



บทบาทของผลกระทบจากผู้ก่อตั้งต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของชาว ละว้าในจังหวัดแม่ฮ่องสอน

The Role of Founder Effect on Genetic Structure of the Lawa in Mae Hong Son Province

จตุพล คำปวนสาย¹* ศุภลักษณ์ หมี่ทอง² และ วิภู กุตะนันท์³

Jatupol Kampuansai¹* Supalak Mheetong² and Wibhu Kutanan³

¹ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

² ภาควิชาโบราณคดี คณะโบราณคดี มหาวิทยาลัยศิลปากร

³ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

* Correspondent author: jatupol_k@hotmail.com

บทคัดย่อ

ชาวละว้าเป็นกลุ่มชนพื้นเมืองที่อาศัยอยู่ในบริเวณที่ราบเชียงใหม่-ลำพูนมาตั้งแต่สมัยก่อนประวัติศาสตร์ ชาวละว้าส่วนใหญ่ถูกขับไล่ไปตั้งถิ่นฐานในบริเวณรอยต่อระหว่างจังหวัดเชียงใหม่และแม่ฮ่องสอน โดยชาวไทยซึ่งอพยพเข้ามาในสมัยพุทธศตวรรษที่ 18 จากการศึกษาทางภาษาศาสตร์พบว่าภาษาของชาวละว้าจัดอยู่ในตระกูลออสโตรเอเชียติก ตระกูลย่อยมอญ-เขมร แต่ปัจจุบันชาวละว้ามีภาษาพูดที่แตกต่างกันอยู่สองกลุ่ม คือภาษาละว้าตะวันออก ซึ่งพูดกันในจังหวัดเชียงใหม่ และภาษาละว้าตะวันตกในจังหวัดแม่ฮ่องสอน โดยชาวละว้าแต่ละกลุ่มจะมีสำเนียงภาษาของตนเองและบางส่วนมีความแตกต่างกันถึงร้อยละ 50 งานวิจัยนี้มุ่งที่จะศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวละว้าตะวันตกบ้านป่าแป๋ ตำบลป่าแป๋ อำเภอแม่สะเรียง จังหวัดแม่ฮ่องสอน โดยอาศัยความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณที่มีความหลากหลายสูง I เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างภาษาและพันธุกรรมของชาวละว้า ผลจากการศึกษาพบว่าชาวละว้าเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง ซึ่งเกิดจากการเป็นกลุ่มชาติพันธุ์โบราณประกอบกับลักษณะวัฒนธรรมที่ผู้หญิงจะย้ายเข้าบ้านฝ่ายชายหลังการแต่งงาน โครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวละว้าบ้านป่าแป๋ มีความแตกต่างจากชาวละว้ากลุ่มอื่น เนื่องจากได้รับผลกระทบจากผู้ก่อตั้ง และส่งผลให้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมไม่สอดคล้องกับความใกล้ชิดกันทางภาษาของชาวละว้า

Abstract

Lawa is the local prehistoric people of Chiang Mai-Lamphun basin. The majority of Lawa people had been expelled to the border area between Chiang Mai and Mae Hong Son province by the Tai in the 13th century. According to the linguistic classification, Lawa language is grouped to the Austroasiatic family, Mon-Khmer subfamily. However, there are two Lawa language branches, Eastern Lawa in Chiang Mai and western Lawa in Mae Hong Son. Each Lawa village has their own dialect and some are 50 percent phonetic different from

each other. This research aimed to investigate the genetic structure of the Western Lawa from Ban Pa Pae, Pa Pae sub-district, Mae Sarieng district, Mae Hong Son province using mitochondrial DNA hypervariable region I as a genetic marker. The correlation between linguistic relatedness and genetic relationship of the Lawa was investigated. A high degree of genetic diversity was observed in the Lawa ethnic group which might be shaped by its old origin and the patrilocal post-marital residence culture. The founder effect in the Lawa from Ban Pa Pae leads to their genetic difference from other villages. Moreover, there was no correlation between linguistic relatedness and genetic relationship.

คำสำคัญ: ละว้า, ภาษา, ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย, โครงสร้างทางพันธุกรรม, ผลกระทบจากผู้ก่อตั้ง

Keywords: Lawa, linguistics, mitochondrial DNA, genetic structure, founder effect

1. บทนำ

ชาวละว้าเป็นกลุ่มชนพื้นเมืองเดิมที่ตั้งถิ่นฐานในบริเวณภาคเหนือของประเทศไทยมาก่อนที่อาณาจักรล้านนาและอาณาจักรไทยได้ถูกตั้งขึ้น นักวิชาการเชื่อว่าชาวละว้าสืบเชื้อสายมาจากกลุ่มชนที่ตั้งถิ่นฐานอยู่ในตอนกลางของแหลมอินโดจีนมาตั้งแต่สมัยก่อนประวัติศาสตร์ เช่นเดียวกับพวกมอญและเขมร ต่อมาได้อพยพขึ้นไปทางเหนือ และตั้งถิ่นฐานกระจัดกระจายอยู่ตามลุ่มน้ำโขงในประเทศไทย และลุ่มน้ำคงในรัฐไทยใหญ่ของพม่า (1) ปัจจุบันพบชาวละว้าอาศัยอยู่ในหลายพื้นที่บริเวณภาคเหนือของประเทศไทย ตอนเหนือของพม่า และตอนใต้ของจีน โดยมีชื่อเรียกที่แตกต่างกัน เช่น ลัวะว้า มีลักษณะ (2)

ชาวละว้าที่อาศัยอยู่ในเขตจังหวัดเชียงใหม่ และแม่ฮ่องสอนปัจจุบันเป็นกลุ่มชนที่อพยพมาจากแอ่งที่ราบเชียงใหม่-ลำพูน โดยได้อพยพเคลื่อนย้ายหลายครั้ง และแยกออกเป็นหลายกลุ่มในช่วง 800 ปีที่ผ่านมา (3) แม้ว่ากลุ่มชาติพันธุ์ที่เรียกตนเองว่าชาวละว้าทุกกลุ่มจะมีวัฒนธรรมที่คล้ายคลึงกันหลายประการ เช่น การนับถือผี การตั้งเสาไ้บ้าน แต่จากการศึกษาความสัมพันธ์ทางภาษาของชาวละว้าซึ่งถูกจัดอยู่ในตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก ตระกูลย่อยมอญ-เขมร (4) พบว่าชาวละว้ามีภาษาพูดที่แตกต่างกันอยู่ 2 สำเนียงภาษา คือภาษาละว้า

