ความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของชาวมอแกน จังหวัดระนอง ประเทศไทย

Mitochondrial DNA variations of the Moken in Ranong Province, Thailand

ธนพล สีตะระโส (Tanapon Seetaraso)* ดร.วิภู กุตะนันท์ (Dr.Wibhu Kutanan)**

ดร.เมธวี ศรีคำมูล (Dr.Metawee Srikummool)***

บทคัดย่อ

ชาวมอแกนเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่อาศัยอยู่บริเวณหมู่เกาะและชายฝั่งทะเลทางภาคใต้ของประเทศไทย มีภาษาพูดถูกจัดอยู่ในตระกูลภาษาออสโตรนีเซียน ที่ผ่านมามีการศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของชาวมอแกนที่อาศัยอยู่ในหมู่เกาะมะริดประเทศพม่า อย่างไรก็ตามการศึกษาพันธุกรรมของชาวมอแกนในประเทศไทยยังมีจำนวนน้อยและจุดกำเนิดและประวัติการเคลื่อนย้ายยังไม่ชัดเจน งานวิจัยนี้จึงศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุมของชาวมอแกน จำนวน 33 คน จากจังหวัดระนอง ผลการศึกษาพบว่าชาวมอแกนที่ศึกษามีความหลากหลายของแฮโปลไทป์สูง (0.7822 ± 0.035) เมื่อเทียบกับชาวมอแกนกลุ่มอื่น แต่มีความหลากหลายของแฮโปลไทป์ต่ำเมื่อเทียบกับกลุ่มชาติพันธุ์อื่นในประเทศไทย เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างประชากรด้วยแผนภูมิ Multidimensional scaling (MDS) พบว่าประชากรชาวมอแกนมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับชาวมอแกนจากหมู่เกาะมะริดในประเทศพม่า ซึ่งสอดคล้องกับผลการวิเคราะห์รูปแบบแฮโปลกรุ๊ป สำหรับ AMOVA ที่ค่าความแปรปรวนระหว่างกลุ่มมอแกนกับประชากรที่พูดภาษาในตระกูลออสโตรเอเชียติกมีค่าน้อยที่สุด ผลการศึกษาครั้งนี้แสดงว่าชาวมอแกนในจังหวัดระนองอาจมีบรรพบุรุษร่วมกับชาวมอแกนจากหมู่เกาะมะริดและบางประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติก

ABSTRACT

The Moken live on the islands and the coast of southern Thailand, and their languages belong to the Austronesian family. A previous study of mitochondrial (mt) DNA variation of the Moken people in the Mergui Archipelago Islands of Myanmar was performed, but not those living in Thailand. However, there are less genetic studies of this ethnic group and their migration routes, including their inconclusive origins. Here, we investigated mtDNA variations in a control region of 33 Moken people from Ranong Province. The results showed high haplotype diversity (0.7822 ± 0.035) compared to other Moken groups, whereas this value is lower than other ethnic groups from Thailand when used for comparison. The genetic relationship among many populations was elucidated by Multidimensional scaling plot (MDS) which revealed that the Moken are closely related to Moken groups from the Mergui Archipelago Islands, in agreement with haplogroup. The AMOVA results indicated the lowest genetic variation between groups of Moken and Austroasiatic. This study suggests that the Moken from Ranong Province share common ancestors with the Moken people in the Mergui Archipelago Islands and some Austroasiatic speaking people.

คำสำคัญ: มอแกน ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ออสโตรนีเซียน

Keywords: Moken, mitochondrial DNA, Austronesian

*นิสิต หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

**รองศาสตราจารย์ สาขาวิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

***ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สาขาวิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

บทนำ

ชาวมอแกน เป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่พูดภาษาตระกูลออสโตรนีเซียนที่อาศัยอยู่บริเวณทางชายฝั่งและหมู่เกาะทางตอนใต้ของประเทศไทยและหมู่เกาะมะริดของประเทศพม่า ในอดีตชาวมอแกนมีวิถีชีวิตเร่ร่อนและอาศัยเรือเป็นยานพาหนะในการเดินทางไปสู่เกาะต่าง ๆ ในทะเลแถบอันดามัน แต่ในปัจจุบันชาวมอแกนส่วนใหญ่จะตั้งถิ่นฐานอยู่บริเวณชายฝั่งและประกอบอาชีพเกี่ยวกับทะเลเป็นหลัก (นฤมล และคณะ, 2549) ชาวมอแกนอาจมีบรรพบุรุษอาศัยอยู่ในบริเวณแผ่นดินหลักของเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (White, 1922) หรืออาจมีต้นกำเนิดทางประเทศจีนโดยแยกตัวออกมาจากกลุ่มพันธุ์อื่น ๆ (Ivanoff, 1997) นอกจากนี้ยังมีการศึกษาที่เสนอว่าชาวมอแกนมีต้นกำเนิดอยู่ในหมู่เกาะในเขตเอเชียตะวันออกเฉียงใต้เช่นเดียวกับกลุ่มอื่นที่ใช้ชีวิตโยกย้ายไปมาในพื้นที่ดังกล่าว (Sopher, 1965) ดังนั้นจึงยังไม่สามารถระบุต้นกำเนิดของชาวมอแกนที่แน่ชัดได้

ในปัจจุบันเครื่องหมายทางพันธุกรรมหลายชนิด เช่น ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย โครโมโซมวาย และ ออโตโซม ได้ถูกนำประยุกต์ใช้ในงานด้านนิติวิทยาศาสตร์และพันธุศาสตร์ประชากร ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ได้รับการพิสูจน์ว่ามีประสิทธิภาพในการแยกแยะระดับบุคคลที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางฝ่ายแม่และแยกแยะประชากรที่ใกล้ชิดกันได้ เนื่องจากมีคุณสมบัติที่มีความจำเพาะหลายประการ เช่น ถ่ายทอดผ่านทางมารดาสู่ลูก มีจำนวนมากเมื่อเทียบกับดีเอ็นเอในนิวเคลียส ไม่มีรีคอมบิเนชั่น และมีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงกว่าดีเอ็นเอนิวเคลียส (Pakendorf and Stoneking, 2005)

