตกต่างจากกราฟการกระจายแบบระฆังคว่ำโดยใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ด้วยวิธี bootstrap ซึ่งสามารถทำได้โดยใช้โปรแกรม Arlequin 2.0 ซึ่งจะทำการทดสอบความแตกต่างระหว่างกราฟที่ได้กับ null hypothesis ที่ว่าประชากรนั้นมีการเพิ่มขึ้นของจำนวนประชากรอย่างรวดเร็ว (rapid population expansion) ว่ามีนัยสำคัญทางสถิติหรือไม่ (Harpending, 1994; Pereira, 2001)

เมื่อทำการทดสอบแล้วพบว่ากราฟเป็นรูประฆังคว่ำหรือมีการเพิ่มขึ้นของประชากร เราสามารถบอกเวลาที่เกิดการเพิ่มขึ้นของประชากรและจำนวนประชากรได้ โดยดูจากตำแหน่งของจุดยอดของกราฟการกระจาย ซึ่งช่วงเวลานั้นจะสัมพันธ์กับระยะห่างของจุดยอดกับแกน Y หากจุดยอดยิ่งห่างจากแกน Y มากแสดงว่าช่วงเวลายิ่งผ่านมานาน (Harpending, 1994)

แต่อย่างไรก็ตามนอกจากการเพิ่มขึ้นของประชากรแล้ว กราฟรูประฆังคว่ำอาจพบได้จากปัจจัยอื่น เช่น การแบ่งกลุ่มย่อยของประชากร (population subdivision) หรือการแต่งงานข้ามกลุ่มชาติพันธุ์ (admixture) (Bertorelle and Slatkin, 1995) จึงต้องมีการทดสอบทางสถิติแบบอื่นเพื่อยืนยันผลของการเพิ่มขึ้นของประชากร ซึ่งในการวิจัยครั้งนี้จะใช้ค่า Tajima's D ซึ่งเป็นการทดสอบว่าประชากรอยู่ในสภาพสมดุลของ mutation-drift หรือ mutation-selection หรือไม่ (Neutrality Test of Equilibrium) โดยค่า Tajima's D สามารถคำนวณและหาความมีนัยสำคัญทางสถิติได้ด้วยโปรแกรม Arlequin 2.0 ค่า

Tajima's  $D$  นี้จะมีค่าเป็นศูนย์เมื่อประชากรอยู่ในสภาพสมดุล มีค่าเป็นลบเมื่อจำนวนของประชากรเพิ่มขึ้น และมีค่าเป็นบวกเมื่อขนาดของประชากรลดลง (Dupanloup, 2003)

### 3.3.4 Analysis of Molecular Variance (AMOVA)

Analysis of Molecular Variances เป็นการทดสอบทางสถิติถึงโครงสร้างของความผันแปรทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรต่างๆ โดยทำการแบ่งค่าความผันแปรทางพันธุกรรมทั้งหมดออกเป็นลำดับชั้นต่างๆ ซึ่งการคำนวณ AMOVA โดยใช้โปรแกรม Arlequin 2.0 (A software for population genetics data analysis) สามารถที่จะแบ่งค่าความผันแปรได้มากที่สุดถึง 3 ลำดับ คือ

1. ภายในประชากร (within populations)
2. ระหว่างประชากรแต่ภายในกลุ่มเดียวกัน (among populations within groups)
3. ระหว่างกลุ่มประชากร (among groups)

การแบ่งกลุ่มประชากรนั้นอาจแบ่งได้ตามข้อมูลความสัมพันธ์ของประชากรในด้านต่างๆ เช่น กลุ่มภาษา, การกระจายทางภูมิศาสตร์, กลุ่มชาติพันธุ์

โปรแกรม Arlequin 2.0 จะทำการคำนวณค่า  $\Phi$  (molecular analog of Wright's  $F$  statistic) ด้วยวิธี pairwise difference method เพื่อใช้เป็นค่าทางสถิติที่แสดงถึงความผันแปรทางพันธุกรรมในแต่ละลำดับชั้น โดย

1.  $\Phi_{st}$  แสดงค่าความผันแปรทางพันธุกรรมภายในประชากร
2.  $\Phi_{sc}$  แสดงค่าความผันแปรทางพันธุกรรมระหว่างประชากรแต่ภายในกลุ่มเดียวกัน
3.  $\Phi_{ct}$  แสดงค่าความผันแปรทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากร

จากนั้นค่า  $\Phi$  จะถูกนำไปเปรียบเทียบความแตกต่างในแต่ละลำดับชั้นและแสดงผลออกมาในรูปแบบของเปอร์เซ็นต์ความผันแปร รวมทั้งทดสอบความมีนัยสำคัญทางสถิติด้วยวิธี non-parametric permutation โดยใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (Excoffier, 1992; Bertorelle, 1996; Kayser, 2001; Roewer, 2000)

ในการวิจัยครั้งนี้ ประชากรทั้ง 14 หมู่บ้าน ถูกแบ่งออกเป็นกลุ่มต่างๆ โดยอาศัยข้อมูลทางด้านภาษาศาสตร์, การกระจายทางภูมิศาสตร์, ประวัติศาสตร์การอพยพและการตั้งหมู่บ้าน (ตาราง 5) ดังนี้

1. แบ่งกลุ่มตามภาษาศาสตร์ (language family): แบ่งออกเป็นสองกลุ่มคือ กลุ่มที่พูดภาษาตระกูลไท ได้แก่ ไทยวน ไทลื้อ ไทยอง ไทจีน และกลุ่มที่พูดภาษตระกูลมอญ-เขมร ได้แก่ มลาบรี ปะหล่อง พล่าง
2. แบ่งตามกระจายทางภูมิศาสตร์ (geographic distribution): แบ่งออกได้เป็น 5 กลุ่ม ตามความใกล้ชิดกันทางภูมิศาสตร์ ดังแสดงในรูปที่ (ภาพ 2 และตาราง 5)

3. แบ่งตามประวัติศาสตร์การอพยพ (migration history): จากข้อมูลประวัติการอพยพและการตั้งหมู่บ้าน สามารถแบ่งประชากรออกได้เป็น 4 กลุ่ม คือ

กลุ่มที่ 1 เป็นกลุ่มที่อพยพมาจากบริเวณลิบองป็นนา มณฑลยูนนาน ประเทศจีน ได้แก่ ไทลื้อ ไทยอง  
ไทจีน

กลุ่มที่ 2 เป็นกลุ่มที่อาศัยอยู่ในบริเวณภาคเหนือของประเทศไทยมาแต่ดั้งเดิม ได้แก่ มลาบรี ปะหล่อง  
พล่าง

กลุ่มที่ 3 เป็นกลุ่มที่หลักฐานการตั้งถิ่นฐานยังคงไม่ชัดเจน ได้แก่ ไทยวน จากจังหวัดเชียงใหม่และ  
ลำพูน

กลุ่มที่ 4 เป็นกลุ่มชาวไทยวนที่มีประวัติศาสตร์การอพยพและการตั้งถิ่นฐานแตกต่างไปจากชาวไทยวน  
กลุ่มอื่น คือ ไทยวน จากจังหวัดสระบุรี

### 3.3.5 การหาระยะห่างทางพันธุกรรมและแผนภูมิต้นไม้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

คำนวณค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในรูป pairwise difference ( $\Phi_{st}$ ) ด้วยโปรแกรม Arlequin 2.0: A software for population genetics data analysis และทดสอบความแตกต่างของประชากรแต่ละคู่ด้วยวิธี permutations test จากนั้นนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้มาจัดสร้างแผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) แบบ Unrooted Neighbor Joining (NJ) ด้วยโปรแกรม MEGA2 (<http://www.megasoftware.net>)

## 4. ผลการวิจัย

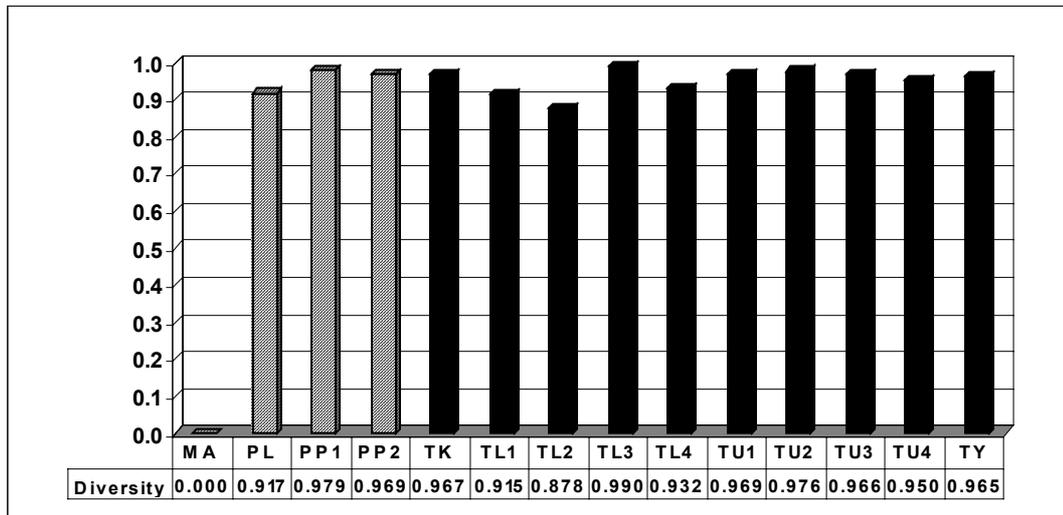
### 4.1 การนับจำนวนแฮปโลไทป์

จากข้อมูลลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของตัวอย่างทั้งหมดจำนวน 649 คน (14 หมู่บ้าน) พบว่ามีดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่แตกต่างกัน 247 แบบ (ภาคผนวก ก) โดยในแต่ละหมู่บ้านมีจำนวนแฮปโลไทป์ที่พบ (ตาราง 2) และความถี่ของแฮปโลไทป์ที่แตกต่างกัน (ภาคผนวก ข) และในบริเวณลำดับเบสที่ศึกษา (ตำแหน่งที่ 16048-16569: 522 คู่เบส) มีตำแหน่งที่มีความผันแปร (polymorphic site) อยู่ทั้งสิ้น 140 ตำแหน่ง