ตะวันตก (Western Lawa) ที่ใช้กันในกลุ่มชาวละว้าที่อาศัยอยู่ตามแนวแถบเทือกเขาบริเวณรอยต่อระหว่างจังหวัดเชียงใหม่และจังหวัดแม่ฮ่องสอน และภาษาละว้าตะวันออก (Eastern Lawa) ซึ่งพูดกันในกลุ่มชาวละว้าที่อาศัยอยู่ในอำเภอฮอด จังหวัดเชียงใหม่ โดยชาวละว้าทั้งสองกลุ่มสามารถสื่อสารกันเข้าใจเพียงประมาณร้อยละ 50 เท่านั้น (3) ความแตกต่างทางภาษาระหว่างชาวละว้าตะวันตกและชาวละว้าตะวันออกนี้มีความสอดคล้องกับความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างชาวละว้าทั้งสองกลุ่ม (5) อย่างไรก็ตามในกลุ่มชาวละว้าที่พูดภาษาละว้าตะวันตกซึ่งมีจำนวนมากถึงประมาณ 5,000 คน ในเขตเชียงใหม่และแม่ฮ่องสอน (6) ยังพบว่ามีความแตกต่างของภาษาภายในกลุ่มตั้งแต่ร้อยละ 10 ถึง 50 (3) ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความหลากหลายทางชาติพันธุ์ในกลุ่มชาวละว้าตะวันตก งานวิจัยนี้จึงมุ่งหวังที่จะศึกษาเปรียบเทียบโครงสร้างทางพันธุกรรมภายในกลุ่มชาวละว้าตะวันตก รวมทั้งความสัมพันธ์ระหว่างภาษากับพันธุกรรมของชาวละว้าในจังหวัดเชียงใหม่และแม่ฮ่องสอน โดยอาศัยความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณที่มีความหลากหลายสูง I (hypervariable region I, HVR-I) ซึ่งเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่มีประสิทธิภาพในการศึกษาการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างภายในประชากรและความสัมพันธ์ระหว่างประชากรได้อย่างชัดเจน (7, 8)

2. วิธีวิจัย

2.1 กลุ่มตัวอย่าง

ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษานี้คือชาวละว้าจากบ้านป่าแป๋ ตำบลป่าแป๋ อำเภอแม่สะเรียง จังหวัดแม่ฮ่องสอน การเก็บข้อมูลทำโดยการสัมภาษณ์ประวัติ เช่น ภาษา ประวัติการอพยพ ประวัติชาติพันธุ์ของครอบครัว และเก็บตัวอย่างเลือดปริมาณ 5 มิลลิกรัมจากข้อพับแขนของอาสาสมัครที่มีสุขภาพแข็งแรงอายุ 20-60 ปี และไม่เป็นญาติพี่น้องกัน จำนวน 41 คน

2.2 การตรวจวิเคราะห์ความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ HVR-I

นำตัวอย่างเลือดของอาสาสมัครมาทำการสกัดดีเอ็นเอจากเม็ดเลือดขาวด้วยวิธีอินออร์แกนิก (9) จากนั้นเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ displacement loop (D-loop) ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase Chain Reaction-PCR) โดยใช้ไพรเมอร์ LLmt-A : 15704-CATAGCCAATCACTTTATTG-15723 และ LHmt-E : 430-CTGTTAAAAGTGCATA-CCGCC-410 (10)

ทำปฏิกิริยาด้วยเครื่องควบคุมอุณหภูมิอัตโนมัติรุ่น MJ Min Personal Thermal (Bio-Rad, CA) จากนั้นทำการตรวจสอบผลผลิตที่ได้จากปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอเรสด้วยเทคนิคอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซิส (agarose gel electrophoresis)

ส่งผลผลิตที่ตรวจสอบแล้วไปวิเคราะห์หาลำดับเบสที่บริษัท MacroGen ประเทศเกาหลีใต้ โดยใช้ไพรเมอร์ SeqLmt-A : 15897-GTATAAACTAATACA CCAGTCTTGT-15921 และ SeqHmt-E:100-CAGCGTCTCGCAATGCTATCGCGTG-76 (11)

จากนั้นนำผลของการหาลำดับเบสของไพรเมอร์ทั้งสองตัวมารวมกัน (assembly) ด้วยโปรแกรม SeqScape v2.0 (Applied Biosystem, USA)

2.3 การวิเคราะห์ข้อมูล

2.3.1 การวิเคราะห์ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม

นำข้อมูลลำดับเบสบริเวณ HVR-I ของชาวละว้าบ้านป่าแป๋ที่ศึกษามาวิเคราะห์ร่วมกับข้อมูลลำดับเบสบริเวณเดียวกันของชาวละว้าตะวันตก บ้านดง ตำบลห้วยห้อม อำเภอแม่ลาน้อย จังหวัดแม่ฮ่องสอน และชาวละว้าตะวันออก บ้านบ่อหลวง ตำบลบ่อหลวง อำเภอฮอด จังหวัดเชียงใหม่ (5) โดยหาตำแหน่งที่มีความผันแปร (polymorphic site) เมื่อเทียบกับลำดับเบสดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของ Cambridge Reference Sequence (12) ตำแหน่งที่ 16048-16383 ความยาว 336 คู่เบส ด้วยโปรแกรม DNASP ver.5 (13) จากนั้นคำนวณค่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์และความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ โดยใช้โปรแกรม Arlequin 3.5 (14) และเปรียบเทียบค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวละว้ากับชาติพันธุ์อื่นในประชากรที่มีการศึกษาแล้ว (ตารางที่ 1)

ตารางที่ 1. ข้อมูลประชากรชาวละว้าที่ศึกษาและประชากรที่นำมาเปรียบเทียบ

ประชากร	ชาติพันธุ์	ภาษา	ที่ตั้ง	จำนวน	อ้างอิง
LawaMS1	ละว้า	มอญ-เขมร	บ้านดง อ.แม่ลาน้อย จ.แม่ฮ่องสอน	46	(5)
LawaMS2	ละว้า	มอญ-เขมร	บ้านป่าแป๋ อ.แม่สะเรียง จ.แม่ฮ่องสอน	41	การศึกษานี้
LawaCM	ละว้า	มอญ-เขมร	บ้านบ่อหลวง อ.ฮอด จ.เชียงใหม่	50	(5)
LuaNN1	ลัวะ	มอญ-เขมร	บ้านเตี้ยกลาง อ.ปัว จ.น่าน	22	(5)
LuaNN2	ลัวะ	มอญ-เขมร	บ้านป่าบง อ.บ่อเกลือ จ.น่าน	50	(5)
Mon	มอญ	มอญ-เขมร	บ้านหนองคู อ.ป่าซาง จ.ลำพูน	41	(15)
Paluang	ปะหล่อง	มอญ-เขมร	บ้านนอแล อ.ฝาง จ.เชียงใหม่	51	(11)
Blang1	พลา้ง	มอญ-เขมร	บ้านป่ายาง อ.แม่สาย จ.เชียงราย	38	(11)
Blang2	พลา้ง	มอญ-เขมร	ลัวะพัฒนา อ.แม่จัน จ.เชียงราย	45	(11)
Htin1	ถิ่น (มัล)	มอญ-เขมร	บ้านตาหลวง อ.ปัว จ.น่าน	43	(5)
Htin2	ถิ่น (ปรีย์)	มอญ-เขมร	บ้านน้ำสอ อ.ทุ่งช้าง จ.น่าน	26	(5)
Htin3	ถิ่น (ปรีย์)	มอญ-เขมร	บ้านห้วยแก้ว อ.เชียงกลาง จ.น่าน	38	(5)
Wa1	ว้า	มอญ-เขมร	ยูนนาน ประเทศจีน	22	(16)
Wa2	ว้า	มอญ-เขมร	ยูนนาน ประเทศจีน	36	(17)
Khuen	เขิน	ไท	ต.ทุ่งรวงทอง อ.สันป่าตอง จ.เชียงใหม่	60	(11)
Lue1	ลื้อ	ไท	ต.ศิลาแลง อ.ปัว จ.น่าน	51	(11)
Lue2	ลื้อ	ไท	ต.หนองบัว อ.ท่าวังผา จ.น่าน	44	(11)
Lue3	ลื้อ	ไท	ต.เกาะกลาง อ.แม่สาย จ.เชียงราย	50	(11)
Lue4	ลื้อ	ไท	ต.ลวงเหนือ อ.ดอยสะเก็ด จ.เชียงใหม่	46	(11)
Yuan1	ยวน	ไท	ต.แม่แฝกใหม่ อ.สันทราย จ.เชียงใหม่	39	(11)
Yuan2	ยวน	ไท	ต.บ้านเป้า อ.แม่แตง จ.เชียงใหม่	50	(11)
Yuan3	ยวน	ไท	ต.ศรีเตี้ย อ.บ้านโฮ้ง จ.ลำพูน	50	(11)
Yuan4	ยวน	ไท	ต.ต้นตาล อ.เสาไห้ จ.สระบุรี	50	(11)
Yong	ยอง	ไท	ต.มะกอก อ.ป่าซาง จ.ลำพูน	62	(11)

2.3.2 การวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวละว้าแต่ละหมู่บ้าน

ทำการคำนวณหาอัตราส่วนความผันแปรทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างประชากร ด้วยวิธี Analysis of Molecular Variances (AMOVA) (18) จากนั้นสร้างกราฟการกระจายของจำนวนเบสที่แตกต่างกันระหว่างแฮปโลไทป์แต่ละคู่ด้วยวิธี Mismatch distribution (หรือ distribution of pairwise differences) พร้อมทั้งหาค่า Raggedness index (19) และค่า Fu's F Neutrality (20) ด้วยโปรแกรม Arlequin 3.5 (14)

2.3.3 การหาความสัมพันธ์ระหว่างระยะห่างทางภาษากับระยะห่างทางพันธุกรรมของชาวละว้า

หาความสัมพันธ์ระหว่างภาษากับพันธุกรรมด้วยการทดสอบ Mantel test (21) โดยจำลองค่าระยะห่างทางภาษาระหว่างทุกคู่ประชากรให้มีค่าเท่ากับ 0.5 เป็นค่าเริ่มต้น จากนั้นลดและเพิ่มระยะห่างทางภาษาครั้งละ 0.1 โดยทำทีละคู่ประชากร หาค่า regression coefficient (R) ระหว่างระยะห่างภาษากับระยะห่างทางพันธุกรรมแบบ pairwise difference (Φ_{st}) ตามวิธี Mantel test ด้วยโปรแกรม Arlequin 3.5 (14)

2.3.4 ความสัมพันธ์ระหว่างชาวละว้ากับประชากรอื่นๆ

คำนวณค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างชาวละว้าและประชากรอื่นๆ ที่มีการศึกษาแล้ว ในรูป pairwise difference (Φ_{st}) ด้วยโปรแกรม Arlequin 3.5 (14) และนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้มาสร้างแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในรูปแบบ 2D multidimensional scaling (2D-MDS) ด้วยโปรแกรม STATISTICA (Statsoft Ltd)

