



ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย: เครื่องมือติดตามประวัติการสืบเชื้อสายประชากร

Mitochondrial DNA: The Tracking Tool to Investigate Population Genetic History

วิภู กุตะนันท์¹

บทคัดย่อ

ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่นิยมใช้เพื่อการศึกษาวิวัฒนาการ การอพยพ และประวัติการสืบเชื้อสายประชากร เนื่องจากมีคุณสมบัติที่เหมาะสมหลายประการ กล่าวคือมีรูปแบบการถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิง ไม่เกิดรีคอมบิเนชัน และมีอัตราการกลายพันธุ์สูง บทความนี้จะกล่าวถึงวิธีการศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย และงานวิจัยที่เคยศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเพื่อตอบคำถามเกี่ยวกับโครงสร้างทางพันธุกรรม และประวัติการสืบเชื้อสายประชากรในประเทศไทย เป็นระยะกว่าสิบปีที่มีการศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประเทศไทย โดยส่วนใหญ่จะจำกัดอยู่แต่ในพื้นที่ภาคเหนือ อย่างไรก็ตามจึงควรมีการแพร่ขยายการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียไปยังประชากรในภูมิภาคอื่น โดยเฉพาะภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ซึ่งมีความหลากหลายทางวัฒนธรรม ภาษา และกลุ่มชาติพันธุ์ นอกจากนี้การศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรโดยอาศัยเครื่องหมายพันธุกรรมชนิดอื่นที่มีรูปแบบการถ่ายทอดแตกต่างกัน เช่น ดีเอ็นเอบนออโตโซม หรือ โครโมโซมวาย จะทำให้ความเข้าใจประวัติการสืบเชื้อสายประชากรในประเทศไทยมีความสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

¹ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น อ.เมือง จ.ขอนแก่น 40002

ABSTRACT

As a result of several unique properties of human mitochondrial DNA, including maternal inheritance, lack of recombination and high mutation rate, mtDNA had become widely utilized for studying human evolution, migration and population history. Here this article reviews the approaches of studying mtDNA variation as well as earlier reports of mtDNA studies which answered the questions about genetic structure and human population history in Thailand. In the past decade, almost previous mtDNA studies in Thai populations had been pivoted in Northern Thailand, however, mtDNA examination should be extended to populations from the other regions of Thailand particularly in the Northeast which harbors cultural, linguistic and ethnic diversity. Moreover, other studies of population genetics using genetic markers with different modes of inheritance, like autosomal DNA and Y-chromosome, are needed to gain a deeper understanding genetic ancestry of various populations in Thailand.

คำสำคัญ: ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย โครงสร้างทางพันธุกรรม ความผันแปรทางพันธุกรรม ประวัติการสืบเชื้อสายของประชากร ประเทศไทย

Keywords: Mitochondrial DNA, Genetic structure, Genetic variation, Population history, Thailand

บทนำ

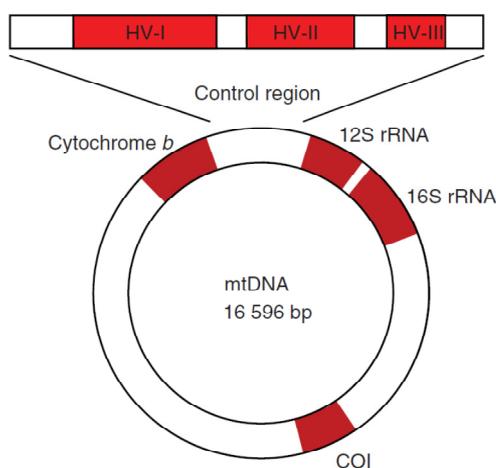
จากความสำเร็จของโครงการจีโนมมนุษย์ (human genome project) ในปี ค.ศ. 2001 พบว่าจีโนมมนุษย์มีขนาดประมาณ 3 พันล้านคู่เบส โดยส่วนใหญ่จะประกอบด้วยดีเอ็นเอในนิวเคลียส (nuclear DNA) และดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (mitochondrial DNA) ขนาด 16,569 คู่เบส (ตำแหน่งลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเริ่มตั้งแต่ 1 ถึง 16569) ตามลำดับเบสอ้างอิง (revised cambride reference sequence) (Andrews et al., 1999) ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียมีลักษณะเป็นวงกลมเกลียวคู่ ประกอบด้วยยีนทั้งสิ้น 37 ยีน ขนาดประมาณ 15,469 คู่เบส โดยเป็นยีนสำหรับสร้างทรานส์เฟอร์อาร์เอ็นเอ (tRNA) 22 ยีน ไรโบโซมอลอาร์เอ็นเอ (rRNA) 2 ยีน และโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับปฏิกิริยาการถ่ายทอดอิเล็กตรอน 13 ยีน

