



โครงการอบรมเชิงปฏิบัติการ

เรื่อง Genomic exploration and visualization with Python modules

ระหว่างวันที่ 12-14 ธันวาคม พ.ศ. 2566

จัดโดย

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ และ ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านสิ่งแวดล้อมและสรีรวิทยาของพืช

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ร่วมกับ

สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย

1. ความเป็นมา/หลักการและเหตุผล

ปัจจุบันเทคโนโลยีการหาลำดับเบส (Sequencing) ได้พัฒนาไปมากจนสามารถวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของสิ่งมีชีวิตได้อย่างถูกต้องและรวดเร็ว จนได้ข้อมูลจีโนมิก (genomic data) ออกมาเป็นจำนวนมาก โดยนักวิทยาศาสตร์ จะใช้ข้อมูลนี้ ศึกษาจีโนมและสร้างข้อมูลจีโนมิกของทั้งหมดของสิ่งมีชีวิตหนึ่งๆ ในแง่มุมต่างๆ ทั้งหน้าที่ของแต่ละยีน องค์ประกอบกำกับดูแลที่ควบคุมลักษณะของยีน และปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนและโปรตีนต่างๆ อย่างไรก็ตามข้อมูลลำดับเบสที่สร้างได้นั้นมีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อนสูง การวิเคราะห์ข้อมูลเหล่านี้ด้วยวิธีการทางชีวสารสนเทศ (bioinformatics) จึงต้องอาศัยผู้เชี่ยวชาญและการฝึกฝนการใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์เฉพาะสำหรับข้อมูลประเภทนั้นๆ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านสิ่งแวดล้อมและสรีรวิทยาของพืช และสมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย ได้เล็งเห็นถึงความสำคัญและความจำเป็นในการวิเคราะห์ข้อมูลจีโนมิกด้วยวิธีการทางชีวสารสนเทศ และการนำผลวิเคราะห์ดังกล่าวไปประยุกต์ใช้ในงานวิจัย โดยจะเน้นการวิเคราะห์ข้อมูลจีโนมิกด้วยวิธี k-mer analysis และการวิเคราะห์การแปรผันทางพันธุกรรม (gene variation) และการควบคุมยีน (gene regulatory)

ดังนั้น ศูนย์ฯ จึงมีความประสงค์ที่จะจัดการอบรมเชิงปฏิบัติการนี้ขึ้น โดยคาดหวังให้ผู้เข้าอบรมสามารถนำวิธีการวิเคราะห์ทางชีวสารสนเทศไปประยุกต์ใช้กับข้อมูลที่มีอยู่ เพื่อเป็นประโยชน์ต่องานวิจัยของตนเองได้ ช่วยให้นักวิจัยเข้าใจแนวทางและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูล สามารถใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้องและเหมาะสมมากยิ่งขึ้น



2. วัตถุประสงค์และขอบเขตของโครงการ

ให้ผู้ผ่านการอบรมมีความรู้ ความเข้าใจ และทราบถึงแนวทางในการวิเคราะห์เข้าใจแนวทางและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส และสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้องและเหมาะสม โดยการอบรมจะใช้ภาษาอังกฤษในการบรรยาย

3. Topics

Day1: Introduction to genome data analysis and visualization

Time	Topics	Lecturer	Location
08.30 AM - 09.00 AM	Registration		Banyen Conference Room, Floor 15 th , Maha Vajirunhis Building
09.00 AM - 10.30 AM	Introduction to genome data analysis and visualization: Use of genomic data	Prof. Luca Comai	
10.30 AM - 10.45 AM	Coffee break		
10.45 AM - 12.00 AM	Introduction to jupyter notebook, python, and use of AI for assistance in analysis and programming	Prof. Luca Comai	
12.00 AM - 1.00 PM	Lunch break		Omics Center, Floor 12 th , Maha Vajirunhis Building
1.00 PM - 2.30 PM	Exercise to gain familiarity with computer system	Prof. Luca Comai & TA	Computer room no.2, Floor 5 th , Maha Vajirunhis Building
2.30 PM - 2.45 PM	Coffee break		
2.45 PM - 5.00 PM	Exercise: Analyze phenotypes of 500 rice varieties	Prof. Luca Comai & TA	



Day 2: K-mer analysis for genome comparison and phenotype-specific gene identification

Time	Topic	Lecturer	Location
08.30 AM - 09.00 AM	Registration		Computer room no.2, Floor 5th, Maha Vajirunhis Building
09.00 AM - 10.30 AM	Lecture on practical k-mers analysis. Illumina sequencing. Sequence read format	Prof. Luca Comai	
10.30 AM - 10.45 AM	Coffee break		
10.45 AM - 12.00 AM	Harvesting of k-mers from illumina reads.	Prof. Luca Comai & TA	
12.00 AM - 1.00 PM	Lunch break		Omics Center, Floor 12 th , Maha Vajirunhis Building
1.00 PM - 2.30 PM	Comparison of k-mers across strains with different phenotypes	Prof. Luca Comai & TA	Computer room no.2, Floor 5 th , Maha Vajirunhis Building
2.30 PM - 2.45 PM	Coffee break		
2.45 PM - 5.00 PM	Identification of genes associated with specific k-mers	Prof. Luca Comai & TA	

