

โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาติพันธุ์ลัวะและถิ่นในภาคเหนือของประเทศไทย

Genetic structure of the ethnic populations Lua and H'tin in Northern Thailand

วิภู กุตะนันท์ และ ดาวรุ่ง กังวานพงศ์*

Wibhu Kutanan and Daoroong Kangwanpong*

ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ เชียงใหม่ 50202

Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University, Chiang Mai, 50202

* Corresponding author: scidkngw@chiangmai.ac.th

บทคัดย่อ

ลัวะเป็นชนกลุ่มแรกที่เข้ามาตั้งหลักปักฐานอยู่ทางตอนเหนือของประเทศไทย และมีประวัติศาสตร์อันยาวนาน แต่ไม่เคยมีหลักฐานใดระบุว่าชาติพันธุ์ลัวะที่จังหวัดน่าน ซึ่งเป็นจังหวัดที่ชาวถิ่นจากประเทศลาวอพยพเข้ามาตั้งรกรากอยู่ ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อระบุว่าลัวะเมืองน่านเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับลัวะดั้งเดิมในประวัติศาสตร์ภาคเหนือของประเทศไทยหรือไม่ หรือว่าเป็นกลุ่มเดียวกับกลุ่มชาติพันธุ์ถิ่นที่เรียกตัวเองว่าลัวะ และเปรียบเทียบโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรเพศชายและเพศหญิงกับปัจจัยที่มีผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรม โดยใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดไมโครแซทเทลไลต์ในโครโมโซมวายและดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย โดยมีประชากรตัวอย่างในการศึกษา ได้แก่ ประชากรลัวะจำนวน 4 กลุ่มย่อย จากจังหวัดแม่ฮ่องสอน (ลัวะ-1) เชียงใหม่ (ลัวะ-2) และน่าน (ลัวะ-3 และ ลัวะ-4) กับประชากรถิ่นจากจังหวัดน่านจำนวน 3 กลุ่มย่อย ได้แก่ ถิ่นมัล (ถิ่น-1) และถิ่นปรัย (ถิ่น-2 และ ถิ่น-3) ผลการศึกษาพบว่า โครงสร้าง

ทางพันธุกรรมของลัวะเมืองน่านแตกต่างจากลัวะดั้งเดิม โดยลัวะเมืองน่านกลุ่มย่อย ลัวะ-3 น่าจะเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับถิ่นมัล ส่วนลัวะเมืองน่านกลุ่มย่อย ลัวะ-4 น่าจะเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับถิ่นปรัย นอกจากนี้ยังพบว่าโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรที่ศึกษาไม่สอดคล้องกันระหว่างเพศชายและหญิง อีกทั้งความแตกต่างของประเพณีนิยมในการแต่งงาน ลักษณะภูมิประเทศ และภาษา รวมถึงอิทธิพลของผู้ก่อตั้ง และ/หรือ การแต่งงานภายในกลุ่มส่งผลร่วมกันในการกำหนดโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรที่ศึกษา

ABSTRACT

The Lua are recognized as the first modern inhabitants of Northern Thailand and play an important role in Northern Thai history. There is no evidence stating that the Lua are in the Nan province, the place where the H'tin, who migrated from Laos, reside. The objectives of this study are to depict whether the Lua in Nan are the same ethnicity as the

ancient Lua in northern Thai history, or they are the H'tin who call themselves Lua; and to investigate the genetic structure between males and females of studied populations and the factors affecting their structure, employing the Y-chromosomal microsatellites and mtDNA as markers. The studied populations comprise 4 Lua subgroups from Mae Hong Son (Lua-1), Chiang Mai (Lua-2), and Nan (Lua-3 and Lua-4) provinces, as well as 3 H'tin subgroups from Nan: the Mai (H'tin-1), and Prai (H'tin-2, H'tin-3). The results revealed that the genetic structures of the Lua in Nan differed from the ancient Lua, hence they should not be the same ethnic group. The Lua-3 from Nan could be the same ethnicity as H'tin-1 (Mal), while the Lua-4 could be the same ethnicity as H'tin-3 and H'tin-4 (Prai). Furthermore, the sex-biased genetic structure in the studied populations was observed. The difference in post-marital residence, geography, language, as well as founder effect and/or inbreeding suggested the integrated effect on the genetic structure of the studied populations.

คำสำคัญ: ลัวะ ถิ่น โครงสร้างทางพันธุกรรม ไมโครแซทเทลไลท์ในโครโมโซมชาย ดีเอ็นเอ ไมโทคอนเดรีย

Keywords: Lua, H'tin, genetic structure, Y-chromosomal microsatellite, mtDNA

บทนำ

ลัวะ หรือ ละว้า เป็นกลุ่มชนพื้นเมืองดั้งเดิมที่อาศัยอยู่ในดินแดนภาคเหนือของประเทศไทย ก่อนที่กลุ่มชาวมอญและไทยวนจะอพยพมาครอบครองดินแดนแห่งนี้เมื่อราวปีพุทธศตวรรษที่ 14 และ พุทธศตวรรษที่ 19 ตามลำดับ โดยศูนย์กลางของอาณาจักรลัวะตั้งอยู่ที่บริเวณเชิงคอกยสุเทพ ต่อมาในราวพุทธศตวรรษที่ 14 อาณาจักรลัวะได้ล่มสลายลง

เนื่องจากแพ้สงครามต่อชาวมอญ จากนั้นชาวลัวะบางส่วนถูกขับไล่ให้ต้องอพยพไปอยู่ตามป่าเขา แต่อีกส่วนหนึ่งยอมอยู่ภายใต้การปกครองของชนชาติมอญ ซึ่งในเวลาต่อมาชาวลัวะกลุ่มนี้เองที่เป็นพันธมิตรช่วยเหลือชาวไทยวน ยึดเมืองหริภุญไชยมาจากชาวมอญ จนกระทั่งชาวไทยวนได้สร้างเมืองเชียงใหม่ ซึ่งเป็นศูนย์กลางของอาณาจักรล้านนาแล้วเสร็จ ชาวไทยวนจึงได้รับเอาวัฒนธรรมของชาวลัวะ เช่น การบูชาเสาอินทขิล หรือเสาหลักเมืองของเมืองเชียงใหม่ และพิธีเลี้ยงผีปู่แสะย่าแสะ ซึ่งเป็นผีที่รักษาเมืองเชียงใหม่ไว้ด้วย (สรสวัสดิ์, 2544)