ส่วนที่เหลืออีกประมาณ 1,100 คู่เบส จะไม่ใช่ยีนทำหน้าที่เป็นบริเวณควบคุมการจำลองดีเอ็นเอ (control region) ซึ่งบริเวณนี้มีความผันแปรของลำดับเบสสูง (hypervariable region, HVR) แบ่งเป็น 3 ส่วน คือ HVR-1 (ตั้งแต่ลำดับเบสตำแหน่งที่ 16024-16383) HVR-2 (57-372) และ HVR-3 (438-574) (Greenberg et al., 1983; Lutz et al., 1997; Stoneking, 2000) ทำให้ถูกนำมาใช้เพื่อศึกษาวิวัฒนาการและความสัมพันธ์ทางเชื้อสายของประชากร (รูปที่ 1) นอกจากคุณสมบัติการมีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงเมื่อเทียบกับดีเอ็นเอในนิวเคลียส ซึ่งทำให้เกิดความผันแปรของลำดับเบสแล้ว ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียยังมีคุณสมบัติที่เหมาะสมอีกหลายประการ กล่าวคือ มีหลายโมเลกุลในหนึ่งเซลล์ (high copy number) มีรูปแบบการถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิง (maternal

inheritance) และไม่เกิดรีคอมบิเนชัน (lack of recombination) (Pakendorf and Stoneking, 2005) ดังนั้นดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียจึงเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่นิยมใช้ เพื่อการศึกษาด้านวิวัฒนาการ ความสัมพันธ์ทางเชื้อสาย และการอพยพของประชากร อย่างต่อเนื่องจากอดีตจนถึงปัจจุบัน

การศึกษาวิเคราะห์ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย

การศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเพื่อใช้ตอบคำถามเกี่ยวกับวิวัฒนาการ ความสัมพันธ์ทางเชื้อสาย และการอพยพของประชากร สามารถทำได้ 2 แบบ คือ การศึกษาแบบ lineage-based และ population-based



รูปที่ 1 ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (Goodwin et al., 2011)

การศึกษาแบบ lineage-based เป็นการศึกษความสัมพันธ์ทางเชื้อสายและวิวัฒนาการของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในแต่ละบุคคล ที่เรียกว่า แฮปโลกรุป (haplogroups) ซึ่งเป็นการจัดกลุ่มความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย โดยอาศัยความผันแปรทั้งในบริเวณที่มีความหลากหลายสูงและบริเวณในส่วนที่เป็นยีน แฮปโลกรุปของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียจะถูกเรียกแทนด้วยตัวอักษร A ถึง Z โดยทั้งหมดมีต้นกำเนิดมาจากแฮปโลกรุปหลัก L (macrohaplogroup L) หรือดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของอีฟ (mitochondrial Eve) ซึ่งถือกำเนิดขึ้นที่ทวีปแอฟริกา เมื่อประมาณ 190,000 ปีก่อน จากนั้นจึงมีวิวัฒนาการแตกแขนงออกมาเป็นแฮปโลกรุป L0 ถึง L6 ซึ่งจะพบเฉพาะทวีป

แอฟริกาเท่านั้น (Ingman et al., 2000; MacaMeyer et al., 2001; Soares et al., 2009) ส่วนแฮปโลกรุปที่พบในทวีปอื่นๆทั้งหมด ได้มีวิวัฒนาการมาจากแฮปโลกรุป L3 อีกทีหนึ่ง

แฮปโลกรุปจะมีการกระจายตัวที่แตกต่างกันในประชากรที่อาศัยอยู่ในภูมิภาคที่แตกต่างกันทั่วโลก (รูปที่ 2) ตัวอย่างเช่น แฮปโลกรุป M และ N ซึ่งวิวัฒนาการมาจากแฮปโลกรุป L3 เมื่อประมาณ 60,000 ปีที่ผ่านมา (Maca-Meyer et al. 2001; Tanaka et al., 2004; Soares et al., 2009) ซึ่งเป็นช่วงเวลาที่มีมนุษย์ปัจจุบัน (*Homo sapiens*) เริ่มอพยพออกจากแอฟริกาเข้าสู่ทวีปเอเชีย โดยได้พบแฮปโลกรุป

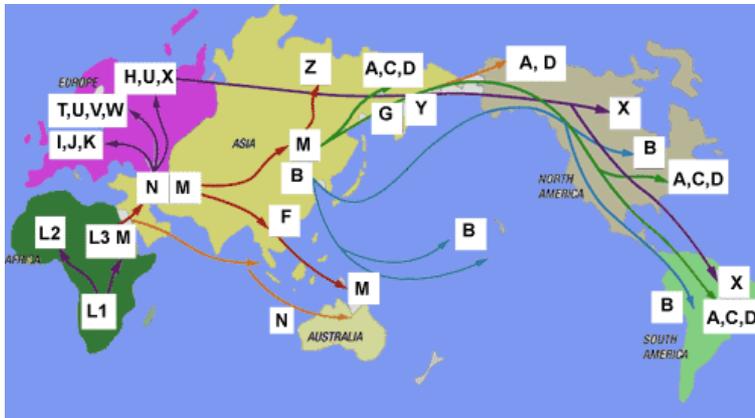
M และ N มากในประชากรชาวเอเชีย (Macaulay et al., 2005; Sun et al., 2006)

ตำแหน่งของลำดับเบสบนดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่เป็นตัวกำหนดแฮปโลกรุ๊ป M คือ 459 10400 14783 และ 15043 และแฮปโลกรุ๊ป N คือ 8701 9450 10398 10873 และ 15301 ในแฮปโลกรุ๊ป M และ N ยังประกอบด้วยแฮปโลกรุ๊ปย่อยอีกหลายกลุ่ม แฮปโลกรุ๊ปย่อยของ M เช่น M7 M8 M9 D และ G และ แฮปโลกรุ๊ปย่อยของ N เช่น B และ F ซึ่งมีความจำเพาะต่อประชากรชาวเอเชียตะวันออก (Kivisild et al., 2002; Kong et al., 2006; Tanaka et al., 2004; Hill et al., 2006) (รูปที่ 3) การศึกษาแบบ lineage-based ยังสามารถคำนวณเวลาการเกิดของแต่ละแฮปโลกรุ๊ปได้ เช่น แฮปโลกรุ๊ป B F M7 และ R เกิดขึ้นบริเวณตอนใต้ของประเทศจีน เมื่อประมาณ 50,000 ปีที่ผ่านมา (Li et al., 2007)

