

ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวเขมร จังหวัด สุรินทร์ ประเทศไทย

Mitochondrial DNA variation of the Khmer in Surin province, Thailand

พิชชาภา บุญโสดา¹ ศุภรัตน์ ศรีทะวงษ์² สุปราณี ศรีภูเกา² และ วิภู กุดะนันท์^{2*}

Pitchapa Boonsoda¹ Suparat Srithawong² Supranee Srikuka² and Wibhu Kutanan^{2*}

¹สาขาวิชานิติวิทยาศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ขอนแก่น 40002

²ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ขอนแก่น 40002

¹Forensic Science Program, Faculty of Science, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

²Department of Biology, Faculty of Science, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

*Corresponding author: wibhu@kku.ac.th

บทคัดย่อ

ชาวเขมรเป็นกลุ่มชนดั้งเดิมที่อาศัยอยู่ในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาษาของชาวเขมรถูกจัดอยู่ในตระกูลภาษากลุ่มย่อยมอญ-เขมร เช่นเดียวกับประชากรดั้งเดิมมอญ-เขมรกลุ่มอื่นในประเทศไทย เช่น ชาวละว้า ชาวพม่า ชาวขมุ และชาวกู๋ จนถึงปัจจุบันยังไม่มีรายงานโครงสร้างทางพันธุกรรม ของชาวเขมรในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงวิเคราะห์ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I ของชาวเขมร จังหวัดสุรินทร์ เพื่อศึกษาความหลากหลายและโครงสร้างทางพันธุกรรม รวมถึงความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างประชากรชาวเขมร กับประชากรอื่นที่ใช้เปรียบเทียบจำนวน 31 ประชากร (14 ประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร และ 17 ประชากรที่พูดภาษาไทย-กระได) ผลการศึกษาพบความหลากหลายของแฮปโลไทป์ (0.9444 ± 0.0278) และความหลากหลายนิวคลีโอไทด์ (0.0127

± 0.0068) ของชาวเขมรมีค่าสูง ผลระยะห่างทางพันธุกรรมระบุว่า ชาวเขมรมีความสัมพันธ์ทางเชื้อสายใกล้ชิด กับชาวกู๋กลุ่มย่อยปรียามากที่สุด ผลของแผนภูมิ MDS แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมของประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร ด้วยกัน และระหว่างประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร กับประชากรที่พูดภาษาไทย-กระได ผลการวิเคราะห์ AMOVA และแผนภูมิต้นไม้แบบ NJ แสดงถึงอิทธิพลของภาษาพูดที่มีต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรที่พูดภาษามอญ-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 31 compared populations (14 Mon-Khmer speaking populations and 17 Tai-Kadai speaking populations) was investigated. The results showed that haplotype diversity (0.9444 ± 0.0278) and nucleotide diversity (0.0127 ± 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 genetic differentiation among the Mon-Khmer speaking populations as well as between the Mon-Khmer speaking populations and the Tai-Kadai speaking populations. AMOVA and NJ tree analyses exhibited the influence of language to genetic structure of the Mon-Khmer speaking population, suggesting their shared common ancestors.

คำสำคัญ : ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย, ชาวเขมร, โครงสร้างทางพันธุกรรม

Keywords: mitochondrial DNA variation, the Khmer, genetic structure

บทนำ

ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม ที่นิยมนำมาประยุกต์ใช้ในงานด้านพันธุศาสตร์ประชากรและนิติวิทยาศาสตร์

การศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประเทศไทยส่วนใหญ่ จะจำกัดอยู่ในบริเวณภาคเหนือ แต่ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือซึ่งมีความหลากหลายของประชากรสูงเช่นกัน กลับมีรายงานการศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเพียง 4 ประชากรเท่านั้น คือ ผู้ไท ชาวบน ไทยขอนแก่น และไทยโคราช (Fucharoen *et al.*, 2001; Lertrit *et al.*, 2008) กลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือปัจจุบันมีประมาณ 20 กลุ่ม แบ่งเป็น 2 กลุ่มหลักตามภาษาพูด คือ กลุ่มประชากรที่พูดภาษากลุ่มย่อยมอญ-เขมร (Mon-Khmer language subfamily) และกลุ่มประชากรที่พูดภาษากลุ่มย่อยไท-กระได (Tai-Kadai language subfamily) ชาวเขมรเป็นกลุ่มชนกลุ่มแรกที่ครอบครองดินแดนแห่งนี้ ก่อนที่ชาวมอญ ชาวยุ้ย และประชากรที่พูดภาษาไทย-กระไดกลุ่มอื่นจะอพยพโยกย้ายมาตั้งถิ่นฐาน จนถึงปัจจุบันยังไม่มีรายงานความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของชาวเขมร ในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ดังนั้นงานวิจัยครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวเขมร ที่อาศัยอยู่ในจังหวัดสุรินทร์ เพื่อสร้างฐานข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรม และความสัมพันธ์ทางเชื้อสายระหว่างประชากรของชาวเขมร และประชากรอื่นที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย

อุปกรณ์และวิธีการ

กลุ่มตัวอย่าง

ตัวอย่างชาวเขมรในการศึกษานี้ จากบ้านสนบ ตำบลม อำเภอสังขะ จังหวัดสุรินทร์ ทำการสัมภาษณ์ประวัติ เช่น ภาษา และประวัติศาสตร์พันธุ์ของครอบครัว จากนั้นจึงเก็บตัวอย่างเยื่อหูข้างแก้มจากอาสาสมัครชาวเขมร (เขมร1) ที่มีสุขภาพ

แข็งแรง อายุ 20-60 ปี และไม่เป็นญาติพี่น้องกัน อย่างน้อย 2 ชั่วรุ่น จำนวน 36 คน (ชาย 16 คน และหญิง 20 คน) โครงการวิจัยนี้ได้ผ่านการอนุมัติ จากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น (รหัสโครงการ HE552167)

การหาลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ HVR-1

นำตัวอย่างเยื่อข้างแก้มที่ได้มาสกัดดีเอ็นเอด้วยชุดน้ำยา Gentra Puregene Buccal Cell kit (Qiagen, Germany) เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณ D-loop ด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้คู่ไพรเมอร์ LLmt-A: 15704-CATAGCCA ATCACTTTATTG-15723 และ LHmt-E: 430-CTG TTAAAAGTGCATACCGCC-410 (Schurr *et al.*, 1999) จากนั้นตรวจสอบผลผลิตจากการทำปฏิกิริยา ลูกโซ่พอลิเมอเรส ด้วยเทคนิคอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟรีซิส ส่งผลผลิตที่ได้ไปหาลำดับเบส บริเวณ HVR-1 ที่บริษัท Macrogen ประเทศเกาหลีใต้ โดยใช้คู่ไพรเมอร์ SeqLmt-A: 15897-GTATAAACT AATACACCAGTCTTGT-15921 และ SeqHmt-E: 100-CAGCGTCTCGCAATGCTATCGCGTG-76 (Kampuansai *et al.*, 2007)

การวิเคราะห์ข้อมูล

นำผลของลำดับเบสที่ได้ทั้งสาย forward และ reverse มาเข้าคู่กันด้วยโปรแกรม SeqScape v.2.7 (Applied Biosystem, Foster City, CA) จากนั้นวิเคราะห์หาลำดับเบสที่มีความผันแปรของเบส (polymorphic site) โดยเทียบกับลำดับเบสอ้างอิง (Revised Cambridge Reference Sequence) (Andrew *et al.*, 1999) ด้วยโปรแกรม DnaSP v.5 (Librado and Rozas, 2009) คำนวณความหลากหลายของแฮปโลไทป์ (haplotype diversity, h) และความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์

(nucleotide diversity, π) ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN v.3.5 (Excoffier and Lischer, 2010) รวบรวมข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของประชากรที่จะใช้เปรียบเทียบ ซึ่งเคยมีรายงานมาก่อนหน้านี้ จำนวนทั้งหมด 31 ประชากร ประกอบด้วยประชากรที่พูดภาษามอญเขมร จำนวน 14 ประชากร และประชากรที่พูดภาษาไทย-กระได จำนวน 17 ประชากร (Table 1) คำนวณระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (pairwise difference, F_{st}) และวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมด้วยวิธี Analysis of Molecular Variance (AMOVA) (Excoffier *et al.*, 1992) ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN v.3.5 นำระยะห่างทางพันธุกรรมมาสร้างเป็นแผนภูมิ 2D multidimensional scaling (2D-MDS) ด้วยโปรแกรม STATISTICA v.10 (Statsoft Ltd.) และแผนภูมิต้นไม้แบบ neighbor joining (NJ) ด้วยโปรแกรม MEGA 5.0 (Tamura *et al.*, 2007)