3. ผลการวิจัยและอภิปราย

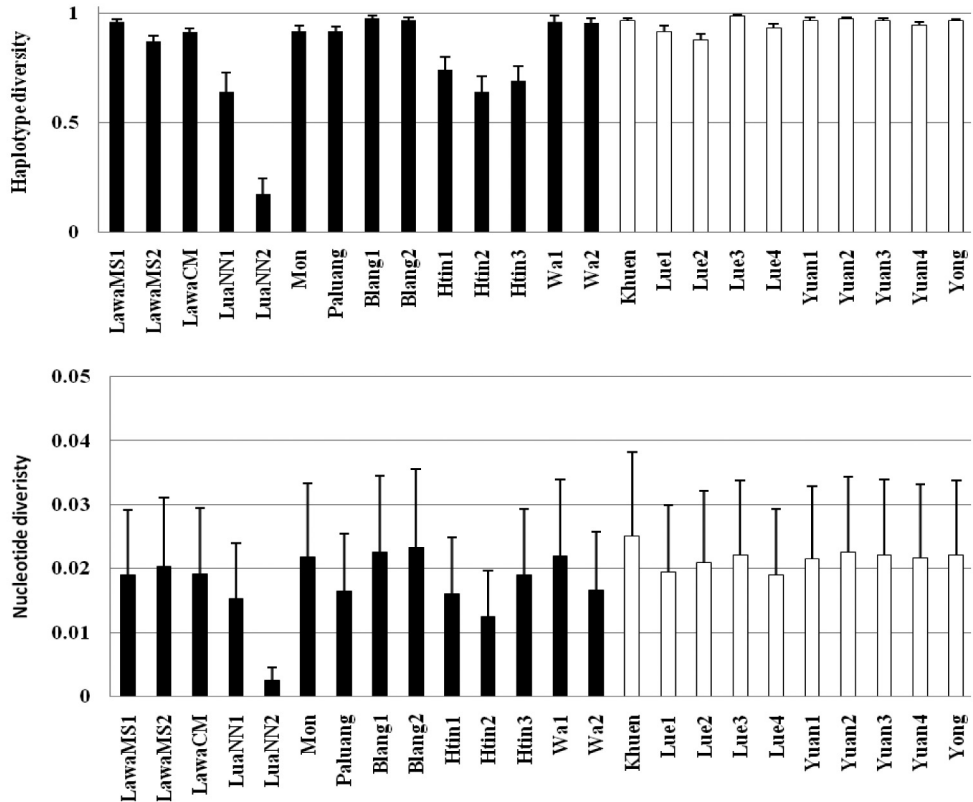
3.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวละว้า

จากการศึกษาลำดับเบสในดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ HVR-I ความยาว 336 คู่เบส (ตำแหน่ง 16048-16383) ในประชากรชาวละว้า 3 หมู่บ้าน ได้แก่ ชาวละว้าตะวันตกบ้านป่าเป๋ ตำบลป่าเป๋ อำเภอแม่สะเรียง จังหวัดแม่ฮ่องสอน (ข้อมูลจากงานวิจัยนี้) ชาวละว้าตะวันตกบ้านดง ตำบลห้วยห้อม อำเภอแม่ลาน้อย จังหวัดแม่ฮ่องสอน (ข้อมูลจาก (5)) และชาวละว้าตะวันออกบ้านบ่อหลวง ตำบลบ่อหลวง อำเภอฮอด จังหวัดเชียงใหม่ (ข้อมูลจาก (5)) จำนวนรวม 137 คน พบแฮปโลไทป์ที่แตกต่างกัน 44 ชนิด ซึ่งเกิดจากตำแหน่งที่มีความผันแปรของลำดับเบส 62 ตำแหน่ง (รูปที่ 1)

Hap	ACTTTCTGCTAAATCCAAACCCCTCCTGCTCCACCCCTATACACACCCTTTTAGTCTTCATTGA	MS1	MS2	CM
1T.A...G.C.....C.....C...	2	1	
2A...G.C.....C.....C...	1		
3T.A...G.C.....C.....C...	1	1	3
4A...C.....C.....C.....C...	6		8
5A...C.....T.....C.....C...	10		
6	..C.....C.....C.....C.....C...	1		
7C.....C.....C.....C.....C...	1		
8	.T...C.....C.....C.....C.....C...	3		
9	..C.....C.....T.....C.....C.....	5		2
10	..C...C.....T.....C.....C.....C...	1		
11T.....T.....C.....C.....C...	1		
12T...T.....T.....G...C.....	1		
13T...T.....T.....G...C.....	3		
14T...T.....T.....G...C.C.GAC	1		
15T.A...G.....T.....C.....C...	1		
16T.A...G.....T.....C.....C...	3		
17T.....ACACA.....C.....C...	1		
18T.....T.....C.....C.....C...	1		
19C.A.....T.....GT.....A.....	1		
20T.....T.....T.....A...C.....		5	
21	..C.....T...T.....T.....A...C.....		9	2
22	..C.....T...T.....T.....A...CT....			3
23T.A...T.....T.....C.....C...			2
24T.....T.....T.....C.....C...			1
25G...T...T.....G.....C.....C...	2		
26G...T...C.....C.....C.....C...			1
27T.....C.....C.....C.....C...		2	5
28T.....T.....C.....C.....C...			2
29	..C...A.....C...T.....G.....C.....	3	3	
30	..C...A.....CC.T.....G.....T.....		1	
31A.....C...T.....G.....C.....			8
32A.....C...T.....C...C.....	1		
33A.....T.T...T...T.....C.....	1		
34C.....T...TC...T.....C.....C...			1
35A.....C...C...T.....C.....C...		2	
36A.C...C...C...T.....C.....C...		1	
37T...C...CC...C...T.....C.....		5	
38GC.CC...C...T...T.....C.....			3
39C.....TCC...C.....C.....C...	1		
40C.....CC...C...C...T.....C...	1		
41	G.....T...C...C.....C.....C...	3		
42C.....C...C.....A.....C.....			8
43C.....C...C.....A.....C.....		1	
44C.....C...C.....A.....T.....			1
		46	41	50

รูปที่ 1. ลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ HVR-I ที่พบในชาวละว้า รูปแสดงเฉพาะตำแหน่งที่มีความแตกต่างไปจากลำดับเบสอ้างอิง (12) จำนวนลำดับนิวคลีโอไทด์ที่พบในแต่ละหมู่บ้านแสดงไว้ด้านขวามือ ตัวย่อ Hap คือ ชนิดของแฮปโลไทป์ MS1 คือ ชาวละว้าบ้านดง อ.แม่ลาน้อย จ.แม่ฮ่องสอน MS2 คือ ชาวละว้าบ้านป่าแป๋ อ.แม่สะเรียง จ.แม่ฮ่องสอน CM คือ ชาวละว้าบ้านบ่อหลวง อ.ฮอด จ.เชียงใหม่

เมื่อวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรที่ศึกษา พบว่าชาวละว้าเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมในตำแหน่งที่ศึกษาก่อนข้างสูง โดยเห็นได้จากค่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์ที่อยู่ในช่วง 0.8707±0.0283 ในชาวละว้าบ้านป่าแป๋ (LawaMS2) ถึง 0.9594±0.0134 ในชาวละว้าบ้านดง (LawaMS1) ซึ่งค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวละว้านี้อยู่ในช่วงเดียวกับชาวมอญ ปะหล่อง พล่าง และว้า ซึ่งพูดภาษามอญ-เขมร และใกล้เคียงกับกลุ่มชาติพันธุ์ที่พูดภาษาไทย (รูปที่ 2)



