



ดร.ภก.อนันต์ชัย อัครวเมทิน
Anuchai Assawamakin BS(Pharm). Ph.D. (Immunology)
Curriculum Vitae

Office Information

Department of Pharmacology,
Faculty of Pharmacy, Mahidol
University, 447 Sri-ayuthaya Rd.,
Rajathevi, Bangkok 10400,
Thailand

ภาควิชาเภสัชวิทยา คณะเภสัช
ศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล 447
ถนนศรีอยุธยา เขตราชเทวี กรุง
เทพมหานคร 10400

Phone:
(66) 2-644-8677
(66) 89-797-9064

Fax:
(66) 2-354-4326

E-mail:
anuchai.asa@mahidol.edu

Personal information

Date of Birth:
July 19th 1979

Marital Status:
Married

Nationality:
Thai

Religion:
Bhudism

Expertise

- Regulatory Sciences
- Molecular genetics of monogenic diseases
- Molecular genetics of cancers and epigenetic studies
- Molecular characterisation of apparently balanced chromosome rearrangements, which are associated with diseases
- Molecular genetics of complex polygenic traits and disorders
- Pharmacogenetics and Pharmacogenomics studies
- Development and application of technologies in molecular genetics
- Bioinformatic research in Genomic Medicine

Education

- 2011 - 2012 - Postdoctoral training at Biostatistic and Informatics Laboratory, Genome Institute, National Center for Genetic Engineering and Biotechnology National Science and Technology Development Agency, Pathumthani, Thailand
- 2004 - 2011 - Ph.D. (Immunology), Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University, Thailand, Advisor: Dr. Chanin Limwongse
- 1997 - 2001 - B.Sc. in Pharm. Faculty of Pharmacy, Mahidol University, Bangkok, Thailand

Professional Experience

- 2019 - Advisor to the Minister of Public Health
- 2016 - present - Working group for coordination and consolidation of National List of Essential Medicine
- 2014 - Committee on The Pharmacological and Therapeutic Society of Thailand
- 2003 - present - Researcher at Division of Molecular Genetics, Department of Research and Development, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University
- 2000 - 2002 - Pharmacist, Phayathai Hospital, Thailand

Awards and Scholarship

- A-IMBN (Asia-Pacific International Molecular Biology Network) highlight award. Tapping into Asia's genetic diversity. An open-access resource describes the genetic variation of 71 populations native to Asia and the Pacific, 5 October 2011
- A-IMBN (Asia-Pacific International Molecular Biology Network) highlight award. Staying on target. A new web tool promises to eliminate some of the basic challenges involved in designing useful assays for genetic testing, 3 December 2007
- International association for pattern recognition (IAPR) Best Student Paper Award: **Assawamakin A**, Chaiyaratana N, Sinsomros S, Youngkong P, "Variable-Length Haplotype Construction for Gene-Gene Interaction Studies", Mahidol University, Thailand. In The 2nd IAPR International Workshop on Pattern Recognition in Bioinformatics (PRIB 2007), 1-2 October 2007, Grand Plaza Park Hotel, Singapore 2007
- PRIB 2007 Student Awards for **Assawamakin A**. In The 2nd IAPR International Workshop on Pattern Recognition in Bioinformatics (PRIB 2007), 1-2 October 2007, Grand Plaza Park Hotel, Singapore 2007
- Ph.D. Royal Golden Jubilee Scholarship for **Assawamakin A** (2004-2011)

Book

1. Praditpornsilpa K, **Assawamakin A**, Tungsanga K, Immunogenicity and Adverse Reactions to Biosimilar Erythropoietin Products in Thailand: The Significance of Science and Quality Driven Process for Approval. In Biosimilars: Regulatory, Clinical, and Biopharmaceutical Development, Gutka, H.J. and Yang, H. and Kakar, S. ISBN=9783319996806, AAPS Advances in the Pharmaceutical Sciences Series, Springer International Publishing; 2018
2. Tongsima S, **Assawamakin A**, Piriyaongsa J, Shaw PJ. Comparative View of *In Silico* DNA Sequencing Analysis Tools. In: Yu B, Hinchcliffe, M, eds. *In Silico* Tools for Gene Discovery. 1st ed. Series: Methods in Molecular Biology, Vol. 760. Humana Press; August; 2011
3. **Assawamakin A**, et al. Essential Molecular Genetics: Genetics Society of Thailand and The Institute for The Promotion of Teaching Science and Technology; 2005
4. **Assawamakin A**, Limwongse C. Pharmacogenomics; A Present and Future of Steps toward Individualized Medicine; 2004

Publications

1. Assawamakin A, Holtorf AP, and Maniadakis N. Weighing Price and Performance for Decisions for Multisource Pharmaceutical Bidding in Public Hospitals in Thailand. DOI: <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.83823>