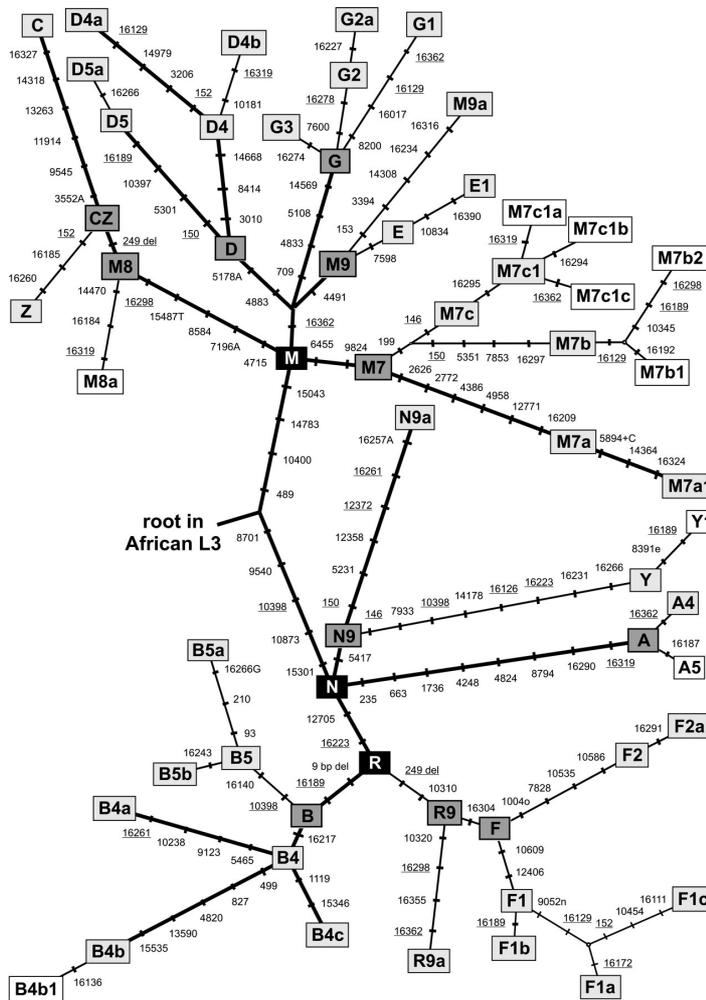
จากการที่แฮปโลกรุ๊ปมีความจำเพาะในแต่ละลักษณะภูมิประเทศ จึงทำให้เราสามารถติดตามการอพยพเคลื่อนย้ายของมนุษย์ปัจจุบันและใช้เป็นหลักฐานสำคัญเพื่อสนับสนุนทฤษฎีการอพยพออกจากแอฟริกาของมนุษย์ปัจจุบันได้ (Maca-Meyer et al., 2001) (รูปที่ 2) นอกจากนี้แฮปโลกรุ๊ปยังสามารถใช้ระบุการผสมผสานทางพันธุกรรมในประชากรที่มีเส้นทางการอพยพที่แน่นอน (Comas et al., 1998; Tolk et al., 2001) หรือในประชากรที่เกิดจากการผสมผสานระหว่างประชากรที่อาศัยอยู่ในลักษณะทางภูมิประเทศที่ต่างกัน (Alves-Silva et al., 2000;

Pereira et al., 2001) อย่างไรก็ตามการศึกษาแฮปโลกรุ๊ปอย่างเดียวยังมีข้อด้อยอยู่หลายประการ กล่าวคือ การศึกษาแฮปโลกรุ๊ปสามารถบอกได้เพียงประวัติศาสตร์และอายุของแฮปโลกรุ๊ปเท่านั้น แต่ไม่สามารถบอกข้อมูลทางประวัติศาสตร์และอายุของประชากรได้ เนื่องจากอายุของแฮปโลกรุ๊ปกับอายุของแต่ละประชากรไม่เท่ากัน ตัวอย่างเช่นดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของคนไทยที่อาศัยอยู่ในจังหวัดเชียงใหม่ พบแฮปโลกรุ๊ป B F M7 และ R เป็นส่วนใหญ่ (Zimmermann et al., 2009) ซึ่งแฮปโลกรุ๊ปดังกล่าวถือกำเนิดขึ้นเมื่อประมาณ 50,000 ปีที่ผ่านมา (Li et al., 2007) ดังนั้นจึงบอกได้เพียงแฮปโลกรุ๊ปของประชากรที่ศึกษาในจังหวัดเชียงใหม่ว่ามีอายุประมาณ 50,000 ปี แต่ไม่ได้บอกถึงการอพยพและความสัมพันธ์ทางเชื้อสายของประชากรชาวเชียงใหม่กับประชากรอื่น ดังนั้นจะต้องอาศัยวิธีการศึกษาอีกรูปแบบหนึ่ง คือแบบ population-based ควบคู่ไปด้วย (รูปที่ 4)

