



โครงการอบรมเชิงปฏิบัติการ

เรื่อง วิธีวิเคราะห์ข้อมูลเชิงสารสนเทศเพื่อเปรียบเทียบข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรีย ครั้งที่ 2

ระหว่างวันที่ 20-21 มิถุนายน พ.ศ. 2562

จัดโดย ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

1. ความเป็นมา/หลักการและเหตุผล

เทคนิคการหาลำดับเบสประสิทธิภาพสูง (Next generation sequencing) ได้ถูกนำมาใช้ในการหาลำดับเบสของจีโนมแบคทีเรียเนื่องจากสามารถอ่านลำดับเบสได้อย่างรวดเร็วและมีราคาถูกลงมาก ทำให้มีการบรรจุข้อมูลจีโนมแบคทีเรียลงในฐานข้อมูล GeneBank มากกว่า 6,500 จีโนม (David and Kathryn, 2013) เมื่อมีการแยกเชื้อแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ก็จะมี การอ่านลำดับเบสทั้งจีโนมและทำการเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลดังกล่าวด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ เพื่อนำข้อมูลจีโนมที่เปรียบเทียบได้ไปใช้ประโยชน์ในงานวิจัยหลากหลายสาขา ตัวอย่างเช่น การระบุเอกลักษณ์และวิวัฒนาการของแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ การค้นหายีนต้านยาปฏิชีวนะในจีโนมของเชื้อดื้อยา และการระบุแบคทีเรียสายพันธุ์ก่อโรคจากการค้นหา ยีนก่อโรคหรือยีนสร้างสารพิษในจีโนม อย่างไรก็ตามข้อมูลที่ได้จากการอ่านลำดับเบสทั้งจีโนมมีปริมาณมากและมีความซับซ้อน ดังนั้นการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศจึงต้องทำเป็นระบบและเป็นขั้นตอน เพื่อที่จะทำให้การเปรียบเทียบและการฝากข้อมูลของจีโนมใหม่ลงในฐานข้อมูลมีความถูกต้อง

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศได้เล็งเห็นถึงความสำคัญและความจำเป็น ในการวิเคราะห์ข้อมูลและประมวผลที่ได้จากการหาลำดับเบสด้วยเทคนิคนี้ โดย ในการจัดอบรม ครั้งที่ 1 ระหว่างวันที่ 4-5 มีนาคม 2562 มีผู้สนใจเข้าร่วมเป็นจำนวนมาก ศูนย์ฯ จึงเล็งเห็นว่าควรจัดอบรมในครั้งที่ 2 ดังนั้น ศูนย์ฯ จึงมีความประสงค์ที่จะจัดการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่องวิธีวิเคราะห์ข้อมูลเชิงสารสนเทศเพื่อเปรียบเทียบข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรีย ครั้งที่ 2 โดยคาดหวังให้ผู้เข้าอบรมสามารถนำวิธีการวิเคราะห์ทางชีวสารสนเทศไปประยุกต์ใช้กับข้อมูลที่มีอยู่ เพื่อเป็นประโยชน์ต่องานวิจัยของตัวเอง โดยช่วยให้นักวิจัยเข้าใจแนวทางและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลสามารถใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้อง

2. วัตถุประสงค์และขอบเขตของโครงการ

ให้ผู้ผ่านการอบรมมีความรู้ความเข้าใจและทราบถึงแนวทางในการวิเคราะห์ เข้าใจแนวทาง และวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรีย และสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้องและเหมาะสม

3. หัวข้อการอบรม/สัมมนา

วันที่ 1:

