

รายการอ้างอิง

หนังสือและบทความในหนังสือ

ฉกรรจ์ สังข์ทอง. (2542). ปาล์มน้ำมัน. สงขลา. เซาท์เทิร์นเพรสแอนด์พับลิเคชั่น: 17-25.

เอกชัย พฤษอำไพ. (2548). คู่มือปาล์มน้ำมัน. กรุงเทพฯ. เพ็ท-แพดดันพับลิชชิง: 10-59.

สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552). เครื่องหมายดีเอ็นเอจากพื้นฐานสู่การประยุกต์. กรุงเทพฯ.
สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์: 64.

บทความวารสาร

สุวีพร เกตุงาม. (กรกฎาคม-ธันวาคม 2546). เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช.
วารสารวิชาการ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี, 5(2): 37-55.

กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ. (2548). เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker). ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ
คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์: 1-44.

กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ. (ยังไม่ตีพิมพ์). แผนที่เครื่องหมายควบคุมความหนากระดาษและการวิเคราะห์
ลักษณะปริมาณ (QTL) อัตราส่วนเพศในปาล์มน้ำมัน (*Elaeis guineensis* Jacq.)

วิภาวี ชันโรจน์. (2553). แผนที่เครื่องหมายควบคุมความหนากระดาษและการวิเคราะห์ลักษณะ
ปริมาณ (QTL) อัตราส่วนเพศในปาล์มน้ำมัน (*Elaeis guineensis* Jacq.)

Riju, Aikkal and Arunachalam, Vadivel. (2009). Data Mining for Simple Sequence
Repeats in Oil Palm Expressed Sequence Tags. Available from Nature
Precedings <<http://hdl.handle.net/10101/npre.2009.3581.1>>

สื่ออิเล็กทรอนิกส์

กรมเจรจาการค้าระหว่างประเทศ)6 มิถุนายน 2008(.สินค้านำเข้าสำคัญ 15 รายการแรกของไทย
ปี 2547-2551 (มกราคมด้านเหรียญสหรัฐ/(เมษายน- สืบค้นเมื่อวันที่ 10 เมษายน 2552.
จาก <http://www.ryt9.com/s/beco/370056/>

ธีรยุทธ ตูจันดา ดร.ม.ป.ป.GENOME MAPPING.หน่วยปฏิบัติการค้นหาและใช้ประโยชน์จากยีน
ข้าว,ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีแห่งชาติ (BIOTEC) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
สืบค้นเมื่อวันที่ 8 พ.ค. 2552. อ้างอิงจาก [http://dna.kps.ku.ac.th/m-
crop/linkageMap/genomeMapping.doc](http://dna.kps.ku.ac.th/m-crop/linkageMap/genomeMapping.doc)

อรรถพันธ์ วงศ์ศิริ และ ศิริชัย มามีวัฒนนะ. (2545). พันธุ์ปาล์มน้ำมันและการปรับปรุงพันธุ์. สืบค้นเมื่อ
วันที่ 5 มิถุนายน 2553. อ้างอิงจาก
http://www.moac.go.th/builder/service/images/03_plam.pdf

Articles

Becker, J., and Heun, M. (1995). *Plant Molecular Biology* 27: 835-845.

Beirnaert, A. and Vanderweyen, R. (1941) Contribution a l'etude genetique et
biometrique des varietes d'*Elaeis guineensis* Jacq. Publs. INEAC, Series Ser.
Sci. 27, p. 101.

Benbouza H, Jacquemin J-M, Baudoin T.P, and Mergeai G. (2006). Optimization of a
reliable, fast, cheap and sensitive silver staining method to detect SSR markers
in polyacrylamide gels. *Biol Agron Soc Environ*:10(2). pp.77-81.

- Billotte, N., Marseillac, N., Risterucci, A. M., Adon, B., Brottier, P., Baurens, F. C., et al. (2005). Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 110(4), 754-765.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, and Davis RW,(1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet* 32. Pp.314–331.
- Brown, S.M., Hopkins, MS., Mitchell, S.E., Senior, M.L., Wang T.Y., and Duncan R.R (1996). Multiple methods for the identification of polymorphic simple sequence repeat (SSR5) in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. *Theor. Appi. Genet.* 93. 190-198.
- Chakravarthi, B.K. and Naravaneni, R. (2006). SSR marker based DNA fingerprinting and diversity study in rice (*Oryza sativa*. L). *African Journal of Biotechnology* Vol. 5 (9), pp. 684-688.
- Chua, B. H., Rajinder, S., Tan, S. G., Faridah, Q. Z. and Cheah, S. C. (2006). Oil palm microsatellites: implications and potentials. *Bulletion of the genetics society of Malaysia*.
- Gawel, N.L. and Jarnet, R.L., A. (1991). Modified CTAB DNA Extraction Procedure of Musa and Ipomoea. *Plant. Mol. Bio. Prr.* 9.pp.262-266.
- Grattapaglia D, Sederoff R (1994) Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross mapping strategy and RAPD markers. *Genetics* 137. pp.1121-1137.

- Hill WG (1974) Estimation of linkage disequilibrium in random mating populations. *Heredity* 33:229–239
- Ho, C.-L., Kwan, Y.-Y., Choi, M.-C., Tee, S.-S., Ng, W.-H., Lim, K.-A., et al. (2007). Analysis and functional annotation of expressed sequence tags (ESTs) from multiple tissues of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *BMC Genomics*, 8, 381.
- Jouannic, S., Argout, X., Lechauve, F., Fizames, C., Borgel, A., Morcillo, F., et al. (2005). Analysis of expressed sequence tags from oil palm (*Elaeis guineensis*). *FEBS Letters*, 579(12), 2709-2714.
- Kandemir, N., Yılmaz, G., Karan, Y.B. and Borazan, D. (2010). Development of a simple sequence repeat (SSR) marker set to fingerprint local and modern potato varieties grown in central Anatolian Plateau in Turkey. *African Journal of Biotechnology* Vol. 9(34), pp. 5516-5522.
- Kantety R.V, Rota M.L, Matthews D.E, and Sorrells M.E (2002) Data mining for simple sequence repeats expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat. *Plant Mol Biol.* 48. pp.501-510.
- Kochert, G. 1994. RFLP technology. *In* DNA-based markers in plants. Phillips, R.L. and Vasil, I.K. (eds.). Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. The Netherlands. pp.8-38.
- Kumapatla, S., & Mukhopadhyay, S. (2005). Mining and survey of simple sequence repeats in expressed sequence tags of dicotyledonous species. *Genome*, 48, 985 - 998.

- Low, E.-T., Alias, H., Boon, S.-H., Shariff, E., Tan, C.-Y., Ooi, L., et al. (2008). Oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) tissue culture ESTs: Identifying genes associated with callogenesis and embryogenesis. *BMC Plant Biology*, 8(1), 62.
- Macfarlane, N., Swetman, T., & Cornelius, J. A. (1975). Analysis of mesocarp and kernel oils from the American oil palm and F1 hybrids with the West African oil palm. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 26(9), 1293-1298.
- Madon, M. Clyde, M.M. and Cheah, S. C. (1995). Cytological analysis of *Elaeis guineensis* and *Elaeis oleifera* chromosome. *Journal of Oil Palm Research*, Vol.10(1): pp. 68-91.
- Maneeruttanarungroj C, Pongsomboon S, Wuthisuthimethavee S et al. (2006). Development of polymorphic expressed sequence tag-derived microsatellites for the extension of the genetic linkage map of the black tiger shrimp (*Penaeus monodon*). *Animal Genetics*, 37, 363–368.
- McCouch, S., and Tanksley, S.D. 1991. Development and use of restriction fragment length polymorphisms in rice breeding and genetic. *In*. Rice biotechnology. Khush, G.S. and Toenniessen, G.H. (eds.) CAB International. Wallingford. Oxon, UK. Pp. 109- 133.
- McCouch, S. R., Chen, X., Panaud, O., Temnykh, S., Xu, Y., Cho, Y. G., et al. (1997). Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding. *Plant Molecular Biology*, 35(1), 89-99.
- Morgante, M., and A.M. Olivieri. (1993). PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *Plant J.* 3:175-182.

- Paterson, A.H., Tanksley, S.D., and Sorrells, M.E. 1991. DNA markers in plant improvement. *Adv. Agron.* 46:39-90.
- Paterson, A.H. (1996a) DNA Marker-Assisted crop improvement. *In "Genome mapping in plants"*. (Paterson, A.H. ed). R.G. Landes Co. pp. 71-79.
- Paterson, A.H. (1996b) Making Genetic Maps. *In "Genome mapping in plants"*. (Paterson, A.H. ed). R.G. Landes Co. pp. 23-37.
- Pinto L.R, Oliveira K.M, Ulian E.C, Garcia A.A and de Souza A.P (2004). Survey in the sugarcane expressed sequence tag database (SUCEST) for simple sequence repeats. *Genome.* 47. 795-804.
- Pinto L.R, Oliveira K.M, Ulian E.C, Garcia A.A and de Souza A.P (2006). Characterization of novel sugarcane expressed sequence tag microsatellites and their comparison with genomic SSRs. *Plant Breed.* 125. 378-384.
- Powell, W., Machray, G.C. and Provan, J. (1996) Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends Plant Sci.* 1:215-222.
- Qureshi S.N, Saha S, Kantety R.V and Jenkins J.N (2004) A New Class of Genetics Markers in Cotton. *The Journal of Cotton Science.* 8. 112-123.
- Sambanthamurthi, R., Singh, R., Kadir, A. P. G., Abdullah, M. O., & Kushairi, A. (2009). Opportunities for the Oil Palm via Breeding and Biotechnology. In S. M. Jain & P. M. Priyadarshan (Eds.), *Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species* (pp. 377-421): Springer New York.

