

Thesis Title Analysis of Genetic Admixture Along Migration Route
of Northern Thai People

Author Mr. Wibhu Kutanan

Degree Doctor of Philosophy (Biology)

Thesis Advisory Committee Assoc. Prof. Dr. Daoroong Kangwanpong Advisor
Assoc. Prof. Dr. Mark Seielstad Co-advisor
Assoc. Prof. Dr. Giorgio Bertorelle Co-advisor
Lect. Dr. Supaporn Nakbunlung Co-advisor
Mrs. Pornpilai Lerdvicha Co-advisor

ABSTRACT

The territory of Northern Thailand was ethnically, culturally, and linguistically diversified through migration and settlement of the local Mon-Khmer (Lawa and Mon) and several immigrant Tai populations (Yuan, Lue, Yong, Khuen, and Shan). With each successive generation, some of these peoples retained their original ethnicity, but others mixed and became the present-day Khon Mueang. Khon Mueang is the local name commonly applied by the people of northern Thailand to themselves, but this word now applies mostly to a social and political category rather than a distinct population, and it is not the name of a specific ethnicity. Our previous mtDNA studies suggested an admixture process of the Khon Mueang with native

Mon-Khmer populations. In this research, variation analyses of uni-parentally inherited genetic markers (Y-chromosome and mtDNA), and bi-parentally inherited genetic markers (autosome) were applied as a tool to investigate the population affinity of the studied populations and to explore the level of admixture in the Khon Mueang.

Studied populations were divided into two groups. The first group included 10 present-day Khon Mueang populations, who residing in villages along the historical Yuan migration route. Another group consisted of 10 populations in the vicinity belonging to seven ethnicities (Lawa, Mon, Yuan, Lue, Yong, Khuen, and Shan), who played an important role in Northern Thai history. They were selected as the potential parental populations of Khon Mueang. DNA was extracted from the white blood cells of unrelated subjects, using the inorganic salting out protocol. Fifteen autosomal STR loci and 17 Y-linked STR loci were genotyped, and the D-loop fragments of mitochondrial DNA at positions 16048-16383 were sequenced. Moreover, 104 Y chromosomal bi-allelic markers and 23 bi-allelic markers in the coding region of mitochondrial DNA were genotyped in order to classify the haplogroups. The data were analyzed using various statistical methods.

The haplogroup profile suggested that the studied populations were indigenous to Southeast Asian. Genetic distance and haplogroup matching showed that Khon Mueang were more closely related to the neighboring Tai than the Mon-Khmer populations. Since Khon Mueang showed the genetic characteristics of a hybrid population, they were suggested to be an admixed group, a result of blending with their parental Tai and Mon-Khmer populations. Among the parental populations, the

Tai speaking groups exhibited a close genetic relatedness while the Mon-Khmer speaking groups were considerably differentiated.

Genetic history of studied populations in paternal and maternal lineages was not concordant. Some neighboring populations, whose unique genetic imprints were observed, might be influenced by genetic drift and/or sex-biased migration as well as post-marital residential practices. Differential genetic patterns of Khon Mueang between males and females could be explained by the process of sex-biased admixture. In addition, both linguistic and geographic factors determined paternal genetic variation of studied populations whereas maternal genetic variation was solely influenced by the geographic factor.

Admixture analysis based on autosomal marker showed that Khon Mueang in Northern Thailand had higher contribution from the parental Tai than the Mon-Khmer groups. Different admixture patterns of the Khon Mueang along the migration route might indicate high heterogeneity among the Khon Mueang. These patterns were not directly associated with geographic proximity, suggesting that other factors, such as variation in the timing of admixture with the existing populations might have played an important role.

However, admixture estimation by Y chromosome and mtDNA revealed that only Khon Mueang residing in the Chiang Mai-Lamphun basin showed sex-biased admixture patterns, indicating the role of geography in determining genetic admixture in the Khon Mueang. A stronger influence of native Mon-Khmer speaking groups on the male lineage compared to the female suggested that more Mon-Khmer males might have been absorbed into the Tai society in the 13th century A.D. than Mon-Khmer females. The less drastic admixture bias between male and female indicated

that the mass migrations of the Tai likely occurred in both sexes. Moreover, the more similar admixture patterns in the maternal line reflected an increase female mobility in this basin.