### 4.2 การหาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

จากกราฟแสดงค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของแฮปโลไทป์ในแต่ละหมู่บ้าน (ภาพ 5) พบว่า ชาวมลาบรีมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นศูนย์ เนื่องจากตัวอย่างชาวมลาบรีทั้ง 19 ตัวอย่างนั้นมีดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่เหมือนกันทั้งหมด ในกลุ่มชาวไทยค่าความหลากหลาย

ทางพันธุกรรมของแฮปโลไทป์มีค่ามากที่สุดในช่วงบ้านหลวงเหนือ อำเภอคอยสะแก จังหวัด เชียงใหม่ (0.990) และมีค่าต่ำที่สุดในช่วงบ้านหนองบัว อำเภอท่าวังผาจังหวัดน่าน (0.878) ในขณะที่กลุ่มที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมรมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของแฮปโลไทป์มากที่สุดในช่วงบ้านปางผาแตก อำเภอแม่สาย จังหวัดเชียงราย และมีค่าน้อยที่สุดในช่วงบ้านนอแล อำเภอฝางและบ้านปางแดง อำเภอเชียงดาว จังหวัดเชียงใหม่

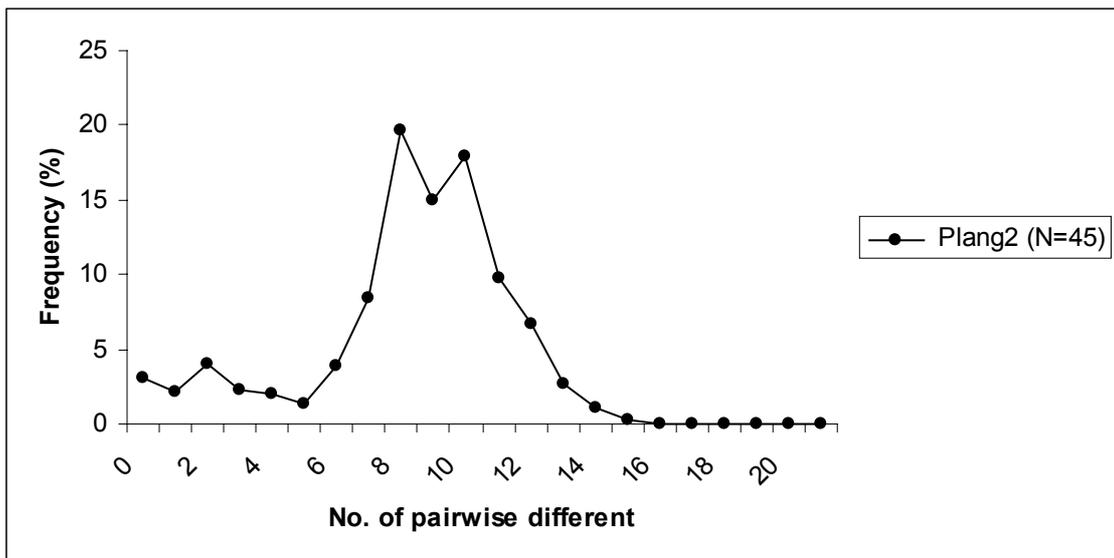
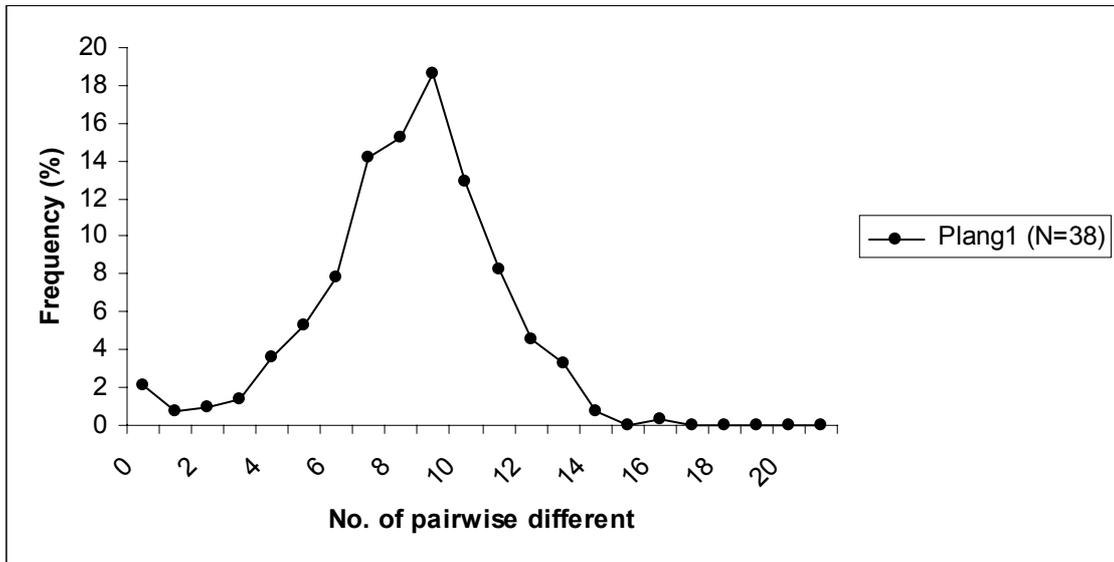
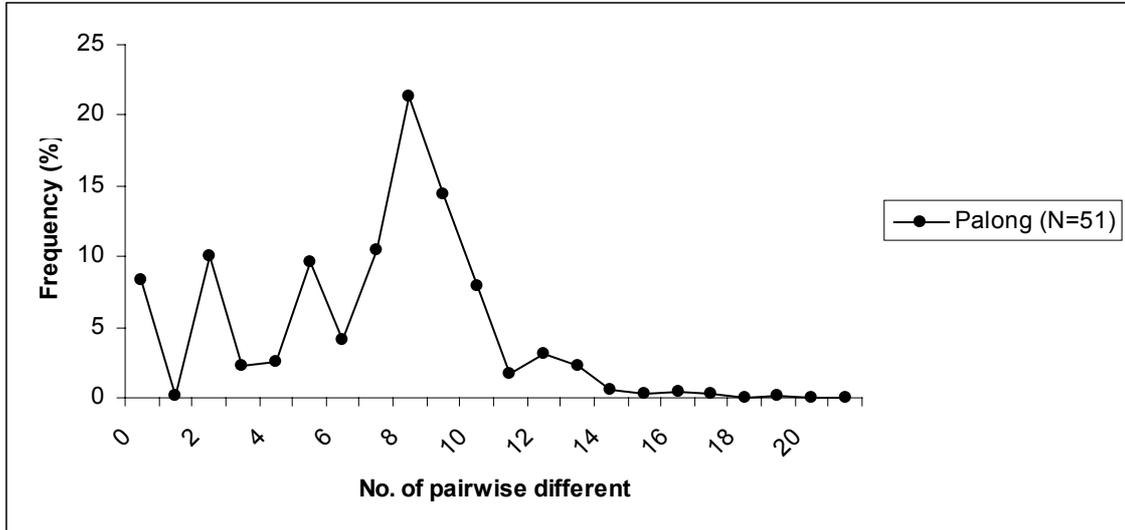


ภาพ 5 กราฟแสดงค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของแฮปโลไทป์ในแต่ละหมู่บ้าน