ที่ผ่านมามีการศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวมอแกนที่อาศัยบริเวณจังหวัดภูเก็ตในประเทศไทย โดยอาศัยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณที่มีความหลากหลายสูง (hypervariable region I: HVR-I) พบค่าความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ต่ำ และพบโครงสร้างทางพันธุกรรมที่แตกต่างจากประชากรอื่นที่อาศัยในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และหมู่เกาะแถบทะเลแปซิฟิก (Lum et al., 1998) นอกจากนั้นยังมีรายงานการศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของชาวมอแกนที่อาศัยในหมู่เกาะมะริดประเทศพม่า และพบว่าชาวมอแกนมีเชื้อสายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย หรือ แฮโปลกรุ๊ป จำนวน 2 กลุ่ม ได้แก่ M21b2 และ M46a และมีค่าความหลากหลายของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ต่ำ ซึ่งอาจเป็นผลอันเนื่องมาจาก genetic drift และยังพบว่าชาวมอแกนมีความสัมพันธ์ทางเชื้อสายกับประชากรที่อาศัยอยู่ในหมู่เกาะและชนพื้นเมืองที่อาศัยบริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ซึ่งอาจแสดงให้เห็นถึงบรรพบุรุษของชาวมอแกนที่อาศัยในชายฝั่งของเอเชียตะวันออกเฉียงใต้แล้วกระจายไปตั้งถิ่นฐานที่หมู่เกาะ (Dancause et al., 2009) จะเห็นได้ว่าการศึกษาโครงสร้างพันธุกรรมและประวัติศาสตร์ของชาวมอแกนยังไม่กระจ่างชัด ผู้วิจัยจึงสนใจที่จะทำการศึกษาดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของชาวมอแกนในจังหวัดระนองเพื่อให้ได้ข้อมูลที่เพิ่มมากขึ้น

วัตถุประสงค์การวิจัย

ศึกษาความผันแปรดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุมของชาวมอแกนที่อาศัยบริเวณจังหวัดระนองในประเทศไทย และศึกษาความสัมพันธ์ทางเชื้อสายของชาวมอแกนกับประชากรอื่นที่ใช้เปรียบเทียบ

ตารางที่ 1 ข้อมูลทั่วไปของประชากรที่ศึกษาและประชากรที่ใช้เปรียบเทียบ

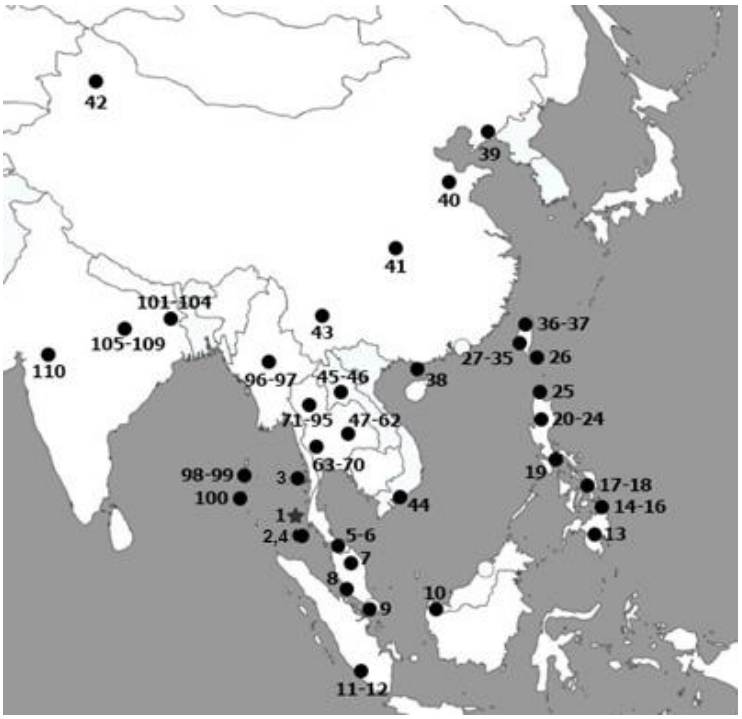
ลำดับ	ประชากร	ตัวย่อ	ตระกูลภาษา	จำนวน (n)	อ้างอิง	ลำดับ	ประชากร	ตัวย่อ	ตระกูลภาษา	จำนวน (n)	อ้างอิง
1	Moken	TH-MG1	AN	33	This study	56	Mon	TH-MO1	AA	25	Kutanan et al., 2017
2	Moken	TH-MG2	AN	25	PopSet database accession number: 290758097	57	Khmer	TH-KH1	AA	19	Kutanan et al., 2017
3	Moken	MM-MG3	AN	2	Dancause et al., 2008	58	Khmer	TH-KH2	AA	25	Kutanan et al., 2017
4	Urak lawoi	TH-UL	AN	25	PopSet database accession number: 290758097	59	Nyahkur	TH-NK	AA	23	Kutanan et al., 2017
5	Southern Thai	TH-ML1	AN	23	Unpublished data	60	Suay	TH-SU	AA	25	Kutanan et al., 2017
6	Southern Thai	TH-ML2	AN	22	Unpublished data	61	Soa	TH-SO	AA	25	Kutanan et al., 2017
7	Jehai	MY-JH	AN	24	Jinam et al., 2012	62	Bru	TH-BU	AA	24	Kutanan et al., 2017
8	Temuan	MY-TM	AN	18	Jinam et al., 2012	63	Yuan	TH-YU2	TK	25	Kutanan et al., 2017
9	Seletar	MY-SL	AN	21	Jinam et al., 2012	64	Black Tai	TH-BT2	TK	25	Kutanan et al., 2017
10	Bidayuh	MY-BD	AN	23	Jinam et al., 2012	65	Phuan	TH-PU4	TK	25	Kutanan et al., 2017
11	Besemah	ID-BE	AN	36	Gunnarsdóttir et al., 2011b	66	Phuan	TH-PU5	TK	25	Kutanan et al., 2017
12	Semende	ID-SE	AN	36	Gunnarsdóttir et al., 2011b	67	Mon	TH-MO2	AA	23	Kutanan et al., 2017
13	Maranao	PH-MR	AN	18	Delfin et al., 2014	68	Mon	TH-MO3	AA	15	Kutanan et al., 2017
14	Mamanwa	PH-MW	AN	39	Gunnarsdóttir et al., 2011a	69	Mon	TH-MO4	AA	25	Kutanan et al., 2017
15	Manobo	PH-MN	AN	43	Gunnarsdóttir et al., 2011a	70	Mon	TH-MO5	AA	22	Kutanan et al., 2017
16	Surigaonon	PH-SR	AN	27	Gunnarsdóttir et al., 2011a	71	Khon Mueang	TH-KM1	TK	23	Kutanan et al., 2017
17	Abaknon	PH-AB	AN	30	Delfin et al., 2014	72	Khon Mueang	TH-KM2	TK	27	Kutanan et al., 2017
18	Agtaĺriga	PH-AG	AN	8	Delfin et al., 2014	73	Khon Mueang	TH-KM3	TK	24	Kutanan et al., 2017
19	Aeta Bataan	PH-AE	AN	23	Delfin et al., 2014	74	Khon Mueang	TH-KM4	TK	25	Kutanan et al., 2017
20	Bugkalot	PH-BG	AN	30	Delfin et al., 2014	75	Khon Mueang	TH-KM5	TK	23	Kutanan et al., 2017
21	Ibaloi	PH-IB	AN	26	Delfin et al., 2014	76	Khon Mueang	TH-KM6	TK	25	Kutanan et al., 2017
22	Ifugao	PH-IF	AN	29	Delfin et al., 2014	77	Khon Mueang	TH-KM7	TK	25	Kutanan et al., 2017
23	Kalangoya	PH-KL	AN	26	Delfin et al., 2014	78	Khon Mueang	TH-KM8	TK	25	Kutanan et al., 2017
24	Kankanaey	PH-KK	AN	30	Delfin et al., 2014	79	Khon Mueang	TH-KM9	TK	24	Kutanan et al., 2017
25	Ivatan	PH-IV	AN	29	Delfin et al., 2014	80	Khon Mueang	TH-KM10	TK	25	Kutanan et al., 2017
26	Tao	TW-TA	AN	44	Ko et al., 2014	81	Phuan	TH-PU1	TK	25	Kutanan et al., 2017
27	Ami	TW-AM	AN	50	Ko et al., 2014	82	Phuan	TH-PU2	TK	25	Kutanan et al., 2017
28	Makatao	TW-MK	AN	50	Ko et al., 2014	83	Phuan	TH-PU3	TK	25	Kutanan et al., 2017
29	Hakka	TW-HK	SN	45	Ko et al., 2014	84	Shan	TH-SH	TK	25	Kutanan et al., 2017
30	Minnan	TW-MI	SN	50	Ko et al., 2014	85	Yuan	TH-YU1	TK	17	Kutanan et al., 2017
31	Paiwan	TW-PW	AN	50	Ko et al., 2014	86	Blang	TH-BL1	AA	25	Kutanan et al., 2017
32	Puyuma	TW-PY	AN	39	Ko et al., 2014	87	Blang	TH-BL2	AA	25	Kutanan et al., 2017
33	Rukai	TW-RK	AN	50	Ko et al., 2014	88	H'tin	TH-TN1	AA	25	Kutanan et al., 2017
34	Tsou	TW-TS	AN	48	Ko et al., 2014	89	H'tin	TH-TN2	AA	25	Kutanan et al., 2017
35	Bunan	TW-BN	AN	50	Ko et al., 2014	90	H'tin	TH-TN3	AA	25	Kutanan et al., 2017
36	Saisiat	TW-SS	AN	24	Ko et al., 2014	91	Khamu	TH-KU	AA	25	Kutanan et al., 2017
37	Atayal	TW-AT	AN	50	Ko et al., 2014	92	Lawa	TH-LW1	AA	22	Kutanan et al., 2017
38	Han	CN-HG	SN	11	Kong et al., 2003	93	Lawa	TH-LW2	AA	24	Kutanan et al., 2017
39	Han	CN-HL	SN	6	Kong et al., 2003	94	Lawa	TH-LW3	AA	24	Kutanan et al., 2017
40	Han	CN-HS	SN	12	Kong et al., 2003	95	Paluang	TH-PL	AA	25	Kutanan et al., 2017
41	Han	CN-HU	SN	6	Kong et al., 2003	96	Bamar	MM-BM	SN	23	Summerer et al., 2014
42	Han	CN-HX	SN	6	Kong et al., 2003	97	Karen	MM-KR	SN	12	Summerer et al., 2014
43	Han	CN-YN	SN	2	Kong et al., 2003	98	Onge	AM-OG	AM	5	Thangaraj et al., 2005
44	Cham	VN-CH	AN	16	Peng et al., 2010	99	Great Andaman	AM-GA	AM	5	Thangaraj et al., 2005
45	Lao	LA1	TK	25	Kutanan et al., 2017	100	Jarawan	AM-JW	AM	10	Barik et al., 2008
46	Lao	LA2	TK	24	Kutanan et al., 2017	101	Dirang Monpa	IN-DR	SN	30	Chandrasekar et al., 2009
47	Lao Isan	TH-LA1	TK	25	Kutanan et al., 2017	102	Shertukpen	IN-ST	SN	15	Chandrasekar et al., 2009
48	Lao Isan	TH-LA2	TK	25	Kutanan et al., 2017	103	Gallong	IN-GL	SN	39	Chandrasekar et al., 2009
49	Lao Isan	TH-LA3	TK	25	Kutanan et al., 2017	104	Wanchoo	IN-WA	SN	22	Chandrasekar et al., 2009
50	Lao Isan	TH-LA4	TK	25	Kutanan et al., 2017	105	Lachungpa	IN-LA	SN	22	Chandrasekar et al., 2009
51	Phutai	TH-PT	TK	25	Kutanan et al., 2017	106	Lepcha	IN-LP	SN	20	Chandrasekar et al., 2009
52	Kalueng	TH-KL	TK	25	Kutanan et al., 2017	107	Mapaharia	IN-ML	AA	15	Chandrasekar et al., 2009
53	Saek	TH-SK	TK	26	Kutanan et al., 2017	108	Munda	IN-MN	AA	30	Chandrasekar et al., 2009
54	Nyaw	TH-YO	TK	25	Kutanan et al., 2017	109	Toto	IN-TO	SN	28	Chandrasekar et al., 2009
55	Black Tai	TH-BT1	TK	25	Kutanan et al., 2017	110	Korku	IN-KK	AA	15	Chandrasekar et al., 2009