2. Somboonna N, Wilantho A, Srisuttiyakorn C, Assawamakin A, Tongshima S. Bacterial communities on facial skin of teenage and elderly Thai females. *Arch Microbiol.* 2017 Apr 8.
3. Wedchanien P, Bunditworapoom D, Pithukpakorn M, Limwongse C, Vareesangthip K, Assawamakin A and Thongnoppakhun W. In silico approaches for pathogenicity prediction of missense variants of uncertain significance (VUSs) in ADPKD. *Genomics and Genetics* 2016, 9(1) : 42–49.
4. Buranarach M, Supnithi T, Thein YM, Rattanasawad T, Wongpatikaseree K, Lim AO, Tan Y, Ruangrajitpakorn T, Assawamakin A. OAM: An Ontology Application Management Framework for Simplifying Ontology-based Semantic Web Application Development. *Int. J. Soft. Eng. Knowl. Eng.* 2016 26, 115.
5. Wangkumhang P, Wilantho A, Shaw PJ, Flori L, Moazami-Goudarzi K, Gautier M, Duangjinda M, Assawamakin A, Tongshima S. Genetic analysis of Thai cattle reveals a Southeast Asian indicine ancestry. *PeerJ.* 2015 Oct 27;3:e1318.
6. Suchada P, Chareonchim W, Assawamakin A, et.al., Influence of gender on ABCC2 expression in peripheral blood mononuclear cell. *Genet Mol Res.* 2015 Dec 11;14(4):16704-11.
7. Pithukpakorn M, Roothumnong E, Angkasekwina N, Suktitipat B, Assawamakin A, Luangwedchakarn V, Onlamoon N, Thongnoppakhun W, Suputtamongkol Y. HLA-DRB1 and HLA-DQB1 are associated with disseminated opportunistic infection and positive anti-IFN-gamma autoantibody. *PLoS One* 2015 May 26; 10(5): e0128481.
8. Pithukpakorn M, Tiwawanwong T, Lalerd Y, **Assawamakin A**, Premasathian N, Tasanarong A, Thongnoppakhun W, Vongwiwatana A. Mycophenolic acid AUC in Thai kidney transplant recipients receiving low dose mycophenolate and its association with UGT2B7 polymorphisms. *Pharmgenomics Pers Med.* 2014 Dec 5;7:379-85.
9. Somboonna N, Wilantho A, **Assawamakin A**, Monanunsap S, Sangsrakru D, Tangphatsornruang S, Tongshima S. Structural and functional diversity of free-living microorganisms in reef surface, Kra island, Thailand. *BMC Genomics* 2014, 15:607.
10. Tulaya L, Chainarong A, Apichart I, **Assawamakin A**, Tongshima S. iNJclust: Iterative Neighbor-Joining Tree Clustering Framework for Inferring Population Structure. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics.* 2014 Sep-Oct; 11(5):903-14.
11. Halim LA, Brinks V, Jiskoot W, Romeijn S, Praditpornsilpa K, **Assawamakin A**, Schellekens H. How Bio-questionable are the Different Recombinant Human Erythropoietin Copy Products in Thailand ?. *Pharm Res.* 2014 May; 31(5):1210-8.
12. Somboonna N, Wilantho A, Jankaew K, **Assawamakin A**, Sangsrakru D, Tangphatsornruang S, Tongshima S. Microbial ecology of Thailand tsunami and non-tsunami affected terrestrials. *PLoS One.* 2014 Apr 7;9(4):e94236.

13. Yang JO, Hwang S, Kim WY, Park SJ, Kim SC, Park K, Lee B; **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Identification of ethnically specific genetic variations in pan-asian ethnos. *Genomics Inform*. 2014 Mar;12(1):42-7.
14. Mekchay SI, Supakankul P, **Assawamakin A**, Wilantho A, Chareanchim W, Tongsima S. Population structure of four Thai indigenous chicken breeds. *BMC Genet*. 2014 Mar 27;15(1):40.
15. Wangkumhang P, Shaw PJ, Chaichumpu K, Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Nuinoon M, Sripichai O, Svasti S, Fucharoen S, Praphanphoj V, and Tongsima S. Insight into the peopling of mainland Southeast Asia from Thai Population Genetic Structure. *PLoS One*. 2013 Nov 4;8(11):e79522.
16. Uttamatin R, Yuvapoositanon P, Intarapanich A, Saowaluck Kaewkamnerd S, Phuksaritanon R, **Assawamakin A** and Sissades Tongsima. MetaSel: a metaphase selection tool using a Gaussian-based classification technique. *BMC Bioinformatics* 2013, 14(Suppl 16):S13.
17. **Assawamakin A**, Prueksaaron S, Kulawonganuchai S, Shaw PJ, Varavithya V, Ruangrajitpakorn T, and Tongsima S. Biomarker Selection and Classification of “-Omics” Data Using a Two-Step Bayes Classification Framework. *Biomed Res Int*. 2013;2013:148014.
18. Lertkiatmongkol P, **Assawamakin A**, White G, Chopra G, Rongnoparut P, et al. Distal Effect of Amino Acid Substitutions in CYP2C9 Polymorphic Variants Causes Differences in Interatomic Interactions against (S)-Warfarin. *PLoS One*. 2013 Sep 11;8(9).
19. Jinam TA, Phipps ME, Saitou N; **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Admixture patterns and genetic differentiation in negrito groups from West Malaysia estimated from genome-wide SNP data. *Hum Biol*. 2013 Feb-Jun; 85(1-3):173-88.
20. Mokmak W, Chunsrivirod S, **Assawamakin A**, Choowongkamon K, Tongsima S. Molecular dynamics simulations reveal structural instability of human trypsin inhibitor upon D50E and Y54H mutations. *J Mol Model*. 2013 Feb;19(2): 521-8
21. Somboonna N, **Assawamakin A**, Wilantho A, Tangphatsornruang S, Tongsima S. Metagenomic profiles of free-living archaea, bacteria and small eukaryotes in coastal areas of Sichang island, Thailand. *BMC Genomics*. 2012;13 Suppl 7:S29.
22. Piriyaongsa J, Ngamphiw C, Intarapanich A, Kulawonganuchai S, **Assawamakin A**, Bootchai C, Shaw PJ, Tongsima S. iLOCi: a SNP interaction prioritization technique for detecting epistasis in genome-wide association studies. *BMC Genomics*. 2012;13 Suppl 7:S2.
23. Jinam TA, Hong LC, Phipps ME, Stoneking M, Ameen M, Edo J; **The Pan-Asian SNP Consortium**, Saitou N. Evolutionary history of continental South East Asians: "early train" hypothesis based on genetic analysis of mitochondrial and autosomal DNA data. *Mol Evol Biol*, 2012;29(11):3513-27.
24. Thongnoppakhun W, **Assawamakin A**, Tongsima S. An abundance of population-specific monomorphic SNPs may or may not be meaningful: a