- Sarri, V., Baldoni, L., Porceddu, A., Cultrera, N.G.M., Contento, A., and Frediani, M. (2006). Microsatellite markers are powerful tools for discriminating among olive cultivars and assigning them to geographically defined populations. *Genome* 49, pp. 1606–1615.
- Scott K.D, Egger P, Seaton G, Rossetto M, Ablett E.M, Lee L.S and Henry R.J (2000) Analysis of SSRs derived from grape ESTs. *Theor Appl Genet* : 100: 723-726.
- Singh, R., Zaki, N., Ting, N.-C., Rosli, R., Tan, S.-G., Low, E.-T., et al. (2008). Exploiting an oil palm EST database for the development of gene-derived SSR markers and their exploitation for assessment of genetic diversity. *Biologia*, 63(2), 227-235.
- Sneath, P. H. A., and R. R. SOKAL. (1973). Numerical taxonomy. W. H. Freeman and Company, San Francisco.
- Staub, J.E., and Serquen, F.C. 1996. Genetic markers, map construction, and their applications in plant breeding. *HortSci*. 31(5): 729-741.
- Tanksley, S.D., Young, N.D., Paterson, A.H., and Bonierbale, M.W. 1989. RFLP mapping in plant breeding: New tools for an old science. *Biotechnology*. 7:257-264.
- Ting, N.C., Mohd, N., Zaki, M., Rosli, R. et al., (2009). SSR mining in oil palm EST database: application in oil palm germplasm diversity studies. *Journal of Genetics*.
- Tóth G, Gáspári Z, Jurka J. (2000). Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. *Genome Res*, 10(7), 967-81.
- Uhl, N. W. and Dransfield, J. (1987). *Genera Palmarum: A Classification of Palms based on the Work of Harold E Moore, Jr.* Lawrence, Kansas, Allan Press. 610.

USDA. (1994). The USDA-ARS Plant Genome Research Programs. United States Department of Agriculture. Washington, D.C. U.S.A. 24p.

Varshney, R. K., Chabane, K., Hendre, P. S., Aggarwal, R. K., & Graner, A. (2007). Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. [doi: DOI: 10.1016/j.plantsci.2007.08.010]. *Plant Science*, 173(6), 638-649.

Wang Y and Guo X (2007) Development and characterization of EST-SSR markers in the eastern oyster *Crassostrea virginica*. *Mar Biol.*1-12.

Zhu, H., Klemic, J.F., Chang, S., Bertone, P., Casamayor, A., and Klemic, K.G. (2000). Analysis of yeast protein kinases using protein chips. *Nat. Genet.* 26. 283–289.

Other Materials

Arian Smit & Robert Hubley. (2003). RepeatMasker Web Server 3.2.1., Institute for Systems Biology. <http://www.repeatmasker.org/cgi-bin/WEBRepeatMasker>

Conesa, A., Göttsch, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., and Robles, M. (2005). Blast2go: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18):3674-3676.

Francis C. Yeh and Rong-cai Yang, University of Alberta and Tim Boyle, Centre for International Forestry Research . (1999) ., POPGENE VERSION 1.31.,Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis., <ftp://ftp.microsoft.com/Softlib/MSLFILES/HPGL.EXE>

- Huang, X. and Madan, A. (1999) CAP3: A DNA sequence assembly program. *Genome Res.*, 9, 868-877. Documentaion is available at <http://genome.cs.mtu.edu/cap/cap3.html>
- Jack Liu. (1996). PowerMarker V3.0 ., <http://www.powermarker.net>
- Laurent Excoffier, Guillaume Laval, and Stefan Schneider (2006). Arlequin ver 3.1., An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>
- Martins WS, Lucas DCS, Neves KFS, Bertoli DJ,. (2009). WebSat - A Web Software for MicroSatellite Marker Development. *Bioinformation.* 3(6). pp. 282-283. <http://wsmartins.net/websat/>
- NTSYSpc (1998)., NTSYSpc, Numerical Taxonomy System, Version 2.2
- PalmGenes. สืบค้นเมื่อวันที่ 14 กรกฎาคม 2549. จาก <http://www.palmolis.mpob.gov.my/>
- Pritchard, J. K., Wen, X. and Falush, D. (2007). structure software: Version 2.2. <http://pritch.bsd.uchicago.edu/software>.
- Steve Rozen and Helen J. Skaletsky (2000). Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. In: Krawetz S, Misener S (eds) *Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, Totowa, NJ, pp 365-386. Source code available at <http://fokker.wi.mit.edu/primer3/>
- Weir BS (1979) Inferences about linkage disequilibrium. *Biometrics* 35:235–254.