หมายเหตุ: AN = ออสโตรนีเซียน, SN = จีน-ทิเบต, TK = ไท-กะได, AA = ออสโตรเอเชียติก, AM = อันดามัน

วิธีการวิจัย

กลุ่มตัวอย่างที่ศึกษา

ตัวอย่างเนื้อเยื่อบุกระพุ้งแก้มที่นำมาทดลองได้รับความอนุเคราะห์จากอาสาสมัครชาวมอแกน จากเกาะช้าง จังหวัดระนอง จำนวน 33 คน (ตารางที่ 1) โดยมีเกณฑ์การคัดเลือกอาสาสมัคร คือ อาสาสมัครจะต้องไม่มีความสัมพันธ์กันทางเครือญาติฝ่ายแม่อย่างน้อย 2 ชั่วรุ่น นอกจากนั้นอาสาสมัครและบรรพบุรุษ 2 ชั่วรุ่นจะต้องเป็นชาวมอแกน ซึ่งการวิจัยครั้งนี้ได้รับการอนุมัติจากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ มหาวิทยาลัยนเรศวร



ภาพที่ 1 ตำแหน่งของประชากรที่ศึกษาและประชากรที่ใช้เปรียบเทียบ

การสกัดดีเอ็นเอและการหาลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุม

นำตัวอย่างเยื่อบุข้างแก้มที่ได้มาสกัดดีเอ็นเอด้วยชุดสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูป Gentra Puregene Buccal Cell Kit (Qiagen, Germany) จากนั้นตรวจสอบปริมาณและคุณภาพของดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Nanodrop spectrophotometer (Thermo scientific, USA) จากนั้นนำสารละลายดีเอ็นเอที่ได้จากการสกัดมาเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุมโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์ (Schurr et al., 1999; Brandstätter et al., 2004) ได้แก่ R649: 649 (5')- TTT GTT TAT GGG GTG ATG TGA -(3') 638 และ LLmt: 15704 (5')-CTA AGC CAA TCA CTT TAT TG-(3') 15723 โดยจะได้ผลผลิตพีซีอาร์ขนาด 1,518 คู่เบส จากนั้นส่งไปวิเคราะห์ลำดับเบสที่บริษัท Bioneer (Bioneer, South Korea)