- commentary on “differences in allele frequencies of familial hypercholesterolemia SNPs in the Malaysian population”. *Journal of Human Genetics*, 2012; 57(7):403-4.
25. He Y, Wang WR, Xu S, Jin L, and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Paleolithic Contingent in Modern Japanese: Estimation and Inference using Genome-wide Data. *Sci. Rep.* 2012; 2, 355.
26. **Assawamakin A**, Wattanasirichaigoon D, Tocharoentanaphol C, Waeteekul S, Tansatit M, Thongnoppakhun W, Limwongse C. A novel maternally-derived insertional translocation resulting in partial trisomy 4q13.2-q22.1 with complex translocation t(8;20) in a family with intellectual disability. *American Journal of Medical Genetics Part A*, 2012; 158A(4):901-8.
27. Xua S, Pugachb I, Stonekingb M, Kayserc M, Jin L, and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Genetic dating indicates that the Asian–Papuan admixture through Eastern Indonesia corresponds to the Austronesian expansion. *PNAS*, 2012; 109(12): 4574-4579.
28. Setsirichok D, Piroonratana T, **Assawamakin A**, Usavanarong T, Limwongse C, Wongseree W, Apornthewan C and Chaiyaratana N. Small ancestry informative marker panels for complete classification between the original four HapMap populations. *Int. J. Data Mining and Bioinformatics*, 2012; 6(6): 651-74.
29. **Assawamakin A**, Sriratanaviriyakul N, Praditsap O, Intarapanich A, Tongsimma S and Pithukpakorn M. ‘Meta-analysis of the plasminogen activator inhibitor-1 (PAI-1) gene with insertion/deletion 4G/5G polymorphism and its susceptibility to ischemic stroke in Thai population. *Asian Biomedicine*, 2012; 6(2): 203-217.
30. Ghang H, Han Y, Jeong S, Bhak J, Lee S, Kim TH, Kim C, Kim S, Al-Mulla F, Youn CH, Yoo GS and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. How Many SNPs Should Be Used for the Human Phylogeny of Highly Related Ethnicities? A Case of Pan Asian 63 Ethnicities. *Genomics and Informatics*, 2011; 9(4): 181-8.
31. Yang X, Xu S and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Identification of Close Relatives in the HUGO Pan-Asian SNP Database. *PLoS ONE*, 2011; 6(12): e29502.
32. Suwannasri P, Thongnoppakhun W, Pramyothin P, Limwongse C, **Assawamakin A**. Combination of multiplex PCR and DHPLC-based strategy for CYP2D6 genotyping scheme in Thais. *Clinical Biochemistry*, 2011; 44(13): 1144-52.
33. Limpiti T, Intarapanich A, **Assawamakin A**, Shaw P, Wangkumhang P, Piriyaongsa J, Ngamphiw C and Tongsimma S. Study of large and highly stratified population datasets by combining iterative pruning principal component analysis and STRUCTURE. *BMC Bioinformatics*, 2011; 12: 255.
34. Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Xu S, Shaw PJ, Yang JO, Ghang H, Bhak J, Liu E, Tongsimma S, and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. PanSNPdb: The Pan-Asian SNP genotyping database. *PLoS ONE*, 2011; 6(6): e21451.