Admixture results obtained from uni- and bi- parentally inherited markers reflected that both factors of variation in the timing of admixture with the existing different populations and geography influenced on shaping the current gene pool of the Khon Mueang.

Although the admixture and affinities with the modern descendants of the Khon Mueang ancestral populations from outside Thailand could not be investigated, this study did reveal genetic admixture among the Khon Mueang in Northern Thailand. Moreover, the results from admixture analyses in this study were consistent with the results from previous studies by the same group.

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ การวิเคราะห์การผสมผสานทางพันธุกรรมตามเส้นทางการอพยพของ
ประชากรไทยภาคเหนือ

ผู้เขียน นายวิภู กุตะนันท์

ปริญญา วิทยาศาสตร์ดุขฎิบัณทิต (ชีววิทยา)

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

รศ. ดร. ดาวรุ่ง	กังวานพงศ์	อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก
Assoc. Prof. Dr. Mark	Seielstad	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
Assoc. Prof. Dr. Giorgio	Bertorelle	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
อ. ดร. สุภาพร	นาคบัลลังก์	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
นางพรพิไล	เลิศวิชา	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

บทคัดย่อ

ดินแดนภาคเหนือของประเทศไทยเป็นบริเวณที่มีความหลากหลายของกลุ่มชาติพันธุ์ ภาษา และวัฒนธรรม เนื่องจากการอพยพและการตั้งถิ่นฐานของประชากรหลากหลายกลุ่ม ทั้งกลุ่มประชากรดั้งเดิมที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมร (ละว้า และมอญ) และกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลไท ซึ่งอพยพมาตั้งถิ่นฐานในภายหลัง (ยวน ลื้อ ยอง เจิน และไทใหญ่) เมื่อเวลาผ่านไป ประชากรเหล่านี้ส่วนหนึ่งยังคงสามารถรักษาลักษณะของตนไว้ได้ ในขณะที่อีกส่วนหนึ่งถูกผสมผสาน จนในที่สุดกลายเป็น “คนเมือง” ในปัจจุบัน คนเมืองเป็นชื่อท้องถิ่นที่คนไทยทางภาคเหนือใช้เรียกตัวเอง ดังนั้นคำว่าคนเมืองนี้จึงไม่ใช่ชื่อของกลุ่มชาติพันธุ์ใดๆ การศึกษาก่อนหน้านี้ของกลุ่มวิจัยเดียวกันได้ค้นพบข้อมูลว่าการผสมผสานทางพันธุกรรมของคนเมืองกับกลุ่มประชากรที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมร ดังนั้นการศึกษาวิจัยในครั้งนี้จึงมุ่งหวังที่จะศึกษาความสัมพันธ์ทางเชื้อสายและการผสมผสานทางพันธุกรรมในประชากรคนเมือง โดยอาศัยเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่มีการถ่ายทอดผ่านทางเพศชายและเพศหญิงเพียงเพศเดียว (โครโมโซมวาย และ ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย) กับชนิดที่ถ่ายทอดผ่านในทั้งสองเพศ (ออโตโซม)

ประชากรที่ศึกษาแบ่งเป็นสองกลุ่ม กลุ่มแรก คือประชากรคนเมืองปัจจุบันที่อาศัยอยู่ใน 10 หมู่บ้าน ตามเส้นทางการอพยพของชาวยวน อีกกลุ่มประกอบด้วยประชากรข้างเคียง 10 ประชากร จาก 7 กลุ่มชาติพันธุ์ (ละว้า มอญ ยวน ลื้อ ยอง เจิน และไทใหญ่) ที่มีบทบาทสำคัญใน

ประวัติศาสตร์ของภาคเหนือของประเทศไทย และสันนิษฐานว่าน่าจะเป็นประชากรพ่อแม่ของคนเมือง โดยเก็บตัวอย่างเลือดจากอาสาสมัครทั้งสองเพศที่ไม่เป็นญาติกัน เพื่อสกัดดีเอ็นเอ จากนั้นศึกษาความผันแปรของลำดับเบสซ้ำสั้นๆ ในออโตโซม 15 ตำแหน่ง และโครโมโซมวาย 17 ตำแหน่ง รวมทั้งหาลำดับเบสบริเวณ D-loop ของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ตำแหน่งที่ 16048-16383 นอกจากนี้ ยังศึกษาเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีความผันแปรได้สองรูปแบบ ในโครโมโซมวายและดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย อีกจำนวน 103 และ 23 ตำแหน่ง ตามลำดับ เพื่อนำไปจัดแฮปโลกรุป แล้วจึงวิเคราะห์ข้อมูลด้วยวิธีการทางสถิติ

