

## ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวเขมร จังหวัดสุรินทร์ ประเทศไทย Mitochondrial DNA variation of the Khmer in Surin Province, Thailand

พิชชาภา บุญโสดา<sup>1</sup>, ศุภรัตน์ ศรีทะวงษ์<sup>2</sup>, สุปราณี ศรีภูंगा<sup>2</sup> และ วิภู กุตะนันท์<sup>2\*</sup>

Pitchapa Boonsoda<sup>1</sup>, Suparat Srithawong<sup>2</sup>, Supranee Srikuka<sup>2</sup>, and Wibhu Kutanan<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>สาขาวิชานิติวิทยาศาสตร์; <sup>2</sup>ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ขอนแก่น 40002

<sup>1</sup>Forensic Science Program; <sup>2</sup>Department of Biology, Faculty of Science, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

\*Corresponding author: wibhu@kku.ac.th

### บทคัดย่อ

ชาวเขมรเป็นกลุ่มชนดั้งเดิมที่อาศัยอยู่ในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาษาของชาวเขมรถูกจัดอยู่ในตระกูลภาษากลุ่มย่อยมอญ-เขมร เช่นเดียวกับประชากรดั้งเดิมมอญ-เขมรกลุ่มอื่นในประเทศไทย เช่น ละว้า พม่า และถิ่น จนถึงปัจจุบันยังไม่มีรายงานโครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวเขมรในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงทำการวิเคราะห์ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I ของชาวเขมร จังหวัดสุรินทร์ เพื่อศึกษาความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรม รวมถึงความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างประชากรชาวเขมรกับประชากรอื่นที่ใช้เปรียบเทียบ จำนวน 32 ประชากร (15 ประชากรที่พูดภาษากลุ่มย่อยมอญ-เขมร และ 17 ประชากรที่พูดภาษากลุ่มย่อยไท-กระได) ผลการศึกษาพบว่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์ ( $0.9444 \pm 0.0278$ ) และความหลากหลายนิวคลีโอไทด์ ( $0.0127 \pm 0.0068$ ) ของชาวเขมรมีค่าสูง ผลระยะห่างทางพันธุกรรมระบุว่า ชาวเขมรมีความสัมพันธ์ทางเชื้อสายใกล้ชิดกับชาวถิ่นกลุ่มย่อยปรียามากที่สุด ผลของแผนภูมิ MDS แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรมอญ-เขมรด้วยกันและระหว่างประชากรมอญ-เขมรกับประชากรไท-กระได ผลการวิเคราะห์ AMOVA และแผนภูมิต้นไม้แบบ NJ แสดงถึงอิทธิพลของภาษาพูดที่มีต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรมอญ-เขมร ซึ่งอาจเกิดจากการมีบรรพบุรุษร่วมกันในอดีต

### ABSTRACT

The Khmer was recognized as the local inhabitant in the Northeast of Thailand. Khmer language was classified to Mon-Khmer sub-family which is linguistically similar to languages of other local Mon-Khmer speaking groups in Thailand, e.g., Lawa, Palaung, Khamu and H'tin. Hitherto, genetic structure of the Khmer in Northeastern Thailand has not been reported yet. Thus, this study analyses mtDNA-HVR-I variation of the Khmer from Surin Province in order to determine genetic diversity and genetic structure of the Khmer. Moreover, genetic affinity between the Khmer and other 32 compared populations (15 Mon-Khmer speaking populations and 17 Tai-Kadai speaking populations) was investigated. The result showed that haplotype diversity ( $0.9444 \pm 0.0278$ ) and nucleotide diversity ( $0.0127 \pm 0.0068$ ) of the Khmer were high. Genetic distance result indicated that the Khmer are most closely related to the H'tin, subgroup Pray, from Nan Province. MDS result revealed differentiation among the Mon-Khmer populations as well as between the Mon-Khmer populations and the Tai-Kadai populations. AMOVA and NJ tree analyses exhibited the influence of language and genetic structure of the Mon-Khmer population suggesting their shared common ancestors.

**คำสำคัญ:** ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย, ชาวเขมร, โครงสร้างทางพันธุกรรม

**Keywords:** mitochondrial DNA variation, the Khmer, genetic structure