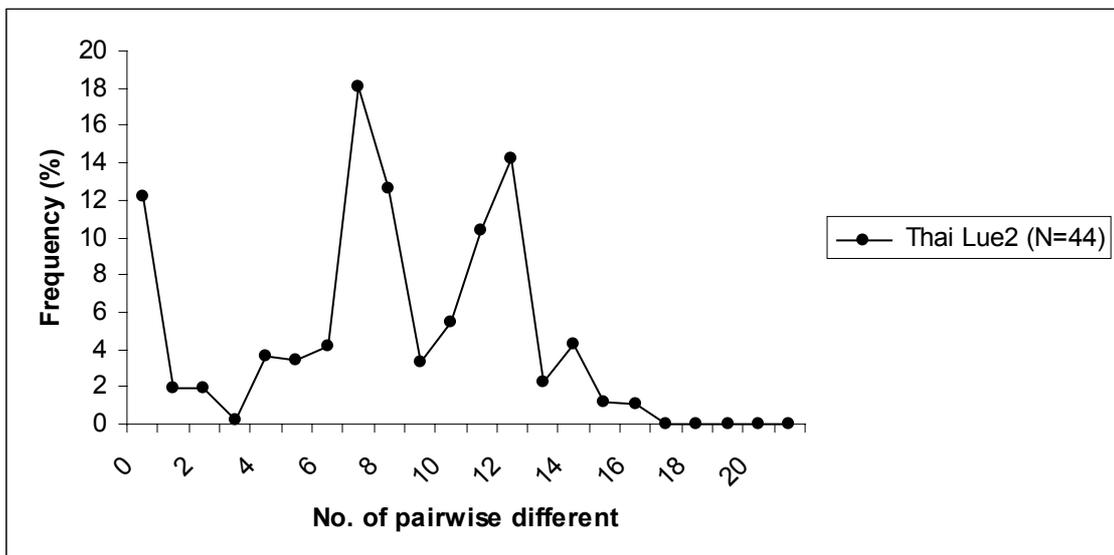
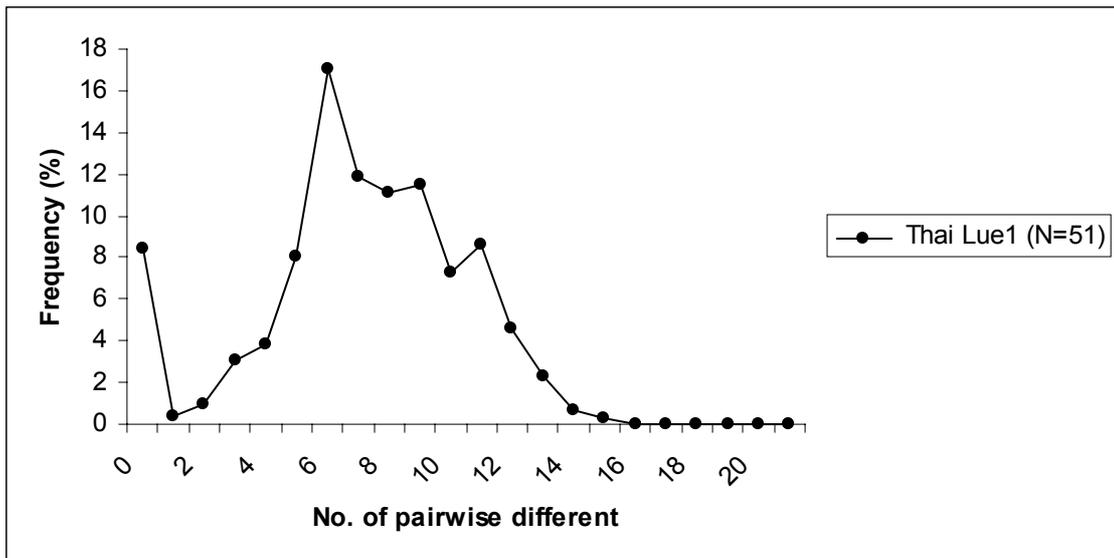
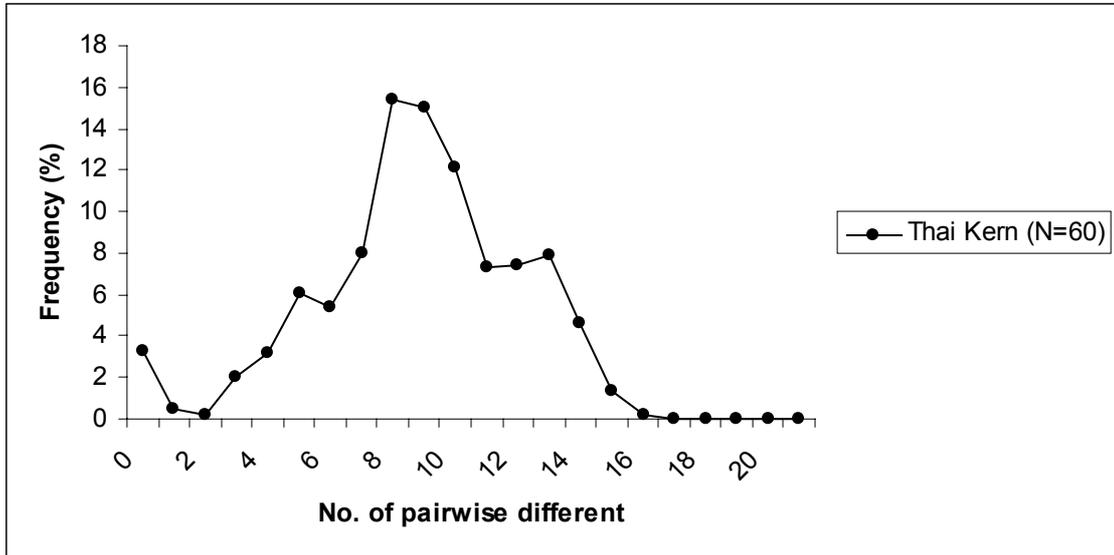
#### 4.3 Mismatch distribution และ Neutrality test

กราฟการกระจายของจำนวนเบสที่แตกต่างกันระหว่างแฮปโลไทป์แต่ละคู่ภายในแต่ละหมู่บ้าน แสดงดังภาพ 6 ยกเว้นชาวมลาบรี เนื่องจากพบเพียงแฮปโลไทป์เดียวจึงไม่มีกราฟการกระจาย โดยค่าเฉลี่ยของจุดสูงสุดของกราฟซึ่งได้จากการคำนวณด้วยโปรแกรม Arlequin 2.0 แสดงอยู่ในคอลัมน์ที่ 5 ของตาราง 2 โดยมีค่ามากที่สุดเท่ากับ 10.267 ในชาวไทวนจากตำบลคันตาล อำเภอเสาไห้ จังหวัด สระบุรี และมีค่าน้อยที่สุดเท่ากับ 6.763 ในชาวปะหล่อง และพบการกระจายที่แตกต่างไปจากกราฟรูป ระฆังคว่ำใน 3 ประชากรคือ ชาวปะหล่อง ชาวปล่างจากอำเภอแม่จัน จังหวัดเชียงราย และชาวไทลื้อ จากบ้านหนองบัว อำเภอท่าวังผา จังหวัดน่าน ( $P < 0.05$ ) (คอลัมน์ที่ 6 ตาราง 2) สำหรับค่า Tajima's D นั้นมีค่าติดลบในทุกประชากร ยกเว้นชาวไทลื้อจากบ้านหนองบัว อำเภอท่าวังผา จังหวัดน่าน แต่ทุกค่า มีความแตกต่างไปจากค่าศูนย์อย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ

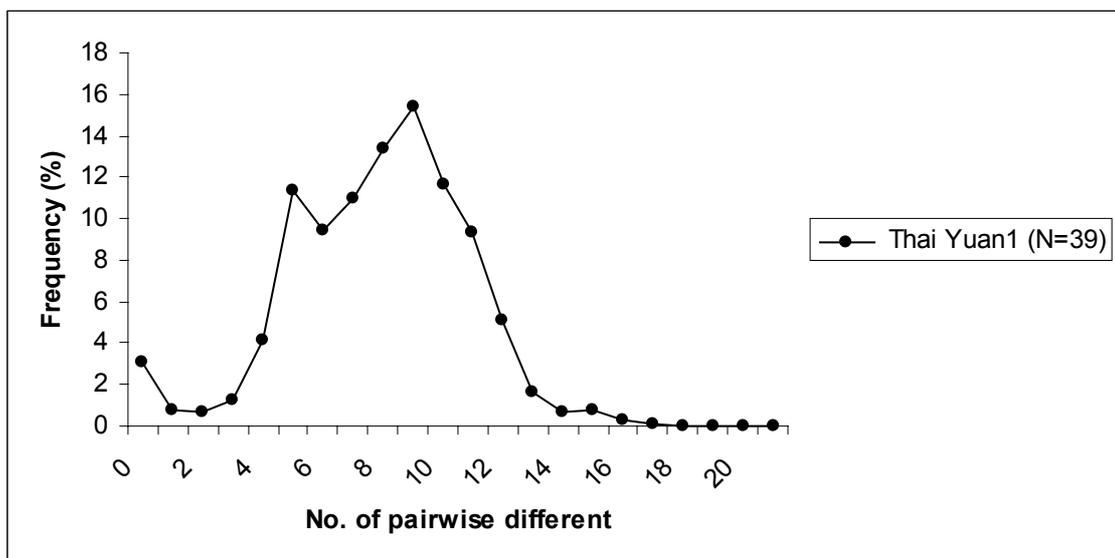
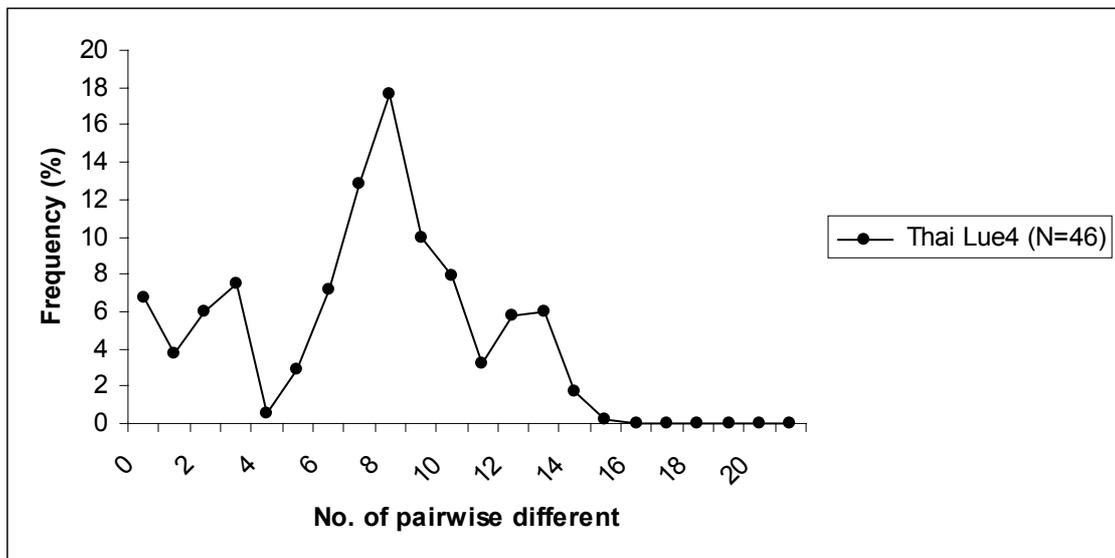
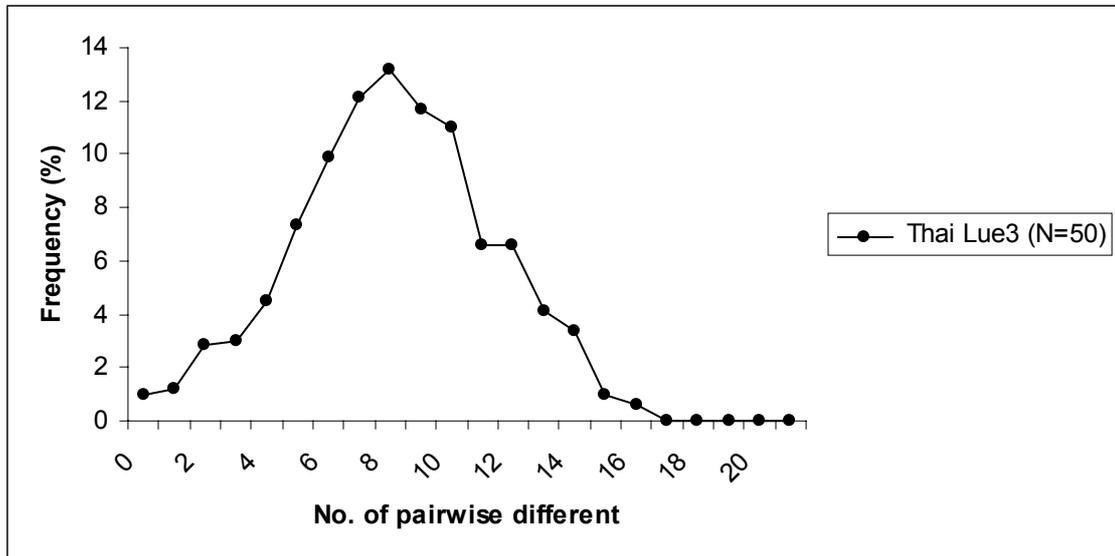
ภาพ 6 กราฟ Mismatch distribution ภายในแต่ละหมู่บ้าน