ผลการศึกษาจากข้อมูลแฮปโลกรุประบุว่า ประชากรที่ศึกษาทั้งหมดเป็นประชากรดั้งเดิมของภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ระยะห่างระหว่างพันธุกรรมและข้อมูลจากแฮปโลกรุปชี้ให้เห็นว่า ประชากรคนเมืองมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับประชากรที่พูดภาษาตระกูลไทมากกว่าประชากรที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมร นอกจากนี้คนเมืองยังแสดงลักษณะพันธุกรรมของประชากรลูกผสม ทำให้คาดได้ว่า ประชากรลูกผสมคนเมืองเกิดจากการผสมระหว่างประชากรพ่อแม่ที่พูดภาษาตระกูลไทและมอญ-เขมร ซึ่งในกลุ่มประชากรพ่อแม่เหล่านั้น ประชากรที่พูดภาษาตระกูลไทมีพันธุกรรมที่ใกล้ชิดกัน ในขณะที่ประชากรที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมรมีโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างระหว่างกันอย่างมาก

ประวัติการสืบเชื้อสายทางฝ่ายชายและฝ่ายหญิงของประชากรที่ศึกษาทั้งหมดไม่สอดคล้องกัน โดยโครงสร้างพันธุกรรมของประชากรข้างเคียงบางกลุ่มแสดงลักษณะเฉพาะ ซึ่งอาจเป็นผลมาจากกระบวนการเปลี่ยนแปลงโดยฉับพลันของยีน และ/หรือ การอพยพของเพศชายและเพศหญิงที่มีจำนวนไม่เท่ากัน รวมทั้งอาจเป็นผลเนื่องมาจากการเลือกที่อยู่อาศัยหลังการแต่งงานตามธรรมเนียมปฏิบัติทางวัฒนธรรม ในขณะที่ความไม่สอดคล้องของรูปแบบทางพันธุกรรมในประชากรคนเมือง อธิบายได้จากกระบวนการผสมผสานทางพันธุกรรมที่ไม่สอดคล้องกันระหว่างฝ่ายชายและฝ่ายหญิง นอกจากนี้ยังพบว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรฝ่ายชาย ได้รับอิทธิพลมาจากทั้งปัจจัยทางภาษาศาสตร์และภูมิศาสตร์ ในขณะที่ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรฝ่ายหญิง ได้รับอิทธิพลจากปัจจัยทางภูมิศาสตร์เท่านั้น

การผสมผสานทางพันธุกรรม พิจารณาจากเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ถ่ายทอดไปได้ทั้งฝ่ายชายและฝ่ายหญิง พบว่าคนเมืองตามเส้นทางกรอพยพของชาวยวน ได้รับการผสมผสานทางพันธุกรรมจากประชากรพ่อแม่ที่พูดภาษาตระกูลไทมากกว่าที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมร โดยรูปแบบสัดส่วนการผสมผสานทางพันธุกรรมในคนเมืองนั้นมีความแตกต่างกัน แม้ว่าจะอยู่ในพื้นที่ทางภูมิศาสตร์เดียวกันก็ตาม แสดงให้เห็นว่าปัจจัยทางภูมิศาสตร์ไม่มีผลต่อรูปแบบสัดส่วนการ

ผสมผสานทางพันธุกรรม แต่คาดว่า ระยะเวลาที่ต่างกันของการเกิดการผสมผสาน ซึ่งมีประชากรพ่อแม่ในแต่ละพื้นที่ต่างกัน มีบทบาทสำคัญต่อการผสมผสานทางพันธุกรรมในคนเมือง