35. Wan Isa Hatin, Ab Rajab Nur-Shafawati, Mohd-Khairi Zahri, Shuhua Xu, Li Jin, Soon-Guan Tan, Mohammed Rizman-Idid, Bin Alwi Zilfalil and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Population Genetic Structure of Peninsular Malaysia Malay Sub-Ethnic Groups. *PLoS ONE*, 2011, 6(4): e18312. (IF=4.351)
36. Vipatakul N, ShanTang S, Arif C, Taweechue K, Udompunturak S, **Assawamakin A**, Thongnoppakhun W, Pithukpakorn M, Limwongse C, Tanwandee T. Association of LDL-R Polymorphism and Treatment Outcome of Chronic Hepatitis C Genotype 3: a Pilot Study. *Thai Journal of Gastroenterology*, 2010, 11(1): 13-21.
37. Xu S, Kangwanpong D, Seielstad M, Srikumool M, Kampuansai J, Jin L and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Genetic evidence supports linguistic affinity of Mlabri--a hunter-gatherer group in Thailand. *BMC Genetics*, 2010, 11:18.
38. Abdulla MA, Ahmed I, **Assawamakin A**, Bhak J, Brahmachari SK, Calacal GC, Chaurasia A, Chen CH, Chen J, Chen YT, Chu J, Cutiongco-de la Paz EM, De Ungria MC, Delfin FC, Edo J, Fuchareon S, Ghang H, Gojobori T, Han J, Ho SF, Hoh BP, Huang W, Inoko H, Jha P, Jinam TA, Jin L, Jung J, Kangwanpong D, Kampuansai J, Kennedy GC, Khurana P, Kim HL, Kim K, Kim S, Kim WY, Kimm K, Kimura R, Koike T, Kulawonganuchai S, Kumar V, Lai PS, Lee JY, Lee S, Liu ET, Majumder PP, Mandapati KK, Marzuki S, Mitchell W, Mukerji M, Naritomi K, Ngamphiw C, Niikawa N, Nishida N, Oh B, Oh S, Ohashi J, Oka A, Ong R, Padilla CD, Palittapongarnpim P, Perdigon HB, Phipps ME, Png E, Sakaki Y, Salvador JM, Sandraling Y, Scaria V, Seielstad M, Sidek MR, Sinha A, Srikumool M, Sudoyo H, Sugano S, Suryadi H, Suzuki Y, Tabbada KA, Tan A, Tokunaga K, Tongsima S, Villamor LP, Wang E, Wang Y, Wang H, Wu JY, Xiao H, Xu S, Yang JO, Shugart YY, Yoo HS, Yuan W, Zhao G, Zilfalil BA; Indian Genome Variation Consortium and **The HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Mapping Human Genetic History in Asia. *Science*, 2009, 326(5959): 1541-45.
39. Viratroumanee C, Pramyothin P, Limwongse C, Suwannasri P, **Assawamakin A**. Glutathione S-Transferase P1 Variant Plays a Major Contribution to Decreased Susceptibility to Liver Cancer in Thais. *Asian Pacific J Cancer Prev*, 2009;10, 783-788.
40. Pradubkaew K, Pramyothin P, Limwongse C, Suwannasri P, **Assawamakin A**. Glutathione S-transferase polymorphisms and risk of bladder cancer in Thais. *Thai J. Pharm. Sci*, 2009; 33: 67-73.
41. Intarapanich A, Shaw PJ, **Assawamakin A**, Wangkumhang P, Ngamphiw C, Piriyaongsa J, Chaichumpoo K, Tongsima S. Iterative Pruning PCA Improves Resolution of Highly Structured Populations. *BMC Bioinformatics*. 2009, 10: 382.
42. Makarasara W, **Assawamakin A**, Intarapanich A, Fucharoen S, Chaiyaratana N, Kamatani N, Tongsima S. pHCR: A Parallel Haplotype Configuration Reduction Algorithm for Haplotype Interaction Analysis. *J. Hum Genet*, 2009; 54: 634-41.
43. Piriyaongsa J, Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Wangkumhang P, Suwannasri P, Tongsima S. RExPrimer: An Integrated Primer Designing Tool Increases PCR Effectiveness by Avoiding 3' SNP-in-Primer and Mis-priming from Structural Variation. *BMC Genomics*, 2009, 10(Suppl 3): S4.

44. Piroonratana T, Wongseree W, **Assawamakin A**, Paulkhaolarn N, Kanjanakorn C, Sirikong M, Thongnoppakhun W, Limwongse C, Chaiyaratana N. Classification of Haemoglobin Typing Chromatograms by Neural Networks and Decision Trees for Thalassaemia Screening. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 2009; 99(2): 101-10.
45. Viratroumanee C, Pradabkaew K, Pramyothin P, Limwongse C, Suwannasri P, **Assawamakin A**. Comparative Role of Glutathione S-Transferases Polymorphisms Between Liver and Bladder Cancer in Thais. *Drug Metabolism Reviews*, 2009; 41(S2): 148.
46. Suwannasri P, Pramyothin P, **Assawamakin A**, Limwongse C. CYP2D6 Genomic Structure and Sequence Characterization in Thai Revealed Such Complexity that Argue against Universal Use of Current Commercial Gene Chip Platform. *Drug Metabolism Reviews*, 2009; 41(S2): 31.
47. Wongseree W, **Assawamakin A**, Piroonratana T, Sinsomros S, Limwongse C, Chaiyaratana N. Detecting Purely Epistatic Multi-locus Gene-Gene Interactions by Omnibus Permutation Tests on an Ensemble of Two-Locus Analyses. *BMC Bioinformatics*, 2009, 10: 294.
48. **Assawamakin A**, Chaiyaratana C, Limwongse C, Sinsomros S, Yenichitsomanus PT and Youngkong P. Variable-Length Haplotype Construction for Gene-Gene Interaction Studies. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 2009: 25-31.
49. Thongngarm T, Jameekornrak A, Limwongse C, Sangasapaviliya A, Piboonpocanun O, **Assawamakin A**, Sinsomros S, Chaiyaratana N, Thongnoppakhun W, and Luangwedchakarn V. Association of ADAM 33 polymorphisms with asthma in Thai population. *Asian Pacific Journal of Allergy and Immunology*, 2008, 26: 205-11.
50. Ruangrit U, Srikummool M, **Assawamakin A**, Ngamphiw C, Chuechote S, Thaiprasarnsup V, Agavatpanitch G, Pasomsab E, Yenichitsomanus P, Mahasirimongkol S, Chantratita W, Palittapongarnpim P, Uyyanonvara B, Limwongse C, and Tongshima S. Thailand mutation and variation database (ThaiMUT). *Hum Mutat*, 2008; 29(8), E68-E75.
51. Ngamphiw C, Kullawonganuchai S, **Assawamakin A**, Jenwitheesuk E, and Tongshima S. VarDetect: a nucleotide sequence variation exploratory tool. *BMC Bioinformatics*, 2008, 9(Suppl 12), S9.
52. Wangkumhang P, Chaichoompu K, Ngamphiw C, Ruangrit U, Chanprasert J, **Assawamakin A**, and Tongshima S. WASP: a Web-based Allele-Specific PCR assay designing tool for detecting SNPs and mutations. *BMC Genomics*, 2007, 8, 275.
53. Kantaputra P, Limwongse C, **Assawamakin A**, Praditsap O, Kemaleelakul U, Miedzybrodzka ZH, Kondo S, Schutte B. A novel mutation in IRF6 underlies hearing loss, pulp stones, large craniofacial sinuses, and limb anomalies in Van der Woude syndrome patients. *Oral Biosciences & Medicine*, 2004, 1(4): 277-82.

