

บทที่ 5

อภิปรายผลการวิจัย

เข้าและลาฮูเป็นชาวไทยภูเขาที่อาศัยอยู่ทางภาคเหนือของประเทศไทย มีถิ่นกำเนิดไกลจากกัน และเมื่ออพยพลงใต้ก็ใช้เส้นทางการอพยพเข้าสู่ประเทศไทยต่างกัน ภาษาประจำเผ่าจัดอยู่ในตระกูลภาษาที่ต่างกัน มีวัฒนธรรมประเพณีและความเชื่อแตกต่างกันออกไป ทั้งยังยึดมั่นกับขนบธรรมเนียมของเผ่าอย่างแน่นแฟ้น โดยเฉพาะเรื่องการแต่งงานเฉพาะกับชนเผ่าเดียวกัน ในงานวิจัยนี้นอกจากการวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวไทยภูเขาทั้งสองเผ่านี้แล้ว ยังให้ความสำคัญเกี่ยวกับวัฒนธรรมการแต่งงานที่แตกต่างกันอีกด้วย เนื่องจากเผ่าเข้ามีประเพณีว่า เมื่อแต่งงานแล้วภรรยาต้องย้ายเข้ามาอยู่บ้านของสามี (patrilocal) ต่างจากเผ่าลาฮู ซึ่งเมื่อแต่งงานแล้วสามีย้ายเข้าไปอยู่ในบ้านของภรรยา (matrilocal) ซึ่งทำให้พอจะสันนิษฐานได้ว่าประชากรทั้งสองน่าจะมีความแตกต่างทางพันธุกรรมต่างกัน ผลที่ได้จากการศึกษานำมาวิเคราะห์ดังนี้

จากตาราง 1 ตำแหน่ง DYS19 ในประชากรทั้งสองพบรวม 4 อัลลีล มีรูปแบบและความถี่อัลลีลเหมือนกัน ตั้งแต่ 190 ถึง 202 คู่เบส อัลลีลที่มีความถี่สูงสุดมีขนาด 194 และ 202 คู่เบส และความถี่ 0.3333 เท่ากัน เมื่อนำมาเทียบกับงานวิจัยของ Lin *et al.* (1995) ซึ่งศึกษาอัลลีลของไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DYS19 และพบว่าชาวจีนกลุ่ม Tainan และ Nantou มีอัลลีลที่พบบ่อยขนาด 202 คู่เบส ส่วนกลุ่ม Haulien มีอัลลีล 198 คู่เบสมากที่สุด กับได้อ้างอิง Gomolka และคณะที่รายงานไว้เมื่อปี 1994 ว่า ประชากรในแถบเอเชียกลางจนถึงประเทศไทยมีอัลลีลที่พบบ่อยที่สุด คือ 194 คู่เบส จึงพอจะบอกความสัมพันธ์ได้ว่า ทั้งชาวเข้าและลาฮูมีถิ่นฐานดั้งเดิมอยู่ในประเทศจีน และคงจะมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับชาวจีน Tainan และ Nantou มากกว่า Haulien ซึ่งเป็นกลุ่มที่น่าจะใกล้ชิดกับชาวม้งในจังหวัดเชียงใหม่ เนื่องจากมีอัลลีลขนาด 198 มากที่สุดเช่นกัน (เมธวี, 2543)

ที่ตำแหน่ง DYS389 เมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย primer DYS389.1 และ DYS389.2 แล้วจะได้ผลผลิต 2 ขนาด คือ ขนาดประมาณ 245-261 คู่เบส กับขนาดประมาณ 361-381 คู่เบส ซึ่งเกิดจากการที่ primer DYS389.1 สามารถเข้าจับกับดีเอ็นเอแม่แบบได้เพียง 1 ตำแหน่ง ในขณะที่ primer DYS389.2 จับกับดีเอ็นเอแม่แบบได้ 2 ตำแหน่ง ในขั้นตอน primer annealing ระหว่างการทำ PCR (Cooper *et al.*, 1996 ; Perez-Lezaun *et al.*, 1997 ; Perez-Lezaun *et al.*, 1999) อันเป็นผลทำให้ชิ้นส่วนดีเอ็นเอทั้งสองขนาดเกิดการกลายพันธุ์อย่างไม่เป็นอิสระต่อกัน นั่นคือ จำนวนซ้ำของจีน