การวิเคราะห์ข้อมูล

นำข้อมูลลำดับเบสที่ได้มาเข้าคู่กัน (assembly) และจากนั้นวิเคราะห์หาตำแหน่งที่มีความผันแปรของเบส (polymorphic site) โดยเทียบกับลำดับเบสอ้างอิง (Revised Cambridge Reference Sequence: rCRS) (Andrews et al., 1999) ด้วยโปรแกรม SeqScape v.3.0 และนำมาคำนวณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร ได้แก่ ค่า

ความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ (nucleotide diversity, π) ค่าความหลากหลายของแฮโปลไทป์ (haplotype diversity, h) ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN 3.5.2.2 (Excoffier et al., 2010) และทำนายแฮโปลกรุ๊ปด้วย HarploGrep (Kloss-Brandstätter et al., 2011)

นำมาเปรียบเทียบกับข้อมูลดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของประชากรอื่นที่อาศัยอยู่ในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ที่มีการรายงานก่อนหน้า (Thangaraj et al., 2005; Barik et al., 2008; Chandrasekar et al., 2009; Dancause et al., 2009; Peng et al., 2010; Gunnarsdóttir et al., 2011a; Gunnarsdóttir et al., 2011b; Jinam et al., 2012; Kong et al., 2003; Delfin et al., 2014; Ko et al., 2014; Summerer et al., 2014; Kutanan et al., 2017) และมีรายงานอยู่ในฐานข้อมูล PopSet (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/popset/?term=290758097) (ตารางที่ 1 และ ภาพที่ 1) โดยคำนวณค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร (pairwise difference: F_{st}) แล้วนำค่าดังกล่าวมาสร้างเป็นแผนภูมิ multidimensional scaling (MDS) ด้วยโปรแกรม XLSTAT (Addinsoft, Paris) และวิเคราะห์ระดับความแปรปรวนทางพันธุกรรม (Analysis of Molecular variance: AMOVA) (Excoffier et al., 1992) ด้วยโปรแกรม ARLEQUIN 3.5.2.2

ผลการวิจัย

ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

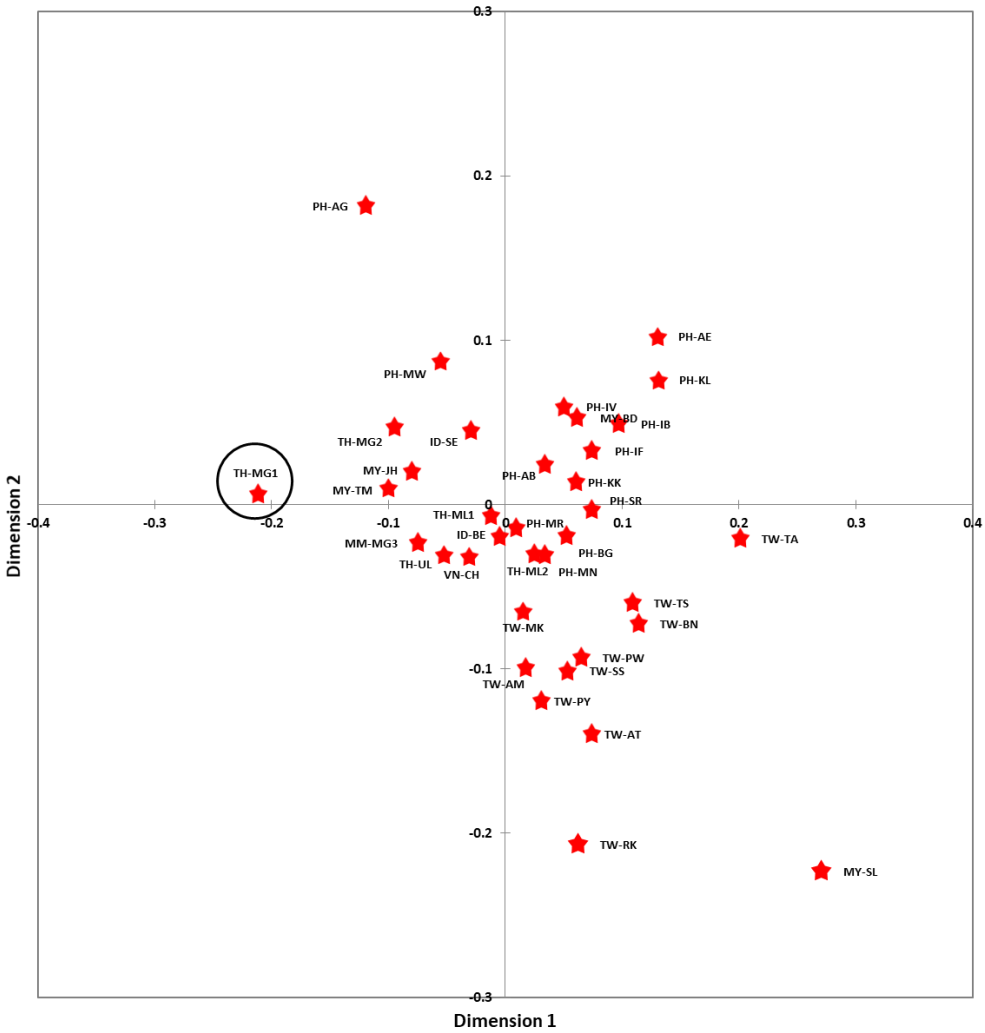
จากการศึกษาลำดับเบสของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุมที่มีความยาว 1,122 คู่เบส (ตำแหน่งที่ 16,024 ถึง 576) ในชาวมอแกนจำนวน 33 คน พบลำดับเบสที่แตกต่างกัน (แฮโปลไทป์) ทั้งหมด 4 แบบ ที่เกิดจากความผันแปรของเบสจำนวน 26 ตำแหน่ง โดยมีค่าความหลากหลายของแฮโปลไทป์ เท่ากับ 0.7822 ± 0.035 และความหลากหลายนิวคลีโอไทด์เท่ากับ0.0080 ± 0.042 และเมื่อจัดแฮโปลกรุ๊ป (haplogroup) พบแฮโปลกรุ๊ป จำนวน 4 แบบ คือ M21b2 (ร้อยละ 52) D4e1a (ร้อยละ 27) M46a (ร้อยละ 12) และ F1a1c1 (ร้อยละ 9) (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 2 ความผันแปรของเบสในดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในชาวมอแกน จังหวัดระนอง

