

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย	ก
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	ข
Output จากโครงการวิจัยที่ได้รับทุนจาก สกว.	ค
กิตติกรรมประกาศ	ง
สารบัญตาราง	ฉ
สารบัญภาพ	ช
บทนำ	1
วัตถุประสงค์	3
วิธีการทดลอง	3
1. กลุ่มตัวอย่างและวิธีการเก็บตัวอย่าง	3
2. การสกัดดีเอ็นเอและตรวจสอบคุณภาพและปริมาณของดีเอ็นเอ	4
3. การเพิ่มขยายชิ้นส่วนของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่ พอลิเมอเรส	7
4. หาลำดับเบส	8
5. การวิเคราะห์ข้อมูล	8
ผลการทดลอง	12
1. ผลผลิตจากการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ	12
2. ความหลากหลายทางพันธุกรรม	12
3. ค่าพารามิเตอร์ของการเพิ่มจำนวนประชากร	14
4. ความสัมพันธ์ระหว่างประชากร	16
5. ความสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรม ภูมิศาสตร์ และภาษาพูด	19
6. การคัดเลือกโมเดล	21
สรุปและวิจารณ์ผลการทดลอง	23
ข้อเสนอแนะสำหรับงานวิจัยในอนาคต	27
เอกสารอ้างอิง	27
ภาคผนวก	33
ภาคผนวก 1 ลำดับเบสของแต่ละแฮปโลไทป์	34
ภาคผนวก 2 จำนวนของแฮปโลไทป์ที่พบในแต่ละประชากร	54
ภาคผนวก 3 manuscript	60

สารบัญตาราง

	หน้า
ตารางที่ 1 ข้อมูลทั่วไปของประชากรที่ศึกษาและค่าทางสถิติที่ใช้วิเคราะห์	5
ตารางที่ 2 ระยะห่างทางภาษาและแฮปโลไทป์ที่พบร่วมกันระหว่างประชากร	9
ตารางที่ 3 Prior distributions ของพารามิเตอร์ในแต่ละโมเดล	11
ตารางที่ 4 ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร แบบ pairwise F_{st}	13
ตารางที่ 5 ค่า intra-MPD corrected MPD และ inter-MPD	14
ตารางที่ 6 การวิเคราะห์ SAMOVA	18
ตารางที่ 7 การวิเคราะห์ AMOVA	20
ตารางที่ 8 ค่า posterior probabilities ในแต่ละโมเดล จากการคำนวณด้วยวิธี AR และ LR	22

สารบัญภาพ

	หน้า
ภาพที่ 1 แผนที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย และที่ตั้งของประชากรที่ศึกษา	7
ภาพที่ 2 โมเดลแสดงความสัมพันธ์ระหว่างประชากร	10
ภาพที่ 3 ผลผลิตจากการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์	12
ภาพที่ 4 กราฟการกระจายของจำนวนเบสที่แตกต่างกันในแต่ละประชากรภายใต้โมเดล population growth-decline	15
ภาพที่ 5 แผนภูมิแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแบบ multidimensional scaling (MDS) ที่สร้างจากระยะห่างทางพันธุกรรมแบบ pairwise difference (F_{st})	17