รูปที่ 2. ความหลากหลายของแฮปโลไทป์ (บน) และความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ (ล่าง) ของชาวละว้าและประชากรที่นำมาเปรียบเทียบ (ลีดำ-ประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร, ลีขาว-ประชากรที่พูดภาษาไทย)

สำหรับประชากรมนุษย์ การเพิ่มขึ้นของความหลากหลายทางพันธุกรรมมักพบในประชากรที่มีลักษณะ 2 ประการ คือ 1.กลุ่มชาติพันธุ์โบราณ โดยแต่ละกลุ่มชาติพันธุ์จะมีจุดเริ่มต้นของประชากรที่แตกต่างกันทั้งด้านพื้นที่และระยะเวลา ชาติพันธุ์ที่เกิดขึ้นก่อนจะมีระยะเวลาในการสะสมความผันแปรทางพันธุกรรมมาก และ 2.ประชากรที่เกิดขึ้นจากการผสมผสานระหว่างชาติพันธุ์ที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ซึ่งทำให้ประชากรมีการรับเอาลักษณะพันธุกรรมแบบต่างๆ เข้ามา ความหลากหลายทางพันธุกรรมจึงมีค่าสูงขึ้น แต่ในกรณีของกลุ่มชาติพันธุ์ละว้าซึ่งมักมีการแต่งงานในกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกันแล้ว ปัจจัยที่ส่งผลให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมน่าจะมาจากระยะเวลายาวนานในการสะสมความผันแปรมากกว่าการผสมผสานระหว่างชาติพันธุ์ และเมื่อพิจารณาจากความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ในชาวละว้าพบว่ามีความอยู่ในช่วงประมาณร้อยละ

2 ซึ่งนี้เป็นค่าที่ใกล้เคียงกับกลุ่มชาติพันธุ์พื้นเมืองของภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้กลุ่มอื่นๆ เช่น ชาวมอญ (15) (รูปที่ 2) ผลจากการศึกษานี้จึงสามารถบอกได้ว่าชาวละว้าเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีบรรพชนร่วมหรือเกิดขึ้นในช่วงเวลาเดียวกับกลุ่มชาติพันธุ์พื้นเมืองชาวเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ซึ่งสอดคล้องกับหลักฐานทางประวัติศาสตร์ที่ระบุถึงการตั้งถิ่นฐานของชาวละว้าในตอนกลางของแหลมอินโดจีนมาตั้งแต่สมัยก่อนประวัติศาสตร์ (1)

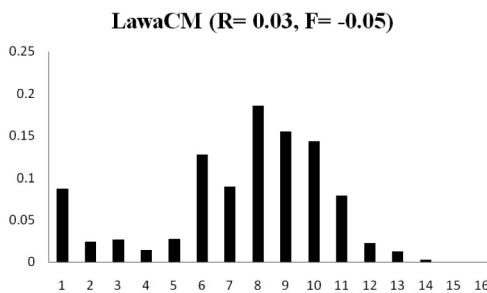
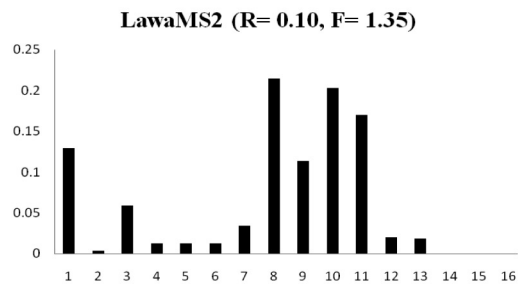
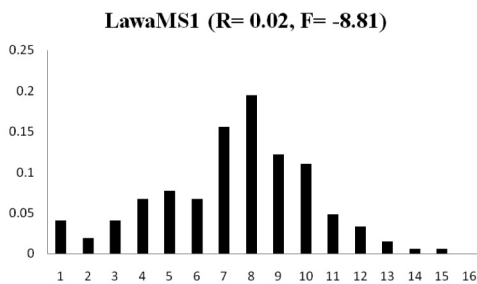
3.2 โครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวละว้า

เมื่อวิเคราะห์โครงสร้างประชากรด้วยวิธี AMOVA ในประชากรชาวละว้า 3 หมู่บ้าน พบว่าความผันแปรทางพันธุกรรมร้อยละ 95.94 เกิดขึ้นภายในแต่ละประชากร ในขณะที่ความผันแปรระหว่างประชากรมีค่าเพียงร้อยละ 4.06 เท่านั้น แต่อย่างไรก็ตามประชากรชาวละว้าทั้ง 3 กลุ่มมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (Fixation index เท่ากับ 0.0406 และ

$p < 0.05$) ความผันแปรทางพันธุกรรมที่มีค่าสูงภายในแต่ละหมู่บ้านของชาวละว้านี้จะเกิดขึ้นจากลักษณะวิวัฒนาการย้ายถิ่นที่อยู่หลังการแต่งงาน โดยชาวละว้าฝ่ายหญิงเมื่อแต่งงานแล้วจะย้ายไปอยู่บ้านของฝ่ายชาย (patrilocal post-marital residence) จึงทำให้เกิดการเคลื่อนที่และแลกเปลี่ยนดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิงจากหมู่บ้านต่างๆ เข้ามา ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในแต่ละหมู่บ้านจึงเพิ่มขึ้น ซึ่งตรงข้ามกับกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีวิวัฒนาการให้ฝ่ายชายย้ายไปอยู่บ้านฝ่ายหญิงหลังการแต่งงาน (matrilocal post-marital residence) เช่น ชาวถิ่น ชาวละว้าในจังหวัดน่าน ซึ่งจะพบว่าความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียมีค่าต่ำ (รูปที่ 2)