นักภาษาศาสตร์ได้จัดให้ภาษาของลัวะอยู่ในตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก (Austro-asiatic) ตระกูลภาษาย่อยมอญ-เขมร (Mon-Khmer) สาขาปะหล่อง (Palaungic) และยังคงแบ่งต่ออีกเป็นสองกลุ่มตามสำเนียงพูด คือกลุ่มลัวะตะวันออก (Eastern Lawa) และกลุ่มลัวะตะวันตก (Western Lawa) โดยลัวะกลุ่มตะวันออกกระจายตัวอาศัยอยู่ในบริเวณจังหวัดเชียงใหม่ เช่น ลัวะบ้านบ่อหลวง ซึ่งเป็นหมู่บ้านลัวะที่ใหญ่ที่สุดในประเทศไทย ในขณะที่ลัวะกลุ่มตะวันตกอาศัยอยู่บนภูเขาสูงในเขตจังหวัดแม่ฮ่องสอน และลัวะกลุ่มดังกล่าวนี้ยังกระจายตัวอยู่ในเขตรัฐน่าน ประเทศพม่า และมณฑลยูนนาน ตอนใต้ของประเทศจีนอีกด้วย (Nahhas, 2006; Lewis, 2009) ลัวะมีวัฒนธรรมและประเพณีที่เป็นเอกลักษณ์ซึ่งอยู่บนพื้นฐานของการนับถือผี ประเพณีการแต่งงานเป็นประเพณีที่สำคัญของลัวะ โดยหลังการแต่งงานฝ่ายหญิงจะย้ายมาอยู่กับครอบครัวของฝ่ายชาย (patrilocal) (ภัททิยา และ สุริยา, 2541; Schliesinger, 2000)

หลักฐานทางประวัติศาสตร์และตำนานพื้นเมืองในภาคเหนือของประเทศไทย ชี้ให้เห็นถึงบทบาทและความสำคัญของชนชาติลัวะ ที่มีต่อประวัติศาสตร์ภาคเหนือของประเทศไทยมาเป็นเวลานาน โดยที่ไม่เคยมีหลักฐานใดๆ กล่าวไว้ว่า ชาวลัวะได้อพยพไปอาศัยอยู่ที่จังหวัดน่าน หรือชาวลัวะ

เคยเป็นหนึ่งในชนกลุ่มน้อยที่จังหวัดน่าน แต่เมื่อประมาณ 20 ปีที่ผ่านมา คำว่า “ลัวะเมืองน่าน” ได้ถูกกล่าวถึง (ชลธิรา, 2530) และเป็นทีวักพาศววิจารณ์กันอย่างแพร่หลาย จากนักวิชาการด้านสังคมศาสตร์ และภาษาศาสตร์ ทั้งในแง่สนับสนุน เนื่องมาจากหลักฐานด้านวัฒนธรรมที่เหมือนกัน ระหว่างชาวลัวะและชาวลีนในจังหวัดน่าน เช่น ภาษาและประเพณี หลังการแต่งงาน โดยทั้งสองกลุ่มมีภาษาพูดที่จัดอยู่ในตระกูลภาษาออสโตรเอเชียติก กลุ่มย่อยมอญ-เขมร สาขาขมุ (Khmuic) และประเพณีการแต่งงานซึ่งหลังจากแต่งงานแล้ว ฝ่ายชายจะย้ายมาอยู่กับครอบครัว และนับถือผีของฝ่ายหญิง (matrilocal) (ชลธิรา, 2530; ภัททิยา และ สุริยา, 2541; Lewis, 2009) ในขณะที่กลุ่มซึ่งคัดค้านเสนอว่าลัวะเมืองน่านไม่ใช่ลัวะดั้งเดิมที่อาศัยอยู่ในบริเวณเชิงใหม่และแม่ฮ่องสอนในปัจจุบัน แต่น่าจะเป็นกลุ่มชาวลีนที่อาศัยอยู่ในจังหวัดน่าน และเรียกตัวเองว่าลัวะ เนื่องจากชาวลีนคิดว่าชื่อ “ลีน” ที่ทางการตั้งให้ นั้นเป็นการดูถูกพวกตน (สุริยา, 2527)

ชาวลีน มีรูปร่างลักษณะคล้ายกับพวกขมุ เดิมอาศัยอยู่ทางตอนเหนือของประเทศลาว ชาวลีนกลุ่มแรกได้อพยพเข้ามาตั้งรกรากอยู่ในเขตประเทศไทย บริเวณชายแดนเขตอำเภอทุ่งช้าง อำเภอปัว และอำเภอเมืองจังหวัดน่าน เมื่อประมาณ 70 ปีที่ผ่านมา (บุญช่วย, 2545) ชาวลีนแบ่งเป็นสองกลุ่มตามสำเนียงการใช้ภาษา คือ ลีนมัต (Mal) และ ลีนปรัย (Prai) (Schliesinger 2000; Lewis, 2009)

เพื่อตอบคำถามว่า “ลัวะเมืองน่าน” กับลัวะดั้งเดิม เป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกันหรือไม่ Kutanan *et al.* (2007) ได้ศึกษาความผันแปรของลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณที่มีความหลากหลายสูง เพื่อเปรียบเทียบระยะห่างทางพันธุกรรม ระหว่างประชากรลัวะเมืองน่าน ลัวะแม่ฮ่องสอนและประชากรชาวลีน พบว่า ลัวะเมืองน่านมีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกับชาวลีนมากกว่าลัวะ-แม่ฮ่องสอน ดังนั้นจึงสรุปได้ว่า ลัวะเมืองน่านเป็นคนละกลุ่มชาติพันธุ์กับลัวะ-แม่ฮ่องสอน และลัวะเมืองน่านน่าจะเป็นชาวลีนด้วย

หลักฐานทางพันธุกรรม อย่างไรก็ตามงานวิจัยดังกล่าวเป็นการศึกษาโดยใช้ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ซึ่งเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม ที่ถ่ายทอดไปยังฝ่ายหญิงเพียงอย่างเดียวเป็นเครื่องพิสูจน์โดยใช้ลัวะดั้งเดิมจากจังหวัดแม่ฮ่องสอน ซึ่งเป็นลัวะกลุ่มตะวันตก เพื่อใช้เป็นประชากรควบคุมเท่านั้น ดังนั้นเพื่อที่จะตอบคำถามดังกล่าวให้เชื่อถือได้มากยิ่งขึ้น คณะผู้วิจัยจึงศึกษาความผันแปรของไมโครแซทเทลไลท์ในโครโมโซมวาย ซึ่งเป็นเครื่องหมายพันธุกรรมที่ถ่ายทอดทางฝ่ายชายเพิ่มเติม และเพิ่มประชากรลัวะดั้งเดิมกลุ่มตะวันออกเพื่อใช้เป็นประชากรควบคุมอีกหนึ่งกลุ่ม งานวิจัยครั้งนี้ยังมีวัตถุประสงค์เพื่อทดสอบความสอดคล้องกันของโครงสร้างทางพันธุกรรม ระหว่างประชากรเพศชายและเพศหญิง รวมทั้งปัจจัยอื่น เช่น วัฒนธรรม ภาษา และภูมิประเทศ ซึ่งอาจส่งผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมได้

อุปกรณ์และวิธีการ

กลุ่มตัวอย่าง

ตัวอย่างที่ใช้วิเคราะห์มีจำนวนทั้งสิ้น 259 ตัวอย่าง (เพศชาย 133 ตัวอย่าง และ เพศหญิง 126 ตัวอย่าง) จาก 2 ประชากร ได้แก่ ประชากรลัวะจากจังหวัดแม่ฮ่องสอน เชียงใหม่ และน่าน 4 กลุ่มย่อย (ลัวะ-1 ลัวะ-2 ลัวะ-3 และ ลัวะ-4) กับประชากรลีนจากจังหวัดน่าน 3 กลุ่มย่อย (ลีน-1 ลีน 2 และ ลีน 3) ดังรายละเอียดใน Table 1

