

บทนำ

ภาคตะวันออกเฉียงเหนือหรือภาคอีสานของประเทศไทยสามารถแบ่งเป็น 2 ส่วน ตามลักษณะทางภูมิศาสตร์ โดยมีเทือกเขาภูพานเป็นแนวกั้น คือ บริเวณอีสานตอนเหนือ หรือ แอ่งที่ราบสกลนคร (Sakon Nakorn Basin) และบริเวณอีสานตอนใต้ หรือแอ่งที่ราบโคราช (Khorat Basin) เนื่องจากดินแดนภาคอีสานมีอาณาเขตติดกับประเทศลาว กัมพูชาและตั้งอยู่ไม่ห่างจากประเทศเวียดนาม และทางตอนใต้ของประเทศจีน ในอดีตจึงมีการอพยพของหลายกลุ่มชาติพันธุ์เข้าสู่ภาคอีสานแห่งนี้ จึงส่งผลให้ภาคอีสานของประเทศไทยในปัจจุบันมีความหลากหลายของกลุ่มชาติพันธุ์ ภาษา และวัฒนธรรม ทำให้พื้นที่แห่งนี้ได้รับความสนใจจากนักวิชาการหลายสาขา เช่น นักภาษาศาสตร์ (Smalley, 1994) นักประวัติศาสตร์ และนักโบราณคดี (Wyatt, 1984) จากจำนวนกลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่ในบริเวณภาคอีสานประมาณ 20 กลุ่ม สามารถแบ่งเป็น 2 กลุ่มหลักตามภาษาพูด คือ ประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติก (Austroasiatic linguistic family) เช่น มอญ (Mon) เขมร (Khmer) ส่วย (Suay) โส้ (So) และชาวนน (Chaobon) เป็นต้น และประชากรที่พูดภาษาตระกูลไท-กะได (Tai-Kadai linguistic family) เช่น แสก (Seak) ญ้อ (Nyaw) ผู้ไท (Phutai) และกะเลิง (Kaluang) และลาวอีสาน (Lao-Isan) เป็นต้น

ในการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างประชากรสามารถอาศัยหลักฐานจากภาษา วัฒนธรรม และหลักฐานทางโบราณคดี ซึ่งประชากรที่มีภาษาและวัฒนธรรมคล้ายกัน จะแสดงถึงการมีบรรพบุรุษทางชาติพันธุ์ (ethnic ancestor) ร่วมกัน อย่างไรก็ตามทั้งภาษาและวัฒนธรรมอาจเปลี่ยนแปลงไปตามบริบทและการอพยพเคลื่อนย้ายของประชากร เช่น การรับเอาภาษาและวัฒนธรรมจากประชากรอื่น หรือมีการผสมผสานของภาษาและวัฒนธรรม จึงอาจส่งผลให้การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างประชากรผิดพลาดไปได้ โดยประชากรที่มีบรรพบุรุษทางชาติพันธุ์เดียวกันอาจไม่ได้มีความเกี่ยวข้องกันทางเชื้อสาย หรือเรียกว่ามีบรรพบุรุษทางเชื้อสาย (biological ancestor) ต่างกัน ดังนั้นการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างประชากรให้มีความถูกต้องมากยิ่งขึ้นจึงต้องอาศัยดีเอ็นเอซึ่งเป็นสารพันธุกรรมที่ถ่ายทอดข้อมูลที่แท้จริงจากบรรพบุรุษสู่ลูกหลาน

ในศตวรรษใหม่นี้ความรู้ด้านอนุพันธุศาสตร์นับเป็นองค์ความรู้ที่มีบทบาทสำคัญยิ่ง เพราะสามารถนำไปประยุกต์ใช้ศึกษาวิวัฒนาการ และความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างประชากรจึงทำให้ได้ข้อมูลโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรมีเพิ่มมากขึ้น ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (mitochondrial DNA) เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ได้รับการพิสูจน์แล้วว่ามีประสิทธิภาพในการศึกษาโครงสร้างและความสัมพันธ์ระหว่างประชากร (Cavalli-Sforza and Feldman, 2003; Malyarchuk *et al.*, 2008) เนื่องจากมีคุณสมบัติที่เหมาะสมหลายประการ เช่น ถ่ายทอดผ่านทางมารดาสู่ลูก (maternal inheritance) มีจำนวนมาก (high copy number) เมื่อเทียบกับดีเอ็นเอในนิวเคลียส ไม่มีรีคอมบิเนชัน (recombination) และ มีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงกว่าดีเอ็นเอในนิวเคลียส (high mutation rate) เป็นต้น (Pakendorf and Stoneking, 2005)

ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียมีโครงสร้างเป็นวงแหวนเกลียวคู่ ประกอบด้วยสายพอลีนิวคลีโอไทด์ 2 สาย โดยเรียกสายที่มีลำดับเบสพิวรีนมากกว่าว่า heavy strand (H-strand) ส่วนสายที่มีลำดับเบสเป็นไพริมิดีนมากกว่าเรียกว่า light strand (L-strand) ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียมียืนอยู่ทั้งหมด 37 ยืน อยู่บนสาย H-strand จำนวน 28 ยืน และอยู่บน L-strand จำนวน 9 ยืน นอกจากนี้ยังมีบริเวณ control region หรือ D-loop (displacement loop) ซึ่งเป็นบริเวณที่มีความผันแปรของลำดับเบสสูง (hypervariable region, HVR) เนื่องจากเป็นบริเวณที่ไม่ใช่ยืน ดังนั้นเมื่อเกิดการกลายพันธุ์จึงไม่ส่งผลต่อการดำรงชีวิต และสามารถสะสมการกลายพันธุ์ได้ บริเวณ HVR นี้แบ่งเป็น 2 ส่วนคือ HVR-I และ HVR-II ตรงตำแหน่งของลำดับเบสที่ 16024-16383 และ 57-372 ตามลำดับ (Greenberg *et al.*, 1983) ซึ่งในการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรจะใช้บริเวณ HVR-I เป็นหลักเนื่องจากมีความผันแปรสูง จึงสามารถใช้แยกแยะความแตกต่างและความใกล้ชิดของประชากรได้

การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรในภาคอีสาน เริ่มต้นในปี ค.ศ. 2001 โดย Fucharoen และคณะ ทำการศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ HVR-I จาก 6 กลุ่มชาติพันธุ์ในประเทศไทย ได้แก่ ลีซอ มูเซอร์ ผู้ไท ลาวซ่ง จ้วง ชาไก และนำลำดับเบสของทั้ง 6 ชาติพันธุ์มาทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบกับชาวไทยจากภาคเหนือและภาคอีสานพบว่าประชากรที่ศึกษาเช่น ชาวไทยจากภาคเหนือและภาคอีสานมีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกันสูง แสดงถึงการมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ต่อมา Letrit *et al.* (2008) ศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I จากตัวอย่างโครงกระดูกโบราณ อายุประมาณ 3,000 ปี ที่ถูกขุดค้นพบในแหล่งโบราณคดีที่จังหวัดนครราชสีมา และเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของประชากรปัจจุบัน คือชาวเขมร และชาวนน ผลการศึกษาพบว่าโครงกระดูกทั้งสองน่าจะเป็นประชากรดั้งเดิมที่พูดภาษากลุ่มย่อยมอญ-เขมร ที่อาศัยอยู่ในบริเวณพื้นที่ดังกล่าวมากกว่า 3,000 ปีแล้ว ในปี ค.ศ. 2013 พิชชาภา บุญโสดา และคณะ ศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวเขมรในจังหวัดสุรินทร์ เปรียบเทียบกับประชากรอื่นในประเทศไทย ผลระยะห่างทางพันธุกรรมระบุว่าชาวเขมรมีความสัมพันธ์ทางเชื้อสายใกล้ชิดกับชาวกินกลุ่มย่อยปรัยมากที่สุด นอกจากนี้ยังพบว่าชาวเขมร ชาวกินปรัย ชาวมุ และชาวพล่ง มีภาษาพูดที่ถูกจัดอยู่ในกลุ่มตระกูลภาษามอญ-เขมร แสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างภาษาพูดและพันธุกรรม จนถึงปัจจุบัน การศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีจำกัด โดยมีรายงานเพียง 5 ประชากรเท่านั้น คือ ผู้ไท ชาวนน ไทยขอนแก่น ไทยโคราช และชาวเขมร (Fucharoen *et al.*, 2001; Letrit *et al.*, 2008; Boonsoda *et al.*, 2013) ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงต้องการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของกลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย จำนวน 10 กลุ่ม คือ มอญ เขมร ส่วย ไส้ ชาวนน แสก ญ้อ ผู้ไท กะเลิง และลาวอีสาน โดยอาศัยความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I โดยประชากรที่ศึกษาสามารถแบ่ง 2 กลุ่มตามภาษาพูดคือ ประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติก (มอญ เขมร ส่วย ไส้ ชาวนน) และประชากรที่พูดภาษาไทย-กะได (แสก ญ้อ ผู้ไท กะเลิง และลาวอีสาน) และตามลักษณะภูมิศาสตร์คือ ประชากรที่อาศัยอยู่ในแอ่งที่ราบสกลนคร (ไส้ แสก ญ้อ ผู้ไท และกะเลิง) และประชากรที่อาศัยอยู่ในแอ่งโคราช (มอญ เขมร ส่วย ชาวนน และลาวอีสาน)