54. Poolsup N, Suthisang C, Prathanturug S, **Assawamakin A**, Chanchareon U. *Andrographis paniculata* in the symptomatic treatment of uncomplicated upper respiratory tract infection: Systematic review of randomized controlled trials. *Journal of Clinical Pharmacy and Therapeutics*, 2004; 29(1): 37-45.
55. **Assawamakin A** and Limwongse C. Pharmacogenomics: A Comprehensive Review of Steps Toward Individualised Medicine. *Mahidol University Journal of Pharmaceutical Science*, 2003; 30(1): 9-18.

Publications (Thai)

1. วินิต อัครกิจวิรี วรสุดา ยุงทอง อนันต์ชัย อัครเมธิน อัญชลี จิตรักนที และ สุจิตรา นิพัทธ์พิมพ์ใจ. การพัฒนารูปแบบการทบทวนทะเบียนตำรับยาและการนำไปสู่การปฏิบัติ. *FDA journal (วารสารอาหารและยา)* ฉบับเดือนกันยายน-ธันวาคม 2556 หน้า 47-59.
2. อลิษา วิลันโท อรณช ประดิษฐ์ทรัพย์ วรณวิสาข์ เจริญนิม ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย อนันต์ชัย อัครเมธิน และศิษฏศ ทองลิมา. เทคโนโลยีเอ็นจีเอสและการประยุกต์ในงานวิจัยโอมิกส์. *Thai J. Genet.* 2012, 5(2) : 104-129.
3. วิไล บัณฑิตานุกูล, อนันต์ชัย อัครเมธิน, วรสุดา ยุงทอง และ กิตติ สุคันโธ. การพัฒนาระบบการคุ้มครองผู้บริโภคจากการใช้ยาชีววัตถุในประเทศไทย: กรณีศึกษายา epoetin. *FDA journal (วารสารอาหารและยา)* ฉบับเดือนมกราคม-เมษายน 2555 หน้า 51-62.
4. อนันต์ชัย อัครเมธิน, ชุมพล งามผิว, อรณช ประดิษฐ์ทรัพย์, ชรินทร์ ลีม่วงค์ และ ศิษฏศ ทองลิมา. ฐานข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมในคนไทยแบบสลับและซีเอ็นวี. *Thai Journal of Genetics.* 2009; 3(1) : 71-82.
5. อรณช ประดิษฐ์ทรัพย์ มานพ พิทักษ์ภากร นรินทร์ ศรีรัตนวิริยะกุล ศิษฏศ ทองลิมา และอนันต์ชัย อัครเมธิน. การวิเคราะห์อภิมานสำหรับงานวิจัยทางระบาดวิทยาพันธุศาสตร์. *Thai Journal of Genetics.* 2009; 2(2) : 103-119.

Filed Patent

1. ระบบอัตโนมัติสำหรับตรวจหาความเสี่ยงในการเป็นโรคเบาธาลัสซีเมีย/ฮีโมโกลบินอีขั้นรุนแรงจากข้อมูลปฏิสัมพันธ์ของจีโนมไทป์ระหว่างคู่สลับ, โดย 1. จิตติมา พิริยะพงศา 2. พงศกร วังคำแหง 3. อภิชาติ อินทรพานิชย์ 4. อนันต์ชัย อัครเมธิน 5. ชุมพล งามผิว 6. ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 7. ฟิลิป เจมส์ ซอร์ 8. กฤษดากร ไชยชุมภู 9. ศิษฏศ ทองลิมา วันที่รับคำขอ 6 ก.ย. 2555 เลขที่คำขอ 1201004543
2. ระบบอัตโนมัติสำหรับแม่บึงลำดับเบสของดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องอ่านลำดับเบสที่ใช้เทคโนโลยีไพโรซีควันซิ่ง, โดย 1. อนันต์ชัย อัครเมธิน 2. ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 3. กฤษดากร ไชยชุมภู 4. วรณวิสาข์ เจริญนิม 5. อลิษา วิลันโท 6. ศิษฏศ ทองลิมา วันที่รับคำขอ 21 ก.ย. 2555 เลขที่คำขอ 1201004891
3. ระบบอัตโนมัติสำหรับวิเคราะห์การแปรผันของลำดับเบสของดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องอ่านลำดับเบสที่ใช้เทคโนโลยีเทอมินเตอร์ไฮเคิลซีควันซิ่ง, โดย 1. อนันต์ชัย อัครเมธิน 2. ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 3. กฤษดากร ไชยชุมภู 4. วรณวิสาข์ เจริญนิม 5. อลิษา วิลันโท 6. ศิษฏศ ทองลิมา วันที่รับคำขอ 21 ก.ย. 2555 เลขที่คำขอ 1201004892