Day 3: Analysis of gene variation and regulatory features

Time	Topic	Lecturer	Location
08.30 AM - 09.00 AM	Registration		Computer room no.2, Floor 5th, Maha Vajirunhis Building
09.00 AM - 10.30 AM	Lecture on VCF and the IGV browser	Prof. Luca Comai	
10.30 AM - 10.45 AM	Coffee break		
10.45 AM - 12.00 AM	Analysis of VCF over a gene of interest	Prof. Luca Comai & TA	
12.00 AM - 1.00 PM	Lunch break		Omics Center, Floor 12 th , Maha Vajirunhis Building
1.00 PM - 2.30 PM	Analysis of VCF over a gene of interest (cont.)	Prof. Luca Comai & TA	Computer room no.2, Floor 5 th , Maha Vajirunhis Building
2.30 PM - 2.45 PM	Coffee break		
2.45 PM - 5.00 PM	Correlation of variant sites with regulatory regions in promoters	Prof. Luca Comai & TA	

หมายเหตุ: อาจมีการปรับเปลี่ยนหัวข้อและระยะเวลาในแต่ละหัวข้อของการอบรมได้ตามความเหมาะสม

4. วิธีการจัดอบรมและสัมมนา

แบ่งการอบรมเป็น

วันที่ 1 เวลา 9.00 – 12.00 น. เป็นภาคบรรยาย; ห้องประชุมบานเย็น ชั้น 15 อาคารมหาชิรณหิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

วันที่ 1 เวลา 13.00 – 17.00 น. เป็นภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ; ห้อง Computer 509/2 ชั้น 5 อาคารมหาชิรณหิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

วันที่ 2 - 3 เป็นภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ; ห้อง Computer 509/2 ชั้น 5 อาคารมหาชิรณหิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

โดยในภาคปฏิบัตินั้น ผู้เข้าอบรมจะได้ลงมือปฏิบัติการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศด้วยเครื่องคอมพิวเตอร์ ทั้งนี้ ศูนย์ฯ จะจัดเตรียมคอมพิวเตอร์เพื่อการอบรมภาคปฏิบัติไว้ให้แล้ว



5. ระยะเวลา ในการดำเนินงาน และการจัดฝึกอบรม/สัมมนา

5.1. ระยะเวลาในการเตรียมงาน ระหว่างวันที่ 1 พฤศจิกายน ถึง 14 ธันวาคม พ.ศ. 2566

5.2. ระยะเวลาในการจัดอบรม ระหว่างวันที่ 12 ถึง 14 ธันวาคม พ.ศ. 2566

6. สถานที่

วันที่ 1: เวลา 9.00 น. – 12.00 น. ห้องประชุมบานเย็น ชั้น 15 อาคารมหาชิรณหิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

วันที่ 1: เวลา 13.00 น. – 17.00 น ห้อง Computer 509/2 ชั้น 5 อาคารมหาชิรณหิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

วันที่ 2 – 3 : ห้อง Computer 509/2 ชั้น 5 อาคารมหาชิรณหิศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

7. คุณสมบัติผู้เข้าร่วมอบรม/สัมมนา

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

7.2. ควรมีความรู้เบื้องต้น และ ควรเคยผ่านการวิเคราะห์ หรือมีประสบการณ์การวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศมาบ้าง

8. จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม และ ค่าลงทะเบียน

จำนวนผู้เข้าร่วมการอบรม ดังนี้

วันที่ 1: ภาคบรรยาย เวลา 9.00 น. – 12.00 น. จำนวน 100 คน

วันที่ 1: ภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ เวลา 13.00 น. – 17.00 น และ วันที่ 2-3 จำนวน 50 คน

โดยมีระยะเวลาการลงทะเบียน วันที่ 1 พฤศจิกายน ถึง 4 ธันวาคม 2566 โดยมีอัตราค่าลงทะเบียน ดังนี้

รูปแบบการลงทะเบียน	อัตราค่าลงทะเบียน	จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม
เฉพาะวันที่ 1: เวลา 9.00 น. – 12.00 น. (ภาคบรรยาย)	ไม่คิดค่าลงทะเบียน*	100 คน
วันที่ 1 ถึง 3 (ภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ)	5,000 บาท	50 คน

* ได้รับการสนับสนุนจาก บพค. ในโครงการลักษณะสมบัติและกลไกของยีนทนเค็มในข้าวจากการวิเคราะห์เชิงจีโนมิกส์และทรานสคริปโทมิกส์

หมายเหตุ 1. สิ้นสุดการรับลงทะเบียนในวันที่ 4 ธันวาคม 2566

2. บุคลากรของรัฐจากส่วนงานและส่วนราชการต่างๆ เข้าร่วมอบรมได้โดยไม่ถือเป็นวันลาและมีสิทธิ์เบิกค่าลงทะเบียนตลอดจนมีสิทธิ์เบิกค่าใช้จ่ายต่างๆ ได้ตามระเบียบของราชการ

9. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถนำความรู้ที่ได้ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยได้อย่างมีประสิทธิภาพ

10. หน่วยงานที่รับผิดชอบ

- ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
- ศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านสิ่งแวดล้อมและสรีรวิทยาของพืช คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
- สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย

11. รายชื่อวิทยากร

11.1. Professor Luca Comai

University of California, Davis

12. รายชื่อผู้ช่วยวิทยากร

12.1 รองศาสตราจารย์ ดร.กิติพร พลายมาศ

ภาควิชาภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์

12.2 รองศาสตราจารย์ ดร.มนนันทน์ พงษ์พานิช

ภาควิชาภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์