ตัวอย่างทั้ง 259 ตัวอย่าง ประกอบด้วย

1) เพศชายที่ใช้ศึกษาจีโนไทป์ของไมโครแซทเทลไลท์ในโครโมโซมวาย ซึ่งแบ่งเป็น ตัวอย่างใหม่จำนวน 43 คน จากประชากร ลัวะ-3 ลัวะ-4 และ ลีน 2 กับ ตัวอย่างเดิมจำนวน 90 คน ซึ่งได้เคยทำจีโนไทป์ไว้แล้วโดยผู้เขียน และข้อมูลนี้ยังไม่เคยเผยแพร่มาก่อน (ใช้สัญลักษณ์ a ใน Table 1)

2) เพศชายและเพศหญิงที่ใช้ศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเป็นตัวอย่างเดิมทั้งหมด ซึ่งแบ่งเป็น ตัวอย่างจำนวน 50 คน (ชาย 25 คน และ หญิง 25 คน)

จากประชากร ลัวะ-2 ซึ่งมีข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย อยู่แล้วโดยผู้เขียน และยังไม่เคยเผยแพร่มาก่อน (ใช้ สัญลักษณ์ a ใน Table 1) และ อีกชุดจำนวน 209 คน (ชาย 108 คน และ หญิง 101 คน) จากประชากร ลัวะ-1 ลัวะ-3 ลัวะ-4 ถิ่น-1 ถิ่น-2 และ ถิ่น-3 ซึ่งเป็นข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียจาก Kutanan *et al.* (2007) (ใช้สัญลักษณ์ b ใน Table 1)

การตรวจวิเคราะห์ความผันแปรของไมโครแซทเทลไลต์ในโครโมโซมวาย

เพิ่มปริมาณชิ้นส่วนของไมโครแซทเทลไลต์ในโครโมโซมวาย จำนวน 17 ตำแหน่ง ได้แก่ DYS19, DYS388, DYS389a, DYS389b, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS426, DYS434, DYS435, DYS436, DYS437, DYS439, DYS460, DYS461, Y-GATA-A10 ด้วยเทคนิค polymerase chain reaction (PCR) โดยอาศัยไพรเมอร์จำเพาะซึ่งคิดสลากลงด้วยซอฟต์แวร์ออเรสเซนซ์ (Applied Biosystem, USA) วิธีการทำ PCR และลำดับเบสของไพรเมอร์ที่ใช้ ได้พัฒนามาจาก Thomas *et al.* (1999), White *et al.* (1999) และ Ayub *et al.* (2000) นำผลผลิต PCR ที่ได้มาตรวจสอบขนาดของไมโครแซทเทลไลต์แต่ละตำแหน่ง ด้วยเครื่องหาลำดับเบสอัตโนมัติ รุ่น ABI3100 (Applied Biosystem, USA) แล้วนำข้อมูลขนาดของไมโครแซทเทลไลต์ที่ได้ มาหาจำนวนซ้ำของไมโครแซทเทลไลต์แต่ละตำแหน่ง ด้วยโปรแกรม GeneMapper v. 3.7 (Applied Biosystem, USA)

การวิเคราะห์ข้อมูล

1. กำหนดหาค่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์ (haplotype diversity) ค่าความหลากหลายเฉลี่ยของไมโครแซทเทลไลต์ในโครโมโซมวาย (Y-STRs average diversity over loci) และค่าความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์จากลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (nucleotide diversity, π) (Nei, 1987) ในแต่ละประชากร ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN 3.1 (Excoffier *et al.*, 2005)

Table 1 General information of studied populations

Studied Populations	Sample size		Linguistic affiliation (Family, Subfamily, Branch)	Location (Sub-district, District, Province)	Geographic coordination	
	Y-STRs (N=133)	mtDNA (N=259) ^c			Latitude (°N)	Longitude (°E)
Lua-1 (Western)	25 ^a	46 ^b	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Palaungic	Hua Hom/Mae La Noi/Mae Hong Son	97° 56'	18° 23'
Lua-2 (Eastern)	25 ^a	50 ^a	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Palaungic	Bo Luang/Hod/Chiang Mai	98° 20'	18° 08'
Lua-3	9	20 ^b	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Khmuic	Phu Ka/Pua/Nan	101° 04'	19° 12'
Lua-4	23	43 ^b	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Khmuic	Bo Klua Tai/Bo Klua/ Nan	101° 09'	19° 09'
H' tin-1 (Mal)	20 ^a	37 ^b	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Khmuic	Pa Klang /Pua/Nan	100° 55'	19° 08'
H' tin-2 (Prai)	11	25 ^b	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Khmuic	Tung Chang /Tung Chang/Nan	100° 52'	19° 23'
H' tin-3 (Prai)	20 ^a	38 ^b	Austro-Asiatic, Mon-Khmer / Khmuic	Pra That/Chiang Klang/Nan	100° 54'	19° 19'

^a Unpublished data from authors

^b Data from Kutanan *et al.* (2007)

^c Samples including both males (N=133) and females (N=126)

2. วิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากร ด้วยวิธี Analysis of Molecular Variance (AMOVA) (Excoffier *et al.*, 1992) โดยหาค่าความผันแปรทางพันธุกรรมของประชากรทั้ง 3 ระดับ คือ ระหว่างประชากร ระหว่างกลุ่มย่อยในประชากรเดียวกัน และภายในแต่ละกลุ่มย่อย โดยการกำหนดประชากรตามชาติพันธุ์ (ลาว และ จีน) และความแตกต่างของวัฒนธรรม (1. มีการแต่งงานแบบ patrilocal และ พุศภาษาสาขาปะหล่อง และ 2. มีการแต่งงานแบบ matrilocal และ พุศภาษาสาขาขมุ) แล้วทดสอบความมีนัยสำคัญทางสถิติด้วยวิธี non-parametric permutation โดยใช้โปรแกรม ARLEQUIN 3.1

3. คำนวณหาความสัมพันธ์ระหว่างระยะห่างทางพันธุกรรมในเพศชายและเพศหญิงและระหว่างระยะห่างทางพันธุกรรมกับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ของประชากร โดยวิธี Mantel test (Mantel, 1967) ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN 3.1

4. วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างแต่ละกลุ่มย่อยของประชากร โดยคำนวณหาค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างแต่ละกลุ่มย่อยของประชากร ในรูปของ linearization R_{st} สำหรับข้อมูลไมโครแซทเทลไลท์ ในโครโมโซมวาย และ F_{st} สำหรับข้อมูลลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย แล้วทดสอบความแตกต่างของกลุ่มย่อยของประชากรแต่ละคู่ด้วยวิธี

permutation test ในโปรแกรม ARLEQUIN 3.1 จากนั้นนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ได้มาสร้าง phylogenetic tree แบบ unrooted neighbor joining (NJ) ด้วยโปรแกรม MEGA 4 (Tamura *et al.*, 2007)

5. วิเคราะห์การจัดกลุ่มของประชากร (clustering analysis) ด้วยวิธี Bayesian โดยอาศัยโมเดล linkage ในโปรแกรม BAPS 5.2 (Corander *et al.*, 2003; 2008; Corander and Tang, 2007)