ส่วนดีเอ็นเอขนาดเล็ก (245-261 คู่เบส) ที่แทรกอยู่ด้านใน จะเป็นผลให้ขนาดของชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาดใหญ่ (361-381 คู่เบส) แปรผันได้ นอกจากนั้นปฏิกิริยาของชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาดใหญ่มักจะไม่สมบูรณ์ ทำให้การเพิ่มปริมาณของชิ้นส่วนดีเอ็นเอมีผลสำเร็จเพียงร้อยละ 54.1 เท่านั้น ดีเอ็นเอเป้าหมายขนาดใหญ่สามารถตรวจพบเมื่อใช้ agarose gel electrophoresis แต่เมื่อนำมาตรวจสอบด้วย polyacrylamide gel electrophoresis จะเห็นดีเอ็นเอเป็นปื้น (smear) ปรากฏอยู่ในช่วง 339 ถึง 448 คู่เบส (Kayser *et al.*, 1997) ดังนั้นการพิจารณาอัลลีลที่ตำแหน่งนี้จึงพิจารณาเฉพาะชิ้นส่วนขนาดเล็ก ซึ่งนอกจากจะเพิ่มปริมาณได้สำเร็จทุกครั้งแล้ว ยังเป็นการแปรผันที่ไม่มีผลกระทบจากดีเอ็นเอบริเวณอื่นด้วย แต่ในการทดลองครั้งนี้ เมื่อทำการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมายโดยใช้อุณหภูมิ annealing เป็น 54.0°C พบว่าอัลลีลที่ได้ชัดเจนทั้งขนาดเล็กและขนาดใหญ่ แต่การอ่านผลนับเฉพาะอัลลีลขนาดเล็กเท่านั้น เพราะเมื่อเปรียบเทียบต่างบุคคลแล้ว แม้ว่าอัลลีลขนาดเล็กจะมีขนาดเท่ากัน แต่อัลลีลขนาดใหญ่อาจมีขนาดไม่เท่ากันก็ได้ ทำให้ผลที่ได้ไม่แน่นอนด้านับทั้งสองขนาด

ความหลากหลายของอัลลีลที่ตำแหน่ง DYS389 นี้ มีให้เห็นค่อนข้างชัดเจนในชาวเขาทั้งสองเผ่า อัลลีลทั้งหมดที่พบมี 4 อัลลีล ในชาวเขามีสเพียง 3 อัลลีล ขนาด 249, 253 และ 257 คู่เบส และอัลลีลขนาด 249 คู่เบสมีความถี่สูงสุด (ความถี่ 0.5333) ซึ่งเป็นเช่นเดียวกับชาวม้งที่มีความถี่ของอัลลีล 249 คู่เบสสูงถึง 0.8276 (เมธวี, 2543) ส่วนชาวลาฮูมีทั้ง 4 อัลลีล และอัลลีลขนาด 257 คู่เบสเป็นอัลลีลที่มีความถี่สูงสุด (ความถี่ 0.4667) ดังนั้นถ้าพิจารณาว่าอัลลีลที่มีความถี่สูงสุดเป็นอัลลีลบรรพบุรุษ จากไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่งนี้น่าจะพอระบุได้ว่า ชาวเข้และชาวลาฮูมีบรรพบุรุษต่างกัน และชาวเข้มีความใกล้เคียงกับชาวม้งมากกว่า ซึ่งเป็นเช่นเดียวกันกับข้อมูลทางภาษาศาสตร์ที่จัดภาษาพูดของม้งและเข้ไว้ในตระกูลภาษาเดียวกัน คือ แม้ว-เข้ หรือ ม้ง-เมี่ยน