4. ระบบสำหรับค้นหาชิ้นที่มีความสัมพันธ์ไปกับความผิดปกติทางพันธุกรรมทั้งจีโนม จากข้อมูลสลับอาร์เรย์, โดย 1. อนันต์ชัย อัศวเมธิน 2. ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 3. กฤษดากร ไชยชุมภู 4. วรณวิสาข์ เจริญนิม 5. อลิษา วัฒนโท 6. ศิษฏุศ ทองลิมา วันที่รับคำขอ 21 ก.ย. 2555 เลขที่คำขอ 1203001027
5. ระบบอัตโนมัติสำหรับการแปลผลในการตรวจกรองธาลัสซีเมีย พาหะธาลัสซีเมียและ ฮีโมลโกลบินผิดปกติ, โดย 1. ศิษฏุศ ทองลิมา 2. อนันต์ชัย อัศวเมธิน 3. ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย และ 4. ชุมพล งามผิว วันที่รับคำขอ 12 มิย 2552 เลขที่คำขอ 0901002615
6. การออกแบบและการประยุกต์ใช้วงจรดิจิทัลในอุปกรณ์ลอจิกแบบโปรแกรมได้แบบ FPGA สำหรับการอนุมานแฮปโลไทป์ (haplotype inference) ในวิธีที่เรียกว่าขั้นตอนวิธีการคาดหมาย- การหาค่ามากที่สุด (expectation-maximization algorithm) จากข้อมูลสลับในงานพันธุศาสตร์ ประชากรและระบาดวิทยาพันธุศาสตร์, โดย 1. ศิษฏุศ ทองลิมา 2. อภิชาติ อินทรพานิชย์ 3. กฤษดากร ไชยชุมภู และ 4. อนันต์ชัย อัศวเมธิน วันที่รับคำขอ 26 กพ 2552 เลขที่คำขอ 0901000820

Conferences papers (English)

Oral presentation

1. Amornbunchornvej C, Limpiti T, **Assawamakin A**, Intarapanich A and Tongshima S. Iterative Neighbor-Joining Tree Clustering Algorithm for Genotypic Data. The twenty-first conference of the International Association for Pattern Recognition (IAPR), which will be held during November 11-15, 2012 at the Tsukuba International Congress Center, Tsukuba, Japan.
2. Amornbunchornvej C, Limpiti T, **Assawamakin A**, Intarapanich A and Tongshima S. Improved iterative pruning principal component analysis with graph-theoretic hierarchical clustering. The ninth annual international conference organized by Electrical Engineering/Electronics, Computer, Telecommunications and Information Technology (ECTI) Association, Thailand. 2012
3. Sethakulvichaia W, Manitpornsutb S, Wiboonratc M, Lilakiatsakund W, **Assawamakin A**, Tongshima S. Estimation of Band Level Resolutions of Human Chromosome Images. The 9th International Joint Conference on Computer Science and Software Engineering (JCSSE 2012), Bangkok, Thailand, May 30 2012-June 1 2012
4. Praditsap O, Pithukpakorn M, Thongnoppakhun W, Maruset L, **Assawamakin A**, Rungroj N, Sirinavin C, Yenchitsomanus PT, Limwongse C. molecular basis of von hippel lindau (VHL) disease – a multisystem familial cancer syndrome – in thai patients. The 7th Princess Chulabhorn International Science Congress (PC VII) CANCER: FROM BASIC RESEARCH TO CURE. November 13-17, 2011, Shangri-la Hotel, Bangkok, Thailand.
5. Limpiti T, **Assawamakin A**, Intarapanich A, Tongshima S. Time frequency analysis for cancer detection using proteomic MS-Spectra. The 4th BMEiCON2011, Chiang Mai, Thailand, during 9-11 November 2011.
6. **Assawamakin A**, Chalortham N, Ruangrajitpakorn T, Limwongse C, Supnithi T, Tongshima S. A development of knowledge representation for thalassemia prevention and control program. The 7th International Conference on

Natural Language Processing and Knowledge Engineering, NLPKE 2011, Tokushima, Japan, November 27-29, 2011.