ผลการทดลองและวิจารณ์

จากการศึกษาลำดับเบสดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-I ความยาว 561 คู่เบส (ตำแหน่งที่ 16001 ถึง 16561) ในประชากรชาวเขมร จำนวน 36 คน พบแฮปโลไทป์ที่ต่างกันทั้งหมด 24 แบบ ซึ่งเกิดจากตำแหน่งที่มีความผันแปรของเบส 40 ตำแหน่ง (Figure 1) ค่าความหลากหลายของแฮปโลไทป์ และความหลากหลายนิวคลีโอไทด์ เท่ากับ 0.9444 ± 0.0278 และ 0.0127 ± 0.0068 ตามลำดับ ค่าทั้งสองมีค่าสูงอยู่ในช่วงเดียวกับประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมรกลุ่มอื่นที่เคยมีรายงานมาก่อนหน้านี้ (Kutanen *et al.*, 2011a)

ในการเปรียบเทียบความสัมพันธ์ระหว่างประชากร จะใช้ลำดับเบสดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย บริเวณ HVR-1 เพียง 336 คู่เบส (ตำแหน่งที่ 16024 ถึง 16383) เมื่อวิเคราะห์ผลระยะห่างทางพันธุกรรม

Table 1 General information of the studied Khmer population and compared populations.

Populations	Linguistic sub-family	Location (Province, Thailand)	Sample size	References	F_{st}^*
Khmer1	Mon-Khmer	Surin	36	Present study	-
Chong	Mon-Khmer	Chantaburi	25	Fucharoen <i>et al.</i> , 2001	0.2219
Laosong	Tai-Kadai	Supanburi	25	Fucharoen <i>et al.</i> , 2001	0.1936
Phutai	Tai-Kadai	Mukdahan	25	Fucharoen <i>et al.</i> , 2001	0.0859
Thai1	Tai-Kadai	Chiang Mai	30	Fucharoen <i>et al.</i> , 2001	0.1008
Thai2	Tai-Kadai	Khon Kaen	44	Fucharoen <i>et al.</i> , 2001	0.1281
Khuen	Tai-Kadai	Chiang Mai	60	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1702
Lue1	Tai-Kadai	Nan	51	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1806
Lue2	Tai-Kadai	Nan	44	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1966
Lue3	Tai-Kadai	Chiang Rai	50	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1567
Lue4	Tai-Kadai	Chiang Mai	46	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1975
Yuan1	Tai-Kadai	Chiang Mai	39	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.155
Yuan2	Tai-Kadai	Chiang Mai	50	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1515
Yuan3	Tai-Kadai	Lamphun,	50	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1834
Yuan4	Tai-Kadai	Saraburi	44	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.2142
Yong	Tai-Kadai	Lamphun	62	Kampuansai <i>et al.</i> , 2007	0.1147
Khmer2	Mon-Khmer	Chantaburi (Thailand-Cambodia border)	22	Lertrit <i>et al.</i> , 2008	0.0953
Chaobon	Mon-Khmer	Nakhorn-Ratchasima	20	Lertrit <i>et al.</i> , 2008	0.2138
Thai3	Tai-Kadai	Nakhorn-Ratchasima	32	Lertrit <i>et al.</i> , 2008	0.1129
Laos	Tai-Kadai	Laos	213	Bodner <i>et al.</i> , 2011	0.114
Lawa1	Mon-Khmer	Mae Hong Son	46	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.1606
Lawa2	Mon-Khmer	Chiang Mai	50	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.1513
Mon	Mon-Khmer	Lamphun	41	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.1536
Paluang	Mon-Khmer	Chiang Mai	51	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.2041
Blang1	Mon-Khmer	Chiang Rai	38	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.1431
Blang2	Mon-Khmer	Chiang Rai	45	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.0815
H'tin1 (Mal)	Mon-Khmer	Nan	37	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.2524
H'tin2 (Pray)	Mon-Khmer	Nan	25	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.0531
H'tin3 (Pray)	Mon-Khmer	Nan	38	Kutanan <i>et al.</i> , 2011a	0.0394
Shan	Tai-Kadai	Mae Hong Son	43	Kutanan <i>et al.</i> , 2011b	0.0939
Khamu	Mon-Khmer	Nan	39	Kampuansai <i>et al.</i> , 2012	0.1225
Lawa3	Mon-Khmer	Mae Hong Son	41	Kampuansai <i>et al.</i> , 2013	0.1848