ที่ตำแหน่ง DYS393 มีความแตกต่างของการกระจายและความถี่อัลลีลในประชากรทั้งสองเผ่าให้เห็นเช่นกัน แต่น้อยกว่าที่ตำแหน่ง DYS389 จากทั้งหมดที่พบ 4 อัลลีล ซึ่งมีขนาดตั้งแต่ 120 ถึง 132 คู่เบส ในชาวลาฮูไม่มีอัลลีล 132 คู่เบส ส่วนอีก 3 อัลลีล คือขนาด 120, 124 และ 128 คู่เบส มีการกระจายแต่ละอัลลีลด้วยความถี่ใกล้เคียงกัน ส่วนชาวเข้มีทั้ง 4 อัลลีล และอัลลีลขนาด 120 คู่เบส มีความถี่สูงสุด (ความถี่ 0.40) เมื่อคำนวณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ตำแหน่งนี้ จะได้ค่าสูงกว่าตำแหน่งอื่นๆ ดังนี้ เข้มีค่า 0.9034 ลาฮูมีค่า 0.8644 (งานวิจัยนี้) ส่วนกะเหรี่ยงมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ตำแหน่ง DYS389 นี้เป็น 0.3636 และม้งมีค่า 0.9034 (เมธวี, 2543) ซึ่งถึงแม้จะมีอัลลีลที่หลากหลาย แต่การกระจายและความถี่อัลลีลในแต่ละเผ่าใกล้เคียงกันจึงไม่สามารถนำมาใช้ออกความแตกต่างระหว่างประชากรต่างเผ่าได้มากนัก

สำหรับตำแหน่ง DYS385 นั้นเป็น duplicated locus เพราะดีเอ็นเอเป้าหมายมีบริเวณที่ไพรเมอร์สามารถจับได้มากกว่าหนึ่งตำแหน่ง เมื่อเพิ่มขยายชิ้นส่วนดีเอ็นเอด้วยไพรเมอร์ 1 คู่ จึงได้

ผลผลิต 2 ขึ้นที่อาจมีขนาดเท่ากันหรือแตกต่างกันก็ได้ ขึ้นอยู่กับจำนวนซ้ำของไมโครแซทเทลไลต์ของแต่ละบริเวณ โดยไม่สามารถระบุได้ว่าขึ้นส่วนใดมาจากตำแหน่งที่ 1 หรือ 2 ทั้งนี้เพราะทั้งสองตำแหน่งเกิดการกลายพันธุ์ได้อย่างเป็นอิสระต่อกัน (Schneider *et al.*, 1998) ในกระบวนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่ตำแหน่งนี้ ได้มีการเปลี่ยนแปลงอุณหภูมิช่วง annealing เป็น 57.0°C เพราะได้ทดลองดูแล้วว่าเป็นอุณหภูมิที่เหมาะสมที่สุดในการศึกษาตำแหน่งนี้ เนื่องจากอัลลีลที่มีเห็นได้ชัดเจนในวุ้น และอัลลีลที่เกิดจากการจับของไพรเมอร์อย่างไม่เฉพาะเจาะจง (non specific band) เกิดขึ้นน้อย ในการทดลองนี้จึงใช้อุณหภูมิ annealing ดังกล่าว

การเรียกชื่ออัลลีลของ 3 ตำแหน่งแรก ใช้คู่เบสเป็นตัวกำหนด เพราะได้มีการหาลำดับเบสที่แน่นอนของอัลลีลที่ใช้เป็นมาตรฐานไว้แล้ว แต่สำหรับอัลลีลของตำแหน่ง DYS385 ยังไม่ได้ทำการหาลำดับเบส (sequencing) ที่แน่นอน เพราะเป็นอัลลีลที่มีขนาดใหญ่ ต้องใช้วิธีที่ซับซ้อน ในงานวิจัยนี้จึงใช้หมายเลขในการเรียกอัลลีล โดยกำหนดให้อัลลีลที่มีขนาดเล็กที่สุดที่ตรวจพบ เป็น “อัลลีล1” (Kayser *et al.*, 1997) ซึ่งในการทดลองนี้พบว่ามีความประมาณ 372 คู่เบส และอัลลีลขนาดใหญ่ที่สุดมีประมาณ 424 คู่เบส เรียก “อัลลีล14” ส่วนการนับความถี่อัลลีลที่ตำแหน่งนี้ในแต่ละบุคคล ไม่สามารถนับเป็นความถี่ของแต่ละอัลลีลได้ เพราะทั้งสองอัลลีลลิงก์กันอย่างใกล้ชิดมาก (closely link) ต้องนับทั้งสองอัลลีลหรือใช้เป็นแฮปโลไทป์