Haplotype	Variation sites																									Haplogroup	Frequency
	16129	16145	16162	16167	16172	16181	16192	16223	16224	16278	16291	16300	16304	16320	16343	16362	16519	73	94	146	152	195	210	263	489	548		
rCRS	G	G	A	C	T	A	C	C	T	C	C	A	T	C	A	T	T	A	G	T	T	T	A	A	T	C		
HAP01	*	A	*	*	*	G	T	T	*	*	T	*	C	*	*	*	C	G	*	*	*	*	G	G	C	*	M21b2	0.5152
HAP02	*	*	*	T	*	*	*	T	*	*	*	*	*	T	*	C	*	G	A	*	*	*	*	G	C	*	D4e1a	0.2727
HAP03	*	*	*	*	*	*	*	T		T	*	G	*	*	T	C	C	G	*	C	C	*	*	G	C	*	M46a	0.1212
HAP04	A	*	G	*	C	*	*	*	C	*	*	*	C	*	*	*	C	G	*	*	*	C	*	G	*	*	F1a1c1	0.0909

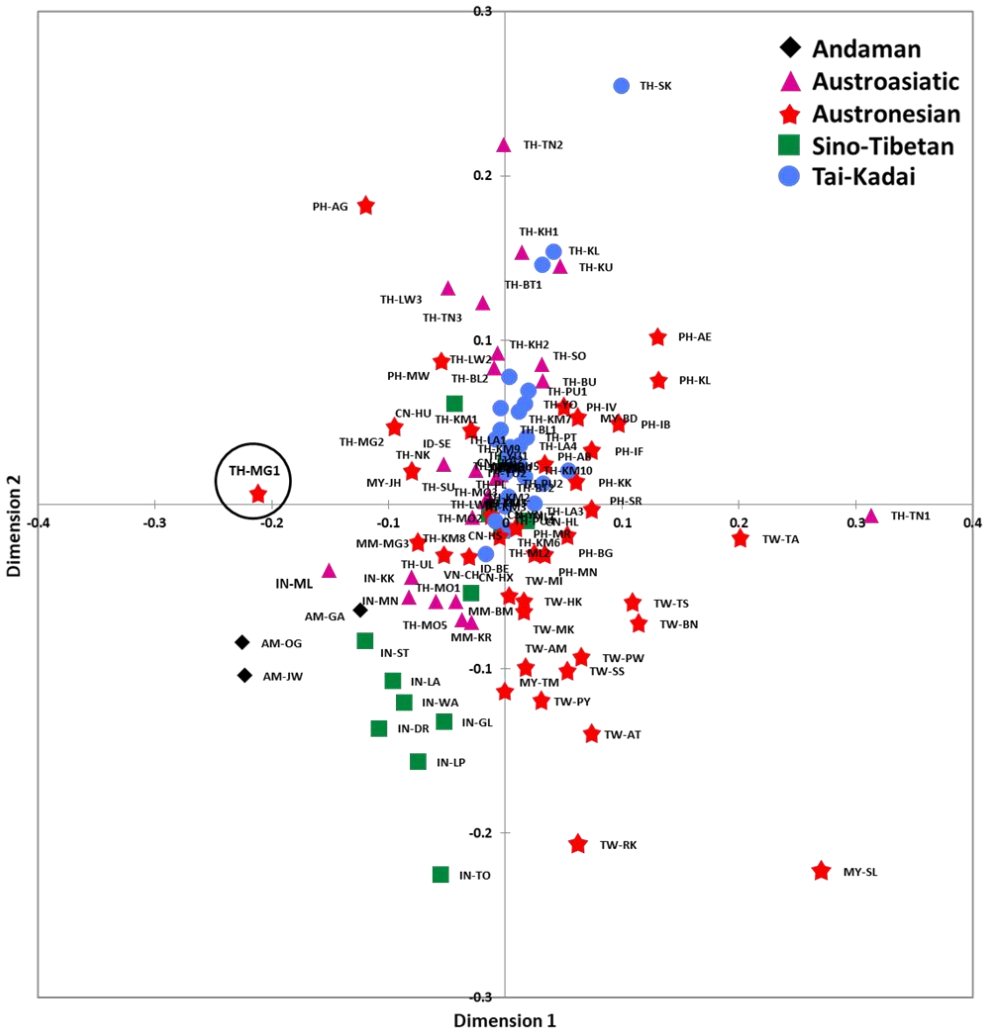
ความสัมพันธ์ระหว่างประชากร

จากการวิเคราะห์ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมแบบ F_{st} ระหว่างชาวมอแกนที่ศึกษากับประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรนีเซียนที่อาศัยในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้จำนวน 35 ประชากร และนำมาสร้างเป็นแผนภูมิ MDS พบว่ากลุ่มประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรนีเซียนมีตำแหน่งกระจายทั่วแผนภูมิ ในขณะที่ชาวมอแกนที่ศึกษามีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากประชากรอื่นที่เปรียบเทียบ (สังเกตจากวงกลมสีดำ) ที่มีระยะห่างออกมาจากประชากรอื่น แต่มีตำแหน่งใกล้กับชาวมอแกนจากหมู่เกาะมะริด (MM-MG3) และมอแกนจากจังหวัดภูเก็ต (TH-MG2) และประชากร Jehai (MY-JH) และประชากร Temuan (MY-TM) จากประเทศมาเลเซีย ซึ่งอาศัยบริเวณหมู่เกาะในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (ภาพที่ 2) อย่างไรก็ตามมีเพียงค่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างมอแกนจากจังหวัดระนองกับชาวมอแกนจากหมู่เกาะมะริดเท่านั้นที่แตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ ($p > 0.05$)



ภาพที่ 2 แผนภูมิ MDS แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ระหว่างชาวมอแกนและกลุ่มคนที่พูดภาษาตระกูลออสโตรนีเซียน โดยมีค่า stress เท่ากับ 0.209

เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างประชากร โดยเพิ่มจำนวนประชากรที่ใช้เปรียบเทียบเพิ่มเติม (ตารางที่ 1) พบว่าประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรนีเซียนมีตำแหน่งที่กระจายทั่วแผนภูมิ ในขณะที่ประชากรส่วนใหญ่ของกลุ่มภาษาในตระกูลไท-กะได ตระกูลออสโตรเอเชียติก ตระกูลจีน-ทิเบตมีตำแหน่งที่ใกล้ชิดกัน สำหรับชาวมอแกนที่ศึกษาจะมีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากกลุ่มภาษาตระกูลไท-กะไดและจีน-ทิเบต เนื่องจากมีระยะห่างจากทั้งสองกลุ่มมาก (ภาพที่ 3)



ภาพที่ 3 แผนภูมิ MDS แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างชาวมอแกนและกลุ่มคนที่พูดภาษาต่าง ๆ ในเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ โดยมีค่า stress เท่ากับ 0.222