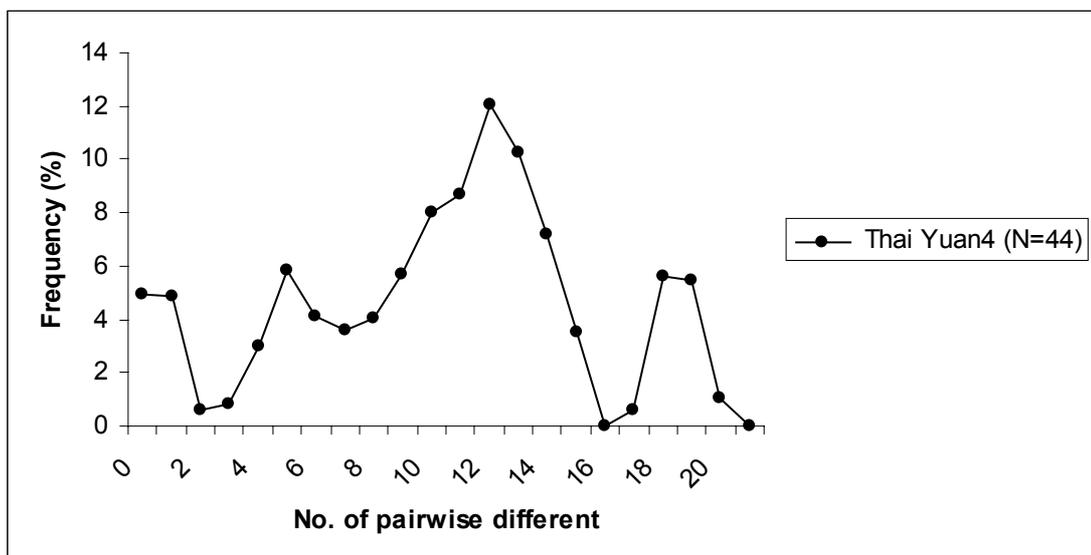
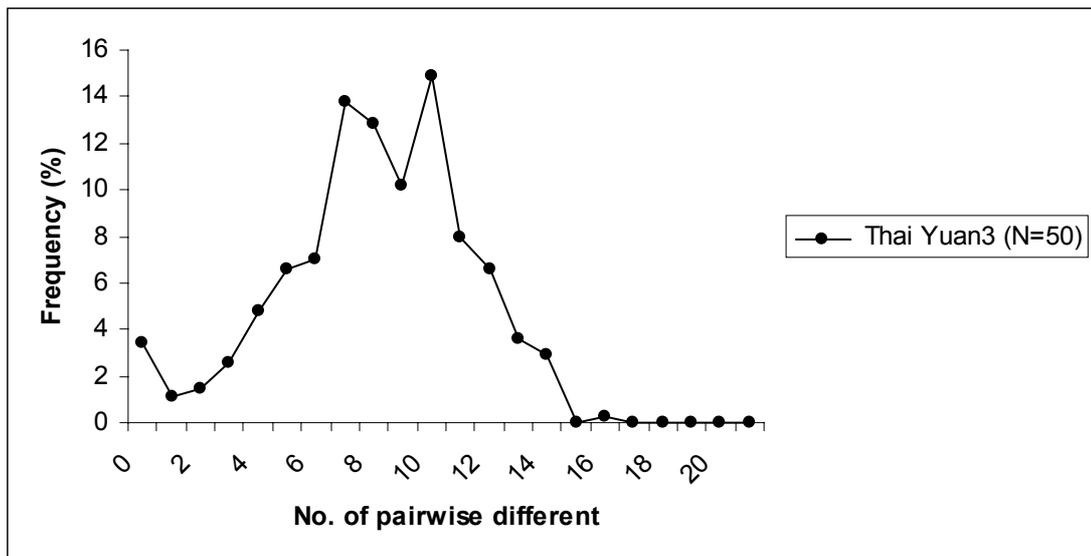
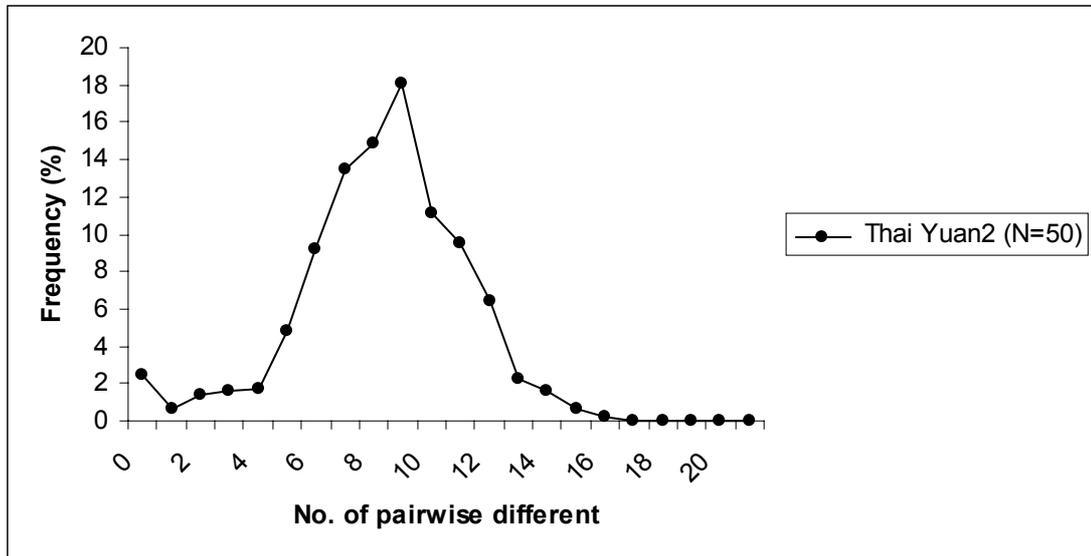
ภาพ 6 กราฟ Mismatch distribution ภายในแต่ละหมู่บ้าน (ต่อ)



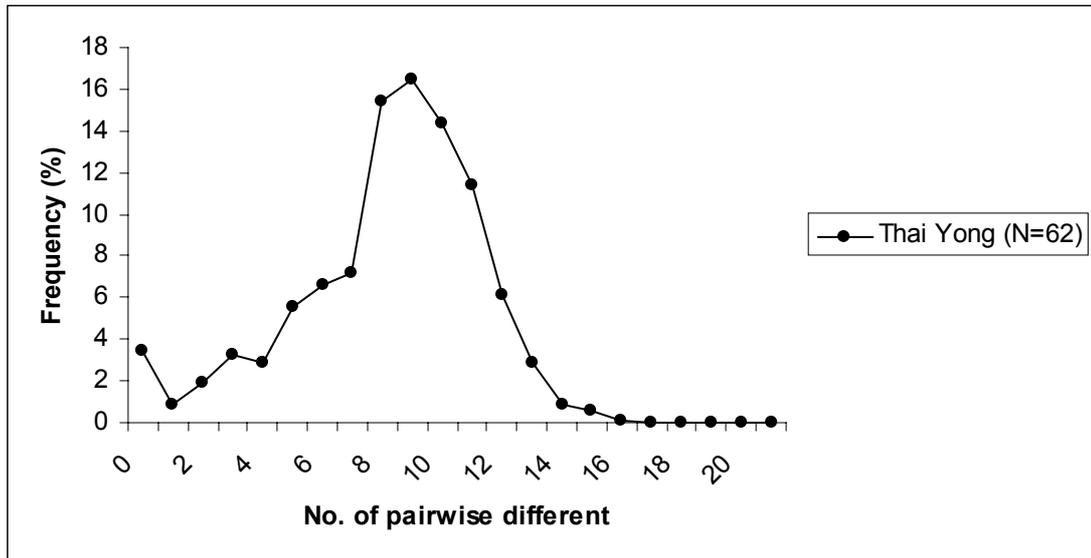
ภาพ 6 กราฟ Mismatch distribution ภายในแต่ละหมู่บ้าน (ต่อ)



