

บทสรุปสำหรับผู้บริหาร

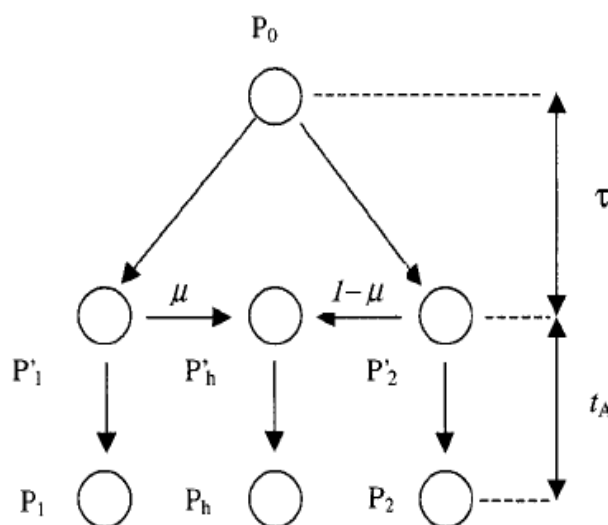
“การวิเคราะห์โครงสร้างพันธุกรรมและการผสมผสานทางพันธุกรรมของประชากรภาคอีสานตอนใต้เพื่อเป็นฐานข้อมูลดีเอ็นเอในงานนิติวิทยาศาสตร์” รหัสโครงการ 563802

การผสมผสานระหว่างชาติพันธุ์เป็นคุณสมบัติสำคัญประการหนึ่งของประชากรมนุษย์ ที่ก่อให้เกิดความหลากหลายทางสังคม วัฒนธรรม รวมทั้งพันธุกรรม การศึกษากระบวนการและปัจจัยที่ก่อให้เกิดการผสมผสานระหว่างชาติพันธุ์ในประเทศไทย ย่อมนำไปสู่ความเข้าใจต่อทิศทางการพัฒนาทางสังคม วัฒนธรรม และการยอมรับในคุณค่าที่เท่าเทียมกันของกลุ่มชาติพันธุ์ต่างๆ แม้ว่าปัจจุบันนักวิชาการส่วนใหญ่จะยอมรับว่ารากฐานของสังคมไทยเกิดขึ้นจากปฏิสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มชนและมีได้มีรากเหง้าจุดกำเนิดเพียงหนึ่งเดียว แต่องค์ความรู้เกี่ยวกับการผสมผสานระหว่างชาติพันธุ์ โดยเฉพาะทางพันธุกรรมกลับไม่มีการรายงานในภาคอีสานของประเทศไทย งานวิจัยโครงการนี้จึงมุ่งเน้นที่จะศึกษาการผสมผสานทางพันธุกรรมของประชากรชาวไทยอีสาน เพื่อเป็นแบบอย่างของการวิเคราะห์การผสมผสานทางพันธุกรรมสำหรับภาคอีสานของประเทศไทยต่อไป

พื้นที่บริเวณภาคอีสานของประเทศไทย มีความหลากหลายของประชากร ทั้งกลุ่มชาติพันธุ์ และภาษา โดยมีกลุ่มชาติพันธุ์จำนวน 18 กลุ่ม ที่พูดภาษาต่างกันถึง 3 กลุ่มย่อย (subfamily) ที่สามารถแบ่งเป็น 22 สำเนียง (dialects) จากจำนวนหลายกลุ่มชาติพันธุ์ ชาวไทยอีสาน ซึ่งพูดภาษาตระกูลย่อยไท-กะได (Tai-Kadai linguistic subfamily) สำเนียงลาว เป็นกลุ่มที่มีขนาดใหญ่ที่สุด ประมาณ 21 ล้านคน ชาวไทยอีสานหมายถึงกลุ่มคนลาวที่อพยพมาจากประเทศลาวแต่มีสัญชาติไทย นอกจากชาวไทยอีสานแล้ว ในภาคอีสานยังมีประชากรอีกหลายกลุ่มชาติพันธุ์ทั้งที่พูดภาษาตระกูลย่อยไท-กะได เช่น ภูไท และประชากรดั้งเดิมที่พูดภาษาตระกูลย่อยมอญ-เขมร (Mon-Khmer linguistic subfamily) เช่นชาวเขมร และชาวนน เป็นต้น จากความหลากหลายของชาติพันธุ์และภาษาในประชากรที่อาศัยอยู่ในภาคอีสาน ซึ่งเกิดจากการอพยพโยกย้ายของประชากรในอดีต โดยเฉพาะชาวไทยอีสานจำนวนมากซึ่งอพยพมาจากประเทศลาว จึงทำให้พื้นที่ภาคอีสานเป็นบริเวณที่มีความน่าสนใจในการศึกษาการผสมผสานระหว่างชาติพันธุ์ทั้งในแง่ภูมิศาสตร์และกลุ่มประชากร