* genetic distance value (F_{st}) between the Khmer1 and each population

Bold numbers indicate statistical significance at $P < 0.01$

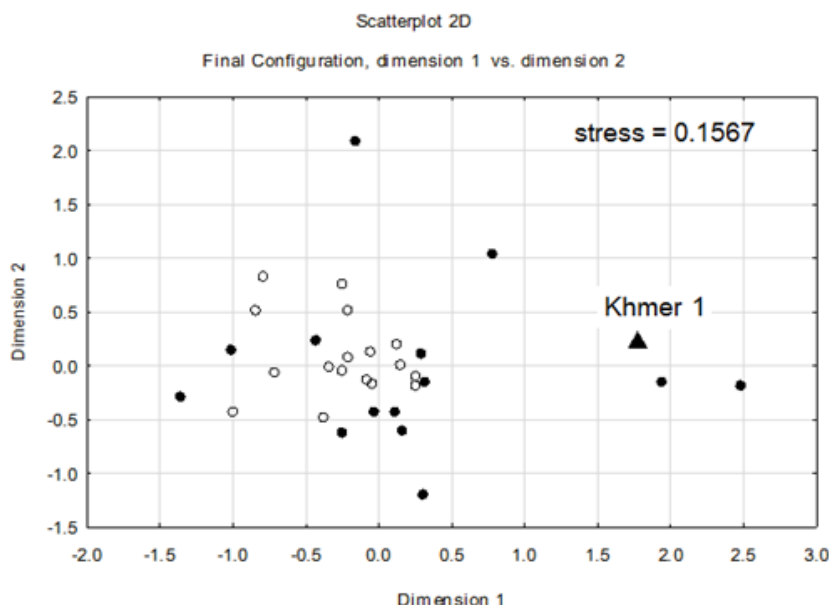


Figure 2 Multidimensional scaling scatter plot (MDS) based on F_{st} distance of the studied Khmer population (▲) and 31 compared populations (● Mon-Khmer speaking populations and ○ Tai-Kadai speaking populations)

พล่ง 2 ถูกจัดอยู่ในกิ่งก้านสาขาเดียวกัน ซึ่งทั้ง 5 ประชากร มีภาษาพูดถูกจัดอยู่ในกลุ่มย่อยตระกูลมอญ-เขมรแสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างภาษาพูดและพันธุกรรม

เมื่อวิเคราะห์ AMOVA (Table 2) โดยพิจารณาค่าความผันแปรทางพันธุกรรมระหว่างประชากรรวมทั้งหมด มีค่าเป็นร้อยละ 7.25 ซึ่งมากกว่าค่าความผันแปรทางพันธุกรรมระหว่างประชากรในประชากรที่พูดภาษาไท-กระได (ร้อยละ 3.80) แต่น้อยกว่ากลุ่มของประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร (ร้อยละ 12.34) แสดงให้เห็นถึงการมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกันอย่างมากในประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมร และการมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่คล้ายกันในประชากรที่พูดภาษาไท-กระได สอดคล้องกับผลของแผนภูมิ MDS (Figure 2) และเมื่อแบ่งประชากรเป็นสองกลุ่มตามตระกูลย่อยของภาษา พบว่าค่าความผันแปรทางพันธุกรรม

ระหว่างกลุ่มประชากร เท่ากับ ร้อยละ 0.85 ($P = 0.0000$) แสดงถึงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญของประชากรระหว่างตระกูลย่อยของภาษา และสอดคล้องกับผลของแผนภูมิต้นไม้แบบ NJ (Figure 3)