ผลการศึกษาที่ตำแหน่งนี้พบอัลลีลทั้งสิ้น 14 อัลลีล ชาวเข้ามีทั้ง 14 อัลลีล และอัลลีล2 มีความถี่สูงสุด (ความถี่ 0.1667) ส่วนชาวลาฮูมีเพียง 11 อัลลีล ไม่มีอัลลีล5, 10 และ 11 ส่วนอัลลีลที่พบที่มีความถี่สูงสุด คือ อัลลีล2 และอัลลีล7 (ความถี่ 0.1667 เท่ากัน)

จากงานวิจัยครั้งนี้กับงานวิจัยของจตุพล (2544) ที่ศึกษาคำแหน่งเดียวกันในชาวไทยภูเขาเผ่าอีก้อ ถีซอและม้ง และพบอัลลีล1 ถึง อัลลีล14 ซึ่งประมาณว่ามีขนาดตั้งแต่ 372 ถึง 424 คู่เบสเช่นกัน แสดงว่าชาวไทยภูเขากลุ่มที่เขาได้ทำการศึกษาชาวไทยภูเขาเผ่าเข้าและลาฮูที่ศึกษาในงานวิจัยนี้ มีความหลากหลายของอัลลีลคล้ายกัน นอกจากนั้นในชาวม้งยังมีอัลลีล7 เป็นอัลลีลที่มีความถี่สูงสุด (0.40) เช่นเดียวกับชาวลาฮู แต่ด้วยความถี่ที่สูงกว่า ดังนั้นหากพิจารณาจากตำแหน่งนี้เพียงตำแหน่งเดียว น่าจะเข้าใจว่าชาวม้งกับชาวลาฮูมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมมากกว่าชาวไทยภูเขาเผ่าอื่นๆ ซึ่งค้านกับข้อมูลของไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง DYS389 ที่ได้อภิปรายไปแล้ว

Schneider *et al.* (1998) ศึกษาไมโครแซทเทลไลต์ในโครโมโซม Y ตำแหน่ง DYS385 ในประชากรชาวเยอรมัน ญี่ปุ่น จีน และไทย พบอัลลีลตั้งแต่ 364 ถึง 420 คู่เบส โดยชาวจีนซึ่งมาจาก Chengdu และชาวไทยจากกรุงเทพฯ มีอัลลีล 372 คู่เบส (อัลลีล 2) มากที่สุด คือ ร้อยละ 36 และร้อยละ 31 ตามลำดับ ในขณะที่ชาวเยอรมันจาก Mainz มีอัลลีล 380 คู่เบส (อัลลีล4) สูงถึงร้อยละ 67.2 และชาวญี่ปุ่นจาก Miyazaki มีอัลลีล 364 คู่เบส (ไม่พบในงานวิจัยนี้) ร้อยละ 37

น่าสนใจว่า ทั้งชาวเข้าและชาวลาฮูมีความถี่ของอัลลีล 2 สูงที่สุด เช่นเดียวกับประชากรไทยและจีนที่ Schneider และคณะศึกษา จึงอาจเป็นไปได้ว่าประชากรที่กล่าวถึงมีบรรพบุรุษมาจากกลุ่มชนที่ใกล้เคียงกัน ดังที่พอล (2526) อ้างว่าชาวเขาเผ่าอีก้อ ลีซอ ม้ง เข้า และลาฮู ในประเทศไทย มีการอพยพมาจากถิ่นกำเนิดที่ใกล้เคียงกัน คือมาจากภาคตะวันออกเฉียงใต้และภาคกลางตอนใต้ของประเทศจีน อย่างไรก็ตามการหาอัลลีลในงานวิจัยนี้ ทำโดยอ่านค่าจากกราฟ (ภาคผนวก ข) ซึ่งทำให้ขนาดของคูปเบตที่ระบุไว้เป็นเพียงค่าประมาณ ดังนั้นเพื่อให้การระบุอัลลีลถูกต้องยิ่งขึ้น ควรทำการหาลำดับเบส (sequencing) ด้วย