เมื่อวิเคราะห์ระดับความแปรปรวนทางพันธุกรรมด้วยวิธี AMOVA (ตารางที่ 3) พบว่าค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากรที่พูดภาษาในตระกูลออสโตรนีเซียนมีค่าเท่ากับร้อยละ 15.7 ซึ่งมากกว่าค่าของประชากรรวมทั้งหมดที่มีค่าเท่ากับร้อยละ 13.85 และกลุ่มตระกูลภาษาอื่น ๆ แสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรม (genetic heterogeneity) ภายในประชากรพูดภาษาในตระกูลออสโตรนีเซียน และเมื่อวิเคราะห์เฉพาะกลุ่มมอแกนชาวมอแกน ได้แก่ ชาวมอแกนจากจังหวัดระนอง (TH-MG1) ชาวมอแกนจากจังหวัดภูเก็ต (TH-MG2) และชาวมอแกนจากหมู่เกาะมะริด (MM-MG3) พบว่าค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างประชากรเท่ากับร้อยละ 8.71 สอดคล้องกับแผนภูมิ MDS (ภาพที่ 2) และเมื่อคำนวณค่าความแปรปรวนระหว่างชาวมอแกนกับกลุ่มประชากรอื่นตามภาษาพูด พบว่าค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มมอแกนและประชากรกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติกมีค่าน้อยที่สุด (ร้อยละ 7.37) เมื่อเปรียบเทียบกับค่าความแปรปรวนระหว่างชาวมอแกนและกลุ่มไท-กะได (ร้อยละ 11.22) ชาวมอแกนและกลุ่มจีน-ทิเบต (ร้อยละ 9.92) และชาวมอแกนและกลุ่มออสโตรนีเซียน (ร้อยละ 9.18) ผลการวิเคราะห์นี้ชี้ให้เห็นว่าชาวมอแกนจากจังหวัดระนองเมื่อจัดกลุ่มรวมกับกลุ่มภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติกจะมีความผันแปรทางพันธุกรรมน้อยที่สุด

ตารางที่ 3 ระดับความแปรปรวนทางพันธุกรรม (AMOVA)

	No. of group	No. of sample	No. of populations	% Variance Within population	Among population within group	Among groups	F_{st}	F_{sc}	F_{ct}
All sample	1	2760	107	86.15	13.85	-	0.138**	-	-
Moken	1	60	3	91.29	8.71	-	0.087*	-	-
AA	1	556	24	86.21	13.79	-	0.138**	-	-
AN	1	1117	36	84.30	15.70	-	0.157**	-	-
SN	1	349	17	89.09	10.91	-	0.109**	-	-
TK	1	738	30	94.79	5.21	-	0.052**	-	-
AN/AA	2	1673	60	82.48	14.61	2.91	0.150**	0.175**	0.029**
AN/SN	2	1466	53	82.84	14.30	2.86	0.147**	0.172**	0.028**
AN/TK	2	1855	66	85.98	11.04	2.98	0.114**	0.140**	0.030**
Moken/AA	2	616	27	79.99	12.64	7.37	0.136**	0.200**	0.074**
Moken/AN	2	1117	36	77.37	13.45	9.18	0.148**	0.226**	0.092**
Moken/SN	2	409	20	80.47	9.61	9.92	0.107**	0.195**	0.099**
Moken/TK	2	798	33	84.01	4.77	11.22	0.054**	0.160**	0.112**

หมายเหตุ: * = significant (P<0.05)

** = significant (P<0.01)

อภิปรายและสรุปผลการวิจัย

จากการศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุมของชาวมอแกนจำนวน 33 คน จากจังหวัดระนอง ประเทศไทย พบความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร (ค่าความหลากหลายของแฮโปลไทป์) เท่ากับ 0.7822 ± 0.035 แสดงถึงชาวมอแกนจากจังหวัดระนองมีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่สูงเมื่อเทียบกับชาวมอแกนจากจังหวัดภูเก็ต (Lum et al., 1998) และจากประเทศพม่า (Dancause et al., 2009) เนื่องจากในการศึกษาครั้งนี้ใช้บริเวณควบคุมของไมโทคอนเดรียในการตรวจสอบความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งมีความยาวมากกว่าบริเวณที่การศึกษาก่อนหน้าใช้ และใช้จำนวนอาสาสมัครมากกว่า จึงทำให้มีความหลากหลายสูงกว่า อย่างไรก็ตามเมื่อเปรียบเทียบค่าความหลากหลายของแฮโปลไทป์ กับประชากรอื่น ๆ ในประเทศไทย (Kutanan et al., 2017) พบว่าค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวมอแกนที่ศึกษามีค่าค่อนข้างต่ำ อาจเนื่องจากชาวมอแกนเป็นกลุ่มชาติพันธุ์ที่มีจำนวนประชากรน้อยและมีการแต่งงานภายในกลุ่มและได้รับอิทธิพลจาก genetic drift

แฮโปลไทป์ที่พบทั้งหมด จำนวน 4 แฮโปลไทป์ ถูกจัดเป็นแฮโปลกรุ๊ปจำนวน 4 แฮโปลกรุ๊ป ได้แก่ M21b2 (ร้อยละ 52) D4e1a (ร้อยละ 27) M46a (ร้อยละ 12) และ F1a1c1 (ร้อยละ 9) สอดคล้องกับรายงานก่อนหน้าในชาวมอแกนที่อาศัยในหมู่เกาะมะริดที่พบแฮโปลกรุ๊ป M21b2 และ M46a สำหรับแฮโปลกรุ๊ป M21 เป็นแฮโปลกรุ๊ปที่พบได้ในประชากรบริเวณหมู่เกาะของเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (Macaulay et al., 2005) โดยสามารถแบ่งเป็นกลุ่มย่อย ได้แก่ แฮโปลกรุ๊ปย่อย M21a ซึ่งเป็นกลุ่มที่พบได้ในชาวซีมัง (Semang) ในประเทศมาเลเซียตะวันตก (Hill et al., 2006) ชาวมานิ