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการผสมผสานพันธุกรรมที่ได้รับการยอมรับและใช้เป็นพื้นฐานในการอธิบายการผสมผสานทางด้านพันธุกรรม คือแบบจำลองของ Bertorelle and Excoffier (1998) ซึ่งมีรายละเอียด ดังนี้ แบบจำลองนี้ประกอบด้วยประชากรบรรพบุรุษ (ancestral population) P_0 ใช้เวลาเท่ากับ

๓ แยกเป็นประชากรพ่อแม่ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมแตกต่างกัน (parental population P'_1 และ P'_2) เมื่อประชากรทั้งสองได้ผสมผสานกัน เกิดเป็นประชากรลูกผสม (admixed population P'_h) ที่ได้รับสัดส่วนยีนจากประชากรพ่อแม่ทั้งสองเท่ากับ μ และ $1-\mu$ ตามลำดับ จากนั้นทั้งสามประชากรต่างก็มีวิวัฒนาการแยกกันใช้เวลาเท่ากับ t_A เกิดเป็นประชากรปัจจุบัน P_1 P_h และ P_2



ภาพที่ 1 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการผสมผสานพันธุกรรม ของ Bertorelle and Excoffier (1998)

วิธีดำเนินการวิจัย

งานวิจัยนี้ได้ใช้แบบจำลองของ Bertorelle and Excoffier (1998) ในการวิเคราะห์การผสมผสานทางพันธุกรรมในประชากรชาวไทยอีสาน จำนวน 3 ประชากร คือ

1. ชาวไทยอีสาน จากอำเภอพุทไธสง จังหวัดบุรีรัมย์ (Isan-Bu) จำนวน 51 คน
2. ชาวไทยอีสาน จากอำเภอโพธิ์ไทร จังหวัดอุบลราชธานี (Isan-Ub) จำนวน 45 คน
3. ชาวไทยอีสาน จากอำเภอเมือง จังหวัดชัยภูมิ (Isan-Ch) จำนวน 38 คน

โดยอาศัยเครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I เนื่องจากมีคุณสมบัติที่เหมาะสมหลายประการ กล่าวคือมีความผันแปรสูง มีการถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิงเท่านั้น จึงสามารถใช้ศึกษาความสัมพันธ์ทางเชื้อสาย และการผสมผสานทางพันธุกรรมระหว่างประชากรได้

ข้อมูลของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของประชากรที่จะนำมาเปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางเชื้อสายและการผสมผสานทางพันธุกรรม จำนวน 10 ประชากร ซึ่งมาจากการวิจัยก่อนหน้านี้ (Fuchareon *et al.* 2001; Black *et al.*, 2006; Lertrit *et al.*, 2008; Peng *et al.*, 2010; Bodner *et al.*, 2011; Boonsoda *et al.*, 2013) ประกอบด้วย เขมร จำนวน 3 ประชากร (Khmer1 Khmer2 และ Khmer 3) ชาวบน (Chaobon) ภูไท (Phutai) ไทยขอนแก่น (Isan-Kk) ไทยโคราช (Isan-Kr) ฉวน (Kinh) จาม (Cham) และ ลาว (Laos)

