

## บทที่ 5

### อภิปรายผลการวิจัย

กะเหรี่ยงเป็นชาวไทยภูเขาในกลุ่มใหญ่ แยกตามลักษณะความเชื่อและประเพณีบางอย่างที่ยึดถือ โดยเฉพาะกลุ่มใต้ 2 กลุ่มย่อยคือ กะเหรี่ยงโป และกะเหรี่ยงสะกอ ทั้งสองกลุ่มนี้จะไม่มีการแต่งงานข้ามระหว่างกลุ่มแม้ว่าจะยึดถือจารีตประเพณีที่ฝ่ายชายหลังแต่งงานจะย้ายไปอยู่บ้านฝ่ายหญิงเหมือนกันก็ตาม ทำให้ดูเหมือนทั้งสองกลุ่มจะเป็นคนละกลุ่มแต่ในภาพรวมแล้วถือว่าเป็นประชากรกลุ่มเดียวกัน สำหรับประชากรชาวไทยภูเขาเผ่ากะเหรี่ยงหมู่บ้านสวรรค์น้อยที่ศึกษานี้เป็นกลุ่มกะเหรี่ยงสะกอ ส่วนม้งนั้นในทางสังคมศาสตร์แบ่งตามประเพณีที่ยึดถือเฉพาะกลุ่มออกเป็นกลุ่มย่อยได้ 2 กลุ่มเช่นกันคือ ม้งขาว และม้งดำหรือม้งน้ำเงิน แต่ทั้งสองกลุ่มนี้จะมีการแต่งงานข้ามกลุ่มกันได้โดยอิสระตามจารีตประเพณีที่หญิงซึ่งแต่งงานแล้วจะต้องย้ายไปอยู่บ้านฝ่ายชาย ในการศึกษาครั้งนี้หมู่บ้านม้งต่างๆที่มีการแยกเป็นสองกลุ่มอย่างชัดเจน คือหมู่บ้านผานกกกและหมู่บ้านปางลุงเป็นม้งขาว หมู่บ้านแม่จิมและหมู่บ้านคอยปุยเป็นกลุ่มม้งดำ แต่เนื่องจากตัวอย่างเลือกจากหมู่บ้านคอยปุยมีเพียง 2 ตัวอย่าง ทำให้ไม่สามารถสรุปอะไรได้มากนัก ในการอภิปรายผลครั้งนี้จึงไม่นำเอาหมู่บ้านคอยปุยมาร่วมด้วย แต่จะมุ่งความสนใจไปที่ 3 หมู่บ้านที่เหลือ และในภาพรวมของงานวิจัยจะพิจารณาข้อมูลที่แสดงลักษณะของกลุ่มประชากรย่อยในเผ่าม้งเป็นเรื่องรอง การศึกษาครั้งนี้ประเด็นหลักว่าม้งทั้ง 2 กลุ่มนี้เป็นประชากรเผ่าพันธุ์เดียวกันและนำมาเปรียบเทียบกับชาวไทยภูเขาเผ่ากะเหรี่ยง จึงมีความน่าสนใจยิ่งหากจะได้ทำการศึกษาในรายละเอียดของกลุ่มประชากรย่อยต่อไปในอนาคต

จากตารางที่ 1 ตำแหน่ง DYS19 ในประชากรชาวไทยภูเขาเผ่ากะเหรี่ยงมีอัลลีลที่พบน้อยที่สุดขนาด 194 คู่เบสในขณะที่เผ่าม้งพบขนาด 198 คู่เบสย่อยที่สุด ในตำแหน่งนี้ Lin *et al.*(1995) ได้อ้างถึงงานของ Gomolka และคณะในปี 1994 ว่า แบบแผนการกระจายความถี่อัลลีลของประชากรในแถบเอเชียกลางจนถึงประเทศไทยจะมีอัลลีลขนาด 194 คู่เบสเป็นอัลลีลที่พบน้อย ซึ่งสอดคล้องกับประวัติการตั้งถิ่นฐานเดิมของเผ่ากะเหรี่ยง นอกจากนี้จากการศึกษาของ Lin *et al.*(1995) เองซึ่งศึกษาอัลลีลในตำแหน่ง DYS19 ในชาวจีน 3 กลุ่ม คือ Tainan Nantou และ Haulien พบว่ากลุ่ม Tainan และ Nantou มีอัลลีลที่พบน้อยขนาด 202 คู่เบส ส่วน Haulien มีอัลลีลที่พบน้อยขนาด 198 คู่เบสคล้ายกับในชาวเผ่าม้งที่ศึกษานี้ เมื่อพิจารณาดังเดิมของชาวเขาเผ่าม้งพบว่ามาจากทางประเทศจีนจึงอาจเป็นไปได้ว่ามีความใกล้ชิดกับชาวจีนกลุ่ม Haulien ก็เป็นไปได้ ซึ่งน่าจะได้มีการศึกษาในรายละเอียดต่อไปทั้งทางสังคมวิทยา ประวัติศาสตร์และมานุษยวิทยา