ผลการทดลอง

ความหลากหลายทางพันธุกรรม

จากค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม ที่คำนวณโดยใช้ข้อมูลไมโครแซทเทลไลท์ในโครโมโซมวายจำนวน 17 ตำแหน่ง และลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I จำนวน 336 คู่เบส (ตำแหน่งที่ 16048 ถึง 16383) พบว่าลาวดั้งเดิมจากจังหวัดแม่ฮ่องสอนและเชียงใหม่ ส่วนมากมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงกว่าลาวและจีนที่อยู่ในจังหวัดน่าน โดยในกลุ่มของประชากรที่มาจากจังหวัดน่าน กลุ่มย่อยถิ่น-3 มีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงที่สุด ในขณะที่ของลาว-4 ต่ำที่สุด โดยพบว่าประชากรกลุ่มย่อยถิ่น-1 มีค่าความหลากหลายเฉลี่ยของไมโครแซทเทลไลท์ต่ำที่สุด (Table 2)

Table 2 Genetic diversity of studied populations

	Y-STRs		mtDNA	
	haplotype diversity	average diversity over loci	haplotype diversity	nucleotide diversity
Lua-1	0.9500 ± 0.0237	0.4047 ± 0.2030	0.9594 ± 0.0134	0.0190 ± 0.0102
Lua-2	0.9533 ± 0.0296	0.4873 ± 0.2079	0.9127 ± 0.0178	0.0193 ± 0.0103
Lua-3	0.8889 ± 0.0910	0.2918 ± 0.2938	0.6421 ± 0.0871	0.0153 ± 0.0086
Lua-4	0.8854 ± 0.0483	0.3339 ± 0.2524	0.1728 ± 0.0723	0.0026 ± 0.0021
H'tin-1	0.9316 ± 0.0279	0.2731 ± 0.2360	0.7402 ± 0.0618	0.0160 ± 0.0088
H'tin-2	0.9636 ± 0.0510	0.3925 ± 0.2713	0.6433 ± 0.0710	0.0126 ± 0.0072
H'tin-3	0.9789 ± 0.0214	0.4204 ± 0.2131	0.6899 ± 0.0707	0.0190 ± 0.0103

AMOVA

จากการวิเคราะห์ความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรม ระหว่างแต่ละกลุ่มย่อยในประชากรด้วย AMOVA (Table 3) พบว่า เมื่อรวมประชากรเข้าเป็นเพียง 1 กลุ่ม ค่าความผันแปรระหว่างประชากรเพศชาย (ร้อยละ 23.88) น้อยกว่าประชากรเพศหญิง (ร้อยละ 29.15)

เมื่อให้ประชากรเป็น 2 กลุ่มตามชาติพันธุ์ พบว่าค่าความผันแปรระหว่างประชากรทั้งในเพศชาย และเพศหญิงมีค่าเป็นศูนย์ และไม่มีความแตกต่างกันตามนัยทางสถิติ ($P > 0.05$) และเมื่อพิจารณาความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรแต่ละชาติพันธุ์ พบว่ามีค่าสูงทั้งในเพศชาย (ร้อยละ 24.24) และเพศหญิง (ร้อยละ 33.49) ซึ่งแสดงว่า ประชากรชาวลัวะ และถิ่นต่างมีพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรในแต่ละชาติพันธุ์ มากกว่าระหว่างชาติพันธุ์ จากนั้นพิจารณาความผันแปรใน

แต่ละชาติพันธุ์ พบว่า มีความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยในชาติพันธุ์ลัวะ (ร้อยละ 28.82 ในเพศชาย และร้อยละ 36.69 ในเพศหญิง) มากกว่ากลุ่มย่อยในชาติพันธุ์ถิ่น (ร้อยละ 12.22 ในเพศชาย และ ร้อยละ 21.92 ในเพศหญิง) แสดงว่า ประชากรชาวลัวะมีความแตกต่างทางพันธุกรรมมากกว่าประชากรชาวลีน

เมื่อแบ่งประชากรเป็น 2 กลุ่มตามความแตกต่างของวัฒนธรรม พบว่าค่าความผันแปรระหว่างประชากร มีความแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($P > 0.05$) อย่างไรก็ตาม ค่าความผันแปรดังกล่าวเกือบจะแตกต่างกันทางสถิติในประชากรเพศชาย (ร้อยละ 13.03, $P = 0.053$) และมีความแตกต่างระหว่างกันมากกว่าในประชากรเพศหญิง (ร้อยละ 3.57) ประมาณ 4 เท่า

หากพิจารณาค่าความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรในแต่ละวัฒนธรรม จะพบว่าในเพศชาย (ร้อยละ 15.25) มีค่าความผันแปรน้อยกว่า

Table 3 Results of Analysis of Molecular Variance (AMOVA)

Groups	No. of groups	No. of populations	Within population		Among populations		Among groups	
			Variance (%)	Φ_{st}	Variance (%)	Φ_{sc}	Variance (%)	Φ_{ct}
Y-STRs								
All samples	1	7	76.12	0.2388	23.88			
Lua	1	4	71.18	0.2882	28.82			
H'tin	1	3	87.78	0.1222	12.22			
Lua/H'tin	2	7	76.31	0.2369	24.24	0.2411	0	0
Culture 1	1	2	75.42	0.2458	24.58			
Culture 2	1	5	85.57	0.1443	14.43			
Culture 1/Culture 2	2	7	71.73	0.2827	15.25	0.1753	13.03	0.1303
mtDNA								
All samples	1	7	70.85	0.2915	29.15			
Lua	1	4	63.32	0.3669	36.68			
H'tin	1	3	78.08	0.2192	21.92			
Lua/H'tin	2	7	72.82	0.2718	33.49	0.3151	0	0
Culture 1	1	2	96.66	0.0334	3.34			
Culture 2	1	5	61.98	0.3802	38.02			
Culture 1/Culture 2	2	7	69.71	0.3029	26.71	0.2770	3.57	0.0357

Bold letter = statistical significance at $P < 0.05$

เพศหญิง (ร้อยละ 26.71) ซึ่งแสดงให้เห็นว่า ประชากรที่ศึกษามีพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรในแต่ละวัฒนธรรม มากกว่าที่จะแตกต่างกันระหว่างกลุ่มวัฒนธรรม นอกจากนี้ ประชากรเพศชายที่มีวัฒนธรรมต่างกัน จะมีพันธุกรรมที่ต่างกันมากกว่าในเพศหญิง ในขณะที่เพศหญิงจะมีความแตกต่างทางพันธุกรรม ระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรภายในกลุ่มวัฒนธรรมเดียวกันมากกว่าเพศชาย นอกจากนี้ยังพบว่าความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรในกลุ่มวัฒนธรรม 1 มีในเพศชาย (ร้อยละ 24.58) มากกว่าในเพศหญิง (ร้อยละ 3.34) ในขณะที่ความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรในกลุ่มวัฒนธรรม 2 มีในเพศชาย (ร้อยละ 14.43) น้อยกว่าในเพศหญิง (ร้อยละ 38.02) จากผลดังกล่าว ชี้ให้เห็นว่า ในแต่ละกลุ่มวัฒนธรรม โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรกลุ่มย่อยมีความแตกต่างกันระหว่างเพศชายและเพศหญิง

