

รหัสโครงการ : RSA/02/2545

ชื่อโครงการ : วิวัฒนาการและการเปลี่ยนแปลงแตกต่างทางพันธุกรรมของลิงหางยาวในบริเวณหมู่เกาะอินโดจีนและทรุนดา

ชื่อนักวิจัย : สุจินดา มาลัยวิจิตรนนท์¹, Yuzuru Hamadda², Bambang Suryobroto³, Dyah Perwitasari³

สถาบัน : ¹หน่วยวิจัยไพรเมท ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย; ²Morphology Section, Primate Research Institute, Kyoto Univ; ³Dept of Biology, Bogor Agricultural Univ

E-mail Address : Suchinda.m@chula.ac.th

ระยะเวลาโครงการ : 3 ปี (1 พฤศจิกายน 2544 – 31 ตุลาคม 2547)

เนื้อหาของงานวิจัย : การวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ให้ได้ข้อมูลพื้นฐานเกี่ยวกับการแพร่กระจายและสถานภาพปัจจุบันของลิงหางยาวในประเทศไทย 2) ศึกษาการเปลี่ยนแปลงทางภูมิศาสตร์ต่อการเกิดความแปรผันทาง สรีรวิทยา สัณฐานวิทยา และพันธุกรรมของลิงหางยาวในประเทศไทย โดยเน้นศึกษาเกี่ยวกับการแบ่งแยกเขตภูมิศาสตร์ที่บริเวณคอคอตตระออกเป็นเขตอินโดจีนและทรุนดา และระหว่างเขตทรุนดาที่อยู่บนพื้นแผ่นดินใหญ่ทางภาคใต้ของประเทศไทยกับที่อยู่บนหมู่เกาะของประเทศอินโดนีเซีย 3) ศึกษาความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของลิงหางยาวในประเทศไทย จากการสำรวจสถานภาพและโครงสร้างประชากรของลิงหางยาวทั่วประเทศไทยในพื้นที่ทั้งหมด 40 แห่ง คัดเลือกพื้นที่ที่เหมาะสมเพื่อวางกรงดักจับ (10 แห่งในประเทศไทยและ 2 แห่งในอินโดนีเซีย) ลิงที่จับได้นำมาชั่งน้ำหนักตัว เก็บอุจจาระ เจาะเลือด เก็บรอยพิมพ์ลายมือและเท้า วัดค่าทางสัณฐานวิทยาและสีขน ถ่ายรูป และตรวจสอบสุขภาพ พบว่าในปัจจุบันลิงหางยาวมีรูปแบบการแพร่กระจายเหมือนกันกับเมื่อ 30 ปีที่แล้ว แต่มีจำนวนประชากรเพิ่มขึ้นจากในอดีตถึง 25 – 775% จากการวิเคราะห์อุจจาระของลิงหางยาวในประเทศไทยพบพยาธิ 3 ชนิด คือ *Oesophagostomum sp*, *Trichuris trichiura* และ *Strongyloides sp* โดยเปอร์เซ็นต์การติดเชื้อพยาธิจะสัมพันธ์กับความสะอาดของอาหารที่ได้รับ จากการวิเคราะห์ค่าต่าง ๆ ในเลือด คือ ระดับไขมัน ค่าฮีมาโตคริต และ หมู่เลือด พบว่าลิงหางยาวเพศผู้และเพศเมียที่อาศัยในแหล่งเดียวกันมีค่าต่าง ๆ นั้นใกล้เคียงกัน แต่ลิงหางยาวจากคนละแหล่งมีค่าต่างกันโดยไม่สัมพันธ์กับแหล่งที่อยู่อาศัย จากการวิเคราะห์ความแตกต่างแปรผันทางสรีรวิทยา สัณฐานวิทยา และพันธุกรรม ของลิงหางยาวในประเทศไทย พบว่าสามารถแบ่งลิงออกเป็น 2 กลุ่ม ตามลักษณะทางภูมิศาสตร์ คือ 1) กลุ่มที่อาศัยอยู่ในเขตอินโดจีน (Indochinese group) และ 2) กลุ่มที่อาศัยในเขตทรุนดา (Sundaic group) โดยมีจุดแบ่งอยู่ที่บริเวณคอคอตตระ จ.ระนอง เมื่อสรุปผลการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ mtDNA และ Y-chromosome (TSPY) gene ที่ได้ ทำให้สามารถวาดภาพวิวัฒนาการของลิงหางยาวที่อาศัยอยู่ในประเทศไทยในปัจจุบันได้ว่าลิงหางยาวที่อาศัยในบริเวณเหนือคอคอตตระขึ้นไปเป็นลิงลูกผสมที่เกิดจากบรรพบุรุษที่เป็นลิงวอกเพศผู้ได้รุกราน (introgression) เข้ามาผสมพันธุ์กับลิงหางยาวเพศเมีย (philopatric females) เมื่อประมาณ 18,000 ปีที่แล้วมา (ระหว่างยุคน้ำแข็งหรือหลังยุคน้ำแข็ง) แต่การรุกรานของลิงวอกเพศผู้ไม่สามารถข้ามผ่านบริเวณคอคอตตระลงไปได้ จึงทำให้ลิงหางยาวที่อาศัยอยู่เหนือคอคอตตระขึ้นไป (Indochinese group) มี mtDNA เป็นของลิงหางยาวแต่มี TSPY gene เป็นของลิงวอก ในขณะที่ลิงหางยาวที่อยู่ใต้คอคอตตระลงมา (Sundaic group) มี mtDNA และ TSPY gene เป็นของลิงหางยาว แต่อย่างไรก็ตามเพื่อให้ได้ข้อสรุปที่ชัดเจนยิ่งขึ้นเกี่ยวกับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชิงวิวัฒนาการของลิงหางยาวในประเทศไทยจะต้องมีการศึกษาสนับสนุนเพิ่มเติมโดยใช้ยีนอื่น