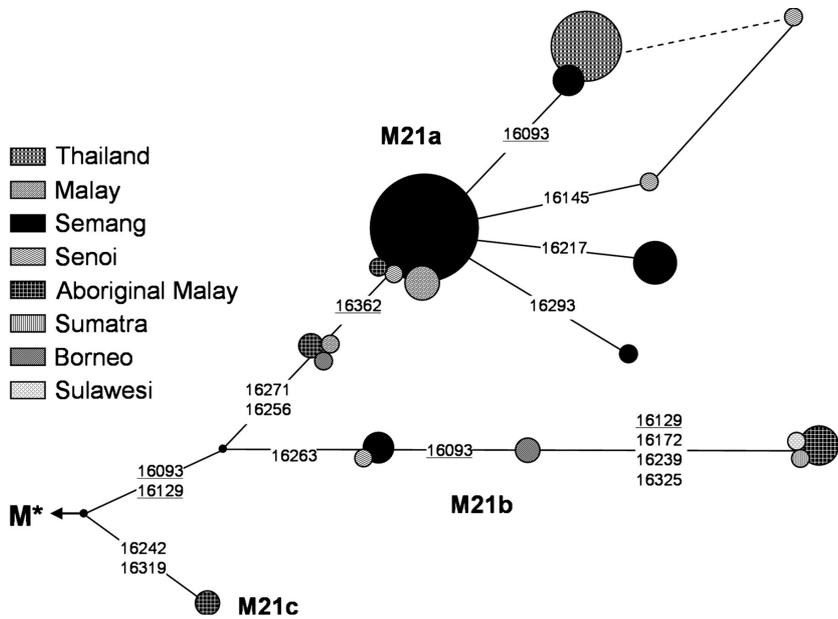
การศึกษาแบบ population-based จะเน้นถึงการศึกษาระบาดิการสืบเชื้อสาย ความสัมพันธ์ทางเชื้อสาย และการอพยพของประชากร โดยเน้นกลุ่มประชากรเป็นหน่วยสำคัญในการศึกษา และอาศัยการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยความรู้ทางพันธุศาสตร์ประชากร เช่นการคำนวณระยะห่างทางพันธุกรรม ที่สามารถแสดงผลในรูปของ multidimensional scaling plot (MDS) principle component analysis (PCA) หรือแผนภาพต้นไม้แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree)



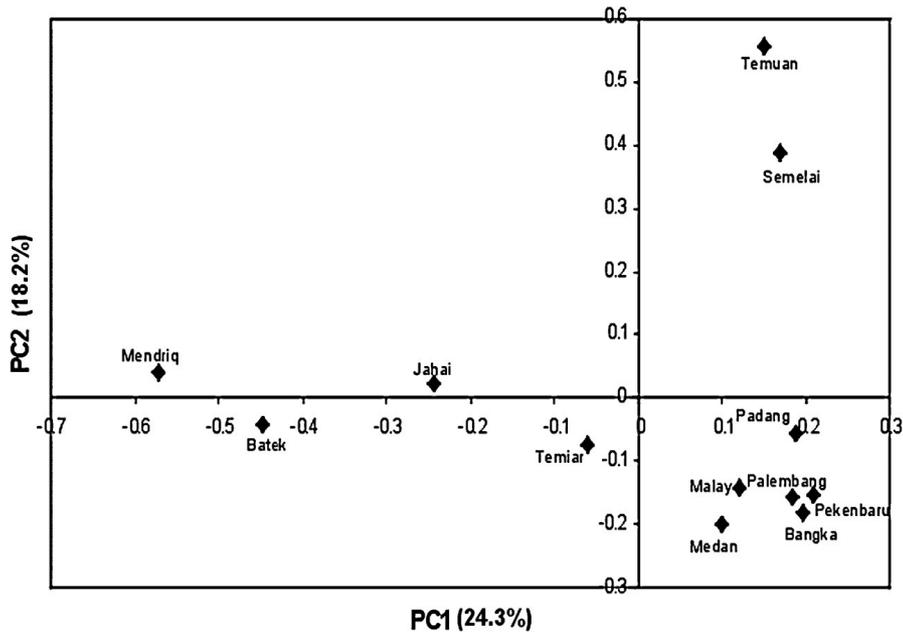
รูปที่ 2 การถือกำเนิดและบริเวณที่พบแฮปโลกรุปแต่ละชนิดของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (http://en.wikipedia.org/wiki/Human_mitochondrial_DNA_haplogroups)



รูปที่ 3 แฮปโลกรุปและตำแหน่งของความผันแปรบนดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่กำหนดแฮปโลกรุปแต่ละกลุ่ม (Kivisild et al., 2002)



รูปที่ 4a Reduced-median network ของแฮปโลกรุป M21 แสดงข้อมูลวิวัฒนาการของแฮปโลกรุป M21 แต่ไม่สามารถระบุข้อมูลความสัมพันธ์ระหว่างประชากร



รูปที่ 4b Principle component analysis สร้างจากค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (F_{st}) ที่คำนวณจากความถี่ของแฮปโลกรุป แสดงถึงความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างประชากร

รูปที่ 4 เปรียบเทียบการศึกษาแบบ lineage-based (รูปที่ 4a) และ population-based (รูปที่ 4b) ในประชากรชาวออร์IGIN ที่อาศัยในบริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (Hill et al., 2006)

การศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในกลุ่มชาติพันธุ์ของประเทศไทย

ประเทศไทยมีความหลากหลายของกลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่บนพื้นที่ราบและภูเขาสูง ทั้งทางภาษาและวัฒนธรรมเป็นจำนวนมาก โดยมีจำนวนกลุ่มชาติพันธุ์ทั้งหมดประมาณ 70 กลุ่ม และสามารถแบ่งเป็น 5 กลุ่มหลักตามตระกูลภาษา (language family) ที่ใช้สื่อสาร คือ ไท-กระได (Tai-Kadai) ออสโตร-เอเชียติก (Austro-Asiatic) ออสโตรนีเซียน (Austronesian) จีน-ทิเบต (Sino-Tibetan) และ ม้ง-เมี่ยน (Hmong-Mien) (Lewis, 2009)

การศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประเทศไทยเริ่มต้นจากการศึกษาในกลุ่มประชากรทั้งหมด 8 กลุ่มคือ ลีซู มูเซอ ผู้ไท ลาวซ่ง-ซอง ชาโกล ไทยขอนแก่น และไทยเชียงใหม่ (Fucharoen et al., 2001) หลังจากนั้นเพียงไม่นานนัก ข้อมูลที่น่าสนใจของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของชาวเขาที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย จำนวน 6 กลุ่ม คือ ลาฮู กระเหรี่ยงแดง กระเหรี่ยงขาว อาข่า และลีซู 2 กลุ่ม ได้ถูกเผยแพร่ในวารสาร Nature โดย Oota และคณะ (2001) จากผลงานการค้นพบความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรมในประชากรชาวเขาที่มีประเพณีการแต่งงานแตกต่างกัน (matrilocal และ patrilocality) จากนั้น ในปี ค.ศ. 2005 ผลงานอันน่าตื่นเต้นจากการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียโดย Oota และคณะ ได้รับการตีพิมพ์อีกครั้ง เมื่อพบว่าในประชากรชาวผีตองเหลือง จำนวน 58 คน มีรูปแบบของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเพียงแบบเดียว ซึ่งหมายถึงการสืบทอดดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียจากผู้หญิงเพียงคนเดียวในอดีต และบ่งบอกถึงผลกระทบจากผู้ก่อตั้ง (founder effect) และการผสมพันธุ์ในสายพันธุ์ (inbreeding) ในกลุ่มประชากรผีตองเหลือง

คำถามที่ว่าคนไทยทางภาคเหนือเป็นใคร มาจากไหน เป็นคำถามที่ได้รับการถกเถียงจากนักวิชาการหลากหลายสาขา อาทิเช่น นักประวัติศาสตร์ เชื่อว่าคนไทยทางภาคเหนืออพยพมาจากบริเวณตอนใต้ของประเทศจีน ขณะที่นักมานุษยวิทยากายภาพอาศัยหลักฐานจากโครงกระดูกมนุษย์แล้วกล่าวว่าคนไทยทางภาคเหนือเป็นกลุ่มประชากรดั้งเดิมที่พูดภาษาตระกูลออสโตร-เอเชียติก กลุ่มย่อย มอญ-เขมร แต่ต่อมาได้รับเอาวัฒนธรรมของผู้นำที่พูดภาษาตระกูลไท-กระได จากข้อถกเถียงดังกล่าว นักพันธุศาสตร์ประชากรได้พยายามตอบคำถามด้วยการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย พบว่าคนไทยภาคเหนือมีบรรพบุรุษเดียวกับประชากรที่พูดภาษาตระกูลไท-กระได จากทางตอนใต้ของประเทศจีน ซึ่งเป็นการยืนยันที่มาและการอพยพของคนไทยทางภาคเหนือว่าอพยพมาจากทางตอนใต้ของประเทศจีน (Kampuansai et al., 2007) นอกจากนี้ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียยังถูกใช้เป็นเครื่องมือของนักโบราณคดีในการสืบสาวถึงที่มาของโครงกระดูกมนุษย์ อายุประมาณ 3,000 ปี ที่ถูกขุดค้นพบในแหล่งโบราณคดีที่จังหวัดนครราชสีมา โดยโครงกระดูกทั้งสองน่าจะเป็นประชากรดั้งเดิมที่พูดภาษากลุ่มย่อย มอญ-เขมร ที่อาศัยอยู่ในบริเวณพื้นที่ดังกล่าวมากกว่า 3,000 ปีแล้ว (Lertrit et al., 2008)

เมื่อประมาณ 20 ปีที่ผ่านมา ในจังหวัดน่านมีเหตุการณ์ที่สร้างความสับสนให้แก่นักวิชาการอย่างมาก ก็คือการถือกำเนิดขึ้นของกลุ่มชาติพันธุ์ลัวะ ซึ่งเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ดั้งเดิมในภาคเหนือของประเทศไทย แต่ไม่เคยมีหลักฐานใดระบุว่าลัวะได้อพยพไปยังจังหวัดน่าน ผลจากการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียทำให้เราทราบว่าแท้จริงแล้ว “ลัวะเมื่อน่าน” ไม่ใช่ลัวะที่ได้รับการกล่าวถึงในประวัติศาสตร์ภาคเหนือของประเทศไทย แต่

น่าจะเป็นชาวถิ่นในจังหวัดน่านที่เรียกตนเองว่าลัวะ ด้วยเหตุผลทางการเมือง (วิภู และดาวรุ่ง, 2010)