ในการกำหนดประชากรตามชาติพันธุ์และวัฒนธรรม เพื่อวิเคราะห์ความแตกต่างของโครงสร้างทางพันธุกรรม พบว่า ประชากรกลุ่มย่อย ลัวะ-3 และ ลัวะ-4 เป็นตัวแปรสำคัญที่ทำให้ค่าความผันแปรทางพันธุกรรมเปลี่ยนไป โดยพบว่าค่าความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรในชาติพันธุ์ลัวะ มีค่าสูงมากทั้งในเพศชายและหญิง เมื่อ ลัวะ-3 และ ลัวะ-4 ถูกกำหนดประชากรตามชาติพันธุ์ แสดงว่า ประชากรทั้ง 2 กลุ่มย่อย ซึ่งมาจากจังหวัดน่านไม่น่าจะเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกันกับ ลัวะ-1 และ ลัวะ-2 แต่เมื่อ ลัวะ-3 และ ลัวะ-4 ถูกกำหนดประชากรเฉพาะในด้านวัฒนธรรม ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับชาวลัวะ ค่าความผันแปรระหว่างกลุ่มย่อยของประชากรภายในวัฒนธรรม 2 มีค่าลดลงในเพศชาย แต่ยังคงมีค่าสูงในเพศหญิง ซึ่งอาจกล่าวได้ว่า ประชากรกลุ่มย่อย ลัวะ-3 และ ลัวะ-4 เพศชายมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่เหมือนกับประชากรชาวลัวะ แต่แตกต่างระหว่างกันในเพศหญิง

Mantel Test

การวิเคราะห์ค่าความสอดคล้องกัน ระหว่างระยะห่างทางพันธุกรรมในเพศชายและเพศหญิง พบว่า ไม่มีความสอดคล้องกัน ($r=-0.0889$, $P=0.5900$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ $P=0.05$ ซึ่งแสดงว่า โครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรเพศชายและเพศหญิงแตกต่างกัน ในขณะที่ผลความสอดคล้องกันระหว่างระยะห่างทางพันธุกรรม และระยะห่างทางภูมิศาสตร์ ตามโมเดล isolation by distance ซึ่งคาดว่าประชากรที่อาศัยอยู่ในพื้นที่ใกล้เคียงกัน จะมีพันธุกรรมที่เหมือนกัน มากกว่าประชากรที่อาศัยอยู่ในพื้นที่ต่างกัน (Cavalli-Sforza *et al.*, 1994) พบว่า มีความสอดคล้องกัน ในเพศชาย ($r=0.7956$, $P=0.0260$) แต่ไม่สอดคล้องกัน ในเพศหญิง ($r=-0.1630$, $P=0.6230$) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ จากผลดังกล่าวชี้ให้เห็นว่า ลักษณะภูมิประเทศมีผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรม ในประชากรเพศชายเท่านั้น

ความสัมพันธ์ระหว่างกลุ่มย่อยของประชากร

จากค่าระยะห่างทางพันธุกรรม linearization R_{st} และ F_{st} (Table 4) พบว่า ประชากรลัวะดั้งเดิมเพศชาย ในทั้งสองกลุ่มย่อยมีความแตกต่างกัน และแตกต่างจากประชากรอื่นทั้งหมด อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P<0.01$) ส่วนประชากรลัวะเพศชายจากเมืองน่าน ทั้งสองกลุ่มย่อย ลัวะ-3 แตกต่างจากลัวะกลุ่มย่อยอื่น แต่ไม่แตกต่างจากประชากรอื่น ในขณะที่ลัวะ-4 แตกต่างจากลัวะกลุ่มย่อยอื่น และแตกต่างจากประชากรอื่นด้วยอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ สำหรับประชากรชาวลัวะนั้น ลัวะ-2 และ ลัวะ-3 ไม่แตกต่างกัน ในส่วนของประชากรเพศหญิง ระยะห่างทางพันธุกรรมเกือบทั้งหมดมีความแตกต่างกัน ($P<0.01$) ยกเว้นประชากรลัวะ-2 ทั้งสองกลุ่มย่อยที่ไม่แตกต่างกัน ($P>0.01$)

เมื่อนำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมาสร้าง phylogenetic tree แบบ unrooted NJ (Figure 1) พบว่า ประชากรเพศชายที่มาจากจังหวัดน่านทั้ง 5 กลุ่ม

ย่อย ถูกจัดอยู่ในกิ่งเดียวกัน ซึ่งแยกจากประชากร ลัวะดั้งเดิมทั้งสองกลุ่มย่อยที่กำหนดให้เป็นประชากร ความคุม นอกจากนี้ยังพบว่า ลัวะ-3 มีพันธุกรรมใกล้เคียงกับ ถิ่น-1 และ ถิ่น-3 ในขณะที่ ลัวะ-4 มีพันธุกรรมที่ต่างออกไปจากประชากรกลุ่มย่อยอื่นๆ อย่างมาก ส่วนประชากรลัวะดั้งเดิมทั้งสองกลุ่มย่อยมีพันธุกรรมแตกต่างกัน จาก phylogenetic tree ของประชากร เพศหญิง (Figure 2) พบว่า ประชากรลัวะเมื่อนำนานทั้งสองกลุ่มย่อย มีพันธุกรรมที่ต่างออกไปจากประชากรอื่นทั้งหมดอย่างชัดเจน แต่อย่างไรก็ตาม ประชากรลัวะจากเมื่อนำนาน ก็มีพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกับประชากรถิ่นมากกว่าประชากรลัวะดั้งเดิม กล่าวคือ ลัวะ-3 มีพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกับ ถิ่น-1 และ ลัวะ-4 มีพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกับ ถิ่น-2 และถิ่น-3 นอกจากนี้ ยังพบว่า

ประชากรลัวะดั้งเดิมทั้งสองกลุ่มย่อยนั้นมีพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันมาก ซึ่งแตกต่างจากในเพศชาย

Clustering analysis

ผลจาก clustering analysis โดยใช้วิธี Bayesian พบว่า ในประชากรเพศชาย สามารถจัดกลุ่มของ ประชากรกลุ่มย่อยได้ 5 กลุ่ม ดังนี้ 1) ลัวะ-1, 2) ลัวะ-2, 3) ลัวะ-3 และ ถิ่น-1, 4) ลัวะ-4, 5) ถิ่น-2 และ ถิ่น-3 (Figure 3) ในขณะที่ประชากรเพศหญิง สามารถจัดกลุ่มของกลุ่มย่อยของประชากรได้ 3 กลุ่ม คือ 1) ลัวะ-1 และ ลัวะ-2, 2) ลัวะ-3 และ ถิ่น-1, 3) ลัวะ 4, ถิ่น-2 และ ถิ่น-3 (Figure 4) จากผลการจัดกลุ่มพบว่า กลุ่มที่ประกอบด้วย ลัวะ-3 และ ถิ่น-1 มีกลุ่มที่เหมือนกัน ในทั้งสองเพศ ซึ่งแสดงให้เห็นว่า ลัวะ-3 และ ถิ่น-1 มี

Table 4 Pairwise genetic distances among studied populations based on R_{st} (below diagonal) and F_{st} (above diagonal)

