

แคดเมียมเป็นโลหะหนักที่มีความเป็นพิษและจัดเป็นสารก่อมะเร็งในคน โดยมีความเกี่ยวข้องกับการทำงานที่ผิดปกติของไตและโรคมะเร็ง มนุษย์สามารถได้รับแคดเมียมจากการประกอบอาชีพและจากสิ่งแวดล้อม การปนเปื้อนของแคดเมียมในสิ่งแวดล้อมในพื้นที่อำเภอแม่สอดจังหวัดตาก ส่งผลให้เกิดการตกค้างของแคดเมียมในแหล่งน้ำและดิน และส่งผลต่อการปนเปื้อนและตกค้างในผลผลิตทางการเกษตรที่ใช้เป็นอาหาร ตลอดจนการสะสมในห่วงโซ่อาหาร งานวิจัยนี้ได้ศึกษาระดับแคดเมียมในตับและไตของหนูพุก (*Bandicota indica*) เพศผู้ ที่อาศัยในพื้นที่ที่มีการปนเปื้อนของแคดเมียมสูง อำเภอแม่สอด จังหวัดตาก เปรียบเทียบกับในหนู ที่อาศัยในพื้นที่ที่มีการปนเปื้อนของแคดเมียมต่ำในอำเภอแม่ห้วยเม็ก จังหวัดกาฬสินธุ์ และศึกษาระดับของผลกระทบของแคดเมียมต่ออวัยวะของหนูพุกจากการเกิดการเปลี่ยนแปลงของการเกิด DNA methylation ที่สัมพันธ์กับการแสดงออกของโปรตีนเมทิลโลไฮโอนีนในอวัยวะของหนูพุกเพศผู้

การศึกษาหนูในกลุ่มที่อาศัยในพื้นที่ที่มีการปนเปื้อนของแคดเมียมสูง จำนวน 45 ตัว จากอำเภอแม่สอด จังหวัดตาก และหนูกลุ่มที่อาศัยในพื้นที่ที่มีการปนเปื้อนของแคดเมียมต่ำ จำนวน 33 ตัว และแบ่งขนาดของหนูตามน้ำหนักตัวเป็น 3 กลุ่ม คือ ขนาดใหญ่ (≥ 301 กรัม) ขนาดกลาง (181-300 กรัม) และขนาดเล็ก (50-180 กรัม) เพื่อแทนช่วงอายุ โดยเนื้อเยื่อตับและไต นำมาวิเคราะห์เพื่อหาปริมาณแคดเมียมด้วย Graphite Furnace Atomic Absorption Spectrophotometer ส่วนเนื้อเยื่ออวัยวะนำมาวิเคราะห์ด้วยวิธี Immunohistochemical staining

และเทคนิค High Performance Liquid Chromatography เพื่อการแสดงผลของโปรตีนเมทิลไลโทโอซินและการเกิด DNA methylation ในจีโนมของอันตรายหนูทุกตามลำดับ

ผลการศึกษาพบปริมาณของแคดเมียมที่สะสมในตับและไตในหนูที่อาศัยอยู่ในพื้นที่ปนเปื้อนแคดเมียมสูง สูงกว่าที่พบในหนูที่อาศัยอยู่ในพื้นที่ที่มีการปนเปื้อนของแคดเมียมต่ำ ($p<0.05$) ในตับและไต โดยมีค่าเฉลี่ยที่พบในตับเท่ากับ 119.03 ± 31.05 และ 21.33 ± 4.13 และในไตเท่ากับ 723.03 ± 206.58 และ 116.01 ± 18.07 ไมโครกรัมต่อกิโลกรัม ในหนูที่อาศัยในพื้นที่ปนเปื้อนแคดเมียมสูงและแคดเมียมต่ำ ตามลำดับ และพบการแสดงผลของโปรตีนเมทิลไลโทโอซินในอันตรายของหนูทุกทั้ง 2 กลุ่ม สำหรับการเกิด DNA methylation ในจีโนมของอันตรายหนูทุกนั้น พบว่าทั้ง 2 กลุ่มเกิด DNA methylation โดยเฉลี่ย 3.75% และ 3.72% ในกลุ่มที่อาศัยในพื้นที่ปนเปื้อนแคดเมียมสูงและแคดเมียมต่ำ ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบความสัมพันธ์ระหว่างปริมาณแคดเมียมที่สะสมในร่างกายของหนูทุกกับการเกิด DNA methylation ในจีโนมอันตรายของหนูทุกเป็นไปในเชิงบวก ซึ่งแสดงความสัมพันธ์กันอย่างมีนัยสำคัญ ($p<0.05$) ในกลุ่มหนูขนาดใหญ่จากพื้นที่ปนเปื้อนแคดเมียมสูง ($r=0.78$)