นอกจากการใช้ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเป็นเครื่องมือเพื่อตอบปัญหาและสืบสาวที่มาและความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างกลุ่มชาติพันธุ์แล้ว ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียยังถูกใช้เพื่อศึกษาความสัมพันธ์กันระหว่างพันธุกรรมและภาษาพูด และ/หรือ พันธุกรรมและลักษณะภูมิประเทศอีกด้วย (Besaggio et al., 2007; Kampuansai et al., 2007; Kutanen et al., 2011a; Kutanen et al., 2011b)

จากอดีตจนถึงปัจจุบันการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย มีจำนวนทั้งหมด 28 ประชากร (ตารางที่ 1) งานวิจัยทุกเรื่องอาศัยรูปแบบของ population-based โดยศึกษาจากลำดับเบสบริเวณ HVR-1 มีเพียงงานวิจัยเดียวเท่านั้นในประชากรชาวเชียงใหม่ ที่มีการศึกษาความผันแปรในส่วนที่เป็นยีนและมีการจัดแฮปโลกรุป แต่วิธีการศึกษาก็ยังคงใช้วิธีแบบ population-based (Zimmermann et al., 2009) เช่นเดิม ดังนั้นในอนาคตจึงจำเป็นต้องมีการศึกษาแบบ lineage-based เพิ่มเติม เพื่อช่วยติดตามหา

ตารางที่ 1 แสดงข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ได้รับการตีพิมพ์ของประชากรที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย

ประชากร	ตระกูลภาษาพูด	ถิ่นที่อยู่	ที่มา
ลื้อ	จีน-ทิเบต	เชียงใหม่ เชียงราย แม่ฮ่องสอน	(Fucharoen et al., 2001; Oota et al., 2001; Besaggio et al., 2007)
มูเซอ หรือ ลาฮู	จีน-ทิเบต	เชียงใหม่ เชียงราย	(Fucharoen et al., 2001; Oota et al., 2001; Besaggio et al., 2007)
กะเหรี่ยง	จีน-ทิเบต	เชียงราย แม่ฮ่องสอน	(Oota et al., 2001; Besaggio et al., 2007)
อาข่า	จีน-ทิเบต	เชียงราย	(Oota et al., 2001; Besaggio et al., 2007)
ม้ง	ม้ง-เมี่ยน	เชียงใหม่	(Besaggio et al., 2007)
เมี่ยน	ม้ง-เมี่ยน	เชียงราย	(Besaggio et al., (2007)
ผู้ไท	ไท-กระได	มุกดาหาร	(Fucharoen et al., 2001)
ลาวซ่ง	ไท-กระได	สุพรรณบุรี	(Fucharoen et al., 2001)
ไทยขอนแก่น	ไท-กระได	ขอนแก่น	(Fucharoen et al., 2001)
ไทยเชียงใหม่	ไท-กระได	เชียงใหม่	(Fucharoen et al., 2001; Zimmermann et al., 2009)
ไทยภาคเหนือ	ไท-กระได	ภาคเหนือ	(Yao et al., 2002)
ไทยโคราช	ไท-กระได	นครราชสีมา	(Lertrit et al., 2008)
ไทลื้อ	ไท-กระได	เชียงราย เชียงใหม่ น่าน	(Kampuansai et al., 2007)
ไทยอง	ไท-กระได	ลำพูน	(Kampuansai et al., 2007)
ไทเขิน	ไท-กระได	เชียงใหม่	(Kampuansai et al., 2007)
ไทยวน	ไท-กระได	เชียงใหม่ ลำพูน สระบุรี	(Kampuansai et al., 2007)

ตารางที่ 1 แสดงข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ได้รับการตีพิมพ์ของประชากรที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย (ต่อ)

ประชากร	ตระกูลภาษาพูด	ถิ่นที่อยู่	ที่มา
ไทใหญ่	ไท-กระได	แม่ฮ่องสอน	(Kutanan et al., 2011c)
คนเมือง	ไท-กระได	เชียงราย เชียงใหม่ ลำพูน ลำปาง	(Kutanan et al., 2011a)
ซอง	ออสโตร-เอเชียติก	จันทบุรี	(Fucharoen et al., 2001)
ชาไก	ออสโตร-เอเชียติก	ตรัง	(Fucharoen et al., 2001)
ผิตองเหลือง	ออสโตร-เอเชียติก	ภาคเหนือ	(Oota et al., 2005)
ชาวบน	ออสโตร-เอเชียติก	นครราชสีมา	(Lertrit et al., 2008)
ละว้า หรือลัวะ	ออสโตร-เอเชียติก	แม่ฮ่องสอน เชียงใหม่	(Kutanan et al., 2011b)
ลัวะน่าน	ออสโตร-เอเชียติก	น่าน	(วิภู และดาวรุ่ง, 2010)
มอญ	ออสโตร-เอเชียติก	ลำพูน	(Kutanan et al., 2011b)
ปะหล่อง	ออสโตร-เอเชียติก	เชียงใหม่	(Kutanan et al., 2011b)
พม่า	ออสโตร-เอเชียติก	เชียงราย	(Kutanan et al., 2011b)
ถิ่น	ออสโตร-เอเชียติก	น่าน	(วิภู และดาวรุ่ง, 2010)

วิวัฒนาการของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรของประเทศไทย อย่างไรก็ตามควรพึงระลึกอยู่เสมอว่าดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียมีการถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายหญิงเพียงอย่างเดียว และเป็นเครื่องหมายพันธุกรรมเพียงตำแหน่งเดียว (a single locus) ที่สามารถเกิดการเปลี่ยนแปลงความถี่ขึ้นอย่างไม่เจาะจง (genetic drift) และถูกคัดเลือก (selection) ในประชากรได้ง่าย ดังนั้นจึงมีความจำเป็นต้องอาศัยเครื่องหมายพันธุกรรมรูปแบบอื่นที่มีการถ่ายทอดผ่านทางฝ่ายชาย (paternal inheritance) เช่น โครโมโซมวาย (Y chromosome) หรือดีเอ็นเอบนออโตโซม ที่ถ่ายทอดผ่านทั้งทางฝ่ายชายและหญิง (biparentally inherited) เพื่อให้การศึกษาประวัติการสืบเชื้อสายของประชากรในประเทศไทยที่มีความสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

บทสรุป

แม้ว่าข้อมูลการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรของประเทศไทย จะมีขึ้นเพื่อวัตถุประสงค์

ในงานวิจัยด้านพันธุศาสตร์ประชากรและโบราณคดี เป็นสำคัญ อย่างไรก็ตามข้อมูลของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ได้ยังสามารถนำไปเป็นฐานข้อมูลเพื่อประยุกต์ใช้ประโยชน์กับงานด้านนิติวิทยาศาสตร์ การศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ผ่านมาจะจำกัดอยู่ในประชากรภาคเหนือของประเทศไทยเป็นส่วนใหญ่ ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือซึ่งเป็นอาณาบริเวณที่มีความหลากหลายทางชาติพันธุ์สูงเช่นกัน ดังนั้นจึงเป็นบริเวณที่เหมาะสมในการศึกษาและพัฒนาความรู้ทางด้านพันธุศาสตร์ประชากรของมนุษย์ต่อไป

เอกสารอ้างอิง

- วิภู กุตะนันท์ และดาวรุ่ง กังวานพงศ์. (2010). โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาติพันธุ์ลัวะและถิ่นในภาคเหนือของประเทศไทย. *Thai J Genet.* 3(2): 160-171.
- Alves-Silva, J., da Silva Santos, M., Guimaraes P.E., Ferreira, A.C., Bandelt, H.J., Pena Sérgio, D. J. and Prado, V. F. (2000). The ancestry of

- Brazilian mtDNA lineages. *Am J Hum Genet.* 67: 444-461.
- Andrews, R.M., Kubacka, I., Chinnery, P.F., Lightowlers, R.N., Turnbull, D.M. and Howell, N. (1999). Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet.* 23: 147.
- Besaggio, D., Fuselli, S., Srikumool, M., Kampuansai, J., Castri, L., Tyler-Smith, C., Seielstad, M., Kangwanpong, D. and Bertorelle, G. (2007). Genetic variation in Northern Thailand Hill Tribes: origins and relationships with social structure and linguistic differences. *BMC Evol Biol.* 7 (Suppl 2): S12.
- Comas, D., Calafell, F., Mateu, E., Perez-Lezaun, A., Bosch, E., Martinez-Arias, R., Clarimon, J., Facchini, F., Fiori, G., Luiselli, D., Pettener, D., Bertranpetit, J. (1998). Trading genes along the silk road: mtDNA sequences and the origin of central Asian populations. *Am J Hum Genet.* 63: 1824-1838.
- Fucharoen, G., Fucharoen, S. and Horai, S. (2001). Mitochondrial DNA polymorphisms in Thailand. *J Hum Genet.* 46: 115-125.
- Goodwin, Linacre, A. and Hadi, S. (2011). *An introduction to forensic genetics* (2nd eds.). Oxford: Wiley-Blackwell. 156.
- Greenberg, B.D., Newbold, J.E. and Sugino, A. (1983). Intraspecific nucleotide sequence variability surrounding the origin of replication in human mitochondrial DNA. *Gene.* 21: 33-49.
- Hill, C., Soares, P., Mormina, M., Macaulay, V., Meehan, W., Blackburn, J., Clarke, D., Raja, J.M., Ismail, P., Bulbeck, D., Oppenheimer, S. and Richards, M. (2006). Phylogeography and ethnogenesis of aboriginal Southeast Asians. *Mol Biol Evol.* 23: 2480-2491.
- Ingman, M., H. Kaessmann, S. Pääbo and Gyllensten, U. (2000). Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature.* 408: 708-713.
- Kampuansai, J., Bertorelle, G., Castri, L., Nakbunlung, S., Seielstad, M. and Kangwanpong, D. (2007). Mitochondrial DNA variation of Tai speaking peoples in Northern Thailand. *ScienceAsia.* 33: 443-448.
- Kivisild, T., Tolk, H.V., Parik, J., Wang, Y., Papiha, S.S., Bandelt, H.J. and Villems, R. (2002). The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. *Mol Biol Evol.* 19: 1737-1751.
- Kong, Q.P., Bandelt, H.J., Sun, C., Yao, Y.G., Salas, A., Achilli, A., Wang, C.Y., Zhong, L., Zhu, C.L., Wu, S.F., Torroni, A. and Zhang, Y.P. (2006). Updating the East Asian mtDNA phylogeny: a prerequisite for the identification of pathogenic mutations. *Hum Mol Genet.* 15: 2076-2086.
- Kutanan, W., Kampuansai, J., Nakbunlung, S., Lertvicha, P., Seielstad, M., Bertorelle, G. and Kangwanpong, D. (2011a). Genetic structure of Khon Mueang populations along a historical Yuan migration route in Northern Thailand. *Chiang Mai J Science.* 38(2): 295-305.
- Kutanan, W., Kampuansai, J., Fuselli, S., Nakbunlung, S., Seielstad, M., Bertorelle, G. and Kangwanpong, D. (2011b). Genetic structure of the Mon-Khmer speaking groups and their affinity to the neighbouring Tai populations in Northern Thailand. *BMC Genet.* 12: 56
- Kutanan, W., Kampuansai, J., Srikumool, M., and Kangwanpong, D. (2011c). Mitochondrial DNA diversity of the Shan in Mae Hong Son, Thailand. In the proceeding of 17th National