เมื่อพิจารณาค่าความหลากหลายของไมโครแซทเทลไลท์อัลลีลในแต่ละตำแหน่งด้วย contingency χ^2 test พบว่าทั้ง 4 ตำแหน่งไม่มีความแตกต่างของความถี่อัลลีลบ้าง เช่น ที่ตำแหน่ง DYS19 ซึ่งมีค่า $\chi^2 = 0$ ($P > 0.05$) แสดงว่ารูปแบบและความถี่ของอัลลีลที่ได้เหมือนกัน หรือมีความแตกต่างของความถี่อัลลีลอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ ดังเช่น DYS385, DYS389 และ DYS393 และเมื่อพิจารณาค่าเฉลี่ยความหลากหลายทางพันธุกรรมของทั้ง 4 ตำแหน่ง ซึ่งในชาวเข้ามีค่าเท่ากับ 0.7128 ± 0.1189 และในชาวลาฮูมีค่า 0.7054 ± 0.0935 แล้ว ก็พบว่ามีความแตกต่างอย่างไม่มีนัยสำคัญเช่นกัน

จากข้อสันนิษฐานที่ตั้งไว้เมื่อเริ่มงานวิจัยว่า การที่เผ่าเข้าและเผ่าลาฮู (มุเซอ) มีระบบครอบครัวและการโยกย้ายถิ่นฐานหลังแต่งงานที่แตกต่างกัน คือ ชาวเข้าเมื่อแต่งงานแล้วต้องนำภรรยาเข้ามาอยู่ในบ้านของสามี (patrilocal) ส่วนชาวลาฮูเมื่อแต่งงานแล้วสามีจะย้ายเข้าไปอยู่ในบ้านของภรรยา (matrilocal) ซึ่งเป็นการเอื้อต่อการนำโครโมโซม Y จากประชากรอื่นเข้าสู่ประชากรเดิมในกรณีที่ฝ่ายชายโยกย้ายมาจากหมู่บ้านอื่น อาจมีส่วนทำให้โครงสร้างและความหลากหลายทางพันธุกรรมของทั้งสองประชากรแตกต่างกัน ภายหลังจากที่มีการถือธรรมเนียมปฏิบัติดังกล่าวเป็นระยะเวลายาวนานหลายชั่วอายุคน ดังตัวอย่างงานวิจัยของเมธวี (2543) ซึ่งใช้ไมโครแซทเทลไลท์บนโครโมโซม Y ตำแหน่ง DYS19, DYS389 และ DYS393 เช่นเดียวกับในงานวิจัยนี้ ศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาวไทยภูเขาเผ่ากะเหรี่ยงและม้ง ที่มีวัฒนธรรมการแต่งงานต่างกัน เป็นแบบ matrilocal และ patrilocal ตามลำดับ ผลการศึกษาพบว่า ชาวไทยภูเขาทั้งสองเผ่ามีแบบแผนโครงสร้างทางพันธุกรรมต่างกัน โดยชาวกะเหรี่ยงมีความหลากหลายทางพันธุกรรมมากกว่าชาวม้งอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($\bar{D}$ ในกะเหรี่ยง = 0.5769 ± 0.059 , $\bar{D}$ ในม้ง = 0.5323 ± 0.236)

แต่ข้อมูลที่ได้จากการวิจัยครั้งนี้ กลับปรากฏว่า โครงสร้างทางพันธุกรรมและความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวไทยภูเขาเผ่าเข้าและลาฮูแตกต่างกันน้อยมากและไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ สาเหตุที่เป็นเช่นนี้น่าจะเป็นเพราะว่า ในขณะที่วัฒนธรรมการแต่งงานแบบ matrilocal ของชาวลาฮู ทำให้ความหลากหลายของอัลลีลในโครโมโซม Y มากขึ้นในกลุ่มที่ศึกษา เมื่อเทียบกับวัฒนธรรม