ผลการศึกษา

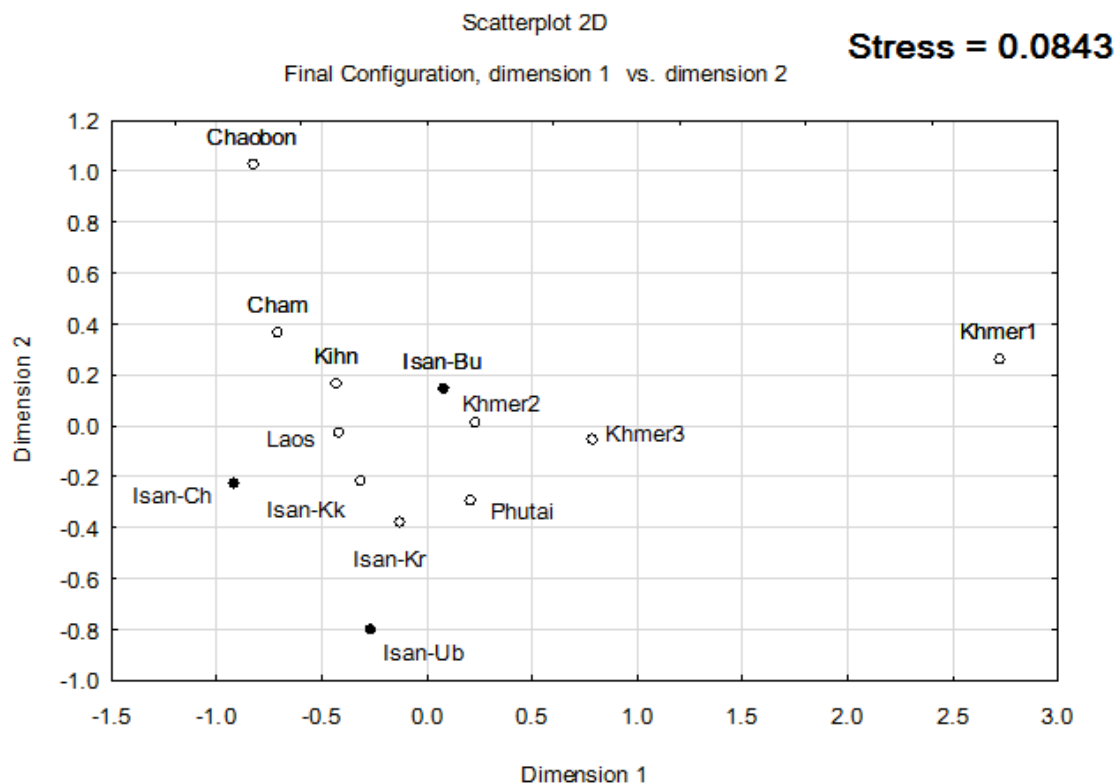
การวิจัยครั้งนี้ได้รับการอนุมัติจากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ผลการศึกษาพบว่าประชากรชาวไทยอีสานที่ศึกษามีระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูง และมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ผลการศึกษาดังกล่าวสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในงานนิติวิทยาศาสตร์ในอนาคต เช่นในการคำนวณค่า matching probability เพื่อหาโอกาสที่ตัวอย่างชีววัตถุ จะตรงกับผู้ต้องสงสัยเป็นเท่าไร โดยใช้ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม ซึ่งการคำนวณค่าดังกล่าวต้องอาศัยฐานข้อมูลของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย จากผลการศึกษาครั้งนี้จะทำให้ฐานข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของประชากรไทยอีสานมีมากขึ้น ซึ่งจะทำให้การคำนวณค่าพารามิเตอร์ทางนิติวิทยาศาสตร์ มีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น ข้อมูลลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของประชากรทั้งหมด จะถูกส่งไปเก็บไว้ในฐานข้อมูล NCBI เพื่อสามารถให้นักวิจัยอื่นนำไปใช้ประโยชน์ต่อไปได้

ผลการหาความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างประชากร (ภาพที่ 2) พบว่า Isan-Br Isan-Kk และ Isan-Kr ถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับประชากร Laos Kinh Cham และ Khmer2 ซึ่งอยู่ตรงตำแหน่งตรงกลางของแผนภูมิ การที่ประชากรมีตำแหน่งที่ใกล้เคียงกันในแผนภูมิ แสดงถึงการมีความใกล้ชิดกันทางพันธุกรรม ในขณะที่ประชากร Isan-Ub Isan-Ch Cham และ Khmer3 มีตำแหน่งอยู่ห่างจากตำแหน่งตรงกลางของแผนภูมิ แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากร ทั้ง 4 ประชากร นอกจากนั้นประชากรที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรอื่นมากที่สุดคือ ประชากร Chaobon และ Khmer1 แม้ว่าประชากรทั้งสองจะอาศัยอยู่ในบริเวณเดียวกับประชากรไทยอีสานอื่นๆ แสดงถึงการมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่จำเพาะของประชากร Chaobon และ Khmer1

ผลการวิเคราะห์การผสมผสานทางพันธุกรรม พบความผันแปรของสัดส่วนการผสมผสานทางพันธุกรรม (genetic heterogeneity) โดยพบว่าชาวไทยอีสานส่วนใหญ่ ยกเว้น Isan-Bu จากจังหวัดบุรีรัมย์ ได้รับสัดส่วนทางพันธุกรรมส่วนใหญ่มาจากประชากรพ่อแม่ชาวลาว (Laos) ร้อยละ 47 ถึง 94 รองลงมาได้รับจากประชากรพ่อแม่ชาวเขมร (Khmer) (ร้อยละ 0 to 31) และน้อยที่สุดจากประชากรพ่อแม่ชาวน (Chaobon) (ร้อยละ 3 to 13) ดังภาพที่ 3

การผสมผสานทางพันธุกรรมของชาวไทยอีสานมีปัจจัยขึ้นอยู่กับลักษณะที่ตั้งของหมู่บ้าน กล่าวคือ ในบริเวณที่มีประชากรดั้งเดิมชาวเขมรออาศัยอยู่มาก เช่นในจังหวัดบุรีรัมย์ จังหวัดอุบลราชธานี และจังหวัดนครราชสีมา จะมีการผสมผสานทางพันธุกรรมของชาวเขมรมาก ในขณะที่ถ้าเป็นบริเวณที่มีประชากรดั้งเดิมชาวเขมรออาศัยอยู่น้อย เช่นในจังหวัดชัยภูมิ และจังหวัดขอนแก่น จะมีการผสมผสานทางพันธุกรรมจากชาวเขมรน้อย นอกจากนั้นการวิเคราะห์การผสมผสานทางพันธุกรรมยังพบว่าประชากรชาวไทยอีสานได้รับสัดส่วนทางพันธุกรรมจากประชากรพ่อแม่ชาวลาว จากประเทศลาวมากที่สุด ซึ่งเป็นการยืนยันการมีบรรพบุรุษร่วมกันระหว่างชาวไทยอีสานและชาวลาวในอดีต แต่ประชากรทั้งสองกลุ่มได้เริ่มแยกออกจากกันหลังจากที่ชาวลาวจำนวนมาก ได้ถูกกวาดต้อนให้มาอาศัยอยู่ในบริเวณของประเทศไทยในปัจจุบัน ได้เริ่มมี