อย่างไรก็ตาม จากการคำนวณการผสมผสานทางพันธุกรรมโดยใช้โครโมโซมวาย และดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย พบว่าประชากรคนเมืองที่อาศัยอยู่ในบริเวณแอ่งที่ราบเชียงใหม่-ลำพูน มีรูปแบบการผสมผสานไม่สอดคล้องกันระหว่างฝ่ายชายและฝ่ายหญิง แสดงให้เห็นว่าปัจจัยทางภูมิศาสตร์ยังมีผลต่อการผสมผสานทางพันธุกรรมในคนเมือง โดยในประชากรฝ่ายชายได้รับพันธุกรรมจากประชากรพ่อแม่ที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมรมากกว่าประชากรพ่อแม่ที่พูดภาษาตระกูลไท ในขณะที่ประชากรฝ่ายหญิงได้รับพันธุกรรมจากประชากรพ่อแม่ที่พูดภาษาตระกูลไทมากกว่า ทั้งนี้อาจเกิดจากการที่ประชากรคนเมืองฝ่ายชาย ที่สืบเชื้อสายมาจากประชากรมอญ-เขมรดั้งเดิม แต่ต่อมาได้รับเอาวัฒนธรรม ประเพณี และภาษาพูดผ่านทางติดต่อและการปกครองของกลุ่มคนไท ในช่วงศตวรรษที่ 13 มีมากกว่าประชากรฝ่ายหญิง จากความไม่สอดคล้องกันของรูปแบบการผสมผสานทางพันธุกรรมระหว่างฝ่ายชายและฝ่ายหญิง ซึ่งมีสัดส่วนต่างกันเพียงเล็กน้อย อาจเกิดมาจากรูปแบบของการอพยพของประชากรพ่อแม่ที่พูดภาษาตระกูลไท โดยทั้งเพศชายและเพศหญิงที่อพยพมีสัดส่วนต่างกันไม่มาก นอกจากนี้การที่รูปแบบการผสมผสานทางพันธุกรรมของประชากรคนเมืองในฝ่ายหญิงมีความเหมือนกันในแต่ละประชากรมากกว่าฝ่ายชาย อาจส่งผลมาจากประชากรฝ่ายหญิงมีการเคลื่อนย้ายในแอ่งที่ราบเชียงใหม่-ลำพูนมากกว่าฝ่ายชาย

ส่วนรูปแบบการผสมผสานซึ่งวิเคราะห์จากเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ถ่ายทอดผ่านทางทั้งสองเพศ และที่ถ่ายทอดผ่านทางเพศชายและเพศหญิงเพียงเพศเดียว แสดงให้เห็นว่า ปัจจัยของระยะเวลาที่ต่างกันในการเกิดการผสมผสาน ซึ่งมีประชากรพ่อแม่ในแต่ละพื้นที่ต่างกัน กับปัจจัยทางภูมิศาสตร์ มีอิทธิพลต่อการกำหนดโครงสร้างทางพันธุกรรมของคนเมืองในปัจจุบัน

โดยสรุปแล้ว ก่อนที่ประชากรซึ่งพูดภาษาตระกูลไทจะอพยพมาจากตอนใต้ของประเทศจีน และเข้ามาตั้งถิ่นฐานอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทยปัจจุบัน ประชากรที่พูดภาษาตระกูลไทเหล่านั้นน่าจะมีการแลกเปลี่ยนทางพันธุกรรมกับประชากรอื่นๆที่อาศัยอยู่ทางตอนใต้ของประเทศจีนมาก่อน และหลังจากที่อพยพเข้าสู่ประเทศไทยแล้ว ได้ผสมผสานกับประชากรที่พูดภาษาตระกูลมอญ-เขมรดั้งเดิม โดยสามารถวิเคราะห์ได้จากการศึกษาในครั้งนี้ ซึ่งสอดคล้องกับข้อเสนอจากการศึกษาก่อนหน้านี้ของกลุ่มวิจัยเดียวกัน

แม้ว่าการผสมผสานทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ระหว่างประชากรพ่อแม่ของคนเมืองที่อาศัยอยู่นอกประเทศไทยจะยังไม่สามารถตรวจสอบได้ แต่จากการศึกษาครั้งนี้ ได้ข้อมูลจากการวิเคราะห์การผสมผสานทางพันธุกรรมของคนเมืองในภาคเหนือของประเทศไทยในระดับหนึ่ง และผลของการศึกษาชิ้นนี้ยังสอดคล้องกับข้อเสนอจากการศึกษาก่อนหน้านี้ของกลุ่มวิจัยเดียวกัน