ลักษณะโครงสร้างทางพันธุกรรมที่สำคัญอีกประการหนึ่งของกลุ่มชาติพันธุ์โบราณคือการเพิ่มจำนวนประชากรอย่างรวดเร็วหลังยุคน้ำแข็งในสมัยไพลสโตซีน (Pleistocene expansion) ซึ่งสามารถวิเคราะห์ได้จากกระจายตัวของลำดับเบสที่แตกต่างกัน ระหว่างแฮปโลไทป์แต่ละคู่ (mismatch distribution) (รูปที่ 3) ซึ่งจะปรากฏลักษณะกราฟรูประฆังคว่ำ มีจุดสูงสุดเพียงจุดเดียว ค่า raggedness index มีค่าน้อยกว่า

หรือเท่ากับ 0.03 และมีค่า neutrality ติดลบ (22) ซึ่งพบกราฟลักษณะเช่นนี้ในชาวละว้าบ้านดง (LawaMS1) และบ้านบ่อหลวง (LawaCM) (รูปที่ 3) ในขณะที่ชาวละว้าจากบ้านป่าแป๋ (LawaMS2) มีลักษณะกราฟขรุขระ มีจุดสูงสุดมากกว่า 1 จุด (multimodal distribution) และมีค่า neutrality เป็นบวกซึ่งเป็นลักษณะที่พบในประชากรที่มีขนาดคงที่หรือลดขนาดลง หากอ้างอิงตามหลักฐานทางประวัติศาสตร์ว่าชาวละว้าทุกกลุ่มมีบรรพชนร่วมกันเป็นกลุ่มชาติพันธุ์โบราณในพื้นที่ใดพื้นที่หนึ่ง (1) ชาวละว้าทุกกลุ่มจึงควรปรากฏลักษณะของการเพิ่มขนาดประชากรหลังสมัยไพลสโตซีน แต่การที่ชาวละว้าบ้านป่าแป๋ไม่มีลักษณะนี้ อาจเป็นผลจากผลกระทบของผู้ก่อตั้ง (founder effect) ซึ่งเกิดขึ้นจากการที่มีสมาชิกของชาติพันธุ์เพียงจำนวนน้อยอพยพไปตั้งถิ่นฐานเป็นประชากรใหม่ ลักษณะเช่นนี้จะทำให้ประชากรรุ่นต่อๆ มาสืบลักษณะทางพันธุกรรมมาเพียงไม่กี่แบบและปรากฏเป็นกราฟ mismatch distribution แบบ multimodal ผลกระทบจากผู้ก่อตั้งที่เกิดขึ้นในชาวละว้าบ้านป่าแป๋นี้ยังเห็นได้จากค่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์ที่มีค่าน้อยเมื่อเทียบกับชาวละว้าอีก 2 หมู่บ้าน (รูปที่ 2)



รูปที่ 3. Mismatch distribution ของชาวละว้า (R คือค่า Raggness index, F คือค่า Fu's F neutrality)

3.3 ความสัมพันธ์ระหว่างระยะห่างทางภาษากับระยะห่างทางพันธุกรรมของชาวละว้า

เมื่อทำการหาความสัมพันธ์ระหว่างระยะห่างทางพันธุกรรมในรูปแบบ pairwise difference (Φ_{st}) กับค่าจำลองระยะห่างทางภาษาของชาวละว้า ด้วย Mantel test พบว่าค่าความสัมพันธ์ (regression coefficient) มีค่าเป็นบวก (แสดงถึงการมีความสัมพันธ์ไปในทิศทางเดียวกัน) เมื่อระยะห่างทางภาษาระหว่าง LawaMS1-LawaMS2 มีค่ามากกว่าค่าเริ่มต้น (0.5) (ตารางที่ 2) ในขณะที่ระหว่าง LawaMS1-LawaCM และ LawaMS2-LawaCM ให้ผลตรงข้าม กล่าวคือค่าความสัมพันธ์มีค่าเป็นบวกเมื่อลดค่าระยะห่างทางภาษาลง ผลจากการจำลองค่าระยะห่างทางภาษานี้ชี้ให้เห็นแนวโน้มของความไม่สอดคล้องกันระหว่างภาษาและพันธุกรรม โดยเฉพาะ

ระหว่างชาวละว้าบ้านดง (LawaMS1) กับบ้านป่าแป๋ (LawaMS2) ซึ่งใช้ภาษาละว้าตะวันตกที่มีความใกล้เคียงกัน แต่ระยะห่างทางภาษากับระยะห่างทางพันธุกรรมกลับสวนทางกัน (ดูจากค่าระยะห่างทางภาษาที่มีค่าลดลง ค่า regression coefficient ของ LawaMS1-LawaMS2 มีค่าติดลบแสดงถึงความสัมพันธ์ในทางตรงข้ามกับระยะห่างทางพันธุกรรม) นอกจากนี้ยังพบว่าความสอดคล้องกันของภาษากับพันธุกรรมจะเกิดขึ้นเมื่อชาวละว้าบ้านดง (ละว้าตะวันตก) กับบ้านบ่อหลวง (ละว้าตะวันออก) มีความใกล้เคียงกันทางภาษาซึ่งไม่ตรงกับความเป็นจริง (การสัมภาษณ์อาสาสมัครโดยผู้วิจัย) ความไม่สอดคล้องกันของหลักฐาน 2 ด้านนี้เกิดขึ้นเพราะโครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวละว้าบ้านป่าแป๋มีความแตกต่างจากชาวละว้าอีก 2 กลุ่มอย่างชัดเจน อันเป็นผลกระทบจากผู้ก่อตั้งดั้งที่ได้กล่าวมาแล้ว

ตารางที่ 2. ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างภาษาและพันธุกรรมของชาวละว้าด้วย Mantel test

Linguistic distance	Regression coefficient		
	LawaMS1-LawaMS2	LawaMS1-LawaCM	LawaMS2-LawaCM
0.0	-0.0234	0.0229	0.0006
0.1	-0.0293	0.0286	0.0007
0.2	-0.0390	0.0381	0.0009
0.3	-0.0585	0.0571	0.0014
0.4	-0.1171	0.1143	0.0028
0.5	default	default	default
0.6	0.1171	-0.1143	-0.0028
0.7	0.0585	-0.0571	-0.0014
0.8	0.0390	-0.0381	-0.0009
0.9	0.0293	-0.0286	-0.0007
1.0	0.0234	-0.0229	-0.0006

