

## โครงการอบรมเชิงปฏิบัติการ

เรื่อง วิธีวิเคราะห์ข้อมูลเชิงสารสนเทศเพื่อหาความหลากหลายของแบคทีเรีย (ไมโครไบโอม)

จากการทำ 16S rRNA gene sequencing รุ่นที่ 3

ระหว่างวันที่ 23-25 ธันวาคม พ.ศ. 2563

จัดโดย ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

---

### 1. ความเป็นมา/หลักการและเหตุผล

จุลินทรีย์นั้นมีอยู่ทั่วไป ซึ่งคาดการณ์ว่ามีจำนวนมากถึง 5 ล้านล้านล้านล้านล้านตัวบนโลก และในคนหนึ่งคน คาดว่ามีจุลินทรีย์มากถึง 60 ล้านล้านตัว (Whitman, Coleman และ Wiebe, PNAS 1998) ซึ่งมากกว่าจำนวนเซลล์ร่างกายของเราหลายสิบล้านเท่า ไมโครไบโอม (Microbiome) คือ สังคมของจุลินทรีย์ที่อาศัยอยู่ในสิ่งแวดล้อมต่างๆ ตั้งแต่ในร่างกายมนุษย์ น้ำ ดิน พืช ทะเล จนถึงอากาศ และอาคารก่อสร้างต่างๆ โดยสร้างระบบนิเวศของจุลินทรีย์ที่ซับซ้อนและทำหน้าที่สำคัญในการขับเคลื่อนและรักษาสมดุลในระบบนิเวศที่หลากหลาย ซึ่งมีผลในการรักษาภาวะที่ดีต่อสุขภาพของมนุษย์ ความปลอดภัยทางห่วงโซ่อาหาร สภาพแวดล้อม และพื้นฐานของการเกษตรและพลังงานอย่างยั่งยืน เป็นต้น ในทางกลับกันไมโครไบโอมที่เสียสภาพมีผลกระทบและมีความสัมพันธ์ต่อการเกิดโรคในมนุษย์ การทำลายสมดุลของระบบนิเวศและสภาวะแวดล้อม และการลดลงของผลผลิตทางการเกษตร อีกทั้งอุตสาหกรรมเทคโนโลยีชีวภาพหลายอย่างมีพื้นฐานอยู่บนไมโครไบโอมที่ดี เช่น การผลิตเชื้อเพลิงชีวภาพ เป็นต้น อย่างไรก็ตามข้อมูลไมโครไบโอมจากการทำ 16S rRNA gene sequencing นั้นมีความซับซ้อนและมีขนาดใหญ่ จำเป็นต้องวิเคราะห์ข้อมูลเหล่านี้ด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ (bioinformatics) จึงต้องอาศัยผู้เชี่ยวชาญและการฝึกฝนการใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์เฉพาะสำหรับข้อมูลประเภทนั้นๆ

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศได้เล็งเห็นถึงความสำคัญและความจำเป็น ในการวิเคราะห์ข้อมูลและประมวลผลที่ได้จากการหาลำดับเบสโดยเทคนิคนี้ ดังนั้น ศูนย์ฯ จึงมีความประสงค์ที่จะจัดการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง วิธีวิเคราะห์ข้อมูลเชิงสารสนเทศเพื่อหาความหลากหลายของแบคทีเรีย (ไมโครไบโอม) จากการทำ 16S rRNA gene sequencing รุ่นที่ 2 โดยคาดหวังให้ผู้เข้าอบรมสามารถนำวิธีการวิเคราะห์ทางชีวสารสนเทศไปประยุกต์ใช้กับข้อมูลที่มีอยู่ เพื่อเป็นประโยชน์ต่องานวิจัยของตนเอง โดยช่วยให้นักวิจัยเข้าใจแนวทางและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูล สามารถใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้อง ซึ่งการจัดอบรมในครั้งนี้ 1 และครั้งที่ 2 นั้น ได้รับความสนใจเป็นอย่างมาก ศูนย์ฯ จึงเล็งเห็นว่าควรจัดอบรม เป็นครั้งที่ 3 จะอธิบายพื้นฐานเบื้องต้นเกี่ยวกับเทคโนโลยี NGS และคำสั่งพื้นฐานของโปรแกรมที่ใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูล การทำสถิติแบบพื้นฐาน และแสดงรูปภาพ ให้ครอบคลุมยิ่งขึ้นสำหรับ Mothur, QIIME2 และ R รวมถึงการซักถามและอภิปรายในประเด็นต่างๆ ในงานวิจัย

## 2. วัตถุประสงค์และขอบเขตของโครงการ

ให้ผู้ผ่านการอบรมมีความรู้ ความเข้าใจ และทราบถึงแนวทางในการวิเคราะห์เข้าใจแนวทางและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส และสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้องและเหมาะสม

## 3. หัวข้อการอบรม/สัมมนา

วันที่ 1:

08.30 - 09.00 น.	ลงทะเบียน
09.00 - 09.05 น.	กล่าวต้อนรับและพิธีเปิด โดย ผู้อำนวยการศูนย์ฯ
09.05 - 10.30 น.	แนะนำความรู้เบื้องต้นเกี่ยวกับการเตรียมตัวอย่าง และเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS) สำหรับการศึกษา Microbiome
10.30 - 10.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
10.45 - 12.00 น.	Basic linux command line for beginner
12.00 - 13.00 น.	รับประทานอาหารกลางวัน
13.00 - 14.30 น.	Introduction to QIIME2 program and installation
14.30 - 14.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
14.45 - 16.00 น.	Denoising and clustering sequencing reads with QIIME2's plugin, DADA2

วันที่ 2:

08.30 - 09.00 น.	ลงทะเบียน
09.00 - 10.30 น.	Taxonomy classification and taxonomic analyses
10.30 - 10.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
10.45 - 12.00 น.	Generate a tree for phylogenetic diversity analyses
12.00 - 13.00 น.	รับประทานอาหารกลางวัน
13.00 - 14.30 น.	Alpha and beta diversity analyses
14.30 - 14.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
14.45 - 16.00 น.	Differential abundance testing with ANCOM

วันที่ 3

08.30 - 09.00 น.	ลงทะเบียน
09.00 - 10.30 น.	Introduction to MOTHUR/ MOTHUR for Microbiome analysis
10.30 - 10.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
10.45 - 12.00 น.	MOTHUR for Microbiome analysis (ต่อ)
12.00 - 13.00 น.	รับประทานอาหารกลางวัน
13.00 - 13.30 น.	MOTHUR for Microbiome analysis (ต่อ)
13.30 - 14.30 น.	Introduction to R program for Microbiome analysis
14.30 - 14.45 น.	พักรับประทานอาหารว่าง
14.45 - 15.45 น.	R program for Microbiome visualization (ต่อ)
15.45 - 16.00 น.	อภิปรายปัญหา ข้อเสนอ

หมายเหตุ: อาจมีการปรับเปลี่ยนหัวข้อและระยะเวลาในแต่ละหัวข้อของการอบรมได้ตามความเหมาะสม

#### 4. วิธีการจัดอบรมและสัมมนา

เป็นการจัดอบรมเชิงปฏิบัติการ โดยแบ่งการอบรมเป็น ภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ โดยในภาคปฏิบัติ นั้น ผู้เข้าอบรมจะได้ลงมือปฏิบัติการวิเคราะห์ข้อมูลของลำดับเบสของ Microbiome ด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ

#### 5. ระยะเวลา ในการดำเนินงาน และการจัดฝึกอบรม/สัมมนา

- 5.1. ระยะเวลาในการเตรียมงาน ระหว่างวันที่ 1 ตุลาคม ถึง 25 ธันวาคม พ.ศ. 2563
- 5.2. ระยะเวลาในการจัดอบรม ระหว่างวันที่ 23 ถึง 25 ธันวาคม พ.ศ. 2563

#### 6. สถานที่

ห้อง Computer 1 ชั้น 5 อาคารมหาชิรคุณทิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

#### 7. คุณสมบัติผู้เข้าร่วมอบรม/สัมมนา

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

## 8. จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม และ ค่าลงทะเบียน

จำนวนผู้เข้าร่วมการอบรม 30 คน โดยมีระยะเวลาการลงทะเบียน และจัดเก็บค่าลงทะเบียน ดังนี้

ระยะเวลาการลงทะเบียน	อัตราการลงทะเบียน
วันที่ 2 พฤศจิกายน ถึง 6 ธันวาคม 2563	4,500 บาท (สำหรับนิสิต/นักศึกษา)
วันที่ 2 พฤศจิกายน ถึง 6 ธันวาคม 2563	5,500 บาท
วันที่ 7 ถึง 13 ธันวาคม 2563	5,000 บาท (สำหรับนิสิต/นักศึกษา)
วันที่ 7 ถึง 13 ธันวาคม 2563	6,000 บาท

\* สิ้นสุดการรับลงทะเบียนในวันที่ 13 ธันวาคม 2563

\*\* บุคลากรของรัฐจากส่วนงานและส่วนราชการต่างๆ เข้าร่วมอบรมได้โดยไม่ถือเป็นวันลาและมีสิทธิ์เบิกค่าลงทะเบียนตลอดจนมีสิทธิ์เบิกค่าใช้จ่ายต่างๆ ได้ตามระเบียบของราชการ

## 9. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

9.1. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ เกี่ยวกับไมโครไบโอม และทราบแนวทางในการวิเคราะห์ สังคมของจุลินทรีย์ จากลำดับเบส 16S rRNA

9.2. ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถนำความรู้ที่ได้ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยได้อย่างมีประสิทธิภาพ

## 10. หน่วยงานที่รับผิดชอบ

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## 11. รายชื่อวิทยากร

11.1. ดร. พินิตพล พรหมบุตร

ผู้จัดการการศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์ฯ

11.2. รองศาสตราจารย์ ดร.นราพร สมบูรณ์นะ

ภาควิชาจุลชีววิทยา