

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: MRG5580058

ชื่อโครงการ: การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของกลุ่มชาติพันธุ์ในภาค

ตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

ชื่อนักวิจัย : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ วิชา กุตะนันท์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

E-mail Address : wibhu@kku.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: 2 กรกฎาคม 2555 ถึง 2 กรกฎาคม 2557

ภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยหรือภาคอีสาน มีอาณาเขตติดต่อกับประเทศลาวและกัมพูชา และมีระยะทางไม่ไกลจากประเทศเวียดนาม จึงทำให้ดินแดนแห่งนี้เป็นเส้นทางการอพยพของกลุ่มชาติพันธุ์ที่หลากหลายตั้งแต่อดีต ทั้งกลุ่มชาติพันธุ์ที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติก เช่น มอญ เขมร ลัวะ ชาวบ่น และโส้ เป็นต้น และกลุ่มชาติพันธุ์ที่พูดภาษาตระกูลไท-กะได เช่น ผู้ไท ไทญ้อ ไทแสก กะเลิง และลาวอีสาน ภาคอีสานสามารถแบ่งเป็น 2 ส่วนตามลักษณะทางภูมิศาสตร์ คือแอ่งที่ราบสกลนครและแอ่งที่ราบโคราช งานวิจัยทางด้านพันธุศาสตร์ประชากรก่อนหน้านี้ ได้แสดงถึงอิทธิพลของปัจจัยด้านภูมิศาสตร์และภาษาพูดที่มีต่อความผันแปรทางพันธุกรรม แต่การศึกษาปัจจัยดังกล่าวยังไม่เคยมีรายงานในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์ที่จะประเมินปัจจัยที่อาจส่งผลต่อโครงสร้างและความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรจำนวน 10 กลุ่มชาติพันธุ์ จำนวน 433 คน โดยใช้ลำดับเบสดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณที่มีความหลากหลายสูง ความยาว 596 คู่เบส เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรม ผลการศึกษาจากการวิเคราะห์แผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแบบ multidimensional scaling และการวิเคราะห์ spatial analysis of molecular variance พบความสัมพันธ์ทางเชื้อสายที่ใกล้ชิดกันของประชากรที่อาศัยอยู่ในแอ่งที่ราบสกลนคร ในขณะที่ผลการวิเคราะห์ analysis of molecular variance และ Mantel test แสดงอิทธิพลของปัจจัยด้านภูมิศาสตร์ที่ส่งผลต่อโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากร ทำการสร้างโมเดลแสดงความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ จำนวน 3 โมเดล ซึ่งได้รับอิทธิพลของภาษา (โมเดล 1) ภูมิศาสตร์ (โมเดล 2) และการอพยพ (โมเดล 3) จากนั้นใช้วิธีการคำนวณแบบ Approximate Bayesian Computation และ type I error เพื่อคัดเลือกโมเดลที่เหมาะสม ผลการศึกษาคือโมเดลที่ 2 เหมาะสมกับข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรที่ศึกษา ซึ่งแสดงถึงปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีผลต่อความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในประชากรภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย

คำหลัก: ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย/ แอ่งที่ราบสกลนคร/ แอ่งที่ราบโคราช/ ออสโตรเอเชียติก/ ไท-กะได/

ภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย/ Approximate Bayesian Computation

Abstract

Project Code : MRG5580058

Project Title : Deciphering diversity in various ethnic affiliations in Northeastern Thailand

Investigator : Assist.Prof.Dr. Wibhu Kutanan

E-mail Address : wibhu@kku.ac.th

Project Period : 2 July 2013- 2 July 2015

Northeastern Thailand or Isan shares borders with Laos and Cambodia and lies in close proximity to Vietnam, this region has become a crossroad of various Southeast Asian peoples through migration and settlement periods since prehistoric times. Several studies have shown the influence of geographic and linguistic factors in shaping genetic variation. Geographic barriers separate Northeastern Thailand into two wide basins, the Sakon Nakorn Basin and the Korat Basin serving today as home to diverse ethnicities encompassing two different linguistic families, i.e., the Austro-Asiatic; Suay (Kui), Mon, Chaobon (Nyahkur), So and Khmer, and the Tai-Kadai; Saek, Nyaw, Phu Tai, Kaleung and Lao Isan. The present study intends to evaluate the elements responsible for maternal genetic variations, like geography and language, of these ten Northeastern Thai ethnicities. Population history is also reconstructed based on sequencing of a 596-bp segment of the hypervariable region I (HVRI) mtDNA in 433 individuals. Congruent results of three dimensional scaling plot and spatial analysis of molecular variance exhibited relatively close affiliations among population within the Sakon Nakorn Basin, while analysis of molecular variance and Mantel test revealed the predominant geographic factor in determining population affinity. Three demographic evolutionary models described by language (Model 1), geography (Model 2), and recent migration (Model 3) were propose to evaluate whether model was fitted to describe mtDNA data. Approximate Bayesian Computation and a type I error results strongly selected Model 2, supporting that geography is the primary influential factor underlying genetic divergence of studied populations.

Keywords : mtDNA-HVRI/ genetic affinity/ Approximate Bayesian Computation/Austro-Asiatic/ Tai-Kadai/ Sakon Nakorn Basin/Korat Basin/ Northeastern Thailand