7. Limpiti T, Intarapanich A, **Assawamakin A**, Wangkumhang P, Tongsim S. Iterative PCA for population structure analysis. The 36th International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing. May 22-27, 2011.
8. Wangkumhang P, **Assawamakin A**, Tongsim S. An efficient machine learning based framework to select minimal set of informative markers for bovine breed classification. 4th Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology, 1-3 December, Matrix, Biopolis, Singapore 2010.
9. Piriyaongsa J, **Assawamakin A**, Intarapanich A, Ngamphiw C, Tongsim S. Correlation-based filtering technique coupled with machine learning for detecting gene-gene interaction in genome-wide association study. 4th Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology, 1-3 December, Matrix, Biopolis, Singapore 2010.
10. Piroonratana T, Wongseree T, Usavanarong T, **Assawamakin A**, Limwongse C, Chaiyaratana N. Identification of Ancestry Informative Markers from Chromosome-Wide Single Nucleotide Polymorphisms Using Symmetrical Uncertainty Ranking. 20th International Conference on Pattern Recognition August 23-26, Istanbul Convention & Exhibition Centre, Istanbul, Turkey 2010.
11. Saikatikorn Y, Lertkiatmongkol P, **Assawamakin A**, Ruengjitchatchawalya M, Tongsim S. Study of the structural pathology caused by CYP2C9 polymorphisms towards Flurbiprofen metabolism using Molecular Dynamics Simulation. *Computational Systems-Biology and Bioinformatics, First International Conference, CSBio 2010, Bangkok, Thailand, November 3-5, Proceedings 2010.*
12. Hattirat S, Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Chan J, Tongsim S. Catalog of Genetic Variations (SNPs and CNVs) and Analysis Tools for Thai Genetic Studies. *Computational Systems-Biology and Bioinformatics, First International Conference, CSBio 2010, Bangkok, Thailand, November 3-5, Proceedings 2010.*
13. Rodpan A, Wangkumhang P, **Assawamakin A**, Prom-on S, Tongsim S. Unsupervised Method for AIMs Selection on Population Classification Problems. *Computational Systems-Biology and Bioinformatics, First International Conference, CSBio 2010, Bangkok, Thailand, November 3-5, Proceedings 2010.*
14. Deejai P, **Assawamakin A**, Wangkumhang P, Poomputsa K, Tongsim S. On Assigning Individuals from Cryptic Population Structures to Optimal Predicted Subpopulations: an Empirical Evaluation of Non-parametric Population Structure Analysis Techniques. *Computational Systems-Biology and Bioinformatics, First International Conference, CSBio 2010, Bangkok, Thailand, November 3-5, Proceedings 2010.*
15. Ruangrit U, **Assawamakin A**, Ngamphiw C, Uyyanonvara B, Tongsim S. MTation ANnotation Tool (MTANT). Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology, March 10-12, 2010, National Cheng Kung University, Taiwan.

16. Piriyapongsa J, Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Wangkumhang P, Suwannasri P, Ruangrit U, Agavatpanitch G, Tongsima S. REXPrimer: an integrated primer designing tool increases PCR effectiveness by avoiding 3' SNP-in-primer and mis-priming from structural variation. Asia Pacific Bioinformatics Network (APBioNet), The 8th International Conference on Bioinformatics (InCoB2009), 7-11 September 2009, Singapore.
17. Wongseree W, **Assawamakin A**, Piroonratana T, Sinsomros S, Limwongse C, Chaiyaratana N. An omnibus permutation test on ensembles of two-locus analyses for the detection of purely epistatic multi-locus interactions. The ICONIP 2009: 16th International Conference on Neural Information Processing, Bangkok, Thailand, December 1-5, 2009.
18. Piriyapongsa J, Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Wangkumhang P, Suwannasri P, Tongsima S. An integrated primer designing tool increases PCR effectiveness by avoiding 3' SNP-in-primer and mis-priming from structural variation. Asia Pacific Bioinformatics Network (APBioNet), The 8th International Conference on Bioinformatics (InCoB2008), 7-11 September 2009, Singapore.
19. Suwannasri P, Pramyothin P, **Assawamakin A**, Limwongse C. CYP2D6 Genomic Structure and Sequence Characterization in Thai Revealed Such Complexity that Argue against Universal Use of Current Commercial Gene Chip Platform. In the 3rd Asian Pacific Regional Meeting Understanding Xenobiotics for Better Drug Development and Therapy, The Imperial Queen's Park Hotel, Bangkok, Thailand, May 10-12 2009.
20. Makarasara W, **Assawamakin A**, Intarapanich A, Fucharoen S, Chaiyaratana N, Kamatani N, Tongsima S. pHCR: A Parallel Haplotype Configuration Reduction Algorithm for Haplotype Interaction Analysis. The 58th Annual Meeting of The American Society of Human Genetics, November 11-15, 2008, Philadelphia, Pennsylvania, USA.
21. Ngamphiw C, Kullawonganchai S, **Assawamakin A**, Jenwitheesuk E and Tongsima S. VarDetect: a nucleotide sequence variation exploratory tools. Asia Pacific Bioinformatics Network (APBioNet), The 7th International Conference on Bioinformatics (InCoB2008), October 20-23, 2008, Taipei, Taiwan.
22. **Assawamakin A**, Chaiyaratana N, Sinsomros S, Youngkong P. Variable-Length Haplotype Construction for Gene-Gene Interaction Studies, In The 2nd IAPR International Workshop on Pattern Recognition in Bioinformatics (PRIB 2007), 1-2 October 2007, Grand Plaza Park Hotel, Singapore.
23. Aksornpan P, **Assawamakin A**, Chaiyaratana N and Limwongse C. Thalassaemia Classification by a Neural Network and a C4.5 Decision Tree. In the Proceedings of the 2007 Electrical Engineering/Electronics, Computer, Telecommunications and Information Technology (ECTI) International Conference, 9-12 May 2007, Mae Fah Luang University, Chiang Rai, Thailand.
24. Suwannasri P, Pramyothin P, Limwongse C, and **Assawamakin A**. Awareness of CYP2D6 Genotype detection. The 21st Congress of Federation of Asian Pharmaceutical Associations, Pacific Yokohama, Yokohama, Japan. 18-21 November 2006.

25. Roothumnong E, **Assawamakin A**, Thongnoppakhun W, Sirinavin C, and Limwongse C. Germline mutations causing hereditary non-polyposis colorectal cancer (HNPCC) in Thai families. Siriraj Congress Meeting: Excellent Medical Practices for Better Quality of Life. Bangkok, Thailand, 4-8 July 2005.