ภาพ 6 กราฟ Mismatch distribution ภายในแต่ละหมู่บ้าน (ต่อ)



ภาพ 6 กราฟ Mismatch distribution ภายในแต่ละหมู่บ้าน (ต่อ)



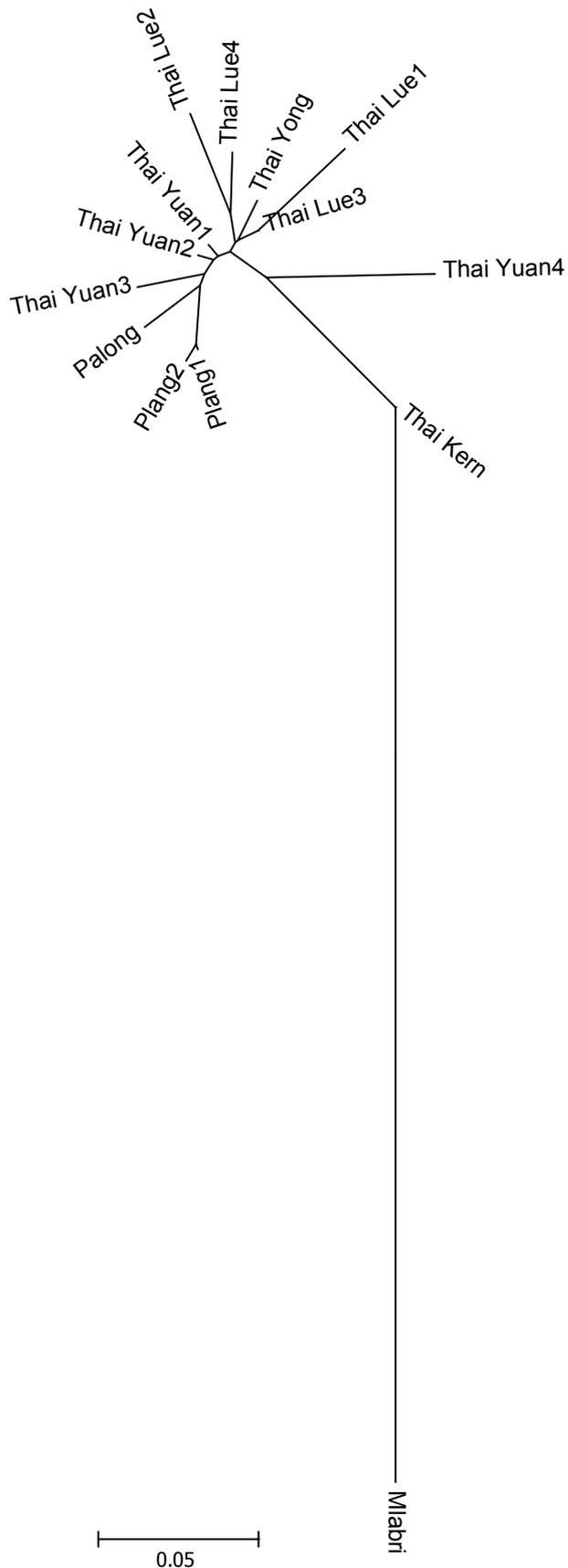
#### 4.4 Analysis of Molecular Variance (AMOVA)

จากผลการวิเคราะห์ทางสถิติด้วยวิธี AMOVA (ตาราง 6) พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (Prob < 0.05) ทั้งระดับภายในประชากรและระดับระหว่างประชากรแต่ภายในกลุ่มเดียวกัน ไม่ว่าจะทำการแบ่งกลุ่มประชากรด้วยการจัดกลุ่มทางภาษาศาสตร์ การกระจายทางภูมิศาสตร์ หรือประวัติศาสตร์การอพยพ โดยพบว่าค่าเปอร์เซ็นต์ความผันแปรทางพันธุกรรมอยู่ระดับภายในหมู่บ้านมากที่สุด (>90%) ในขณะที่การทดสอบความแตกต่างระดับระหว่างกลุ่มนั้น ไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญในการแบ่งกลุ่มทั้งสามแบบ

#### 4.5 การหาระยะห่างทางพันธุกรรมและ Phylogenetic tree

ค่า  $\Phi_{st}$  ที่คำนวณได้จากวิธี pairwise different นั้น สามารถที่จะมาใช้ประเมินความแตกต่างระหว่างประชากรเป็นคู่ๆ ได้ว่ามีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ โดยการทดสอบด้วย permutation test จากตาราง 7 จะเห็นได้ว่ามีประชากรเพียง 3 คู่เท่านั้นที่มีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95 (Prob < 0.05) คือ PP1-PP2, TL3-TU1 และ TU1-TU2 ซึ่งเมื่อนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรที่ได้มาจัดทำแผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ระหว่างประชากรด้วยวิธี Unrooted Neighbor Joining จะได้ดังภาพ 7

ภาพ 7 แผนภูมิต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ระหว่างประชากร



## 5. อภิปรายผลการศึกษา

### โครงสร้างทางพันธุกรรมภายในประชากร

จากผลการศึกษาความผันแปรของ hypervariable region I ตำแหน่งที่ 16048-16569 บนไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ นั้น จะเห็นได้ว่าในแต่ละประชากรที่ศึกษามีแฮปโลไทป์ที่พบและความถี่ของแฮปโลไทป์แตกต่างกัน ซึ่งแสดงถึงโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรที่แตกต่างกัน แม้ว่าประชากรบางหมู่บ้านจะใช้ชื่อกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกัน ซึ่งความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมภายในกลุ่มชาติพันธุ์นี้น่าจะมาจากผลของ founder effect และ population subdivision กล่าวคือ บรรพชนของกลุ่มชาติพันธุ์นี้อาจมีถิ่นฐานดั้งเดิมร่วมกัน แต่ต่อมาเกิดการอพยพเคลื่อนย้ายกระจายออกไปยังถิ่นฐานต่างๆ แล้วตั้งเป็นกลุ่มชนหมู่บ้านใหม่ โดยนำเอาไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ในรูปแบบต่างๆ มา เมื่อมีการตั้งหมู่บ้านและจำนวนประชากรในหมู่บ้านเพิ่มมากขึ้น ลูกหลานของกลุ่มชนนั้นจะได้รับการสืบเชื้อสายไมโทคอนเดรียแบบเดิม หรืออาจเกิดความผันแปรที่เป็นลักษณะเฉพาะภายในหมู่บ้านขึ้น แต่เนื่องด้วยลักษณะทางภูมิศาสตร์หรือระยะทางที่ห่างไกล จึงทำให้ไม่มีโอกาสได้กลับไปแลกเปลี่ยนแฮปโลไทป์กับบรรพชนหรือประชากรกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกันในต่างหมู่บ้าน จึงทำให้เกิดการสะสมความผันแปรของไมโทคอนเดรียที่เป็นลักษณะเฉพาะของหมู่บ้านนั้นๆ ขึ้น ทำให้ลักษณะของแฮปโลไทป์ที่พบและความถี่ในแต่ละหมู่บ้านนั้นแตกต่างกันไป

โดยเฉพาะชาวมลาบรีนั้น พบว่ามีไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่มีลักษณะเฉพาะแตกต่างไปจากแฮปโลไทป์ที่พบในประชากรอื่น และจากตัวอย่างทั้งหมดพบว่ามีแฮปโลไทป์เพียงแบบเดียว ซึ่งทำให้ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นศูนย์ ซึ่งในกรณีนี้น่าจะเป็นผลมาจากค่านิยมในการที่จะแต่งงานภายในกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกัน หรืออาจจะมีการแต่งงานภายในหมู่เครือญาติมาเป็นระยะเวลายาวนาน (inbreeding) จึงทำให้มีการสืบทอดไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอเพียงแบบเดียว จากทฤษฎี Mitochondria Eve : Mother of all mankind ซึ่งเชื่อว่าแท้ที่จริงแล้วประชากรมนุษย์ทุกคนนั้นสืบทอดลักษณะทางพันธุกรรมของไมโทคอนเดรียมาจากผู้หญิงเพียงคนเดียว ซึ่งมีชีวิตอยู่ในทวีปแอฟริกาเมื่อประมาณ 100,000-150,000 ปีก่อน และลักษณะความแตกต่างของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอในแต่ละประชากรนั้นเกิดจากความผันแปรไปจากไมโทคอนเดรียดั้งเดิมนี่ ในกรณีแบบเดียวกันชาวมลาบรีนั้นนับได้ว่าเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีประวัติศาสตร์เก่าแก่กว่ากลุ่มประชากรอื่น และยังคงดำรงชีพในลักษณะกลุ่มสังคมล่าสัตว์ (Hunting and Gathering Society) รวมทั้งยังคงรักษาโครงสร้างทางพันธุกรรมเฉพาะของกลุ่มตนเองไว้ได้ โดยไม่มีการปะปนกับกลุ่มชาติพันธุ์อื่นจากการแต่งงานข้ามเผ่า เราจึงอาจคาดได้ว่าแฮปโลไทป์ของไมโทคอนเดรียที่พบในชาวมลาบรีนั้น อาจเป็นลักษณะไมโทคอนเดรียดั้งเดิม และเป็นต้นแบบของไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่พบในประชากรอื่นๆ ในภูมิภาคที่ใกล้เคียงกัน

ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโทคอนเดรียในประชากรอื่นนั้น แม้ว่าจะมีความแตกต่างกันในแต่ละประชากร แต่ก็นับได้ว่ามีค่าที่ค่อนข้างสูง (0.878-0.990) ทั้งในกลุ่มที่พูดภาษา

ตระกูลไทและตระกูลมอญ-เขมร ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูงนี้อาจมาจากหลายปัจจัย เช่น ประชากรมีความเก่าแก่ ซึ่งจะทำให้ประชากรนั้นมีระยะเวลาในการสะสมความผันแปรทางพันธุกรรมมาก หรืออาจเป็นผลจากการที่ประชากรมีการแต่งงานข้ามกับกลุ่มชาติพันธุ์อื่น

เมื่อพิจารณากราฟ mismatch distribution จะเห็นได้ว่า กราฟการกระจายในแต่ละประชากรมีความแตกต่างกันไป และพบกราฟมีความแตกต่างไปจากกราฟรูประฆังคว่ำอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) ในชาวปะหล่อง ชาวพล่างจากอำเภอแม่จัน จังหวัดเชียงราย และชาวไทยเชื้อสายจากบ้านหนองบัว อำเภอท่าวังผา จังหวัดน่าน ซึ่งบ่งบอกว่าประชากรทั้งสามนี้น่าจะมีขนาดของประชากรที่คงที่มาเป็นระยะเวลานาน (stationary population) ในขณะที่กราฟของประชากรส่วนใหญ่สามารถยอมรับได้ว่าเป็นกราฟรูประฆังคว่ำ ซึ่งมักจะเป็นกราฟที่พบในประชากรที่มีการเพิ่มจำนวนของประชากรอย่างรวดเร็ว แต่เมื่อทำการทดสอบค่า Tajima's D กลับพบว่าค่า Tajima's D ในทุกประชากรนั้นมีความแตกต่างจากค่าศูนย์อย่างไม่มีนัยสำคัญ แสดงให้เห็นว่าประชากรที่ทำการศึกษาอยู่ในสมดุลของ mutation-drift หรือ mutation-selection หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งคือ ลักษณะของกราฟรูประฆังคว่ำที่พบในประชากรที่ศึกษานั้น ไม่ได้เกิดขึ้นจากการเพิ่มขนาดของประชากรอย่างรวดเร็ว แต่น่าจะมาจากปัจจัยของ genetic drift และ population subdivision ที่เกิดจากอัตราการอพยพของผู้หญิงระหว่างประชากรมีน้อยเป็นระยะเวลายาวนาน จึงทำให้โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรแต่ละหมู่บ้านมีการเปลี่ยนแปลงชนิดและความถี่ของแฮปโลไทป์จนกระทั่งเข้าสู่สมดุล

### ความสัมพันธ์ระหว่างประชากร

จากการวิเคราะห์ทางสถิติด้วยวิธี AMOVA จะเห็นว่าในระดับหมู่บ้านค่า  $\Phi_{st}$  มีค่าประมาณ 0.08 และการเปลี่ยนแปลงไม่มากนักในการจัดกลุ่มประชากรที่แตกต่างกัน ( $\Phi_{st}$  ระดับภายในประชากรอยู่ระหว่าง 0.08728 ถึง 0.08806, ตาราง 6) เพราะค่า  $\Phi_{st}$  นี้ได้มาจากการการคำนวณค่าความผันแปรในระดับภายในหมู่บ้าน จึงไม่ขึ้นอยู่กับวิธีการจัดแบ่งประชากรเป็นกลุ่มต่างๆ

ในขณะที่ค่า  $\Phi_{sc}$  และ  $\Phi_{ct}$  จะมีการเปลี่ยนแปลงเมื่อมีการจัดแบ่งกลุ่มประชากรในรูปแบบที่แตกต่างกัน เมื่อเปรียบเทียบทั้ง 3 ระดับแล้วพบว่า ค่าเปอร์เซ็นต์ความผันแปรทางพันธุกรรมอยู่ในระดับภายในหมู่บ้านมากที่สุด (>90%) ซึ่งแสดงให้เห็นว่าอัตราการอพยพของผู้หญิงหรือการแต่งงานข้ามกลุ่มชาติพันธุ์มีน้อย แต่ละหมู่บ้านจึงมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรม นอกจากนี้ยังเห็นผลได้จากการทดสอบในระดับระหว่างหมู่บ้านแต่ภายในกลุ่มเดียวกัน ซึ่งแม้จะมีค่าเปอร์เซ็นต์ความผันแปรเพียง 7.39-8.30 แต่ระหว่างหมู่บ้านภายในกลุ่มเดียวกันก็มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

เมื่อทำการจัดแบ่งกลุ่มประชากรด้วยข้อมูลทางภาษาศาสตร์ การกระจายทางภูมิศาสตร์ และประวัติศาสตร์การอพยพ จะเห็นว่าค่าเปอร์เซ็นต์ความผันแปรระหว่างกลุ่มมีค่าน้อย (0.51% ถึง 1.34%) และไม่มีค่าแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่งแสดงให้เห็นอย่างชัดเจนว่า การแบ่งกลุ่มประชากร

ด้วยข้อมูลทางด้านพันธุศาสตร์โดยใช้ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย นั้น ไม่สอดคล้องกับการจัดกลุ่มด้วยข้อมูลทางภาษาศาสตร์ การกระจายทางภูมิศาสตร์ และประวัติศาสตร์การอพยพ

ในการทดสอบความแตกต่างของประชากรที่ระบุด้วยค่า  $\Phi_{st}$  นั้น พบว่ามีประชากรเพียง 3 กลุ่มเท่านั้นที่มีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่งสอดคล้องกับผลการทดสอบที่ผ่านมาว่า ประชากรแต่ละหมู่บ้านมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน แม้ว่าบางหมู่บ้านจะยังคงใช้ชื่อกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกัน

จากลักษณะของแผนภูมิต้นไม้จะเห็นได้ว่า ชาวมลาบรีมีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากประชากรอื่นอย่างชัดเจน ในขณะที่ประชากรอื่นนั้นมีความใกล้ชิดกันมากกว่า โดยพบความสัมพันธ์ที่น่าสนใจคือ ประชากรชาวไทลื้อทั้ง 4 หมู่บ้านจัดกลุ่มอยู่กับชาวไทยอง ซึ่งสอดคล้องกับประวัติศาสตร์ที่กล่าวว่า ชาวไทยองมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับชาวไทลื้อในสมัยที่ยังคงตั้งถิ่นฐานอยู่ในบริเวณสิบสองปันนา มณฑลยูนนาน ประเทศจีน และแม้ว่าชาวไทลื้อจากทั้ง 4 หมู่บ้านจะมีประวัติการอพยพและระยะเวลาการตั้งหมู่บ้านที่แตกต่างกัน แต่ก็ยังมีลักษณะทางพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกัน สำหรับชาวไทจีนนั้นค่อนข้างจะมีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากกลุ่มประชากรที่พูดภาษาในตระกูลไทกลุ่มอื่น แม้ว่าจะมีถิ่นฐานเดิมในบริเวณที่เดียวกับชาวไทลื้อและชาวไทยอง เมื่อพิจารณาชาวไทยวน พบว่าชาวไทยวนจากตำบลต้นตาล อำเภอเสาไห้ จังหวัดสระบุรี มีความแตกต่างจากชาวไทยวน (คนเมือง) ทางภาคเหนือในปัจจุบันอย่างชัดเจน ซึ่งหากพิจารณาร่วมผลการทดสอบ AMOVA ที่บ่งบอกว่าประชากรที่ศึกษานั้น ยังไม่มีการแต่งงานกับกลุ่มชาติพันธุ์อื่น จึงคาดได้ว่าบรรพชนทางฝ่ายหญิงของชาวไทยวนทางภาคเหนือและชาวไทยวนจากจังหวัดสระบุรี น่าจะเป็นคนละกลุ่มกัน โดยกลุ่มคนเมืองนั้นมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับกลุ่มประชากรที่พูดภาษาในตระกูลมอญ-เขมร คือ ชาวปะหล่องและชาวพม่ามากกว่า

## 6. สรุปผลการวิจัย

6.1 จากการศึกษาตีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรที่พูดภาษาตระกูลไทและมอญ-เขมรที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย ทำให้ทราบว่าลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรตัวอย่างนั้นมีความแตกต่างกันและมีลักษณะเฉพาะในแต่ละหมู่บ้าน ซึ่งเป็นผลมาจากอัตราการอพยพของผู้หญิงระหว่างประชากรมีน้อย จึงทำให้แต่ละหมู่บ้านมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมที่เป็นลักษณะเฉพาะขึ้นมา แม้ว่าจะเป็นกลุ่มประชากรที่ยังคงใช้ชื่อกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกัน โดยเฉพาะในชาว มลาบรี ซึ่งพบว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมที่ต่างจากกลุ่มประชากรอื่นอย่างชัดเจน

6.2 การแบ่งกลุ่มประชากรโดยอาศัยข้อมูลทางพันธุศาสตร์นั้น ไม่สอดคล้องกับการจัดแบ่งกลุ่มด้วยข้อมูลทางภาษาศาสตร์ การกระจายทางภูมิศาสตร์ หรือประวัติศาสตร์การอพยพ โดยข้อมูลของตีเอ็นเอไมโทคอนเดรียสนับสนุนว่า ชาวไทลื้อกับชาวไทยมีความสัมพันธ์กันอย่างใกล้ชิด ในขณะที่ชาวไทเขินนั้นต่างไปจากกลุ่มประชากรชาวไทที่เคยมีถิ่นฐานเดิมบริเวณสิบสองปันนา มณฑลยูนนาน ประเทศจีน ในกลุ่มชาวไทยพบว่าชาวไทยจากจังหวัดสระบุรีมีความแตกต่างจากคนเมืองทางภาคเหนืออย่างชัดเจน โดยกลุ่มคนเมืองนั้นมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับกลุ่มประชากรที่พูดภาษาในตระกูลมอญ-เขมร คือ ชาวปะหล่องและชาวพม่ามากกว่า