การแต่งงานแบบ patrilocal ของชาวเข้าที่น่าจะไม่มี การรับอัลลีลจากประชากรต่างกลุ่มเข้ามา แต่ที่ว่าชาวเข้านั้นมีค่านิยมในการซื้อเด็กเผ่าอื่นมาเลี้ยงเป็นบุตรบุญธรรม เพื่อเพิ่มแรงงานในครอบครัว เช่น เด็กจากเผ่าลาฮู อาข่า ฉาน ขมุและไทย (พอล, 2526) การรับเด็กเผ่าอื่นมาเลี้ยงเพื่อเพิ่มแรงงานในครอบครัวซึ่งน่าจะเป็นเด็กชายมากกว่าเด็กหญิง จึงเป็นการเอื้อให้ได้รับอัลลีลบนโครโมโซม Y จากนอกเผ่าเข้ามา ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวเข้าจึงมีสูงขึ้นกว่าที่ควรจะเป็น จนไม่เกิดความแตกต่างกับชาวลาฮู

เมื่อนำอัลลีลทั้งหมดมาจัดรวมกันในรูปแบบของแฮปโลไทป์ จะได้แฮปโลไทป์ 28 แบบ ในทั้งสองประชากรพบจำนวน 14 แบบเท่ากัน แต่ไม่มีแฮปโลไทป์ใดที่ซ้ำกันเลขระหว่างประชากรทั้งสองเผ่า (ตาราง 3 และภาพ 8) ซึ่งเมื่อพิจารณาพร้อมกับระยะห่างทางพันธุกรรมที่คำนวณจากแฮปโลไทป์ (D_H) ที่มีค่าเป็นอนันต์ (ตาราง 5) แล้ว จะเห็นว่าประชากรทั้งสองมีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกันสูงมาก แม้ว่า contingency χ^2 test จะระบุว่า การกระจายของแฮปโลไทป์มีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($P > 0.05$) ระหว่างประชากรทั้งสองก็ตาม ทั้งนี้ น่าจะเป็นเพราะสาเหตุที่ว่า การกระจายของแฮปโลไทป์ในประชากรทั้งสองมีทิศทางออกจากจุดศูนย์กลางในทิศทางตรงข้ามกันด้วยระยะห่างเท่ากัน ดังนั้นการใช้แฮปโลไทป์เพื่อศึกษาความแตกต่างระหว่างประชากรในครั้งนี้จึงไม่เหมาะสม เพราะแฮปโลไทป์ที่ได้มีความละเอียดถึงระดับแยกแยะบุคคล ซึ่งเหมาะกับการใช้ประโยชน์ทางด้านนิติเวชวิทยามากกว่าที่จะใช้ทางพันธุศาสตร์ประชากร การนำไมโครแซเทลไลต์บนโครโมโซม Y มาใช้เพื่อศึกษาพันธุศาสตร์ประชากร จึงจำเป็นจะต้องเลือกใช้ไมโครแซเทลไลต์ให้เหมาะสมกับงาน ไมโครแซเทลไลต์บางตำแหน่งใช้แยกแยะความแตกต่างในระดับบุคคลได้ดี เช่น ตำแหน่ง DYS385 และบางตำแหน่งก็ใช้ศึกษาชาติพันธุ์ของประชากรได้ดี เช่น ตำแหน่ง DYS19, DYS383 และ DYS393 (เมธวี, 2543)

ระยะห่างทางพันธุกรรมพิจารณาจากไมโครแซเทลไลต์ทั้ง 4 ตำแหน่งร่วมกัน (D_P) มีค่า 0.1804 (D_P) แสดงว่าชาวเข้าและชาวลาฮูมีความสัมพันธ์ทางชาติพันธุ์ระหว่างกัน ใกล้ชิดมากกว่าความสัมพันธ์ทางชาติพันธุ์ระหว่างชาวกะเหรี่ยงกับชาวม้ง ซึ่งมีระยะห่างทางพันธุกรรมของสองประชากร เท่ากับ 0.1983 (เมธวี, 2543) ในงานวิจัยต่อไป จึงน่าจะทำการศึกษาเปรียบเทียบโครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวไทยภูเขาทั้ง 4 เผ่า เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างชาติพันธุ์ ซึ่งสามารถนำไปวิเคราะห์ร่วมกับข้อมูลทางประวัติศาสตร์ สังคมวิทยา-มานุษยวิทยา และภาษาศาสตร์ ให้ได้ข้อมูลของบรรพบุรุษ ถิ่นกำเนิดดั้งเดิม และการอพยพย้ายถิ่นละแวกและชัดเจนขึ้น