โดยทั่วไปในประชากรมนุษย์ ปัจจัยที่ส่งผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรม คือ แรงผลักดันทางวิวัฒนาการ (evolutionary force) เช่น การกลายพันธุ์ เจเนติกดริฟท์ การอพยพ และการคัดเลือก เป็นต้น นอกจากนี้ ปัจจัยทางด้านภูมิศาสตร์ก็ส่งผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรมากเช่นกัน ซึ่งเป็นไปตามโมเดลของการแบ่งแยกทางภูมิศาสตร์ (isolation-by-distance) กล่าวคือระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร จะแปรผันตรงกับระยะห่างทางภูมิศาสตร์ (Nettle and Harris, 2003) อย่างไรก็ตามในบางกรณี ทั้งแรงผลักดันทางวิวัฒนาการและภูมิศาสตร์ อาจจะมีผลต่อโครงสร้าง

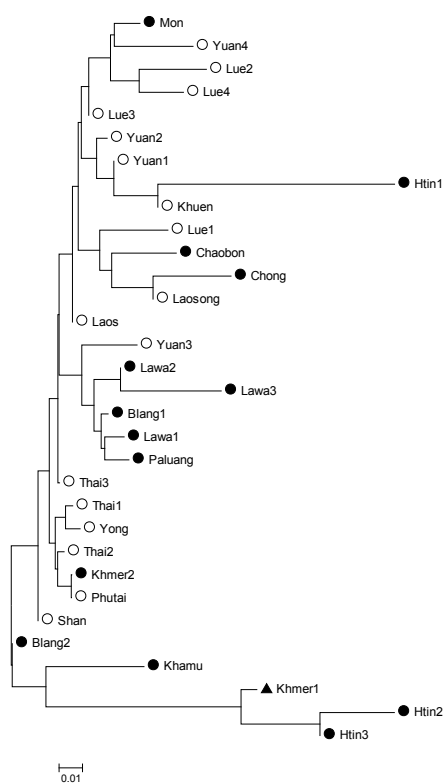


Figure 3 Neighbor joining tree (NJ) based on F_{st} distance of the studied Khmer population (▲) and 31 compared populations (● Mon-Khmer speaking populations and ○ Tai-Kadai speaking populations)

ทางพันธุกรรมของประชากร น้อยกว่าปัจจัยทางภาษาพูด จากผลการศึกษาก่อนหน้านี้ของกลุ่มผู้วิจัย ที่ศึกษาประชากรที่อาศัยอยู่ภาคเหนือของประเทศไทย พบว่าภาษาพูดและวัฒนธรรมมีความสัมพันธ์กับโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากร มากกว่าปัจจัยทางภูมิศาสตร์ (Kutanan *et al.*, 2011a) ในงานวิจัยนี้ผลของแผนภูมิ MDS (Figure 2) แผนภูมิต้นไม้แบบ NJ (Figure 3) และผลการวิเคราะห์ AMOVA (Table 2) แสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและภาษาพูดของประชากรที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย การที่ชาวเขมรจังหวัดสุรินทร์ มีความสัมพันธ์ทางเชื้อสายใกล้ชิดกับชาวถิ่นกลุ่มย่อยปรัยมากที่สุด น่าจะเกิดจากการมีบรรพบุรุษร่วมกันในอดีต ซึ่งสอดคล้องกับสมมุติฐานของ Sokal (1998) และเมื่อพิจารณาการตั้งถิ่นฐานของชาวเขมร และชาวถิ่นกลุ่มย่อยปรัยอยู่ห่างกันมาก แสดงถึงการไม่มีความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยทางภูมิศาสตร์ และโครงสร้างทางพันธุกรรมในประชากรที่ศึกษา อย่างไรก็ตาม การศึกษาครั้งนี้อาศัยเครื่องหมายทางพันธุกรรมเพียงชนิดเดียวเท่านั้น ในอนาคตการวิเคราะห์เครื่องหมายทางพันธุกรรมชนิดอื่น จึงมีความ

Table 2 Results of Analysis of Molecular Variance (AMOVA)

Groups	No. of groups	No. of populations	Variance (%)			Φ_{st}	Φ_{sc}	Φ_{ct}
			Within population	Among populations	Among groups within group			
All samples	1	32	92.75	7.25		0.0725		
Tai-Kadai	1	17	96.20	3.80		0.0379		
Mon-Khmer	1	15	87.66	12.34		0.1233		
Tai-Kadai / Mon-Khmer	2	32	92.35	6.80	0.85	0.0765	0.0686	0.0085