อย่างไรก็ตามการศึกษาโดยใช้ข้อมูลของตีเอ็นเอไมโทคอนเดรียนี้เป็นการศึกษาการสืบเชื้อสายทางฝ่ายหญิงเท่านั้น ซึ่งหากมีการศึกษาในโครโมโซม Y ที่มีการสืบทอดทางฝ่ายชายนั้น จะทำให้ข้อมูลในการติดตามหาบรรพชนของชาวไทยชัดเจนมากยิ่งขึ้น

## 7. เอกสารอ้างอิง

- กัญญา ลีลาชัย. 2544. การค้นคว้าประวัติศาสตร์ชนชาติไทย. สถาบันวิจิตรศิลป์ มูลนิธิวิจิตรศิลป์. อมรินทร์พริ้นติ้งแอนด์พับลิชชิ่ง, กรุงเทพฯ.
- ถาวร วัชรากัย และคณะ. 1996. ขอบฟ้าใหม่ในการบ่งชี้ความเป็นชนชาติไทย : การตีความจากหลักฐานความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างคนไทยบางกลุ่ม กับชาติพันธุ์ต่างตระกูลภาษาบางกลุ่ม. ใน Proceedings of the 6<sup>th</sup> international conference on Thai studies theme VII. Chiang Mai, Thailand. p287-305.
- เสมอชัย พูลสุวรรณ. 2544. วิทยาศาสตร์กับความจริงในวัฒนธรรมไทย. โครงการจัดพิมพ์คบไฟ มูลนิธิเพื่อการศึกษาประชาธิปไตยและการพัฒนา, กรุงเทพฯ.
- 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.
- Bertorelle G and Slatkin M. 1995 The number of segregating sites in expanding human populations, with implications for estimates of demographic parameters. *Molecular Biology and Evolution*. 12:887-892.
- Bertorelle G., Calafell F., Francalacci P., Bertranpetit J. and Barbujani G. 1996. Geographic homogeneity and non-equilibrium patterns of mtDNA sequences in Tuscany. Italy. *Hum. Genet.* 98:145-150.
- 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.
- Dupanloup I., Pereira L., Bertorelle G., Calafell F., Prata M.J., Amorim A., Barbujani G. 2003. A recent shift from polygyny to monogamy in human populations is suggested by the analysis of worldwide Y-chromosome diversity. *Journal of Molecular Evolution*, 57(1): 85-97.
- Ethnologue: Language of the world. [http://www.ethnologue.com/family\\_index.asp](http://www.ethnologue.com/family_index.asp)
- Excoffier L., Smouse P. E and Quanttro J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131, 479-491.
- Foley R. 1998. The context of human genetic evolution. *Genome Res.*, 8, 339-347

- Harpending, H.C. 1994. Signature of ancient population growth in a low resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Human Biology* 66:591–600.
- Lum J. K., Cann R. 2000. MtDNA lineage analysis: origin and migration of micronesians and polynesians. *Am. J. Phy. Anthropol.*, 113, 151-168.
- Nei M., Kumar S. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. New York. Oxford University Press, Inc.
- Penth H. 2000. *A brief history of Lanna:civilizations of North Thailand*. Silkworm Books, Chiang Mai, Thailand.
- Pereira, L., Dupanloup, I., Rosser, Z., Jobling, M.A., Barbujani, G. (2001) Y-chromosome mismatch distributions in Europe. *Molecular Biology and Evolution* 18(7): 1259-1271.
- Princess Maha Chakri Sirindhorn Anthropology Centre. <http://www.sac.or.th>
- Roewer L., Kayser M., Dielties 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.
- Roewer L., Kayser M., de Knijff P., *et al.* 2000. A new method for the evaluation of matches in non-recombining genomes: application to Y-chromosomal short tandem repeat (STR) haplotypes in European males. *Forensic Science International* 114, 31-43.
- 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.
- Underhill P.A., Shen P., Lin A.A., *et al.* 2000. The architecture of Y chromosome biallelic 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. MtDNA sequencing diversity in Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 59, 437-444.

## Output ที่ได้จากโครงการ

### ประโยชน์ที่ได้รับจากโครงการ

โครงการวิจัยนี้ เป็นโครงการวิจัยพื้นฐานที่มีประโยชน์ในเชิงวิชาการทั้งในแง่การสร้างนักวิจัยใหม่ระดับปริญญาเอก และการสร้างองค์ความรู้ใหม่แบบสหวิทยาการเกี่ยวกับการศึกษาข้อมูลทางด้านประชากร โดยอาศัยความรู้ในสาขาต่างๆ ไม่ว่าจะเป็นพันธุศาสตร์ ภาษาศาสตร์ ประวัติศาสตร์ ทำให้ทราบถึงผลของปัจจัยทางวัฒนธรรมที่แตกต่างกันในแต่ละประชากร ที่มีต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของมนุษย์ นอกจากนี้ข้อมูลที่ได้ยังสามารถนำไปเชื่อมโยงกับการศึกษาทางชาติพันธุ์วิทยาและมานุษยวิทยาในการศึกษาความสัมพันธ์ของประชากรกลุ่มต่างๆ รวมทั้งประวัติศาสตร์ของมนุษยชาติได้อีกด้วย

### ผลงานตีพิมพ์ที่คาดว่าจะได้จากโครงการ

ทางคณะผู้วิจัยคาดว่าจะนำเสนอบทความเรื่อง Mitochondrial DNA Variation of Tai-speaking People in Northern Thailand ในวารสาร Human Genetics โดยจะชี้ให้เห็นความสัมพันธ์ทางเชื้อสายกับภาษาและวัฒนธรรมของกลุ่มชนที่พูดภาษาในตระกูลไทในภาคเหนือของประเทศไทย รวมทั้งความสัมพันธ์กับกลุ่มชาติพันธุ์อื่นๆ โดยขณะนี้กำลังอยู่ระหว่างการเตรียมเนื้อหาขอบทความ

### การเสนอผลงานในที่ประชุม

ได้นำเสนองานวิจัยเรื่อง Mitochondrial DNA Variation of Tai-speaking People in Northern Thailand ในการประชุมวิชาการ โครงการปริญญาเอกกาญจนาภิเษก ครั้งที่ 6 ณ โรงแรมจอมเทียน ปาล์มบีช รีสอร์ท เมืองพัทยา จังหวัดชลบุรี ระหว่างวันที่ 28 ถึง 30 เมษายน 2548 (ดั่ง abstract ที่แนบมาด้วย)



ตาราง 1 กลุ่มประชากรที่ศึกษาและจำนวนตัวอย่าง

Code	Ethnic Group	Language Subfamily	Language Family	Place	No. of sample		
					Total	Male	Female
<b>MA</b>	Mlabri	Mon-Khmer	Austroasiatic	Wiang Sa, Nan	19	10	9
<b>PL</b>	Palong	Mon-Khmer	Austroasiatic	Fang & Chiang Dao, Chiang Mai	51	23	28
<b>PP1</b>	Plang	Mon-Khmer	Austroasiatic	Mae Sai, Chiang Rai	38	18	20
<b>PP2</b>	Plang	Mon-Khmer	Austroasiatic	Mae Chan, Chiang Rai	45	22	23
<b>TK</b>	Thai Kern	Tai	Tai-Kadai	Mae Wang & Sanpathong, Chiang Mai	60	29	31
<b>TL1</b>	Thai Lue	Tai	Tai-Kadai	Pua, Nan	51	25	26
<b>TL2</b>	Thai Lue	Tai	Tai-Kadai	Thawangpha, Nan	44	21	23
<b>TL3</b>	Thai Lue	Tai	Tai-Kadai	Mae Sai, Chiang Rai	50	26	24
<b>TL4</b>	Thai Lue	Tai	Tai-Kadai	Doi Saket, Chiang Mai	46	24	22
<b>TU1</b>	Thai Yuan	Tai	Tai-Kadai	Sansai, Chiang Mai	39	20	19
<b>TU2</b>	Thai Yuan	Tai	Tai-Kadai	Mae Tang, Chiang Mai	50	25	25
<b>TU3</b>	Thai Yuan	Tai	Tai-Kadai	Wiang Nong Long & Ban Hong, Lumphun	50	26	24
<b>TU4</b>	Thai Yuan	Tai	Tai-Kadai	Saw Hai, Saraburi	44	21	23
<b>TY</b>	Thai Yong	Tai	Tai-Kadai	Pa Sang, Lumphun	62	31	31

ตาราง 2 จำนวนแฮปโลไทป์ที่พบในแต่ละหมู่บ้านและผลการวิเคราะห์ Mismatch Distribution