การสะสมของแคดเมียมที่พบในตับและไตเพิ่มขึ้นตามขนาดของหนูทั้งในหนูกลุ่มที่อาศัยในพื้นที่ปนเปื้อนแคดเมียมสูงและแคดเมียมต่ำ แสดงถึงการได้รับแคดเมียมจากการอาศัยในพื้นที่ปนเปื้อนของแคดเมียมของหนูทุก ซึ่งหนูทุกสามารถใช้เป็นดัชนีทางชีวภาพของการปนเปื้อนของแคดเมียมได้อย่างชัดเจน เนื่องจากแคดเมียมสามารถสะสมอยู่ในร่างกายเป็นระยะเวลานาน การเพิ่มขึ้นของปริมาณแคดเมียมตามน้ำหนักตัวของหนูนี้อาจสามารถแสดงถึงการสะสมของแคดเมียมที่เพิ่มขึ้นตามอายุหรือปริมาณการบริโภคอาหารที่ปนเปื้อนที่มากกว่า

Cadmium is a toxic metal that has been categorized as a human carcinogen. Environmental contamination of cadmium causes the food-chain transfer and bioaccumulation. The use of natural population of animals in biomonitoring may provide information useful for an estimate of the risk to human health from anthropogenic source of pollution. Regulation of DNA modification is critical for genomic stability and function. This study aimed to investigate changes in the genomic DNA methylation state in testes of bandicoot rats, living in two geographic locations. One was in cadmium contaminated area, Mae Sot District, Tak Province. The other was in Huai Mek District, Kalasin Province with no apparent contamination by cadmium and thus was considered to be representative of a control, low-exposure area. Rats were divided in to three groups based on their body weight: large (≥ 301 g), medium (181-300 g) and small (50-180 g). Liver, kidney and testes samples were obtained from 45 rats from a contaminated area and from 33 rats from a control area. Cadmium concentrations in liver and kidney tissues were determined with a graphite furnace atomic absorption spectrophotometer. Genomic DNA methylation and metallothionein expression in testis were analyzed by High Performance Liquid Chromatography and Immunohistochemical staining, respectively. Results showed that Cd concentrations accumulated in liver and kidney tissues of rats living in contamination area were significantly higher compared to the control ($p < 0.05$, Mann-Whitney Test). The mean concentrations in liver were 119.03 ± 31.05 and 21.33 ± 4.13 and in kidney were 723.03 ± 206.58 and 116.01 ± 18.07 $\mu\text{g/kg}$ detected in rats living in contamination and control areas, respectively. Expression of metallothionein protein was found in testis of rats from contaminated area and control. However, average genomic DNA methylation of combined medium- and large-size groups was 3.75% for those from contaminated area and it was 3.72% for those from a control area. A positive correlation between body burden of cadmium and percent DNA methylation was also found for the two groups. In addition, greater strength of correlation ($r = 0.78$) was found among rats of large-size groups ($p < 0.05$), thereby suggesting higher DNA methylation state in older rats. It is thus concluded that DNA hypermethylation state in the testis was influenced by both age and cadmium exposure levels.