ตัวอย่างความสัมพันธ์ทางภาษากับพันธุกรรมที่ศึกษาพบในกลุ่มชาวละว้าในการศึกษานี้บ่งชี้ให้เห็นว่า ผลกระทบจากผู้ก่อตั้งส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรได้เร็วกว่าการ

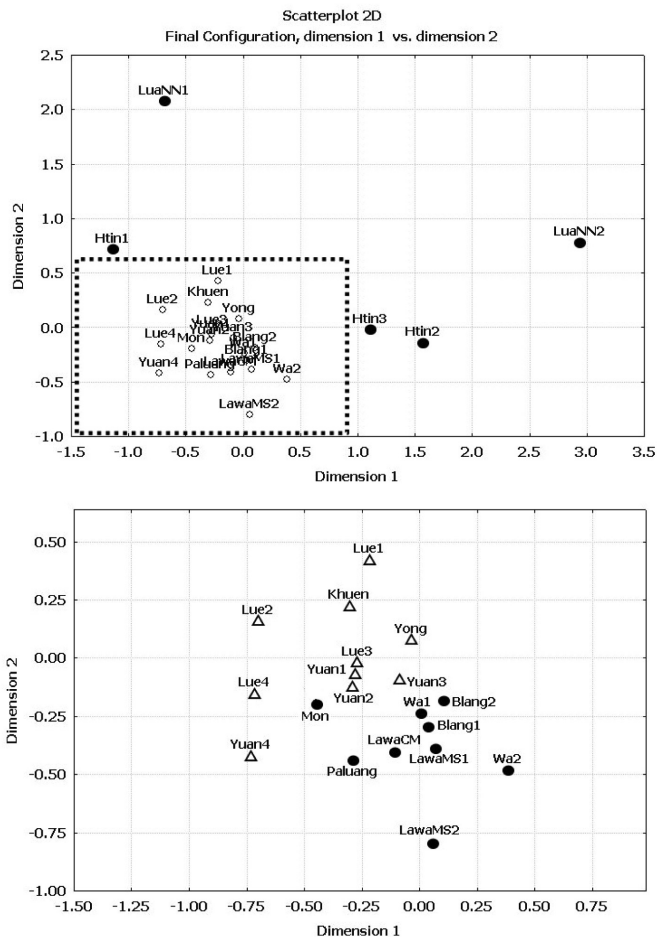
เปลี่ยนแปลงทางภาษา ดังนั้นนักพันธุศาสตร์ประชากรจะต้องให้ความสำคัญระมัดระวังในการแปลผลความสัมพันธ์ระหว่างประชากรด้วยหลักฐานทางพันธุศาสตร์ เพราะแม้ว่าประชากรจะมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตก

ต่างกันอย่างชัดเจน อาจไม่สามารถบอกได้ว่าประชากรทั้งสองกลุ่มไม่มีความเกี่ยวข้องกันทางเชื้อสายมาก่อน เพราะประชากรนั้นอาจเคยมีบรรพชนร่วมกันแต่มีการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของประชากรในภายหลัง โดยเฉพาะอย่างยิ่งในกลุ่มชาติพันธุ์ขนาดเล็กที่มีการกระจายตัวในพื้นที่ที่แตกต่างกัน ซึ่งจะได้รับผลกระทบจากผู้ก่อตั้งได้ง่าย

3.4 ความสัมพันธ์ระหว่างชาวละว้าและประชากรอื่นๆ

ความสัมพันธ์ของกลุ่มชาติพันธุ์ที่พูดภาษามอญ-เขมรกับภาษาไทยได้ถูกระบุในหลักฐานทางประวัติศาสตร์หลายครั้งหลายครา เช่น คำานานเชียงใหม่ปางเดิม ได้กล่าวถึงชาวละว้าและชาวมอญว่าเป็นชนพื้นเมืองเดิมที่เคยอาศัยอยู่บริเวณแอ่งที่ราบเชียงใหม่-ลำพูน

มาแต่สมัยก่อนประวัติศาสตร์ ก่อนที่ชาวไทจะอพยพลงมาจากบริเวณตอนใต้ของประเทศจีนในพุทธศตวรรษที่ 18 (23) เมื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างชาวละว้ากับกลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย โดยนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรแต่ละคู่ที่คำนวณได้จากวิธี pairwise difference มาสร้างแผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ระหว่างประชากรในรูปแบบ 2D multidimensional scaling (รูปที่ 4) พบว่าชาวละว้ายังคงมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกับกลุ่มชาติพันธุ์ที่พูดภาษามอญ-เขมร เช่น ชาวปะหล่อง ชาวว้า ชาวพม่า มากกว่าชาติพันธุ์ไท ซึ่งแสดงให้เห็นว่าชาวละว้าไม่ได้เกิดการผสมผสานทางพันธุกรรมกับกลุ่มชาวไทยแม้ว่าจะอาศัยอยู่ร่วมกันในแอ่งที่ราบเชียงใหม่-ลำพูนเป็นระยะเวลาช่วงหนึ่ง (24)



รูปที่ 4. แผนภูมิ 2D multidimensional scaling แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (สีดำ-ประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร, สีขาว-ประชากรที่พูดภาษาไทย)

อย่างไรก็ตามการศึกษาในครั้งนี้เป็นการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมโดยอาศัยข้อมูลจากดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียซึ่งมีการถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิงเท่านั้น อีกทั้งลักษณะการถ่ายทอดของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียยังได้รับผลจากการผกผันทางพันธุกรรมแบบสุ่ม (random genetic drift) ค่อนข้างมาก เช่น ในกรณีที่ผู้หญิงไม่แต่งงาน หรือไม่มีลูกสาว เชื้อสายของไมโทคอนเดรีย นั้นก็จะหายไปจากประชากร ดังนั้นหากมีการศึกษาโดยใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดอื่นเช่น ดีเอ็นเอของโครโมโซมวาย หรือออโตโซม จะทำให้สามารถระบุข้อมูลความสัมพันธ์ของประชากรที่ชัดเจนมากยิ่งขึ้น การศึกษาพลวัตของกลุ่มชาติพันธุ์โบราณดังเช่นที่ศึกษาในชาวละว้า นั้นนอกจากจะทำให้ทราบถึงปัจจัยต่างๆ ที่ก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างของกลุ่มชาติพันธุ์แล้ว หากมีข้อมูลทางพันธุกรรมที่สมบูรณ์มากขึ้นจะสามารถตอบคำถามเกี่ยวกับบรรพชนและประวัติศาสตร์การอพยพของคนไทยที่ปัจจุบันยังไม่สามารถหาข้อยุติได้อีกด้วย