ประชากร	จำนวนตัว อย่าง	จำนวนแฮปโลไทป์ ที่พบ	ความหลากหลาย ของแฮปโลไทป์	Mismatch observed mean	<i>P</i> ( <i>raggedness</i> <i>index</i> )	<i>Tajima's</i> <i>D</i>	<i>P(D)</i>
MA	19	1	0.000	-	-	-	-
PL	51	20	0.917	6.763	<b>0.020</b>	-1.209	0.096
PP1	38	25	0.979	8.154	0.130	-0.724	0.229
PP2	45	29	0.969	8.247	<b>0.000</b>	-0.976	0.159
TK	60	31	0.967	8.776	0.070	-1.109	0.125
TL1	51	23	0.915	7.106	0.080	-0.611	0.288
TL2	44	14	0.878	7.816	<b>0.000</b>	0.213	0.647
TL3	50	40	0.990	8.113	0.760	-1.484	0.058
TL4	46	19	0.932	7.080	0.150	-0.831	0.206
TU1	39	26	0.969	7.870	0.200	-1.378	0.051
TU2	50	31	0.976	8.287	0.050	-0.940	0.187
TU3	50	28	0.966	8.038	0.100	-0.556	0.295
TU4	44	22	0.950	10.267	0.290	-0.375	0.432
TY	62	31	0.965	8.170	0.080	-0.872	0.228

\* ตัวหนาแสดงถึงความมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ  $P < 0.05$

ตาราง 5 การจัดกลุ่มประชากร โดยอาศัยข้อมูลทางภาษาศาสตร์, การกระจายทางภูมิศาสตร์และประวัติการอพยพ

การแบ่งกลุ่ม	1	2	3	4	5
ภาษาศาสตร์	TK, TL1, TL2, TL3, TL4, TU1, TU2, TU3, TU4, TY	MA, PL, PP1, PP2			
ภูมิศาสตร์	TL1, TL2, MA	TL3, PP1, PP2	PL, TU1, TU2, TL4	TK, TY, TU3	TU4
ประวัติการอพยพ	TK, TL1, TL2, TL3, TL4, , TY	MA, PL, PP1, PP2	TU1, TU2, TU3	TU4	

ตาราง 6 ผลการวิเคราะห์ทางสถิติด้วยวิธี AMOVA

การแบ่งกลุ่ม	ภายในประชากร			ระหว่างประชากร ภายในกลุ่มเดียวกัน			ระหว่างกลุ่ม		
	%ความผันแปร	$\Phi_{st}$	P	%ความผันแปร	$\Phi_{sc}$	P	%ความผันแปร	$\Phi_{ct}$	P
ภาษาศาสตร์	91.19	<b>0.08806</b>	<b>0.0000</b>	8.30	<b>0.08340</b>	<b>0.0000</b>	0.51	0.00508	0.00859
ภูมิศาสตร์	91.27	<b>0.08728</b>	<b>0.0000</b>	7.39	<b>0.07488</b>	<b>0.0000</b>	1.34	0.01340	0.00885
ประวัติการอพยพ	91.21	<b>0.08788</b>	<b>0.0000</b>	7.77	<b>0.07850</b>	<b>0.0000</b>	1.02	0.01018	0.00993

\* ตัวหนาแสดงถึงความมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ  $P < 0.05$

ตาราง 7 ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (ล่างซ้าย) และค่าการทดสอบความมีนัยสำคัญทางสถิติ (P) (บนขวา)

	MA	PL	PP1	PP2	TK	TL1	TL2	TL3	TL4	TU1	TU2	TU3	TU4	TY
MA		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
PL	0.51356		0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.01802	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
PP1	0.47012	0.02642		0.16216	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000
PP2	0.42503	0.06238	0.00769		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.02703
TK	0.28918	0.06558	0.05145	0.06008		0.00000	0.00000	0.00901	0.00000	0.02703	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000
TL1	0.45080	0.08768	0.09713	0.09774	0.05740		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
TL2	0.41899	0.10766	0.10032	0.09081	0.05866	0.09060		0.00000	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
TL3	0.44035	0.02345	0.04011	0.05313	0.02969	0.03223	0.05462		0.02703	0.12613	0.00901	0.00000	0.00000	0.00000
TL4	0.49060	0.06094	0.08472	0.09596	0.06790	0.07604	0.05330	0.02113		0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
TU1	0.42238	0.02785	0.02835	0.03306	0.02239	0.05269	0.05400	0.01016	0.04623		0.09009	0.00000	0.00000	0.00000
TU2	0.40463	0.03169	0.03352	0.04005	0.02964	0.05984	0.06702	0.01759	0.03394	0.00970		0.00000	0.00000	0.00000
TU3	0.43071	0.05373	0.03675	0.04481	0.04521	0.07769	0.07745	0.03426	0.07648	0.04536	0.03362		0.00000	0.00000
TU4	0.41104	0.08288	0.10917	0.12353	0.09835	0.11998	0.10667	0.07349	0.08238	0.08061	0.07632	0.10555		0.00000
TY	0.40058	0.06238	0.04179	0.02458	0.03502	0.05412	0.04910	0.01982	0.05139	0.02775	0.03605	0.03720	0.10527	

\* ตัวหนาแสดงถึงความมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ  $P < 0.05$

ภาคผนวก ข คีเอ็นเอไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่พบและความถี่ในแต่ละประชากร

แบบ ที่	MA	PL	PP1	PP2	TK	TL1	TL2	TL3	TL4	TU1	TU2	TU3	TU4	TY	รวม
1														0.0161	0.0015
2														0.0323	0.0031
3														0.0161	0.0015
4														0.0645	0.0062
5														0.0161	0.0015
6														0.0161	0.0015
7														0.0161	0.0015
8														0.0161	0.0015
9														0.0323	0.0031
10														0.0161	0.0015
11														0.0806	0.0077
12														0.0161	0.0015
13														0.0161	0.0015
14														0.0161	0.0015
15														0.0161	0.0015
16														0.0968	0.0092
17														0.0323	0.0031
18														0.0645	0.0062
19														0.0161	0.0015
20														0.0806	0.0077
21													0.0227		0.0015
22													0.0227		0.0015
23													0.0227		0.0015
24													0.0227		0.0015
25													0.0227	0.0323	0.0046
26													0.0227		0.0015
27													0.1136		0.0077
28													0.0909		0.0062
29													0.0455		0.0031
30													0.0227		0.0015

ภาคผนวก ข คีเอ็นเอไมโทคอนเดรียแฮปโลไทป์ที่พบและความถี่ในแต่ละประชากร (ต่อ)

แบบ ที่	MA	PL	PP1	PP2	TK	TL1	TL2	TL3	TL4	TU1	TU2	TU3	TU4	TY	รวม
31													0.0455		0.0031
32												0.0200			0.0015
33												0.0200			0.0015
34												0.0200			0.0015
35												0.0200			0.0015
36												0.0200			0.0015
37												0.0200			0.0015
38												0.0200			0.0015
39												0.1200			0.0092
40												0.0200			0.0015
41												0.0400			0.0031
42												0.0200			0.0015
43												0.0600			0.0046
44												0.0600			0.0046
45												0.0400			0.0031
46												0.0600			0.0046
47												0.1000			0.0077
48												0.0400			0.0031
49										0.0400					0.0031
50										0.0200					0.0015
51										0.0600					0.0046
52										0.0200					0.0015
53										0.0200					0.0015
54										0.0200					0.0015
55										0.0400					0.0031
56										0.0600					0.0046
57										0.0200					0.0015
58										0.0200					0.0015
59										0.0200					0.0015
60										0.0200					0.0015



ภาคผนวก ข คีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเฮปโลไทป์ที่พบและความถี่ในแต่ละประชากร (ต่อ)

แบบ ที่	MA	PL	PP1	PP2	TK	TL1	TL2	TL3	TL4	TU1	TU2	TU3	TU4	TY	รวม
91									0.0217						0.0015
92									0.1087					0.0161	0.0092
93									0.0652			0.0400		0.0484	0.0123
94									0.0217						0.0015
95									0.1087						0.0077
96								0.0200							0.0015
97								0.0200							0.0015
98								0.0200							0.0015
99								0.0200							0.0015
100								0.0200							0.0015
101								0.0200							0.0015
102								0.0200							0.0015
103								0.0200							0.0015
104								0.0200	0.0435						0.0046
105								0.0200							0.0015
106								0.0200							0.0015
107								0.0200	0.0217		0.0400				0.0062
108								0.0200							0.0015
109								0.0400							0.0031
110								0.0400					0.0455		0.0062
111								0.0200							0.0015
112								0.0200					0.0455		0.0046
113								0.0200							0.0015
114								0.0200							0.0015
115								0.0200							0.0015
116								0.0200							0.0015
117								0.0200							0.0015
118								0.0200							0.0015
119								0.0200							0.0015
120								0.0200						0.0161	0.0031

ภาคผนวก ข คีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเฮปโลไทป์ที่พบและความถี่ในแต่ละประชากร (ต่อ)

แบบ ที่	MA	PL	PP1	PP2	TK	TL1	TL2	TL3	TL4	TU1	TU2	TU3	TU4	TY	รวม
121								0.0400							0.0031
122								0.0200		0.0256					0.0031
123								0.0400	0.0435	0.0513					0.0092
124								0.0600							0.0046
125								0.0200					0.0227		0.0031
126							0.0227								0.0015
127							0.0227				0.0200			0.0645	0.0092
128							0.0227								0.0015
129							0.0909		0.1957		0.0200				0.0216
130							0.0227								0.0015
131							0.1591		0.0652	0.1282	0.0400		0.0227		0.0277
132							0.0227	0.0200							0.0031
133							0.0227								0.0015
134							0.0909								0.0062
135							0.0227						0.0227		0.0031
136							0.2273								0.0154
137							0.0227								0.0015
138						0.0196									0.0015
139						0.0196									0.0015
140						0.0196									0.0015
141						0.0196			0.0217			0.0200			0.0046
142						0.0196						0.0200			0.0031
143						0.0196									0.0015
144						0.0588									0.0046
145						0.0392									0.0031
146						0.1176		0.0200							0.0108
147						0.0392									0.0031
148						0.0196									0.0015
149						0.0784									0.0062
150						0.0392		0.0400					0.0909	0.0161	0.0139



