ที่ตำแหน่ง DYS389 นี้จะต่างจากตำแหน่งอื่นโดยทั่วไปคือ เมื่อเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย primer DYS389.1 และ DYS389.2 แล้วจะได้ผลผลิต PCR 2 ขนาด คือ ขนาดประมาณ 245 ถึง 261 คู่เบสกับขนาดประมาณ 361 ถึง 381 คู่เบส เนื่องจากดีเอ็นเอบริเวณที่เป็นแม่แบบจะมีตำแหน่งให้ primer DYS389.1 จับกับดีเอ็นเอแม่แบบ 1 ตำแหน่งแต่มีตำแหน่งให้ primer DYS389.2 จับกับดีเอ็นเอแม่แบบได้ 2 ตำแหน่งขณะเกิดปฏิกิริยา polymerase chain reaction ขึ้น primer annealing นั้นเอง (Cooper *et al.*, 1996 ; Perez-Lezaun *et al.*, 1997b) Perez-Lezaun *et al.* (1999) อธิบายว่าเนื่องจากชิ้นส่วนดีเอ็นเอทั้งสองขนาดเกิดการกลายพันธุ์อย่างไม่เป็นอิสระต่อกัน นั่นคือชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาดใหญ่(361-381 คู่เบส) จะเกิดการแปรผันได้เป็นผลจากชิ้นส่วนดีเอ็นเอขนาดเล็ก (245-261 คู่เบส) ที่แทรกอยู่ด้าน

ในการพิจารณาที่ตำแหน่งนี้จึงพิจารณาเฉพาะชิ้นส่วนขนาดเล็ก สำหรับในการศึกษาครั้งนี้สามารถทำการเพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอเป้าหมายได้ชัดเจนเฉพาะขนาดเล็กเท่านั้น กล่าวคือดีเอ็นเอเป้าหมายขนาดใหญ่สามารถตรวจพบเมื่อใช้ agarose gel electrophoresis แต่เมื่อนำมาตรวจสอบด้วย polyacrylamide gel electrophoresis จะเห็นดีเอ็นเอเป็นปื้น (smear) ปรากฏอยู่ในช่วง 339 ถึง 448 คู่เบส (ดังรูปที่ 1 ข) การบันทึกความถี่จึงนับเฉพาะอัลลีลขนาดเล็กเท่านั้น Kayser *et al.*(1997) กล่าวถึงการติดต่อส่วนตัวกับ Honda ว่าในตำแหน่งนี้เป็นตำแหน่งที่ทำการเพิ่มปริมาณยาก ประสบความสำเร็จได้เพียงร้อยละ 54.1 และมักจะเป็นของอัลลีลที่มีขนาดเล็กเท่านั้น ในขณะที่ตำแหน่ง DYS19 จะประสบความสำเร็จถึงร้อยละ 95.8 ของตัวอย่างดีเอ็นเอที่สกัดได้