- Genetics Conference, 7-9 April 2011, Chiang Mai, Thailand. 63-66.
- Lertrit, P., Poolsuwan, S., Thosarat, R., Sanpachudayan, T., Boonyarit, H., Chinpaisal, C. and Suktitipat, B. (2008). Genetic history of Southeast Asian populations as revealed by ancient and modern human mitochondrial DNA analysis. *Am J Phys Anthropol.* 137: 425-440.
- Lewis, M.P. (2009). *Ethnologue: Language of the World* (16th eds.). Texas: SIL International. Available from: <http://www.ethnologue.com>
- Li, H., Cai, X., Winograd-Cort, E.R., Wen, B., Cheng, X., Qin, Z. Liu, W., Liu, Y., Pan, S., Qian, J., Tan, C.C. and Jin, L. (2007). Mitochondrial DNA diversity and population differentiation in southern East Asia. *Am J Phys Anthropol.* 134: 481-488.
- Lutz, S., Weisser, H. J., Heizmann, J. and Pollak, S. (1997). A third hypervariable region in the human mitochondrial D-loop. *Hum Genet.* 101(3): 384.
- Maca-Meyer, N., González, A. M., Larruga, J. M., Flores, C. and Cabrera, V. C. (2001). Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions. *BMC Genet.* 2: 13.
- Macaulay, V., Hill, C. and Achilli, A. (2005). Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. *Science.* 308: 1034-1036.
- Oota, H., Settheetham-Ishida, W., Tiwawech, D., Ishida, T. and Stoneking, M. (2001). Human mtDNA and Y-chromosome variation is correlated with matrilineal versus patrilineal residence. *Nat Genet.* 29: 20-21.
- Oota, H., Pakendorf, B., Weiss, G., von Haeseler, A., Pookajorn, S., Settheetham-Ishida, W., Tiwawech, D., Ishida, T. and Stoneking, M. (2005). Recent origin and cultural reversion of a hunter-gatherer group. *PLoS Biol.* 3(3): e71.
- Pakendorf, B. and Stoneking, M. (2005). Mitochondrial DNA and human evolution. *Annu Rev Genomics Hum Genet.* 6: 165-183.
- Pereira, L., Macaulay, V., Torroni, A., Scozzari, R., Prata, M.J. and Amorim, A. (2001). Prehistoric and historic traces in the mtDNA of Mozambique: insights into the Bantu expansions and the slave trade. *Ann Hum Genet.* 65: 439-458.
- Soares, P., Ermini, L., Thomson, N., Mormina, M., Rito, T., Röhl, A. and Salas, A. (2009). Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Am J Hum Genet.* 84 (6): 740-759.
- Stoneking, M. (2000). Hypervariable sites in the mtDNA control region are mutational hotspots. *Am J Hum Genet.* 67(4): 1029-1032.
- Sun, C., Kong, Q.P., Palanichamy, M .G., Agrawal, S., Bandelt, H.J., Yao, Y.G., Khan, F., Zhu, C.L., Chaudhuri, T.K. and Zhang, Y.P. (2006). The dazzling array of basal branches in the mtDNA macrohaplogroup M from India as inferred from complete genomes. *Mol Biol Evol.* 23: 683-690.
- Tanaka, M., Cabrera, V.M., González, A.M., Larruga, J.M., Takeyasu, T., Fuku, N., Guo, L.J., Hirose, R., Fujita, Y., Kurata, M., Shinoda, K., Umetsu, K., Yamada, Y., Oshida, Y., Sato, Y., Hattori, N., Mizuno, Y., Arai, Y., Hirose, N., Ohta, S., Ogawa, O., Tanaka, Y., Kawamori, R., Shamoto-Nagai, M., Maruyama, W., Shimokata, H., Suzuki, R. and Shimodaira, H. (2004). Mitochondrial genome variation in Eastern Asia and the peopling of Japan. *Genome Res.* 14: 1832-1850.

- Tolk, H.V., Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic B., Campbell, H., Rudan, I., Kivisild, T., Villems, R. and Rudan, P. (2001). The evidence of mtDNA haplogroup F in a European population and its ethnohistoric implications. *Eur J Hum Genet.* 9: 717-723.
- Wikipedia. Human mitochondrial DNA haplogroup. Available from: http://en.wikipedia.org/wiki/Human_mitochondrial_DNA_haplogroups
- Yao, Y.G., Nie, L., Harpending, H., Fu, Y.X., Yuan, Z.G. and Zhang, Y.P. (2002). Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity. *Am J Phys Anthropol.* 118: 63-76.
- Zimmermann, B., Bodner, M., Amory, S., Fendt, L., Rock, A., Horst, D., Horst, B., Sanguansermsri, T., Parson, W. and Brandstatter. A. (2009). Forensic and phylogeographic characterization of mtDNA lineages from northern Thailand (Chiang Mai). *Int J Legal Med.* 123: 495-501.