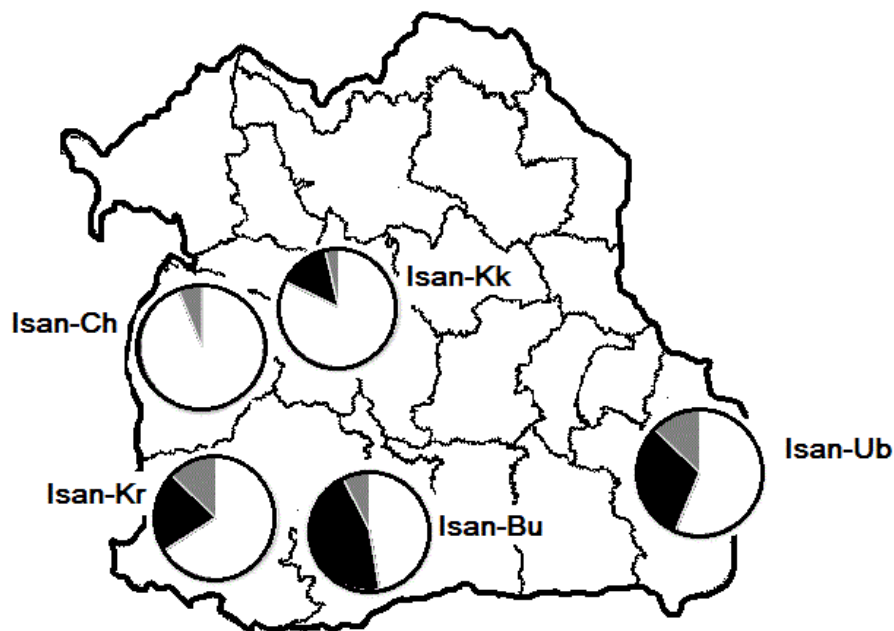
การผสมผสานกับประชากรดั้งเดิมชาวเขมรที่ครอบครองดินแดนแห่งนี้มาก่อน และจากนโยบายเสริมสร้างความ
 ความเป็นรัฐของผู้เฒ่าสยามในช่วงศตวรรษที่ 20 (Thaification) ซึ่งนโยบาย Thaification ที่มีวัตถุประสงค์
 เพื่อเสริมสร้างความป็นชาติไทย โดยพยายามที่จะละลายความเป็นชาติพันธุ์ ทั้งประชากรดั้งเดิมและผู้
 อพยพชาวลาว (Winichakul, 2000) หลังจากนั้นเป็นต้นมา ประชากรทั้งหมดในภาคอีสานจึงเรียกดว่าชาว
 ไทยอีสาน จึงทำให้การผสมผสานทางพันธุกรรมมีมากขึ้น



ภาพที่ 2 แผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแบบ multidimensional scaling (MDS) ที่สร้าง
 จากระยะห่างทางพันธุกรรมแบบ pairwise difference (F_{st}) (● ประชากรไทยอีสานที่ศึกษา ○ ประชากร
 ที่ใช้เปรียบเทียบ)

ข้อเสนอแนะในการวิจัย

การศึกษาครั้งนี้เป็นการศึกษาเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ถ่ายทอดผ่านทางเพศหญิงอย่างเดียว
 เท่านั้น ในอนาคตจึงมีความจำเป็นต้องมีการศึกษาเครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดอื่น เช่น โครโมโซมวาย
 และดีเอ็นเอบนออโตโซม และเพิ่มจำนวนประชากรชาวไทยอีสาน จากพื้นที่อื่นของภาคอีสาน เช่น บริเวณ
 ภาคอีสานตอนเหนือ หรือ แอ่งที่ราบสกลนคร เพื่อจะได้ข้อมูลโครงสร้างทางพันธุกรรม และการผสมผสาน
 ทางพันธุกรรมได้สมบูรณ์ขึ้น



ภาพที่ 3 แผนภูมิวงกลมแสดงสัดส่วนทางพันธุกรรมในประชากรชาวไทยอีสาน ที่ได้รับมาจากประชากรพ่อแม่ ชาวลาว (Laos) (สีขาว) เขมร (Khmer) (สีดํา) และ ชาวบน (Chaobon) (สีเทา)

ผลลัพธ์ของงานวิจัย

1. วารสารระดับชาติ

พิชชาภา บุญโสดา สุภรัตน์ ศรีทะวงษ์ สุปรานี ศรีภูคา และ วิภู กุดะนันท์*. 2013. ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวเขมรจังหวัดสุรินทร์ ประเทศไทย. Thai Journal of Genetics. 6(1): 40-48. (* Corresponding author)

2.วารสารในระดับนานาชาติ

Wibhu Kutanan, Suparat Sritawong, Artittaya Kamlao, Jatupol Kampuansai. 2014. Mitochondrial DNA-HVR1 Variation Reveals Genetic heterogeneity in Thai-Isan Peoples from the Lower region of Northeastern Thailand. Advance Anthropology. (inpress)