8.30-9.00 น.	ลงทะเบียน
9.00-9.05 น.	กล่าวต้อนรับและพิธีเปิด โดย ผู้อำนวยการศูนย์ฯ
9.05-10.00 น.	แนะนำความรู้เบื้องต้นเกี่ยวกับการเตรียมตัวอย่าง และเทคนิค Next generation sequencing (NGS) แบบต่างๆ
10.10-10.15 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
10.15-12.00 น.	Introduction to Linux operation and command line
12.00-13.00 น.	รับประทานอาหารกลางวัน
13.00-14.30 น.	QC and pre-process raw NGS data
14.30-14.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
14.45-16.00 น.	<i>De novo</i> bacterial genome assembly

วันที่ 2:

9.00-10.00 น.	Draft genome quality assessment and validation
10.10-10.15 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
10.15-12.00 น.	Bacterial genome annotation
12.00-13.00 น.	รับประทานอาหารกลางวัน
13.00-14.30 น.	Identifying antibiotic resistance and virulence genes in the genome
14.30-14.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
14.45-16.00 น.	Mapping and SNP calling for bacterial genome

หมายเหตุ: หัวข้อและเวลาอาจจะมีการปรับเปลี่ยนตามความเหมาะสม

4. วิธีการจัดอบรมและสัมมนา

เป็นการจัดอบรมเชิงปฏิบัติการ โดยแบ่งการอบรมเป็น ภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ โดยในภาคปฏิบัติ นั้น ผู้เข้าอบรมจะได้ลงมือปฏิบัติการวิเคราะห์ข้อมูลของลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ

5. ระยะเวลา ในการดำเนินงาน และการจัดฝึกอบรม/สัมมนา

- 5.1. ระยะเวลาในการเตรียมงาน ระหว่างวันที่ 1 มีนาคม 2562 ถึง 21 มิถุนายน 2562
- 5.2. ระยะเวลาในการจัดอบรม ระหว่างวันที่ 20 ถึง 21 มิถุนายน 2562

6. สถานที่

ห้อง Computer 1 ชั้น 5 อาคารมหาชิรณทิต คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

7. คุณสมบัติผู้เข้าร่วมอบรม/สัมมนา

- 7.1. อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา หรือผู้สนใจ ในสาขาวิทยาศาสตร์ที่มีความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับการวิเคราะห์ลำดับเบสด้วย Next Generation Sequencing
- 7.2. อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา หรือผู้สนใจ ที่กำลังทำวิจัยเพื่อศึกษาและวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรีย

8. จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม และ ค่าลงทะเบียน

จำนวนผู้เข้าร่วมการอบรม 30 คน โดยมีระยะเวลาการลงทะเบียน และจัดเก็บค่าลงทะเบียน ดังนี้

ระยะเวลาการลงทะเบียน	อัตราการลงทะเบียน
วันที่ 1 เมษายน ถึง 2 มิถุนายน 2562	3,500 บาท (สำหรับนิสิต/นักศึกษา)
วันที่ 1 เมษายน ถึง 2 มิถุนายน 2562	4,500 บาท
วันที่ 3 ถึง 9 มิถุนายน 2562	4,500 บาท (สำหรับนิสิต/นักศึกษา)
วันที่ 3 ถึง 9 มิถุนายน 2562	5,500 บาท

* สิ้นสุดการรับลงทะเบียนในวันที่ 9 มิถุนายน 2562

** บุคลากรของรัฐจากส่วนงานและส่วนราชการต่างๆ เข้าร่วมอบรมได้โดยไม่ถือเป็นวันลาและมีสิทธิ์เบิกค่าลงทะเบียนตลอดจนมีสิทธิ์เบิกค่าใช้จ่ายต่างๆ ได้ตามระเบียบของราชการ

9. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 9.1. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ เกี่ยวกับการวิเคราะห์วิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ
- 9.2. ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถนำความรู้ที่ได้ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยได้อย่างมีประสิทธิภาพ



10. หน่วยงานที่รับผิดชอบ

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

11. รายชื่อวิทยากร

11.1. ดร. พินิตพล พรหมบุตร

ผู้จัดการการศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์ฯ

11.2. ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.มนันท์ พงษ์พานิช

ภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์