ในการศึกษาที่ตำแหน่ง DYS389 เป็นตำแหน่งเดียวที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมของ 2 เผ่าต่างกันค่อนข้างมาก การกระจายของไมโครแซทเทลไลท์อัลลีลในเผ่ากะเหรี่ยงจะพบถึง 4 อัลลีล แต่เผ่าม้งพบเพียง 2 อัลลีล แม้ว่าจะมีอัลลีลที่พบบ่อยที่สุดขนาด 249 คู่เบสเช่นเดียวกันก็ตาม เมื่อพิจารณาในตารางที่ 2 ซึ่งแยกชาวไทยภูเขาเผ่าม้งแต่ละหมู่บ้านพบว่า ที่ตำแหน่งนี้ในม้งบ้านปางลุงและบ้านผานกกกจะมีอัลลีลขนาด 249 คู่เบสทุกคน (ในบ้านม้งคอยปุยพบอัลลีลขนาด 249 คู่เบสเช่นกันแต่มีจำนวนตัวอย่างน้อยเกินไป) ส่วนที่หมู่บ้านม้งแม่จิมิสดส่วนของอัลลีลขนาด 249 และ 253 คู่เบสเท่ากัน เมื่อพิจารณาจากทำเลที่ตั้งของหมู่บ้านทั้งสาม (ไม่นับม้งคอยปุย) แม้ว่าจะอยู่ในเขตตำบลโป่งแยงด้วยกัน แต่ก็ค่อนข้างจะอยู่ไกลกัน จึงคาดว่า ชาวม้งกลุ่มบ้านปางลุงและบ้านผานกกกจะมีความใกล้ชิดกันมากกว่ากลุ่มบ้านม้งแม่จิมิ ถ้าดูร่วมกับตำแหน่ง DYS19 ซึ่งมีอัลลีลที่ต่างกันปรากฏอยู่ คือกลุ่มบ้านม้งปางลุงและบ้านม้งผานกกกจะมีอัลลีลขนาด 202 และ 206 คู่เบส แต่กลุ่มบ้านม้งแม่จิมิไม่พบเลยก็จะเพิ่มหลักฐานความห่างไกลของกลุ่มบ้านแม่จิมิได้ชัดเจนขึ้นอีก ซึ่งสอดคล้องกับประวัติหมู่บ้านว่าประชากรบ้านปางลุงบางส่วนอพยพมาจากหมู่บ้านผานกกก

ที่ตำแหน่ง DYS393 ในชาวเขาเผ่าม้งทุกหมู่บ้านจะมีอัลลีลขนาด 120 คู่เบสกระจายอยู่ด้วยความถี่รวมเท่ากับอัลลีลขนาด 132 คู่เบส คาดว่าเป็นอัลลีลที่พบได้ทั่วไปในเผ่าม้ง เมื่อดูจากตารางที่ 2 ตำแหน่ง DYS393 นี้ชาวหมู่บ้านผานกกกจะมีความถี่ของอัลลีลขนาด 120 คู่เบสต่างจากม้งบ้านปางลุงอย่างชัดเจนแสดงว่าม้ง 2 หมู่บ้านนี้มีความต่างกัน ทั้งนี้เนื่องจากม้งบ้านปางลุงเป็นประชากรที่อพยพมาจากหลายหมู่บ้านแล้วมาตั้งหมู่บ้านอยู่ร่วมกัน

ในเผ่ากะเหรี่ยงหมู่บ้านแม่สวรรค์น้อยจะมีอัลลีลที่น่าสนใจคืออัลลีลขนาด 261 คู่เบสที่ตำแหน่ง DYS389 และอัลลีลขนาด 132 คู่เบส ที่ตำแหน่ง DYS393 ซึ่งปรากฏด้วยความถี่ 0.0476 เท่ากันคือพบในชายกะเหรี่ยงอัลลีลละ 1 คนเท่านั้น (ตารางที่ 1) ต่างจากอัลลีลอื่นๆโดยทั่วไป และเมื่อพิจารณาในลักษณะของแฮปโลไทป์ชายสองคนนี้จะมีแฮปโลไทป์ซึ่งต่างจากชายคนอื่นในหมู่บ้านไป (แบบที่ 13 และ 14 ในตารางที่ 3) คาดว่าอัลลีลดังกล่าวเกิดขึ้นจากการกลายพันธุ์ (mutation) แล้วถ่ายทอดมาในประชากรในเวลาใกล้เคียงปัจจุบันมากที่สุด

จากตารางที่ 2 เมื่อดูการกระจายของอัลลีลของเผ่าม้งในแต่ละหมู่บ้านแล้วพิจารณากลุ่มประชากรย่อย (กลุ่มม้งคำและม้งขาว) จะเห็นว่ามีการกระจายของอัลลีลแตกต่างกันในสองกลุ่มโดยเฉพาะที่ตำแหน่ง DYS19 และ DYS389 แสดงว่าประชากรกลุ่มใหญ่ที่ศึกษามีความแตกต่างของประชากรกลุ่มย่อย (subpopulation) เกิดขึ้นอยู่ภายใน

ชาวเมืองบ้านคอกปุยซึ่งกลุ่มตัวอย่างได้เพียง 2 ตัวอย่าง เมื่อดูความถี่ในตำแหน่งต่างๆที่ศึกษาจะเห็นได้ชัดเจนว่าข้อมูลที่ได้ในทุกตำแหน่งจะอยู่ในกลุ่มของอัลลีลที่มีความถี่สูงมากหรือสูงที่สุดในเผ่าม้ง จึงกล่าวได้ว่าอัลลีลขนาดดังกล่าวเป็นอัลลีลที่พบทั่วไปในกลุ่มม้ง (common allele)