(Maniq) จากประเทศไทย (Kutanan et al., 2018) ประชากรในหมู่เกาะวิซายัส (Visayas) ในประเทศฟิลิปปินส์ (Tabbada et al., 2009) และแฮโปลกรุ๊ปย่อย M21b ซึ่งเป็นสามารถแบ่งเป็นแฮโปลกรุ๊ปย่อย M21b1 ที่พบได้ในชาวซีมัง (Semang) ในประเทศมาเลเซียตะวันตก และแฮโปลกรุ๊ปย่อย M21b2 ที่พบในชาวมอแกนจากจังหวัดภูเก็ตจากฐานข้อมูล PopSet (accession number: 290758097) และหมู่เกาะมะริดที่ประเทศพม่า (Dancasue et al., 2009) ชาวจาม (Cham) ในประเทศเวียดนาม (Peng et al., 2010) สำหรับแฮโปลกรุ๊ปที่พบความถี่รองลงมาคือ แฮโปลกรุ๊ป D4e1a ซึ่งเป็นแฮโปลกรุ๊ปย่อยของกลุ่ม D4 ที่มักจะพบบริเวณทางตอนเหนือของเอเชียตะวันออก ได้แก่ ประเทศญี่ปุ่น เกาหลี มองโกเลีย และจีน (Umetsu et al., 2005; Lee et al., 2006; Derenko et al., 2012) โดยแฮโปลกรุ๊ปย่อย D4e1a มีรายงานที่พบในชาวญี่ปุ่น (Tanaka et al., 2004) ชาวจีน (Liu et al., 2012) และชาวมอญจากประเทศไทย (Duong et al., 2018) ซึ่งแฮโปลกรุ๊ปย่อยนี้อาจแสดงถึงการมีความสัมพันธ์ทางเชื้อสายร่วมกันระหว่างชาวมอแกนกับประชากรในเอเชียตะวันออกและกลุ่มชนที่พูดภาษาออสโตรเอเชียติกบางกลุ่ม สำหรับแฮโปลกรุ๊ปย่อย M46a และ F1a1c1 พบในชาวมอแกนที่จังหวัดภูเก็ตและชาวมอแกนที่หมู่เกาะมะริดประเทศพม่า (Dancause et al., 2009)

จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างประชากรโดยการเปรียบเทียบชาวมอแกนกับประชากรอื่นที่พูดภาษาในตระกูลออสโตรนีเซียนซึ่งอาศัยในบริเวณเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ด้วยแผนภูมิ MDS พบว่ากลุ่มประชากรออสโตรนีเซียนมีความแตกต่างทางพันธุกรรมมาก และชาวมอแกนที่ศึกษามีระยะห่างที่แยกออกมาจากประชากรอื่นแสดงถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมของมอแกนจากประชากรกลุ่มที่ใช้เปรียบเทียบ ผลการศึกษานี้สอดคล้องกับรายงานก่อนหน้าในชาวมอแกนจากจังหวัดภูเก็ตที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมจากประชากรที่ใช้เปรียบเทียบ (Lum et al., 1998) สำหรับแผนภูมิ MDS (ภาพที่ 2) ยังแสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างชาวมอแกนจากจังหวัดระนองกับชาวมอแกนจากหมู่เกาะมะริด (MM-MG3) ซึ่งสอดคล้องกับผลการวิเคราะห์รูปแบบแฮโปลกรุ๊ป เมื่อวิเคราะห์โครงสร้างทางพันธุกรรมของชาวมอแกนร่วมกับประชากรที่พูดภาษาในตระกูลไท-กะได ตระกูลออสโตรเอเชียติก ตระกูลจีน-ทิเบต ตระกูลออสโตรนีเซียน รวมทั้งกลุ่มภาษาอันดามันด้วยแผนภูมิ MDS (ภาพที่ 3) พบว่าประชากรที่พูดภาษาในตระกูลไท-กะได ตระกูลออสโตรเอเชียติก และตระกูลจีน-ทิเบต มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากรภายในกลุ่มตระกูลภาษา สำหรับชาวมอแกนที่ศึกษาพบว่ามีตำแหน่งที่ใกล้กับประชากรที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติก ซึ่งสอดคล้องกับผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มมอแกนกับประชากรกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติกที่มีค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมน้อยที่สุด (ตารางที่ 3) แสดงถึงมีความใกล้ชิดกันระหว่างทั้งสองกลุ่ม ทั้งนี้เนื่องจากกลุ่มภาษาตระกูลออสโตรเอเชียติกมีการกระจายอยู่ทั่วไปในเขตเอชียตะวันออกเฉียงใต้จึงเป็นไปได้ว่าชาวมอแกนอาจมีบรรพบุรุษร่วมกับบางประชากรที่พูดภาษาในตระกูลออสโตรเอเชียติก

การศึกษาความผันแปรของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียบริเวณควบคุมของชาวมอแกนในครั้งนี้ พบว่าชาวมอแกนที่ศึกษาจัดอยู่ใน 4 แฮโปลกรุ๊ป ได้แก่ แฮโปลกรุ๊ป M21b2, D4e1a, M46a และ F1a1c1 และพบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมอย่างใกล้ชิดระหว่างกลุ่มมอแกนจากจังหวัดระนองกับกลุ่มมอแกนจากหมู่เกาะมะริด ซึ่งแสดงว่ามอแกนทั้งสองกลุ่มน่าจะมีบรรพบุรุษร่วมกัน นอกจากนี้ผลจากการศึกษาแสดงให้เห็นว่าชาวมอแกนจากจังหวัดระนองมีองค์ประกอบทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ประกอบด้วยพันธุกรรมของกลุ่มที่พูดภาษาตระกูลออสโตรนีเซียนและออสโตรเอเชียติกบางกลุ่มในแผ่นดินหลักของเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ อย่างไรก็ตามการศึกษาในครั้งนี้ไม่ได้ทำการวิเคราะห์ระดับการผสมผสานทางพันธุกรรมและมีการตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเพียงเครื่องหมายเดียว หากมีการตรวจร่วมกับเครื่องหมายโครโมโซมวายและออโตโซมจะทำให้เห็นถึงความหลากหลายทางพันธุกรรมของชาวมอแกนที่ชัดเจนยิ่งขึ้น

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณอาสาสมัครชาวมอแกนจากจังหวัดระนอง ที่ให้ความร่วมมือและเสียสละเวลาเข้าร่วมงานวิจัย และการสนับสนุนงบประมาณจากมหาวิทยาลัยนเรศวร (R2561B029)

เอกสารอ้างอิง

นฤมล อรุโณทัย, พลาเดช ณ ป้อมเพชร, อรุณ แถวจัตุรัส ฟาเทอร์, และจีระวรรณ์ บรรเทาทุกข์. วิถีชีวิตมอแกน. กรุงเทพฯ: โครงการนาร่องอันดามัน สถาบันวิจัยสังคม จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย; 2549.

Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. Nat Genet 1999; 23(2): 147.

Barik SS, Sahani R, Prasad BV, Endicott P, Metspalu M, Sarkar BN, et al. Detailed mtDNA genotypes permit a reassessment of the settlement and population structure of the Andaman Islands. Am J Phys Anthropol 2008; 136(1): 19-27.

Brandstätter A, Peterson CT, Irwin JA, Mpoke S, Koech DK, Parson W, et al. Mitochondrial DNA control region sequences from Nairobi (Kenya): inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database. Int J Legal Med 2004; 118(5): 294-306.