Bold numbers indicate statistical significance at $P < 0.0001$

จำเป็นในการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรม และสร้างฐานข้อมูลนิติวิทยาศาสตร์ของประชากร ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือให้สมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

สรุปผลการทดลอง

การวิเคราะห์ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรชาวเขมร พบว่าชาวเขมรมีค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง อยู่ในช่วงเดียวกับประชากรที่พูดภาษามอญ-เขมรกลุ่มอื่นในประเทศไทย ชาวเขมรมีความใกล้ชิดทางเชื้อสายกับชาวถิ่นกลุ่มย่อยปรัยมากที่สุด แสดงถึงความสอดคล้องกันระหว่างพันธุกรรมและภาษาพูด ซึ่งอาจเกิดจากการมีบรรพบุรุษร่วมกันในอดีต งานวิจัยนี้ยังรายงานตำแหน่งที่มีความผันแปรของเบส ซึ่งเป็นการสร้างฐานข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรภาคตะวันออกเฉียงเหนือ เพื่ออาจนำไปประยุกต์ใช้ในงานด้านนิติวิทยาศาสตร์ในอนาคต

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณศาสตราจารย์และผู้ใหญ่บ้านชาวเขมร บ้านสนบ ตำบลดม อำเภอลำทะลุ จังหวัดสุรินทร์ ที่เสียสละเวลาเข้าร่วมโครงการวิจัย งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจากทุนอุดหนุนการวิจัย ประเภทอุดหนุนทั่วไป มหาวิทยาลัยขอนแก่น ประจำปีงบประมาณ 2556 (รหัสโครงการ 563802)

เอกสารอ้างอิง

Andrew M, Kubacka I, Chinnery F, Lightowlers N, Turnbull M and Howell N (1999) Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genet* 23: 147.

Bodner M, Zimmermann B, Röck A, Kloss-Brandstätter A, Horst D., Horst B., Sengchanh S., Sanguansermsri T, Horst J, Krämer T, Schneider PM and Parson W (2011) Southeast Asian diversity: first insights into the complex mtDNA structure of Laos. *BMC Evol Biol* 11: 49.

Excoffier L and Lischer L (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Eco Res* 10: 564–567.

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.

Fucharoen G, Fucharoen S and Horai S (2001) Mitochondrial DNA polymorphisms in Thailand. *J Hum Genet* 6: 115–125.

Kampuansai J, Bertoelle G, Castri L, Nakhunluang S, Seielsted M and Kangwanpong K (2007) Mitochondrial DNA variation of Tai speaking people in Northern Thailand. *ScienceAsia* 33: 443–448.

Kampuansai J, Kutanan W, Phupanitcharoenkul S and Kangwanpong D (2012) A suggested Khmuic origin of the hunter-gatherer Mlabri in northern Thailand: evidence from maternal DNA lineages. *Thai J Genet* 5: 203–215.

Kampuansai J, Meethong S and Kutanan W (2013) The role of founder effect on genetic structure of the Lawa in Mae Hong Son

- province. *KKU Res J* (in press).
- Kutanan W, Kampuansai J, Fuselli S, Nakbunlung S, Seielstad M, Bertorelle G and Kangwanpong D (2011a) 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 (2011b) Mitochondrial DNA diversity of the Shan in Mae Hong Son, Thailand. *Proceeding of 17th National Genetics Conference*. 7-9 April 2011, Chiang Mai, Thailand. pp. 63–66.
- Lertrit P, Poolsuwan S, Thosarat R, Sanpachudayan T, Boonyarit H, Chinpaisal C and Suktipat 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.
- Librado P and Rozas J (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451–1452.
- Nettle, D. and Harris L (2003) Genetic and linguistic affinities between human populations in Eurasia and West Africa. *Hum Biol* 75: 331–344.
- Sokal RR (1998) Genetic, geographic, and linguistic distances in Europe. *Proc Natl Acad Sci USA* 85: 1722–1726.
- Tamura K, Dudley J, Nei M and Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol* 24: 1596–1599.