Poster presentation

1. Burutarchanai A, **Assawamakin A**, Kulawonganuchai S, Tongsima S and Chongstitvatana P. Admixture calculation on multi-core processors. The 11th International Conference on Bioinformatics (InCoB 2012), 2012.
2. Chaichoompu K, Wangkumhang P, **Assawamakin A** and Tongsima S. Encoded haplotype data as input to ipPCA can better resolve population clustering. The 11th International Conference on Bioinformatics (InCoB 2012), 2012.
3. Chininmanu K, Ngamphiw C, **Assawamakin A**, Poomputsa K, Tongsima S. Primer designing algorithm for large scale resequencing exon project. The 19th Annual Meeting of Thailand Society for Biotechnology (TSB), 2007.
4. **Assawamakin A**, Wattanasirichaigoon D, Limwongse C, Tocharoentanaphol C, Thongnoppakhun W, Yenchitsomanus PT. Characterization of inherited reciprocal translocation in a Thai family with non-syndromic mental retardation. Siriraj-Ramathibodi Medical Congress 2006 "Together Towards Excellent in Health Care" April 18-21, 2006 at Queen Sirikit National Conventional Center, Bangkok, Thailand. Siriraj Med J, Volume 58, Suppl 1, April 2006: p. 173.
5. Taweechue K, **Assawamakin A**, Roothumnong E, Thongnoppakhun W, Limwongse C. Multiplex ligation-dependent probe amplification (MLPA): efficient method for detection of exonic deletions and duplications of the dystrophin gene in DMD/BMD patients. Siriraj-Ramathibodi Medical Congress 2006 "Together Towards Excellent in Health Care" April 18-21, 2006 at Queen Sirikit National Conventional Center, Bangkok, Thailand. Siriraj Med J, Volume 58, Suppl 1, April 2006: p. 175.
6. Suwannasri P, **Assawamakin A**, Pramyothin P, Limwongse C. CYP2D6 Genotype-phenotype study in Thais identified novel Thai CYP2D6 subtypes. 17th FAOBMB Symposium & 2nd IUBMB Special Meeting & 7th AIMBM Conference: Genomics and Health in the 21st Century. Bangkok, Thailand, 22-26 November 2004.
7. **Assawamakin A**, Hiriote W, Thongnoppakhun W and Limwongse C. A novel germline mutation of hMSH2 causing hereditary non-polyposis colorectal cancer (HNPCC) in a pro-band with neurofibromatosis 1. 4th HUGO Pacific Meeting & 5th Asia-Pacific Conference of Human Genetics. Pattaya, Chonburi, Thailand, 27-30 October 2002.

Conferences papers (Thai)

1. อรุณช ประดิษฐ์ทรัพย์, จินตนา ศิรินาวิน, มานพ พิทักษ์ภากร, วรณา ทองนพคุณ, อนันต์ชัย อัครเมธิน, นัญวรณ รุ่งโรจน์, เพทาย เย็นจิตโสมนัส, ชนินทร์ ลีมวงศ์ การ ใช้มัลติเพล็กซ์พีซีอาร์เชิงกึ่งปริมาณเพื่อตรวจหาการขาดหายไปของยีนวอนฮิปเปิลลินดาว (VHL) (Semi-quantitative multiplex PCR for the deletion analysis of von Hippel-Lindau (VHL) gene) ใน "พันธุศาสตร์...แก่วิกฤตพลังงานชาติ (Genetics for National Energy Crisis)": รายงานการประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 16 ระหว่างวันที่ 25-27 มีนาคม พ.ศ. 2552 ณ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อ.คลองหลวง จ.ปทุมธานี หน้า32-36.
2. เอกพงศ์ รุ้ทำนอง, ธารางกูล ธนุกฤติ, วรณา ทองนพคุณ, อนันต์ชัย อัครเมธิน, ยงยุทธ ศิริวัฒน์ อักษร, ชนินทร์ ลีมวงศ์. การตรวจวิเคราะห์ microsatellite instability ในผู้ป่วยไทยที่เป็นมะเร็งลำไส้ใหญ่และเรคตัม: วิธีตรวจกรองที่เป็นประโยชน์ต่อผู้ป่วยกลุ่มอาการ HNPCC (Microsatellite instability (MSI) testing in Thai sporadic colorectal cancer: a useful screening tool for HNPCC) ใน "พันธุศาสตร์...แก่วิกฤตพลังงานชาติ (Genetics for National Energy Crisis)": รายงานการประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 16 ระหว่างวันที่ 25-27 มีนาคม พ.ศ. 2552 ณ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต อ.คลองหลวง จ.ปทุมธานี หน้า 56-60.
3. เอกพงศ์ รุ้ทำนอง, อนันต์ชัย อัครเมธิน, วรณา ทองนพคุณ, จินตนา ศิรินาวิน และ ชนินทร์ ลีมวงศ์. มิวเตชันที่เป็นสาเหตุของโรคมะเร็งลำไส้ใหญ่ชนิดไม่มีติ่งเนื้อที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรมในคนไทย. ใน "พันธุศาสตร์: จากพื้นฐานสู่เทคโนโลยีระดับโมเลกุล": รายงานการประชุมวิชาการพันธุศาสตร์แห่งชาติ ครั้งที่ 14 ระหว่างวันที่ 11-13 มีนาคม พ.ศ. 2548 ณ โรงแรมมิราเคิล แกรนด์ คอนเวนชั่น, กรุงเทพฯ. บริษัท เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชั่น จำกัด 2548, หน้า 277-285.