Chandrasekar A, Kumar S, Sreenath J, Sarkar BN, Urade BP, Mallick S, et al. Updating phylogeny of mitochondrial DNA macrohaplogroup m in India: dispersal of modern human in South Asian corridor. PLoS One 2009; 4(10): e7447.

Dancause KN, Chan CW, Arunotai NH, Lum JK. Origins of the Moken Sea Gypsies inferred from mitochondrial hypervariable region and whole genome sequences. J Hum Genet 2009; 54(2): 86-93.

Delfin F, Min-Shan Ko A, Li M, Gunnarsdottir ED, Tabbada KA, Salvador JM, et al. Complete mtDNA genomes of Filipino ethnolinguistic groups: a melting pot of recent and ancient lineages in the Asia-Pacific region. Eur J Hum Genet 2014; 22(2): 228-37.

Derenko M, Malyarchuk B, Denisova G, Perkova M, Rogalla U, Grzybowski T, et al. Complete mitochondrial DNA analysis of eastern Eurasian haplogroups rarely found in populations of northern Asia and eastern Europe. PLoS One 2012; 7(2): e32179.

Duong NT, Macholdt E, Ton ND, Arias L, Schröder R, Van Phong N, et al. Complete human mtDNA genome sequences from Vietnam and the phylogeography of Mainland Southeast Asia. Sci Rep 2018; 8(1): 11651.

Excoffier L, Lischer HE. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Mol Ecol Resour 2010; 10(3): 564-7.

Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 1992; 131(2): 479-91.

Gunnarsdóttir ED, Li M, Bauchet M, Finstermeier K, Stoneking M. High-throughput sequencing of complete human mtDNA genomes from the Philippines. Genome Res 2011a; 21(1): 1-11.

Gunnarsdóttir ED, Nandineni MR, Li M, Myles S, Gil D, Pakendorf B, et al. Larger mitochondrial DNA than Y-chromosome differences between matrilocal and patrilocal groups from Sumatra. Nat Commun 2011b; 2: 228.

Hill C, Soares P, Mormina M, Macaulay V, Meehan W, Blackburn J, et al. Phylogeography and ethnogenesis of aboriginal Southeast Asians. Mol Biol Evol 2006; 23(12): 2480-91.

Ivanoff J. Moken: Sea-Gypsies of the Andaman Sea, post-war chronicles. Chon Buri: White Lotus Press; 1997.

Jinam TA, Hong LC, Phipps ME, Stoneking M, Ameen M, Edo J, et al. Evolutionary history of continental southeast Asians: "early train" hypothesis based on genetic analysis of mitochondrial and autosomal DNA data. Mol Biol Evol 2012; 29(11): 3513-27.

Kloss-Brandstatter A, Pacher D, Schonherr S, Weissensteiner H, Binna R, Specht G, et al. HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups. Hum Mutat 2011; 32(1): 25-32.

Ko AM, Chen CY, Fu Q, Delfin F, Li M, Chiu HL, et al. Early Austronesians: into and out of Taiwan. Am J Hum Genet 2014; 94(3): 426-36.

Kong QP, Yao YG, Sun C, Bandelt HJ, Zhu CL, Zhang YP. Phylogeny of East Asian mitochondrial DNA lineages inferred from complete sequences. Am J Hum Genet 2003; 73(3): 671-6.

Kutanan W, Kampuansai J, Changmai P, Flegontov P, Schröder R, Macholdt E, et al. Contrasting maternal and paternal genetic variation of hunter-gatherer groups in Thailand. Scientific Reports 2018; 8(1): 1536.

Kutanan W, Kampuansai J, Srikummool M, Kangwanpong D, Ghirotto S, Brunelli A, et al. Complete mitochondrial genomes of Thai and Lao populations indicate an ancient origin of Austroasiatic groups and demic diffusion in the spread of Tai-Kadai languages. Human genetics 2017; 136(1): 85-98.

Lee HY, Yoo JE, Park MJ, Chung U, Kim CY, Shin KJ. East Asian mtDNA haplogroup determination in Koreans: haplogroup-level coding region SNP analysis and subhaplogroup-level control region sequence analysis. Electrophoresis 2006; 27(22): 4408-18.

Liu J, Wang LD, Sun YB, Li EM, Xu LY, Zhang YP, et al. Deciphering the signature of selective constraints on cancerous mitochondrial genome. Mol Biol Evol 2012; 29(4): 1255-61.

Lum JK, Cann RL, Martinson JJ, Jorde LB. Mitochondrial and nuclear genetic relationships among Pacific Island and Asian populations. Am J Hum Genet 1998; 63(2): 613-24.

Macaulay V, Hill C, Achilli A, Rengo C, Clarke D, Meehan W, et al. Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. Science 2005; 308(5724): 1034-6.

Pakendorf B, Stoneking M. Mitochondrial DNA and human evolution. Annu Rev Genomics Hum Genet 2005; 6: 165-83.

Peng MS, Quang HH, Dang KP, Trieu AV, Wang HW, Yao YG, et al. Tracing the Austronesian footprint in Mainland Southeast Asia: a perspective from mitochondrial DNA. Mol Biol Evol 2010; 27(10): 2417-30.

Schurr TG, Sukernik RI, Starikovskaya YB, Wallace DC. Mitochondrial DNA variation in Koryaks and Itel'men: population replacement in the Okhotsk Sea-Bering Sea region during the Neolithic. Am J Phys Anthropol. 1999; 108(1): 1-39.

Sopher DE. The sea nomads: a study of the maritime boat people of Southeast Asia. Singapore: National Museum; 1977

Summerer M, Horst J, Erhart G, Weissensteiner H, Schonherr S, Pacher D, et al. Large-scale mitochondrial DNA analysis in Southeast Asia reveals evolutionary effects of cultural isolation in the multi-ethnic population of Myanmar. BMC Evol Biol 2014; 14: 17.

Tabbada KA, Trejaut J, Loo JH, Chen YM, Lin M, Mirazon-Lahr M, et al. Philippine mitochondrial DNA diversity: a populated viaduct between Taiwan and Indonesia? Mol Biol Evol 2010; 27(1): 21-31.

Tanaka M, Cabrera VM, Gonzalez AM, Larruga JM, Takeyasu T, Fuku N, et al. Mitochondrial genome variation in eastern Asia and the peopling of Japan. Genome Res 2004; 14(10a): 1832-50.

Thangaraj K, Chaubey G, Kivisild T, Reddy AG, Singh VK, Rasalkar AA, et al. Reconstructing the origin of Andaman Islanders. Science 2005; 308(5724): 996.

Umetsu K, Tanaka M, Yuasa I, Adachi N, Miyoshi A, Kashimura S, et al. Multiplex amplified product-length polymorphism analysis of 36 mitochondrial single-nucleotide polymorphisms for haplogrouping of East Asian populations. Electrophoresis 2005; 26(1): 91-8.

White WG. The Sea Gypies of Malaya. Philadelphia: JB Lippincoott; 1922.