จำนวนแฮปโลไทป์ระหว่างหมู่บ้านกะเหรี่ยง 1 หมู่บ้านกับหมู่บ้านม้ง 4 หมู่บ้านมี 11 แบบเท่ากัน แต่มีแฮปโลไทป์ที่พบบ่อยต่างกันคือ แบบ 194-249-120 จะพบบ่อยที่สุดในเผ่ากะเหรี่ยงแต่แบบ 198-249-132 จะพบบ่อยที่สุดในเผ่าม้ง คาดว่าเป็นแฮปโลไทป์ที่พบได้ทั่วไปในกลุ่มประชากรทั้งสอง (common haplotype) ซึ่งเป็นข้อยืนยันได้ประการหนึ่งว่าชาวไทยภูเขาทั้งสองเผ่ามีความแตกต่างกัน เมื่อพิจารณาชาย 14 คนที่อพยพโยกย้ายเข้ามาในหมู่บ้านแม่สวรรค์น้อยเนื่องจากจารีตประเพณีที่เมื่อชายกะเหรี่ยงแต่งงานแล้วต้องย้ายเข้ามาอยู่ในหมู่บ้านฝ่ายหญิง เป็นการนำเอาแฮปโลไทป์จากภายนอกหมู่บ้านเข้ามา พบว่ามีแฮปโลไทป์ของชายแต่ละคนเข้ามาซึ่งแบบ 194-249-120 พบถึง 8 คน โดยชายทั้งแปดคนนี้มีมาจากต่างหมู่บ้านกัน แสดงว่าแฮปโลไทป์ดังกล่าวเป็นแฮปโลไทป์บรรพบุรุษ (ancestral haplotype)

จากจำนวนของแฮปโลไทป์แบบต่างๆของกะเหรี่ยงนี้เป็นที่น่าสังเกตว่าชาวกะเหรี่ยงแม่สวรรค์น้อย มีแฮปโลไทป์ถึง 7 แบบที่พบเฉพาะบุคคลจาก 11 แบบทั้งหมดที่ปรากฏอยู่ แสดงว่าการใช้ไมโครแซทเทลไลต์ในโครโมโซม Y เพียง 3 ตำแหน่งก็สามารถแยกแยะชายแต่ละคนในกลุ่มประชากรที่มีขนาดไม่ใหญ่มากได้

ต่างกับเผ่าม้งซึ่งแฮปโลไทป์แต่ละแบบที่ปรากฏมักมีความถี่สูง (แต่ละคนมีแฮปโลไทป์ซ้ำกัน) เนื่องจากไม่มีการย้ายเข้ามาของผู้ชาย (โครโมโซม Y) จากหมู่บ้านอื่น เป็นไปได้ว่าในเผ่าม้งอาจจะมีแฮปโลไทป์บรรพบุรุษได้มากกว่า 1 แบบ เมื่อพิจารณารูปแบบของแฮปโลไทป์และความถี่ที่ปรากฏ อธิบายได้ว่าน่าจะเกิดเนื่องจาก founder effect กล่าวคือชาวเขาเผ่าม้งกลุ่มแรกที่อพยพเข้ามาตั้งหมู่บ้านที่เก็บตัวอย่างนั้น มีบางแฮปโลไทป์เท่านั้นอยู่ในโครโมโซม Y เมื่อมีการเพิ่มขนาดประชากรมากขึ้นโดยมีการอพยพของประเพณีที่ยึดถืออย่างเคร่งครัดภายในเผ่า คือหลังการแต่งงานฝ่ายหญิงจะย้ายไปอยู่หมู่บ้านของฝ่ายชาย แม้จะอยู่ต่างหมู่บ้านก็ตาม ประเพณีดังกล่าวนี้เองเป็นปัจจัยที่มีบทบาทควบคุมที่สำคัญทำให้ไม่มีการรับเอาแฮปโลไทป์ในโครโมโซม Y จากหมู่บ้านอื่นเข้าสู่หมู่บ้านตน ลูกหลาน (เพศชาย) จึงมีการสืบทอดแฮปโลไทป์ในโครโมโซม Y มาจากบรรพบุรุษกลุ่มแรกเท่านั้น และเมื่อสมมุติว่าผู้ชายทุกคนในกลุ่มแรกมีอายุและมีความสามารถในการสืบทอดโครโมโซม Y เท่ากันก็น่าจะมีความถี่แฮปโลไทป์ใกล้เคียงกับที่ปรากฏในปัจจุบัน ปรากฏการณ์ founder effect สามารถนำมาใช้อธิบายสิ่งที่เกิดขึ้นในเผ่าม้ง เพราะแม้ว่าไมโครแซทเทลไลต์จะมีความผันแปรเกิดขึ้นเนื่องจากหน่วยซ้ำเพิ่มหรือหายไปทีละหน่วยซ้ำดังที่อธิบายด้วยโมเดล stepwise mutation โดย Kimura and Ohta (1978) ซึ่งจะทำให้ขนาดของดีเอ็นเอที่เป็นไมโครแซทเทลไลต์ในตำแหน่งเดียวกันมีได้หลายแบบก็ตาม แต่โอกาสที่จะเกิดขึ้นมีได้น้อย ต้องใช้ระยะเวลาานเมื่อเทียบกับการตั้งหมู่บ้านของชาวเขาที่ศึกษา Kayser *et al.* (1997) รายงานว่าในตำแหน่ง DYS19 มีอัตราการกลายพันธุ์ 0.0032 ส่วนตำแหน่ง DYS389 และ DYS393 ยังไม่มีรายงาน เนื่องจากยังมีข้อมูลการศึกษาน้อย