	Lua-1	Lua-2	Lua-3	Lua-4	H' tin-1	H' tin-2	H' tin-3
Lua-1		0.0334	0.3312	0.4581	0.1939	0.1803	0.1440
Lua-2	0.3813		0.3051	0.4662	0.1785	0.2166	0.1589
Lua-3	0.3474	0.4757		0.7597	0.2380	0.5031	0.4006
Lua-4	0.4207	0.5463	0.2169		0.6087	0.1957	0.2113
H' tin-1	0.3654	0.5086	0.0625	0.3193		0.3495	0.2346
H' tin-2	0.3027	0.4136	0.0289	0.1842	0.2233		0.012
H' tin-3	0.3778	0.5139	0.0192	0.1639	0.1864	0.0798	

Bold letter = statistical significance at $P < 0.01$

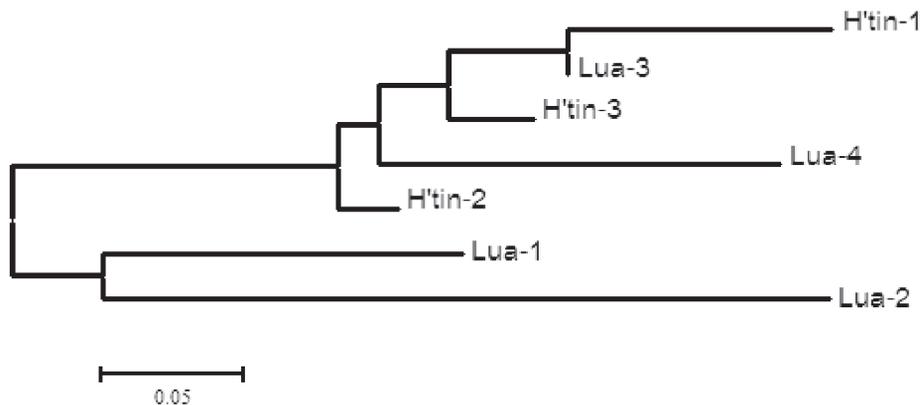


Figure 1 Neighbor joining tree (NJ) of studied populations based on R_{st} distance from Y-STRs

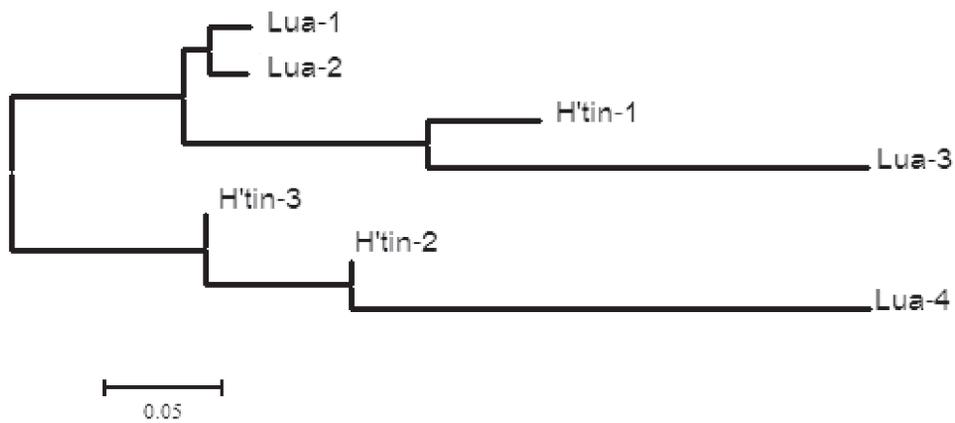


Figure 2 Neighbor joining tree (NJ) of studied populations based on F_{st} distance from mtDNA

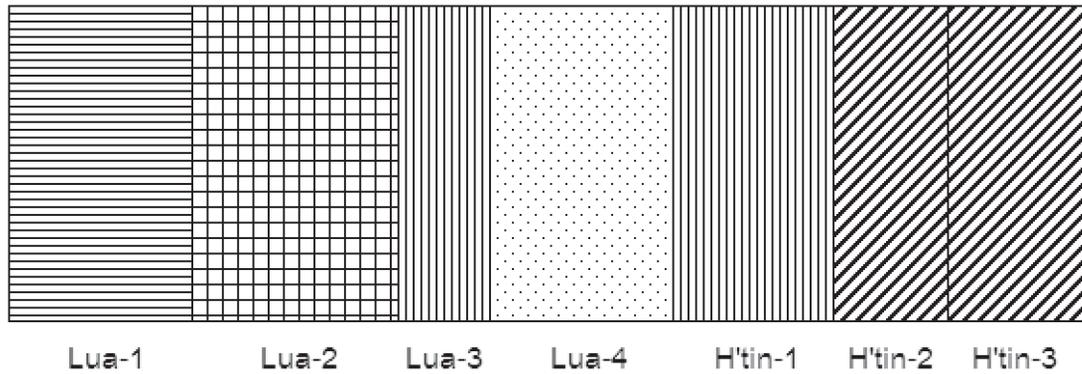


Figure 3 Population clustering based on Y-STRs data inferred by Bayesian Analysis of Population Structure (BAPS)

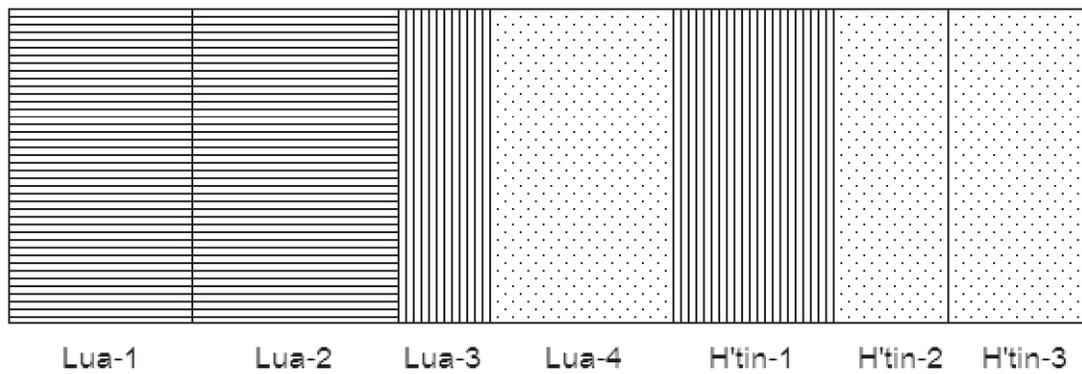


Figure 4 Population clustering based on mtDNA data inferred by Bayesian Analysis of Population Structure (BAPS)

พันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมาก สำหรับประชากรลัวะเมืองน่าน (ลัวะ 3, ลัวะ 4) ถูกจัดอยู่คนละกลุ่มกับประชากรลัวะดั้งเดิม (ลัวะ 1, ลัวะ 2) และลัวะเมืองน่านทั้งสองกลุ่มย่อย ก็ถูกจัดอยู่คนละกลุ่มกันด้วย ซึ่งชี้ให้เห็นว่าประชากรลัวะจากเมืองน่านกับลัวะดั้งเดิมมีพันธุกรรมต่างกัน และลัวะเมืองน่านทั้งสองกลุ่มย่อยก็มีพันธุกรรมที่ต่างกันด้วยสำหรับประชากรถิ่นมัล (ถิ่น 1) และปรัย (ถิ่น 2, ถิ่น 3) ถูกจัดอยู่คนละกลุ่ม แต่ถิ่นปรัยทั้งสองกลุ่มย่อยถูกจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน แสดงให้เห็นว่า ถิ่นมัลมีพันธุกรรมต่างกับถิ่นปรัย และถิ่นปรัยทั้งสองกลุ่มย่อยมีพันธุกรรมเหมือนกัน