คำหลัก: ลิงหางยาว, การแปรผันทางพันธุกรรม, สัณฐานวิทยา, สรีรวิทยา, คอคอตตระ

Project Code : RSA/02/2545

Project Title : Evolution and genetic differentiation of long-tailed macaques in Indochinese and Sundaic Archipelago

Investigators : Suchinda Malaivijitnond¹, Yuzuru Hamadda², Bambang Suryobroto³, Dyah Perwitasari³

Affiliation : ¹Primate Research Unit, Department of Biology, Faculty of Science, Chulalongkorn University; ²Morphology Section, Primate Research Institute, Kyoto University; ³Department of Biology, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Bogor Agricultural University.

E-mail Address : Suchinda.m@chula.ac.th

Project Period : 3 years (1 November 2001 – 31 October 2004)

Abstract: This research aimed to 1) gain knowledge on distribution and present status of long-tailed macaques in Thailand, 2) to study the geographical variation on physiological, morphological and genetic characters of long-tailed macaques in Thailand, especially to contrast differences between Indochinese and Sundaic regions, and between the mainland and islands of Sundaic region, and 3) to elucidate the phylogenetic relationship and provide evolutionary scenario of long-tailed macaques in Thailand. Forty localities in Thailand were selected for surveying and 10 of 40 localities in Thailand and 2 localities in Indonesia were selected for monkey capturing. The captured monkeys were determined the somatometrics and pelage color, taken dermatoglyphics and photos, collected feces and blood, and checked their health. From our census, the distribution pattern of long-tailed macaques in Thailand at present is similar to that in 30 years ago, however, the population has increased to about 25-775%. From the fecal analysis, three species of parasitic eggs were found, and the proportion of infected monkeys was depended on the hygiene of provisioning food. The plasma lipid level, blood hematocrit and frequencies of human-type ABO blood group were not different between males and females in the same locality, but different among localities. However, these differences were not related to the habitat type, e.g., temple and park. Based on the analyses on physiological, morphological and genetic characters, long-tailed macaques in Thailand can be lumped into either Indochinese or Sundaic group. The boundary between the two groups is at the Isthmus of Kra, Ranong province, which is the major zoogeographical boundary. Based on our genetic analysis of mtDNA and Y-chromosome (TSPY) gene, we can hypothesize that long-tailed macaques inhabiting above the Isthmus of Kra are hybrids between dispersing male rhesus macaques and philopatric female long-tailed macaques during the interglacial or postglacial periods. The male rhesus macaques could not migrate across the Isthmus of Kra down to the south. Thus, the long-tailed macaques of Indochinese group are inherited the longtailed-type mtDNA gene and rhesus-type TSPY gene whereas the Sundaic monkeys are inherited the longtailed-type of both mtDNA and TSPY gene. This is the first study providing the evolutionary scenario of long-tailed macaques in Thailand, though the analyses of other genes should be made to provide a clearer and better scenario.

Keywords : Long-tailed macaque, genetic variation, morphology, physiology, Isthmus of Kra