เมื่อพิจารณาการกระจายของไมโครแซทเทลไลต์อัลลีลในแต่ละตำแหน่งด้วย contingency  $\chi^2$  test พบว่าทั้ง 3 ตำแหน่งแสดงความแตกต่างระหว่างประชากรอย่างมีนัยสำคัญ กล่าวคือที่ตำแหน่ง DYS19 มี  $\chi^2 = 14.846$ ,  $P <$

0.01,  $df = 4$  ที่ตำแหน่ง DYS389 มี  $\chi^2 = 8.036$ ,  $P < 0.05$   $df = 3$  และที่ตำแหน่ง DYS393 มี  $\chi^2 = 8.383$ ,  $P < 0.05$   $df = 3$  เช่นเดียวกับไมโครแซทเทลไลท์แฮปโลไทป์ที่รวบรวมขึ้น ( $\chi^2 = 31.321$ ,  $P < 0.025$ ,  $df = 17$ )

จากตารางที่ 4 จะเห็นว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของทั้ง 2 เผ่าไม่แสดงความแตกต่างกันอย่างชัดเจน ยกเว้นที่ตำแหน่ง DYS389 เพราะชาวกะเหรี่ยงมีประเพณีที่ถือต่อการเคลื่อนย้ายโครโมโซม Y แม้ว่ามั้งจะไม่มีประเพณีในลักษณะดังกล่าว แต่กลุ่มที่ศึกษานี้มีประชากรกลุ่มย่อยถึง 4 หมู่บ้านและมีจำนวนมากกว่าจึงทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีค่าใกล้เคียงกัน เมื่อคำนวณระยะห่างทางพันธุกรรมในประชากรด้วยไมโครแซทเทลไลท์แต่ละตำแหน่ง หรือจากทุกตำแหน่งรวมกัน พบว่าจะมีค่าน้อยกว่าระยะห่างทางพันธุกรรมจากแฮปโลไทป์ถึง 9 เท่า แสดงว่าแฮปโลไทป์สามารถบ่งบอกระยะห่างระหว่างประชากรได้ดีกว่าการพิจารณาที่แต่ละตำแหน่ง ไม่ว่าจะนำค่าจากทุกตำแหน่งมารวมกันแล้วก็ตาม เพราะไมโครแซทเทลไลท์บนโครโมโซมนี้มีการถ่ายทอดในลักษณะของแฮปโลไทป์

จะเห็นได้ว่าการวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลท์ของโครโมโซม Y ในลักษณะแฮปโลไทป์นั้น สามารถจะบ่งบอกโครงสร้างทางพันธุกรรมและใช้หาความสัมพันธ์ของประชากรกลุ่มต่างๆได้ในระดับหนึ่ง ซึ่งการเลือกใช้ไมโครแซทเทลไลท์นั้นนับว่ามีความสำคัญยิ่ง เพราะเมื่อใช้ไมโครแซทเทลไลท์หลายๆตำแหน่งจะมีศักยภาพที่จะแยกแต่ละคนได้ดี แต่จะทำให้ประสิทธิภาพในการวิเคราะห์ระดับประชากรลดลงทั้งนี้ขึ้นอยู่กับจำนวนอัลลีลในแต่ละตำแหน่ง (polymorphism) ด้วย