วิจารณ์ผลการทดลอง

จากการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาวลัวะในจังหวัดแม่ฮ่องสอน เชียงใหม่ และน่าน รวมทั้งประชากรชาวถิ่นในจังหวัดน่าน โดยอาศัยเครื่องหมายพันธุกรรมที่ถ่ายทอดไปทั้งในเพศชายและหญิงนั้น มีประเด็นที่น่าสนใจอยู่ 3 ประการ

ประเด็นแรก คือ การศึกษาครั้งนี้ยืนยันว่าประชากรลัวะเมืองน่านทั้งสองกลุ่มย่อย (ลัวะ-3, ลัวะ 4) ไม่ใช่กลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับลัวะดั้งเดิม (ลัวะ-1, ลัวะ 2) ซึ่งมีบทบาทสำคัญในประวัติศาสตร์ภาคเหนือของประเทศไทย ผลการศึกษาทั้งหมดเป็นไปในทิศทางเดียวกัน (Table 2, 3 และ 4 กับ Figure 1, 2, 3 และ 4) โดยระบุว่า ลัวะเมืองน่านทั้งสองกลุ่มย่อยมีพันธุกรรมที่แตกต่างไปจากลัวะแม่ฮ่องสอนและเชียงใหม่ ซึ่งต่างจากความเห็นของ ชลธิรา (2530) ที่กล่าวว่า ลัวะเมืองน่านน่าจะเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับลัวะที่เคยอยู่ในเชียงใหม่ อีกทั้งบรรพชนเชื้อสายของลัวะเมืองน่านได้เคยมีปฏิสัมพันธ์กับชาวไทยวนมาก่อน โดยการตีความจากตำนานและหลักฐานทางโบราณคดี

สำหรับการที่จะพิสูจน์ว่า ลัวะเมืองน่านเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ถิ่นหรือไม่นั้น Kutanan *et al.* (2007) ได้เคยเสนอว่า ลัวะจาก ต.ภูคา อ.ปัว (ลัวะ-3) น่าจะเป็นประชากรถิ่นมัล และลัวะจาก ต.บ่อเกลือใต้ อ.บ่อเกลือ (ลัวะ-4) น่าจะเป็นประชากรถิ่นปรัย ซึ่ง

ผลการศึกษาเพิ่มเติมในครั้งนี้ (Table 4, Figure 1, 2, 3 และ 4) ก็ยังคงสนับสนุนว่า ลัวะ-3 น่าจะเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับถิ่นมัล (ถิ่น-1) เพราะลัวะ-3 มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกับ ถิ่น-1 มาก เนื่องจากถูกจัดอยู่ในกิ่งเดียวกันของ phylogenetic tree และยังคงจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันใน clustering analysis ทั้งเพศชายและหญิงด้วย (Figure 1, 2, 3 และ 4) ส่วน ลัวะ-4 น่าจะเป็นกลุ่มชาติพันธุ์เดียวกับถิ่นปรัย (ถิ่น-2 และ ถิ่น-3) ถึงแม้ว่าผลจาก clustering analysis ในเพศชาย (Figure 3) จะจัดลัวะ-4 แยกออกไปอีกกลุ่ม แต่ในฝ่ายหญิง (Figure 4) ก็จัดลัวะ-4 ไว้ในกลุ่มเดียวกับถิ่นปรัย นอกจากนี้ ผลจาก phylogenetic tree (Figure 1 และ Figure 2) แสดงว่าลัวะ-4 ยังคงถูกจัดอยู่ในกิ่งเดียวกับถิ่นปรัย

ประเด็นที่สอง คือ ในประชากรชาวถิ่นด้วยกันเอง ถิ่นมัลและถิ่นปรัยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมแตกต่างกันสอดคล้องกับความแตกต่างของสำเนียงการใช้ภาษาพูด ที่ไม่สามารถสื่อสารกันได้ของประชากรทั้งสอง (Lewis, 2009) ในขณะที่ถิ่นปรัยสองกลุ่มย่อยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมเหมือนกัน นอกจากปัจจัยทางภาษาพูดแล้ว อิทธิพลของผู้ก่อตั้ง และ/หรือ การแต่งงานภายในกลุ่ม ยังอาจเป็นปัจจัยที่มีผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรชาวถิ่น ทั้งนี้เพราะชาวถิ่นมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำเมื่อเทียบกับประชากรลัวะดั้งเดิม และต่ำมากเมื่อเทียบกับประชากรที่พูดภาษาตระกูลไท-กระได (ข้อมูลไม่ได้แสดง)

การเปรียบเทียบโครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างเพศชายและเพศหญิงในทั้งสองประชากร (Table 3 และ 4, Figure 1 และ 2) ชี้ให้เห็นประเด็นสุดท้ายที่น่าสนใจคือ โครงสร้างทางพันธุกรรมของเพศชายและเพศหญิงไม่สอดคล้องกัน กล่าวคือ ในประชากรลัวะและถิ่นเพศชายจากจังหวัดน่าน มีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกันมากกว่ากับลัวะดั้งเดิม และลัวะดั้งเดิมทั้งสองกลุ่มย่อยมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่ต่างกัน ส่วนในประชากรลัวะและถิ่นเพศหญิงจากจังหวัดน่าน

มีพันธุกรรมที่ต่างกันอย่างมาก และยังต่างจากลั๖ะดั้งเดิมด้วย ในขณะที่ลั๖ะดั้งเดิมทั้งสองกลุ่มย่อยมีพันธุกรรมใกล้เคียงกัน ความไม่สอดคล้องกันดังกล่าว น่าจะเกิดจากปัจจัยของวัฒนธรรมการโยกย้ายถิ่นฐาน หลังการแต่งงานที่ต่างกันดังการศึกษาของ Srikummool (2005) ที่พบว่าวัฒนธรรมการโยกย้ายถิ่นฐานหลังการแต่งงานที่ต่างกันของประชากรชาวเขาในภาคเหนือของประเทศไทย ส่งผลให้โครงสร้างพันธุกรรมของประชากรแตกต่างกันระหว่างเพศชายและเพศหญิง นอกจากปัจจัยข้างต้นแล้ว ในการศึกษาครั้งนี้ ปัจจัยร่วมอื่นๆ เช่น ความแตกต่างของวัฒนธรรม ภูมิประเทศ และอิทธิพลของผู้ก่อตั้ง และ/หรือ การแต่งงานภายในกลุ่ม ยังอาจช่วยส่งเสริมให้โครงสร้างทางพันธุกรรมระหว่างเพศชายและหญิงมีความแตกต่างกันยิ่งขึ้น

