

รายการอ้างอิง

1. Gibas, C. and Jambeck, P. 2001. Developing Bioinformatics Computer Skills. O'Reilly.
2. Durbin, R., Eddy, S. R., Krogh, A. and Mitchison, G. 2001. Biological sequence analysis Probabilistic models of proteins and nucleic acids. Cambridge University Press.
3. Needleman, S.B., and Wunsch, C.D. 1970. A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequences of two proteins. Journal of Molecular Biology.
4. Higgins, D. G., Bleasby, A. J. and Fuchs, R. 1992. CLUSTAL V: improved software for multiple sequence alignment. Comput. Appl. Biosci.
5. Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Research.
6. Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. and Higgins, D. G. 1997. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Research.
7. Chellapilla, K. and Fogel, G. B. 1999. Multiple sequence alignment using evolutionary programming. Congress on Evolutionary Computation.
8. Thomsen, R., Fogel, G. B. and Krink, T. 2002. A Clustal Alignment Improver using Evolutionary Algorithms. Proceedings of the Fourth Congress on Evolutionary Computation.
9. Thomsen, R., Fogel, G. B. and Krink, T. 2003. Improvement of Clustal-Derived Sequence Alignments with Evolutionary Algorithms. Proceedings of the Fifth Congress on Evolutionary Computation.
10. Notredame, C. and Higgins, D. G. 1996. SAGA: sequence alignment by genetic algorithm. Nucleic Acids Research.
11. Anbarasu, L. A., Narayanasamy, P. and Sundararajan, V. 2000. Multiple molecular sequence alignment by island parallel genetic algorithm. Current Science.

12. Zhang, C. and Wong, A. K. 1997. Toward efficient multiple molecular sequence alignment: a system of genetic algorithm and dynamic programming. IEEE Trans. Systems, Man and Cybernetics.
13. Zhang, C. and Wong, A. K. 1998. A technique of genetic algorithm and sequence synthesis for multiple molecular sequence alignment. IEEE Int. Conf. on Systems, Man, and Cybernetics.
14. Karadimitriou, K. and Kraft, D. H. 1996. Genetic Algorithms and the Multiple Sequence Alignment problem in Biology. Proceedings of Annual Molecular Biology and Biotechnology Conference.
15. Isokawa, M., Wayama, M. and Shimizu, T. 1996. Multiple sequence alignment using a genetic algorithm. Genome Informatics.
16. Plewniak, F., Thompson, J. D. and Poch, O. 1999. BALiBASE: a benchmark alignment database for the evaluation of multiple alignment programs. Bioinformatics.
17. Gupta, S. K., Kececioğlu, J. D. and Schaffer, A. A. 1995. Improving the practical space and time efficiency of the shortest-paths approach to sum-of-pairs multiple sequence alignment. J. Comp. Bio.
18. Henikoff, S. and Henikoff, J. G. 1992. Amino acid substitution matrices from protein blocks. Proc. Natl. Acad. Sci.
19. Goldberg, D. E. 1989. Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison-Wesley.
20. Szidarovszky F. AND Duckstein, L. 1982. Basic Properties of MODM problems. Classnotes: Department of Systems and Industrial Engineering, University of Arizona.
21. Schaffer, J. D. 1985. Multiple Objective Optimization with Vector Evaluated Genetic Algorithms. In Genetic Algorithms and their Applications: Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms.
22. Fonseca, C. M. and Fleming, P. J. 1993. Genetic Algorithms for Multiobjective Optimization: Formulation, Discussion and Generalization. Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms.

23. Srinivas, N. and Deb, K. 1994. Multiobjective Optimization Using Nondominated Sorting in Genetic Algorithms. Evolutionary Computation.
24. Horn, J., Nafpliotis, N. and Goldberg, D. E. 1994. A Niche Pareto Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization. In Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation.
25. Morgenstern, B., Frech, K., Dress, A. and Werner, T. 1998. DIALIGN: Finding local similarities by multiple sequence alignment. Bioinformatics.
26. Notredame, C., Higgins, D. and Heringa, J. 2000. T-Coffee: A novel method for multiple sequence alignments. Journal of Molecular Biology.
27. Katoh, K., Misawa, K., Kuma, K. and Miyata, T. 2002. MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. Nucleic Acids Res.
28. ยงยุทธ ยุทธวงศ์, ศิริศักดิ์ เทพาคำ. 2524. จีโนมิกส์ ภาษาแห่งชีวิต. มูลนิธิบัณฑิตยสภา วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งประเทศไทย.



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นาย พศุทธิ์ สีเหลืองสวัสดิ์ เกิดวันที่ 26 สิงหาคม พ.ศ. 2524 ที่กรุงเทพมหานคร สำเร็จการศึกษาปริญญาวิศวกรรมศาสตรบัณฑิต ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ จากมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตศรีราชา ในปีการศึกษา 2545 และเข้าศึกษาต่อวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ในปีการศึกษา 2546



ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย