



8/31 Chuancheun Modus Vibhavadi
Kwaeng Sanam Bin, Donmuang
Bangkok 10210, Thailand
Email: sissades@me.com
Phone: +66 85 045 1123
Home: +66 2 192 5253

113 Thailand Science Park,
Klong Nueng, Klong Luang,
Pathum Thani 12120, Thailand
Email: sissades@biotec.or.th
Phone: +66 2 564 6700 ext 5551
Fax: +66 2 564 6584

Sissades Tongsim, Ph.D.

ดร. ศิษฏยศ ทองสีมา

Personal information

Date of birth	• January 1 st 1970
Place of birth	• Bangkok, Thailand
Marital status	• Married
Nationality	• Thai
Religion	• Buddhism

Education

1995–1999	• Ph.D., Computer Science and Engineering, University of Notre Dame, Indiana USA. Thesis: “Loop Scheduling for Applications with Fixed or Probabilistic Timing Information” Advisor: Prof. Dr. Edwin Sha
1993–1995	• M.S.CSE., Computer Science and Engineering, University of Notre Dame, Indiana USA.
1987–1991	• B.Eng. (second class honor), Industrial Instrumentation Engineering, King Mongkut Institute of Technology Ladkrabang, Bangkok Thailand.

Award

2016	• TRF-OHEC-Scopus Researcher Award (Health Science category)
2013	• Best paper award, paper titled “Metasel: a metaphase selection tool using a gaussian-based classification technique”, presented in the 13 th International Conference on Bioinformatics, 20 th September 2013, Taicang, China • Research highlight on A-IMBN, titled High-quality images for malaria diagnosis: Automated digital imaging of thick blood films could expedite the identification of malaria and allow for more accurate treatment, 21 March 2013
2012	• Meritorious Service Award from the Asia Pacific Bioinformatics Network (AP-BioNet)

(continued)

- Research highlight on A-IMBN, titled Mining and sharing microRNA data: An open-access bioinformatics database developed in Thailand will aid investigations of poorly understood gene regulation mechanisms, 30 May 2012
- 2011
 - Meritorious Service Award from APBioNet
 - Research highlight on A-IMBN research, titled 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.
- 2007
 - Research highlight on A-IMBN research, titled 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.
- 2005
 - Outstanding alumni award, Kasetsart University Laboratory School, (รางวัลอุบลเรียงสุพรรณ ศิษย์เก่าดีเด่นโรงเรียนสาธิตแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์และเทคโนโลยี)

Employment

- 2011–present
 - Principal researcher, Genome Technology Research Unit, BIOTEC, Thailand.
- 2007–present
 - Head of Biostatistics and Informatics Laboratory, Genome Technology Research Unit, BIOTEC, Thailand. Leading a bioinformatic research team focusing in Genomic Signal Processing for Genetic Epidemiology and Population Genetic, Genome Sequencing, Bioinformatics Workflow Management, Structural protein modeling.
- 2007–2012
 - Senior Researcher, Biostatistics and Informatics Laboratory, BIOTEC.
- 2004–2007
 - Researcher, Bioinformatics Laboratory, BIOTEC, Pathum thani, Thailand
- 2003–2004
 - Post-doctoral, Centre National de Genotypage (CNG), Evry France Joining the informatics team at CNG in the international collaboration project between Thailand and France to discover Single Nucleotide Polymorphism (SNP) for Thai population; main responsibility is to create a genotypic database system and bioinformatics tool which will support future spin-off projects using SNP information as well as creating data grid model for acquiring biological information from heterogeneous data resources.
- 2000–2003
 - Head of Cluster Computing and Grid Technology Section, High Performance Computing Research & Development Division, NECTEC, Bangkok, Thailand. Lead research team to conduct project in both cluster computing and the Grid problems. Support other research teams by adopting grid infrastructure and promoting its use. Design and develop data grid services for in-house grid related projects.
- 1999–2000
 - Researcher, High Performance Computing Laboratory, NECTEC, Bangkok, Thailand. Work includes research specializing in cluster computing development. Develop techniques to improve the usability of cluster computing systems. Involve in software development for GRASS software, a freely available tool for analyzing Geographical Information System (GIS) related problems.

(continued)

- 1991–1992
- Project Engineer, Foxboro Thailand Co. Ltd. One of the main projects while working at this place was to upgrade the existing control system to fully automated system at Padaeng Industry Company. The main duty is to configure the distributed control system (hardware/software) for the leaching plant and tune the designed system according to the original operational environment.

Experiences

- Committee
- Executive member (Bioinformatics) Thailand Genetic Society (2015–present)
 - Executive Committee APBioNet (2014–2016) Country liaison
 - Executive Committee APBioNet (2012–2014) Secretary
 - Executive Committee APBioNet (2010–2012) Country liaison
 - Steering Committee of the Pan Asian Population Genomics Initiative (PAPGI)
- Editor
- Associate editor of the Journal of Human Genetics (**IF=2.5**), Nature Publishing Group (2008–present)
- Teaching
- Teaching part-time for both Bachelor and Master level in Computer Science, Engineering and IT programs at the Assumption University Thailand (ABAC), King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Thammasat university, Sirindhorn International Institute of Technology (SIIT), Naresuan University, Walailak University.
 - Invited speaker to give a talk related to Bioinformatics and Human Genetic Variations at Mahidol University (Exercise Genomics, doctoral program), King Mongkut University of Technology Thonburi (Master program on Bioinformatics)
- Professional member
- Member of APBionet
 - Member of Pan-Asian SNP Consortium
 - Technical committee of LSGrid 2006
 - Co-chair of Grid Working Group in Advanced Asia Pacific Network (APAN) Consortium.
 - Committee of the Annual National Symposium on Computational Science and Engineering (ANSCSE).
 - Reviewers of technical journals in the areas of Bioinformatics, Parallel and Distributed Computing, Cluster Computing, Computational/Data Grid, Parallel Computation in Signal Processing etc.

Filed Patents (Thailand)

- 2015
- ยื่นจดอนุสิทธิบัตร เรื่อง ระบบช่วยแปลผลชนิดของธาตุสซีเมียและอีโมโกลบินผิดปกติจากเครื่องตรวจวัดอัตโนมัติ และระบบช่วยแปลผลคู่เสี่ยง โดย 1. ชุมพล งามพิว 2. อรรณพพงษ์ เรืองฤทธิ์ 3. วรณวิลาห์ เจริญนิม 4. ศิษฏก ทองสิมา 5. สุทัศน์ ฟูเจริญ เลขที่คำขอ 150300162 วันที่ยื่นคำขอ 30 กันยายน 2558
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบวิเคราะห์แถบของภาพอิเล็กทรอนิกส์โพสิซีตาสลด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพ โดย 1. อภิชาติ อินทรพานิชย์ 2. เสาวลักษณ์ แก้วกำเนิด 3. ศิษฏก ทองสิมา เลขที่คำขอ 1501004344 วันที่ยื่นคำขอ 3 สิงหาคม 2558

(continued)

- 2013
- ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบอัตโนมัติสำหรับคัดเลือกภาพโครโมโซมระยะเมตาเฟสจากตัวอย่างน้ำคร่ำเพื่อนำไปใช้ทำคาริโอไทป์ โดย 1.ศิษฏก ทองสิมา 2.อภิชาติ อินทรพานิชย์ 3.เสาวลักษณ์ แก้วกำเนิด เลขที่คำขอ 1301005121 วันที่ยื่นคำขอ 13 กันยายน 2556
- 2012
- ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบอัตโนมัติสำหรับตรวจหาความเสี่ยงในการเป็นโรคเบาหวานชนิดที่ 2 โดย 1.จิตติมา พิริยะพงศา 2.พงศกร วงศ์คำแหง 3.อภิชาติ อินทรพานิชย์ 4.อนันต์ชัย อัครเมฆิน 5.ชุมพล งามพิ้ว 6.ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 7.ฟิลิป เจมส์ ฮอว์ 8.กฤษดากร ไชยชุมภู และ 9.ศิษฏก ทองสิมา เลขที่คำขอ 1201004543 วันที่ยื่นคำขอ 06 กันยายน 2555
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบอัตโนมัติสำหรับเก็บปิ้งลำดับเบสของดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องอ่านลำดับเบสที่ใช้เทคโนโลยีไมโครชิพแคว้นซิง โดย 1.อลิษา วิสันโท 2.วรณวิสาข์ เจริญดีม 3.กฤษดากร ไชยชุมภู 4.ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 5.อนันต์ชัย อัครเมฆิน และ 6.ศิษฏก ทองสิมา เลขที่คำขอ 1201004891 วันที่ยื่นคำขอ 21 กันยายน 2555
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบอัตโนมัติสำหรับวิเคราะห์การแปรผันของลำดับเบสของดีเอ็นเอที่ได้จากเครื่องอ่านลำดับเบสที่ใช้เทคโนโลยีไมโครชิพแคว้นซิง โดย 1.วรณวิสาข์ เจริญดีม 2.อลิษา วิสันโท 3.กฤษดากร ไชยชุมภู 4.ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 5.อนันต์ชัย อัครเมฆิน และ 6.ศิษฏก ทองสิมา เลขที่คำขอ 1201004892 วันที่ยื่นคำขอ 21 กันยายน 2555
 - ยื่นจดอนุสิทธิบัตร เรื่อง ระบบสำหรับค้นหาชิ้นที่มีความสัมพันธ์กับความผิดปกติทางพันธุกรรม ทั้งจีโนมจากข้อมูลลำดับอาร์เรย์ โดย 1.กฤษดากร ไชยชุมภู 2.วรณวิสาข์ เจริญดีม 3.อลิษา วิสันโท 4.ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย 5.อนันต์ชัย อัครเมฆิน และ 6.ศิษฏก ทองสิมา เลขที่คำขอ 1203001027 วันที่ยื่นคำขอ 21 กันยายน 2555
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง วิธีการระบุชนิดของเชื้อมาลาเรียโดยใช้ค่าการกระจายของโครมาติน โดย 1. อภิชาติ อินทรพานิชย์ 2. เสาวลักษณ์ แก้วกำเนิด 3. ศิษฏก ทองสิมา 4. ชัยรัตน์ อุทัยพิบูลย์ 5. มณฑริ พรรณรัตน์ เลขที่คำขอ 1201000416 วันที่ยื่นคำขอ 2 กุมภาพันธ์ 2555
- 2009
- ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง กรรณวิธีการระบุสายพันธุ์ของโคดด้วยเครื่องหมายทางพันธุกรรมแบบ SNP โดย 1.ศิษฏก ทองสิมา 2.พงศกร วงศ์คำแหง 3.อภิชาติ อินทรพานิชย์ 4.จิตติมา พิริยะพงศา 5.กฤษดากร ไชยชุมภู 6.ชุมพล งามพิ้ว เลขที่คำขอ 0901004306 วันที่รับคำขอ 24 กันยายน 2552
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง กรรณวิธีการระบุสายพันธุ์บุคคลด้วยเครื่องหมายทางพันธุกรรมแบบ SNP โดย 1.ศิษฏก ทองสิมา 2.พงศกร วงศ์คำแหง 3.อภิชาติ อินทรพานิชย์ 4.จิตติมา พิริยะพงศา 5.กฤษดากร ไชยชุมภู 6.ชุมพล งามพิ้ว 7.อรรรณพงษ์ เรืองฤทธิ เลขที่คำขอ 0901004307 วันที่รับคำขอ 24 กันยายน 2552
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบตรวจหาเชื้อมาลาเรียจากภาพเบ็ดเลือดบนแผ่นฟิล์มโลหิตบางแบบสุ่มวิเคราะห์ โดย 1.เสาวลักษณ์ แก้วกำเนิด 2.อภิชาติ อินทรพานิชย์ 3.จตุพร ชินรุ่งเรือง 4.ศาสตรา เข้าแท่ง 5.ศิษฏก ทองสิมา 6.ชัยรัตน์ อุทัยพิบูลย์ 7.ภาคภูมิ บุญญานันต์ เลขที่คำขอ 0901003450 วันที่รับคำขอ 30 กรกฎาคม 2552
 - ยื่นจดสิทธิบัตร เรื่อง ระบบอัตโนมัติสำหรับการแปลผลในการตรวจกรองฮาลัสซิเมียพาหะฮาลัสซิเมีย และฮีโมโกลบินผิดปกติ, โดย 1.ศิษฏก ทองสิมา 2.อนันต์ชัย อัครเมฆิน 3.ศุภศักดิ์ กุลวงศ์อนันชัย และ 4.ชุมพล งามพิ้ว วันที่รับคำขอ 12 มิย 2552 เลขที่คำขอ 0901002615

(continued)

- ยีนาดสิทธิบัตร เรื่อง การออกแบบและการประยุกต์ใช้วงจรดิจิทัลในอุปกรณ์ลอจิกแบบ-โปรแกรมได้แบบเอฟพีจีเอ สำหรับการอนุมานแอปโบลไกป์ในวิธีที่เรียกว่าขั้นตอนวิธีการคาดหมายการหาค่ามากที่สุด (expectation-maximization algorithm) จากข้อมูลสลับในงานพันธุศาสตร์ประชากร และระบอดวิทยาพันธุศาสตร์, โดย 1.ศัษฎก ทองสิมา 2.อภิชาติ อินทรพานิชย์ 3.กฤษดากร ไชยชุมภู และ 4.อนันต์ชัย อัครวเมสิน วันที่รับคำขอ 26 กพ 2552 เลขที่คำขอ 0901000820
- ยีนาดสิทธิบัตร เรื่อง กรรรมวิธีการแปลผลการตรวจการดื้อยาต้านไวรัสเอชไอวีด้วยวิธีการตรวจจาวีโนไทป์โดยใช้เชื้อไวรัสสายพันธุ์มาตรฐานที่มีสับทียปทีที่เหมาะสมเป็นตัวอ้างอิง, โดย 1.เอกชัย เวนวิทสุย และ 2.ศัษฎก ทองสิมา วันที่รับคำขอ 27 พย 2551 เลขที่คำขอ 0801006092

Book Chapters

- Chapter 6, titled "Malaria Classification on Thick Blood Film", Kaewkamnerd S, Uthaipibull C, Intarapanich A, Pannarat M, Chaotheing S and Tongshima S. in Digital Image and Signal Processing for Measurement Systems, River Publishers, 2012, pages 165–188
- Chapter 16, titled "Comparative view of *in silico tools for sequence analysis*" in the Methods in Molecular Biology series titled "*In Silico Tools in Gene Discovery*" (Bing Yu, MD, PhD, editor), Tongshima S, Assawamakin A, Piriyaongsa J, Shaw PJ. Comparative view of in silico DNA sequencing analysis tools. Methods Mol Biol. 2011;760:207-21.

Publications

- Liu X, Lu D, Saw WY, Shaw PJ, Wangkumhang P, Ngamphiw C, Fucharoen S, Lert-itthiporn W, Chin-inmanu K, Chau TNB, Anders K, Kasturiratne A, de Silva HJ, Katsuya T, Kimura R, Nabika T, Ohkubo T, Tabara Y, Takeuchi F, Yamamoto K, Yokota M, Mamatyusupu D, Yang W, Chung YJ, Jin L, Hoh BP, Wickremasinghe AR, Ong RTH, Khor CC, Dunstan S, Simmons C, Tongshima S, Suriyaphol P, Kato N, Xu S, Teo YY., Characterising private and shared signatures of positive selection in 37 Asian populations., European Journal of Human Genetics (2016) 00, 1–9. doi:10.1038/ejhg.2016.181
- Intarapanich A, Kaewkamnerd S, Pannarut M, Shaw PJ, **Tongshima S.**, Fast processing of microscopic images using object-based extended depth of field., BMC Bioinformatics, Volume 17 Suppl X, S3, (in press)
- Ponyared P, Ponsawat J, Tongshima S, Seresangtakul P, Akkasaeng C, Tantisuwichwong N, ESAP Plus: web-based server for EST-SSR marker development., BMC Genomics, Volume 17 Suppl X, S13, (in press)
- Chaiwongwatanakul S, Yanatatsaneejit P, Tongshima S, Mutirangura A, Boonyaratanakornkit V., Sex Steroids Regulate Expression of Genes Containing Long Interspersed Elements-1s in Breast Cancer Cells., Asian Pac J Cancer Prev. 2016;17(8):4003-7. (IF=1.5)

(continued)

- Coker OO, Chaiprasert A, Ngamphiw C, Tongshima S, Regmi SM, Clark TG, Ong RT, Teo YY, Prammananan T, Palittapongarnpim P., Genetic signatures of *Mycobacterium tuberculosis* Nonthaburi genotype revealed by whole genome analysis of isolates from tuberculous meningitis patients in Thailand., PeerJ. 2016 Apr 12;4:e1905. doi: 10.7717/peerj.1905. (IF=2.1)
- Engchuan W, Meechai A, Tongshima S, Doungpan N, Chan JH., Gene-set activity toolbox (GAT): A platform for microarray-based cancer diagnosis using an integrative gene-set analysis approach., J Bioinform comput Biol.,2016, Aug;14(4):1650015. doi: 10.1142/S0219720016500153.
- 2015 • Intarapanich A, Kaewkamnerd S, Shaw PJ, Ukosakit K, Tragoonrung S, **Tongshima S.**, Automatic DNA Diagnosis for 1D Gel Electrophoresis Images using Bio-image Processing Technique., BMC Genomics, 2015; 16 Suppl 12:S15. doi: 10.1186/1471-2164-16-S12-S15. (IF=3.8)
- Wangkumhang P., Wilantho A., Shaw P.J., 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, 3:e1318; DOI 10.7717/peerj.1318 (IF=2.1)
- Regmi S.M., Coker O.O., Kulawonganunchai S., **Tongshima S.**, Prammananan T., Viratyosin W., Thaipisuttikul I., Chaiprasert A., Polymorphisms in drug-resistant-related genes shared among drug-resistant and pansusceptible strains of sequence type 10, Beijing family of *Mycobacterium tuberculosis*, Int. Journal of Mycobacteriology, 2015, S2212-5531(15)00013-8
- Moonrin N, Songtawee, N, Rattanabunyong, S, Chunsriviroth S, Mongmak W, **Tongshima S**, Choowongkamon K, Understanding the molecular basis of EGFR Kinase Domain MIG-6 peptide recognition complex using computational analysis, BMC Bioinformatics. 2015, 16:103 doi: 10.1186/s12859-015-0528-x (IF=2.67)
- Piriyapongsa J, Bootchai C, Ngamphiw C and **Tongshima S**, microPIR2: a comprehensive database for human-mouse comparative study of microRNA-promoter interactions, Database, 2014, doi: 10.1093/ database/bau115 (IF=4.457)
- Ngamphiw C, **Tongshima S**, and Mutirangura A, Roles of intragenic and intergenic L1s in mouse and human, PLoS ONE, 2015 (IF=3.53)
- **Tongshima S**, The increasing need for bioinformatics in life science and biotechnology research, Asia Pacific Biotech News, 2014, Vol 18, No 09, pp. 52-53.
- 2014 • Limpiti T, Amornbunchornvej C, Intarapanich A, Assawamakin A, **Tongshima S**, iNJclust: iterative neighbor-joining tree clustering framework for inferring population structure, IEEE Transactions on Computational Biology and Bioinformatics. 11(5), pp 903–914, 2014; DOI 10.1109/TCBB.2014.2322372 (IF=1.536)
- Yim-Im W, Sawatdichaikul O, Sernsri S, Horata N, Mokmak W, **Tongshima S**, Suksamrarn A, Choowongkamon K, Computational analyses of curcuminoid analogs against kinase domain of HER2., BMC Bioinformatics. 2014; 15(1):261 doi:10.1186/1471-2105-15-261. (IF=2.67)

(continued)

- Somboonna N, Wilantho A, Assawamakin A, Monanunsap S, Sangsrakru D, Tangphatsornruang S, **Tongsima S**. Structural and functional diversity of free-living microorganisms in reef surface, Kra island, Thailand. *BMC Genomics*. 2014 Jul 18;15(1):607 (**IF=4.041**)
- Mekchay S, Supakankul P, Assawamakin A, Wilantho A, Chareanchim W, **Tongsima S**. Population structure of four Thai indigenous chicken breeds. *BMC Genet*. 2014 Mar 27;15:40. doi: 10.1186/1471-2156-15-40. (**IF=2.356**)
- Somboonna N, Wilantho A, Jankaew K, Assawamakin A, Sangsrakru D, Tangphatsornruang S, **Tongsima S**. Microbial ecology of Thailand tsunami and non-tsunami affected terrestrials. *PLoS One*. 2014 Apr 7;9(4):e94236. doi: 10.1371/journal.pone.0094236. (**IF=3.53**)
- Mokmak W, Chunsrivirod S, Hannongbua S, Yuthavong Y, **Tongsima S**, Kamchonwongpaisan S. Molecular Dynamics of Interactions between Rigid and Flexible Antifolates and Dihydrofolate Reductase from Pyrimethamine-Sensitive and Pyrimethamine-Resistant *Plasmodium falciparum*. *Chem Biol Drug Des*. 2014 Apr 9. doi: 10.1111/cbdd.12334. (**IF=2.507**)
- Chaiyasap P, Kulawonganuchai S, Srichomthong C, **Tongsima S**, Suphapeetiporn K, Shotelersuk V. Whole genome and exome sequencing of monozygotic twins with trisomy 21, discordant for a congenital heart defect and epilepsy. *PLoS One*. 2014 Jun 20;9(6):e100191. doi: 10.1371/journal.pone.0100191. (**IF=3.53**)
- Somboonna N, Wilantho A, Assawamakin A, Monanunsap S, Sangsrakru D, Tangphatsornruang S, **Tongsima S**. Structural and functional diversity of free-living microorganisms in reef surface, Kra island, Thailand. *BMC Genomics*. 2014 Jul 18;15(1):607. (**IF=4.041**)
- Anekboon K., Lursinsap C., Phimoltares S., Fucharoen S., **Tongsima S.**, Extracting predictive SNPs in Crohn's disease using a vacillating genetic algorithm and a neural classifier in case-control association studies. *Computers in Biology and Medicine*. 01/2014, 44:57–65 (**IF=1.16**)
- Wangkumhang P., Shaw PJ., Chaichoompu K., Ngamphiw C., Assawamakin A., Nuinon, M., Sripichai O., Svasti S., Fucharoen S., Praphanphoj V., **Tongsima S**. Insight into the peopling of mainland Southeast Asia from Thai Population Genetic Structure. *PLoS ONE* 8: e79522. doi:10.1371/journal.pone.0079522(**IF=3.9**).
- Uttamatanin R., Yuvapoositanon P., Intarapanich A., Kaewkamnerd S., Phuksaritanon R., Assawamakin A., **Tongsima S**. MetaSel: a metaphase selection tool using a Gaussian-based classification technique, *BMC Bioinformatics*, Vol 14 Suppl 12, S13. (**IF=3.02**)
- Lertkiatmongkol P, Assawamakin A, White G, Chopra G, Rongnoparut P, Samudrala R, **Tongsima S**. Distal Effect of Amino Acid Substitutions in CYP2C9 Polymorphic Variants Causes Differences in Interatomic Interactions against (S)-Warfarin. *PLoS ONE* 8(9); e74053. doi:10.1371/journal.pone.0074053 (**IF=3.9**)

(continued)

- Assawamakin A., Prueksaaron S, Kulawonganunchai S, Shaw PJ., Varavithya V., Ruangrajitpakorn T., **Tongsima S.** Biomarker Selection and Classification of “-omics” Data Using a Two-Step Bayes Classification Framework. *BioMed Research International*, 2013: 19. doi:10.1016/j.neucom.2010.02.024 (**IF=2.88**)
- Kaewkamnerd S, Uthaipibull C, Intarapanich A, Pannarut M, Chaotheing S, **Tongsima S.** An automatic device for detection and classification of malaria parasite species in thick blood film. *BMC Bioinformatics* 13: S18. doi:10.1186/1471-2105-13-S17-S18. (**IF=3.02**)
- Schönbach C, **Tongsima S**, Chan J, Brusica V, Tan TW, et al. InCoB2012 Conference: from biological data to knowledge to technological breakthroughs. *BMC Bioinformatics* 13: S1. doi:10.1186/1471-2105-13-S17-S1. (**IF=3.02**)
- Ranagathan S, **Tongsima S**, Chan J, Tan TW, Schönbach C Advances in translational bioinformatics and population genomics in the Asia-Pacific. *BMC Genomics* 13: S1. doi:10.1186/1471-2164-13-S7-S1. (**IF=4.4**)
- Piriyaopongsa J, Ngamphiw C, Intarapanich A, Kulawonganunchai S, Assawamakin A, Bootchai C, Shaw PJ, and **Tongsima S.** iLOCi: a SNP interaction prioritization technique for detecting epistasis in genome-wide association studies. *BMC Genomics* 13: S2. doi:10.1186/1471-2164-13-S7-S2. (**IF=4.4**)
- 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* 13: S29. doi:10.1186/1471-2164-13-S7-S29. (**IF=4.4**)
- Khowutthitham S, Ngamphiw C, Wanichnopparat W, Suwanwongse K, **Tongsima S**, et al. Intragenic long interspersed element-1 sequences promote promoter hypermethylation in lung adenocarcinoma, multiple myeloma and prostate cancer. *Genes Genom.* doi:10.1007/s13258-012-0058-0. (**IF=0.497**)
- 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. doi: 10.1007/s00894-012-1565-2. Epub 2012 Sep 7.
- Thongnoppakhun W, Assawamakin A, **Tongsima S** (2012) 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. *J Hum Genet.* doi:10.1038/jhg.2012.52.
- Cheevadhanarak S, Paithoonrangsarid K, Prommeenate P, Kaewngam W, Musigkain A, Tragoonrung S, Tabata S, Kaneko T, Chaijaruwanich J, Sangsrakru D, Tangphatsornruang S, Chanprasert J, **Tongsima S**, Kusolmano K, Jeamton W, Dulsawat S, Klanchui A, Vorapreeda T, Plengvidhya V, Subudhi S, Hongsthong A, Ruengjitchatchawalya M, Meechai A, Senachak J, and Tanticharoen M. Draft genome sequence of *Arthrospira platensis* C1 (PCC9438). *Stand. Genomic Sci.* 2012 6:1. (**IF=1.621**)

(continued)

- Piriyaopngsa J, Bootchai C, Ngamphiw C, and **Tongsima S**. microPIR: an Integrated Database of MicroRNA Target Sites within Human Promoter Sequences. PLoS One, 2012; March 16. (IF=4.351)
- Assawamakin A, Sriratanaviriyakul N, Praditsap O, Intarapanich A, **Tongsima 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 (IF=0.248)
- 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; (IF=9.771)
- 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. (IF=4.351)
- Ngamphiw C, Assawamakin A, Xu S, Shaw PJ, Yang JO, Ghang H, Bhak J, Liu E, **Tongsima S.**, and HUGO Pan-Asian SNP Consortium. PanSNPdb: The Pan-Asian SNP Genotyping Database. PLoS ONE, 2011;6(6):e21451. Epub 2011 Jun 23. (IF=4.351)
- Limpiti T, Intarapanich A, Assawamakin A, Shaw PJ, Wangkumhang P, Piriyaopngsa J,Ngamphiw C, **Tongsima S**. Study of large and highly stratified population datasets by combining iterative pruning principal component analysis and STRUCTURE. BMC Bioinformatics. 2011 Jun 23. (IF=3.428)
- Aporn Dewan C, Phokaew C, Piriyaopngsa J, Ngamphiw C, Ittiwut C, **Tongsima S**, Mutirangura A. Hypomethylation of intragenic LINE-1 represses transcription in cancer cells through AGO2. PLoS ONE. 2011 Mar 15 (IF=4.351)
- Xu S., Kangwanpong D., Seielstad M., Srikumool M., Kampuansai J., Jin L., **HUGO Pan-Asian SNP Consortium**. Genetic evidence supports linguistic affinity of mlabri a hunter-gatherer group in thailand. BMC Genet, 11:18, Jan 2010. (IF=2.23)

2011

(continued)

2009–2010

- HUGO Pan-Asian SNP Consortium, 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, Srikummool 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. Mapping Human Genetic Diversity in Asia. *Science* 326, 1541 (2009) (**IF=29.747**)
 - Intarapanich A, Shaw PJ, Assawamakin A, Wangkumhang P, Ngamphiw C, Piriyaopngsa J, Chaichumpoo K., **Tongsima S.**[†] Iterative Pruning PCA Improves Resolution of Highly Structured Populations. *BMC Bioinformatics*, 2009 Nov 23;10:382 (**IF=3.428**)
 - Makarasara W, Assawamakin A, Intarapanich A, Fuchareon S, Chaiyaratana N, Kamatani N, **Tongsima S.**[†] pHCR: A Parallel Haplotype Configuration Reduction Algorithm for Haplotype Interaction Analysis. *J. Hum Genet* 2009, Nov;54(11):634–41 (**IF=2.547**)
 - Piriyaopngsa 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 (**IF=3.759**)
 - Jongkon N, Mokmak W, Chuakheaw D, Shaw PJ, **Tongsima S.**[†], Sangma C. Prediction of Avian Influenza A Binding Preference to Human Receptor Using Conformational Analysis of Receptor Bound to Hemagglutinin. *BMC Genomics* 2009, 10(Suppl 3):S24 (**IF=3.759**)
- 2008
- Wilantho, A., **Tongsima, S.**, and Jenwitheesuk, E. (2008) Pre-docking filter for protein and ligand 3D structure. *Bioinformatics*, 3, 189–193. (not listed in SCI-IF yet)
 - Chasombat, S., **Tongsima, S.**, Pattarapayoon, N., Khooreanudom, S., and Jenwitheesuk, E. Subtype-specific HIV-1 genotypic susceptibility interpretation. *Aids Res Hum Retrov*, 24, 1565–1567. (**IF=2.024**)
 - Ngamphiw, C., Kullawonganuchai, S., Assawamakin, A., Jenwitheesuk, E., and **Tongsima, S.**[†] VarDetect: a nucleotide sequence variation exploratory tool. *BMC Bioinformatics*, 9(Suppl 12), S9. (**IF=3.781**)

(continued)

- Tongshima, W., **Tongshima, S.**, and Palittapongarnpim, P. Outlook on Thailand's genomics and computational biology research and development. *PLoS Comput Biol*, 4(7), e1000115. (IF=5.895)
 - Sangket, U., Phongdara, A., Chotigeat, W., Nathan, D., Kim, W., Bhak, J., Ngamphiw, C., **Tongshima, S.**, Khan, A., Lin, H., and Tan, T. Automatic synchronization and distribution of biological databases and software over low-bandwidth networks among developing countries. *Bioinformatics*, 24(2), 299–301. (IF=4.328)
 - Ruangrit, U., Srikummool, M., Assawamakin, A., Ngamphiw, C., Chuechote, S., Thaiprasarnsup, V., Agavatpanitch, G., Pasomsab, E., Yenchitsomanus, P., Mahasirimongkol, S., Chantratita, W., Palittapongarnpim, P., Uyyanonvara, B., Limwongse, C., and **Tongshima, S.**[†] (2008) Thailand mutation and variation database (ThaiMUT). *Hum Mutat*, 29(8), E68–E75. (IF=7.033)
 - Tocharoentanaphol, C., Promso, S., Zelenika, D., Lowhnoo, T., **Tongshima, S.**, Sura, T., Chantratita, W., Matsuda, F., Mooney, S., and Sakuntabhai, A. Evaluation of resequencing on number of tag snps of 13 atherosclerosis-related genes in thai population. *J Hum Genet*, 53(1), 74–86. (IF=2.431)
 - 2007 • 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*, 8(0), 275. (IF(2007)=4.18)
 - Chaichoompu, K., Kittitornkun, S., and **Tongshima, S.**[†] Speedup bioinformatics applications on multicore-based processor using vectorizing and multithreading strategies. *Bioinformation*, 2(5), 182–184. (not listed in SCI-IF yet)
 - 2006 • Mahasirimongkol, S., Chantratita, W., Promso, S., Pasomsab, E., Jinawath, N., Jongjaroenprasert, W., Lulitanond, V., Krittayapooitpot, P., **Tongshima, S.**, Sawanpanyalert, P., Kamatani, N., Nakamura, Y., and Sura, T. Similarity of the allele frequency and linkage disequilibrium pattern of single nucleotide polymorphisms in drug-related gene loci between Thai and northern east asian populations: implications for tagging snp selection in Thais. *J Hum Genet*, 51(10), 896–904. (IF(2007)=2.275)
 - Wetcharaporn W, Chaiyaratana N, **Tongshima S.**[†] DNA Fragment Assembly by Ant Colony and Nearest Neighbour Heuristics. *Lect Notes Artificial Intelligence ICAISC*, 1008–1017 (IF(2005)=0.3)
 - Wetcharaporn W, Chaiyaratana N, **Tongshima S.**[†] DNA Fragment Assembly by Ant Colony System Approach, *Lect Notes Comput SciEvoWorkshops*, 231–242 (IF(2005)=0.4)
- Earlier Computer Sciences publications*
- 2000 • **S. Tongshima**[†], T. W. O'Neil, C. Chantrapornchai, and E. H.-M. Sha. Properties and Algorithms for Unfolding of Probabilistic Data-flow Graphs. *Journal of VLSI Signal Processing*. Vol. 25, No. 3, Jul 2000: 215-233

(continued)

- **S. Tongsimat**[†], E. H.-M. Sha, C. Chantrapornchai, D. Surma, and N. Passos. Probabilistic Loop Scheduling for Applications with Uncertain Execution Time. *IEEE Transactions on Computers*, Vol. 49, No. 1, Jan. 2000: 65-80.
- 1998 • **S. Tongsimat**[†], C. Chantrapornchai, E. H.-M. Sha, and N. Passos. Efficient Loop Scheduling and Pipelining for Applications with Non-uniform Loops. *IASTED International Journal of Parallel and Distributed Systems & Networks*, Vol. 1, No. 4, 1998: 204-211.
- **S. Tongsimat**[†], C. Chantrapornchai, N. Passos, and E. H.-M. Sha. Reducing Data Hazards on Multi-pipelined DSP Architecture with Loop Scheduling. *Journal of VLSI Signal Processing*, special issue on "Future directions in the design and implementation of DSP systems", Vol. 18, 1998: 111-123.
- 1997 • **S. Tongsimat**[†], N. Passos and E. H.-M. Sha. Communication Sensitive Loop Scheduling for DSP Applications. *IEEE Transactions on Signal Processing*, Vol. 45, No. 5, May 1997: 1309-1322.

Grant (selected)

- TRF • การพัฒนาระเบียบวิธีการเรียนรู้ด้วยเครื่องเพื่อใช้ในการเลือกเครื่องหมายทางพันธุกรรม ซึ่งบ่งชี้ลักษณะจำเพาะที่สนใจจากข้อมูลสลับตัวจีโนม (RSA5480026), หัวหน้าโครงการ ระยะเวลาโครงการ 3 ปี 2554-57
- CPMO • โครงการโรคพันธุกรรมในเด็ก, ผู้ร่วมโครงการ ระยะเวลาโครงการ 3 ปี 2554-57
- โครงการจัดสร้างฐานข้อมูลสลับของคนไทย, หัวหน้าโครงการ ระยะเวลาโครงการ 1.5 ปี 2552-2553
- โครงการหายีนที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกของโรคออสซิสเมีย, ผู้ร่วมโครงการ ระยะเวลาโครงการ 5 ปี 2547-53
- BIOTEC Platform • พัฒนาเทคนิคในการจำแนกประชากรโดยใช้การวิเคราะห์ทางพรีนซิเพิลคอมโพเนนต์ ในการวิเคราะห์ความคล้ายคลึงกันทางด้านพันธุศาสตร์ของประชากรในชาติพันธุ์ และสายพันธุ์ของสิ่งมีชีวิต, หัวหน้าโครงการ ระยะเวลาโครงการ 1 ปี 2552-53
- BIOTEC Grant • การศึกษาหายีนที่เกี่ยวข้องกับอาการแสดงออกของโรคออสซิสเมีย, ร่วมวิจัย ระยะเวลาโครงการ 5 ปี 2548-53
- การหาลำดับเบสจีโนมของสไปรูลิน่า, ร่วมวิจัย ระยะเวลาโครงการ 3 ปี 2549-51
- การทำนายผลการกลายพันธุ์ของโปรตีนฮีแมกกลูตินินจากเชื้อไข้หวัดนกด้วยการจำลองโครงสร้างทางคอมพิวเตอร์, ร่วมวิจัย ระยะเวลาโครงการ 2 ปี 2550-52
- โครงการพัฒนาฐานข้อมูลจีโนมกลางไบโอเทค, หัวหน้าโครงการ ระยะเวลา 3 ปี 2549-52
- โครงการบริหารจัดการระบบคอมพิวเตอร์สมรรถนะสูงในไบโอเทค, หัวหน้าโครงการ ระยะเวลา 3 ปี 2549-52