4. สรุป

การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของชาวละว้าในจังหวัดเชียงใหม่และแม่ฮ่องสอนจำนวน 3 หมู่บ้านโดยวิเคราะห์ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณที่มีความหลากหลายสูง I พบว่าชาวละว้าเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง ซึ่งเกิดจากการเป็นกลุ่มชาติพันธุ์โบราณประกอบกับลักษณะวัฒนธรรมที่ผู้หญิงจะย้ายเข้าบ้านฝ่ายชายหลังการแต่งงาน โครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวละว้าที่ศึกษามีลักษณะที่แตกต่างกัน โดยเฉพาะชาวละว้าบ้านป่าแป๋ ตำบลป่าแป๋ อำเภอแม่สะเรียง จังหวัดแม่ฮ่องสอน ซึ่งได้รับผลกระทบจากผู้ก่อตั้ง และส่งผลให้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างชาวละว้าทั้ง 3 หมู่บ้านที่ศึกษาไม่สอดคล้องกับความใกล้ชิดกันทางภาษาของชาวละว้า

5. กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณอาสาสมัครชาวละว้าบ้านป่าแป๋ ตำบลป่าแป๋ อำเภอแม่สะเรียง จังหวัดแม่ฮ่องสอน ผู้เข้าร่วมโครงการวิจัยทุกท่าน ที่สละเวลาในการให้สัมภาษณ์ และเก็บตัวอย่างเลือด ขอขอบคุณรองศาสตราจารย์ ดร.ดาวรุ่ง กังวานพงศ์ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุภาพร นาคบัลลังก์ ภาควิชาสังคมวิทยาและมานุษยวิทยา คณะสังคมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ที่กรุณาให้ข้อมูล คำปรึกษา และช่วยเหลือให้งานวิจัยนี้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจากทุนพัฒนานักวิจัยรุ่นใหม่ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ประจำปี พ.ศ. 2552

6. เอกสารอ้างอิง

- (1) Tin Rattikanok, Lua (Lawa) Bo Luang. History and Anthropology research, Department of History, Faculty of Humanity, Chiang Mai University: Chiang Mai; 1969. Thai.
- (2) Schliesinger J. Ethnic groups of Thailand: Non-Tai-speaking peoples. White Lotus Press, Bangkok; 2000.
- (3) Nahhas R. Sociolinguistic survey of Lawa in Thailand. Research project, Department of Linguistics, Faculty of Humanities, Payap University: Chiang Mai; 2007.
- (4) Gordon G. Ethnologue: Languages of the World, Fifteenth edition. Tex SIL International: Dallas; 2005.
- (5) Wibhu K, Daorong K. Genetic structure of the ethnic populations Lua and H'tin in Northern Thailand. Thai Journal of Genetics. 2010;3(2): 160-71. Thai.
- (6) Nattawee T, Suriya R. Lawa ethnic bibliography. Research institute for languages and cultures, Mahidol University: Bangkok; 1996. Thai.

- (7) Maruyama S, Minaguchi K, Saitou N. Sequence polymorphisms of the mitochondrial DNA control region and phylogenetic analysis of mtDNA lineages in the Japanese population. *Int. J. Legal Med.* 2003;117: 218-25.
- (8) Tajima A, Sun C, Pan I, Ishida T, Saitou N, Horai S. Mitochondrial DNA polymorphisms in nine aboriginal groups of Taiwan: implications for the population history of aboriginal Taiwanese. *Hum. Genet.* 2003;113: 24-33.
- (9) Seielstad M, Bekele E, Ibrahim M, Toure A, Traore M. A view of modern human origins from Y chromosome microsatellite variation. *Genome Res.* 1999;9: 558-67.
- (10) Schurr G, Starikovskaya I, Sukernik B, Wallace C. Mitochondrial DNA variation in Koryak and I'tel man population replacement in the OKHOTSK sea-Bering sea region during the Neolithic. *Am. J. Phy. Ant.* 1999;108(1): 1-39.
- (11) Kampuansai J, Bertoele G, Castri L, Nakbunluang S, Seielsted M, Kangwanpong K. Mitochondrial DNA Variation of Tai Speaking People in Northern Thailand. *ScienceAsia.* 2007;33: 443-48.
- (12) Andrew M, Kubacka I, Chinnery F, Lightowlers N, Turnbull M, Howell N. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetic.* 1999;23: 147.
- (13) Librado P, Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics.* 2009;25: 1451-52.
- (14) Excoffier L, Lischer L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Eco. Res.* 2010;10: 564-7.
- (15) Kutanan W, Kampuansai J, Fuselli S, Nakbunlung S, Seielstad M, Bertorelle G, Kangwanpong D. Genetic structure of the Mon-Khmer speaking groups and their affinity to the neighbouring Tai populations in Northern Thailand. *BMC Genet.* 2011;12: 56.
- (16) Qian P, Chu T, Dai Q, Wie D, Chu Y, Tajima A, Horai S. Mitochondrial DNA polymorphism in Yunnan nationalities in China. *J. Hum. Genet.* 2001;46: 211-20.
- (17) Yao G, Zhang P. Phylogenetic analysis of mtDNA variation in four ethnic population from Yunnan province: new data and a reappraisal. *Hum. Genet.* 2002;47: 311-31.
- (18) Excoffier L, Smouse P, Wuatro J. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics.* 1992;131: 479-91.
- (19) Harpending C. Signature of ancient population growth in a low resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Hum. Biol.* 1994;66: 591-600.
- (20) Fu X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics.* 1997;147: 915-25.
- (21) Mantel N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res.* 1967;27: 209-20.
- (22) Jobling A, Hurles E, Tyler-Smith C. *Human evolutionary Genetics.* Garland Science: India; 2004.
- (23) Penth H. *A brief history of Lanna: civilizations of North Thailand.* Silkworm Books: Chiang Mai; 2000.
- (24) Kritsana C. *Relationship between Lua and Chiang Mai royals.* Center for community research and development, Payap University: Chiang Mai; 1988. Thai.