ประชากรชาวลั๖ะและถิ่นจากจังหวัดน่านมีวัฒนธรรมโยกย้ายถิ่นฐานหลังการแต่งงาน เป็นแบบ matrilocal ซึ่งต่างจากชาวลั๖ะดั้งเดิมที่เป็นแบบ patrilocal ดังนั้น เพศชายชาวลั๖ะและถิ่นจากจังหวัดน่าน จึงมีการอพยพไปมาระหว่างกลุ่มย่อยของประชากร ซึ่งอยู่ในภูมิภาคใกล้เคียงกัน มากกว่าเพศหญิง วัฒนธรรมแบบ matrilocal นี้จะส่งผลให้เกิด gene flow ของแฮปโลไทป์ในโครโมโซมวาย (Y-haplotype) ระหว่างกลุ่มประชากรย่อยในจังหวัดน่าน มากกว่าดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มย่อยในรูป R_{st} ของข้อมูลไมโครแซทเทลไลท์ในโครโมโซมวาย จึงมีค่าต่ำกว่า F_{st} ของข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (Table 4) นอกจากนี้ ผลจากอิทธิพลผู้ก่อตั้ง และ/หรือ การแต่งงานภายในกลุ่ม ซึ่งดูจากค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมที่มีค่าต่ำ (Table 2) ยังอาจช่วยส่งเสริมให้ระยะห่างทางพันธุกรรมของประชากรเพศหญิง (F_{st}) ในกลุ่มย่อยของประชากรจากจังหวัดน่านต่างกันมากขึ้น

แต่เมื่อพิจารณาในประชากรลั๖ะดั้งเดิมพบว่า เพศชายในกลุ่มย่อยทั้งสองมีพันธุกรรมที่ต่างกันอย่างมากเมื่อเทียบกับเพศหญิง ซึ่งผลดังกล่าวสอดคล้อง

กับหลักฐานทางวัฒนธรรม กล่าวคือ ประชากรลั๖ะดั้งเดิม มีวัฒนธรรมแบบ patrilocal ดังนั้น โอกาสที่จะเกิด gene flow ระหว่างกลุ่มย่อยในเพศหญิงจึงมีมากกว่าเพศชาย ส่งผลให้ระยะห่างทางพันธุกรรมของเพศหญิงน้อยกว่าเพศชาย แต่อย่างไรก็ตาม ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างลั๖ะดั้งเดิมทั้งสองกลุ่มย่อยก็ยังคงสูงมากอย่างมีนัยสำคัญในทั้งสองเพศ (Table 4) ที่เป็นเช่นนั้นอาจเกิดจากความแตกต่างของสภาพภูมิประเทศตลอดจนภาษาพูดซึ่งไม่สามารถสื่อสารกันได้ (Nahhas, 2006) และเมื่อพิจารณาค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของลั๖ะดั้งเดิม พบว่ามีค่าสูงกว่าลั๖ะและถิ่นจากจังหวัดน่าน (Table 2) อาจเนื่องมาจากประชากรลั๖ะดั้งเดิมเก่าแก่กว่าลั๖ะและถิ่นจากจังหวัดน่าน หรืออาจเกิดจากการผสมผสานทางพันธุกรรมระหว่างลั๖ะดั้งเดิมกับประชากรอื่น เช่น ชาวมอญ และ/หรือ ไทยวน ดังที่มีบันทึกในประวัติศาสตร์ภาคเหนือของไทยว่า ชาวลั๖ะ ชาวมอญ และชาวไทยวน เคยมีปฏิสัมพันธ์กันในอดีต โดยเฉพาะลั๖ะกับไทยวน ซึ่งได้มีการผสมกลมกลืนของวัฒนธรรมและประเพณี ซึ่งยังคงสืบต่อมาจนถึงปัจจุบัน (สรวิ๖คดี, 2544)

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณอาสาสมัครชาวลั๖ะและถิ่นผู้บริจาคตัวอย่างเลือด ขอขอบคุณบุคลากรของสถาบันวิจัยชาวเขา สำนักงานพัฒนาสังคมและความมั่นคงของมนุษย์จังหวัดเชียงใหม่ และขอขอบคุณ Assoc. Prof. Dr. Mark Seielstad จาก Genome Institute of Singapore ประเทศสิงคโปร์ สำหรับสถานที่ทำวิจัยและการให้คำปรึกษา

เอกสารอ้างอิง

- ชลธิ๖า สัต๖ยาวิ๖ณา. 2530. *ลั๖ะเมืองน่าน*. สำนักพิมพ์เมืองโบราณ กรุงเทพฯ
 บุญช่วย ศรี๖วิ๖คดี. 2545. *ชาวเขาในไทย*. สำนักพิมพ์มติชน. กรุงเทพฯ

- ภัททิยา ยิมเรวัตต์ และ สุริยา รัตนกุล. 2541. *สารานุกรมชาติพันธุ์: ลัวะ*. สถาบันวิจัยภาษาและวัฒนธรรมเพื่อพัฒนาชนบท มหาวิทยาลัยมหิดล. กรุงเทพฯ
- สร้อยศรี อ่องสกุล. 2544. *ประวัติศาสตร์ล้านนา*. สำนักพิมพ์อมรินทร์ กรุงเทพฯ
- สุริยา รัตนกุล. 2527. “ลัวะและ ลัวะ”. *วารสารภาษาและวัฒนธรรม* 4: 56-78.
- Ayub, Q., Mohyuddin, A., Qamar, R., Mazhar, K., Zerjal, T., Mehdi, S.Q. and Tyler-Smith C. 2000. Identification and characterization of novel human Y-chromosomal microsatellites from sequence database information. *Nucleic Acids Res* 28: e8.
- Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P. and Piazza, A. 1994. *The History and Geography of Human Genes*. Princeton University Press, New Jersey.
- Corander, J., Waldmann, P. and Sillanpää, M.J. 2003. Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. *Genetics* 163: 367-74.
- Corander, J. and Tang, J. 2007. Bayesian analysis of population structure based on linked molecular information. *Math Biosci* 205: 19-31.
- Corander, J., Marttinen, P., Sirén, J. and Tang, J. 2008. Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinform* 9: 539.
- Excoffier, L., Smouse, P. and Wuattro, J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491.
- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. 2005. *Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis*. *Evolution Bioinform Online* 1: 47-50.
- Kutanan, W., Kampuansai, J., Srikummool, M., Trisonthi, C. and Kangwanpong, D. 2007. Does the Lua in Nan Province exist? Investigated by genetic evidence. *Proceeding of the 15th National Genetics Conference, 23-25 May 2007*, Songkha, Thailand: 98-102.
- Lewis, M. P. 2009. *Ethnologue: Languages of the World*. 16th ed SIL International, Texas. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Mantel, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res* 27: 209-220.
- Nahhas, R.W. 2007. *Sociolinguistic Survey of Lawa in Thailand*. Survey Unit Department of Linguistics Faculty of Humanities Payap University. Chiang Mai.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Schliesinger, J. 2000. *Ethnic Groups of Thailand: Non-Tai Speaking Peoples*. White Lotus Press, Bangkok.
- Srikummool, M. 2005. *X-, Y-Chromosomal and Mitochondrial DNA Variations of the Karen, Hmong, and Iu Mien in the Upper Northern Part of Thailand*. Ph.D Thesis, Chiang Mai University.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. and Kumar, S. 2007. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol* 24: 596-1599.
- Thomas, M.G., Bradman, N. and Flinn, H.M. 1999. High throughput analysis of 10 microsatellite and 11 diallelic polymorphisms on the human Y-chromosome. *Hum Genet* 105: 577-581.
- White, P.S., Tatum, O.L., Deaven, L.L. and Longmire, J.L. 1999. New, male-specific microsatellite markers from the human Y chromosome. *Genomics* 57: 433-437.