



โครงการอบรม

เรื่อง การวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS)

ระหว่างวันที่ 19-22 เมษายน พ.ศ. 2564

จัดโดย ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

1. ความเป็นมา/หลักการและเหตุผล

เทคนิคการหาลำดับเบสประสิทธิภาพสูง (Next generation sequencing) ได้ถูกนำมาใช้ในการหาลำดับเบสของจีโนมแบคทีเรียเนื่องจากสามารถอ่านลำดับเบสได้อย่างรวดเร็วและมีราคาถูกมาก ทำให้มีการบรรจุข้อมูลจีโนมแบคทีเรียลงในฐานข้อมูล GeneBank มากกว่า 6,500 จีโนม (David and Kathryn, 2013) เมื่อมีการแยกเชื้อแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ก็จะมีมีการอ่านลำดับเบสทั้งจีโนมและทำการเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลดังกล่าวด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ เพื่อนำข้อมูลจีโนมที่เปรียบเทียบได้ไปใช้ประโยชน์ในงานวิจัยหลากหลายสาขา ตัวอย่างเช่น การระบุเอกลักษณ์และวิวัฒนาการของแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ การค้นหายีนต้านยาปฏิชีวนะในจีโนมของเชื้อดื้อยา และการระบุแบคทีเรียสายพันธุ์ก่อโรคจากการค้นหายีนก่อโรคหรือยีนสร้างสารพิษในจีโนม อย่างไรก็ตามข้อมูลที่ได้จากการอ่านลำดับเบสทั้งจีโนมมีปริมาณมากและความซับซ้อน ดังนั้นการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศจึงต้องทำเป็นระบบและเป็นขั้นตอน เพื่อที่จะทำให้การเปรียบเทียบและการฝากข้อมูลของจีโนมใหม่ลงในฐานข้อมูลมีความถูกต้อง

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศได้เล็งเห็นถึงความสำคัญและความจำเป็น ในการวิเคราะห์ข้อมูลและประมวลผลที่ได้จากการหาลำดับเบสด้วยเทคนิคนี้ ซึ่ง ในการจัดอบรมเชิงปฏิบัติการ ครั้งที่ 1 และครั้งที่ 2 มีผู้สนใจเข้าร่วมเป็นจำนวนมาก ศูนย์ฯ จึงเล็งเห็นว่าควรจัดอบรมขึ้นอีกครั้ง โดยการอบรมในครั้งนี้ ได้เพิ่มการอบรมเชิงปฏิบัติการ สำหรับการเตรียมตัวอย่างและวิเคราะห์ตัวอย่างด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) และ การวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ ได้ปรับเปลี่ยนเป็นการอบรมให้อยู่ในรูปแบบ online

ดังนั้น ศูนย์ฯ จึงมีความประสงค์ที่จะจัดการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง การวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS) โดยคาดหวังให้ผู้เข้าอบรมจะเข้าใจถึงหลักการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS) และวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยของตนเอง และทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้อง

2. วัตถุประสงค์และขอบเขตของโครงการ

ให้ผู้ผ่านการอบรมมีความรู้ความเข้าใจและทราบถึงวิธีการเตรียมตัวอย่างเพื่อวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS) และ วิธีการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ และสามารถนำไปประยุกต์ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้องและเหมาะสม

3. หัวข้อการอบรม/สัมมนา

วันที่ 1: วันที่ 19 เม.ย. 2564 อบรมในรูปแบบเชิงปฏิบัติการ และรูปแบบ online

9.00- 10.00 น.	Introduction: Next Generation Sequencing (NGS) technology
10.00-10.30 น.	Break
10.30-12.00 น.	Quanta DNA library preparation and library quantification technologies
12.00-13.00 น.	Lunch
13.00-16.00 น.	Hand-on sparQ DNA Library Prep Kit

วันที่ 2: วันที่ 20 เม.ย. 2564 อบรมในรูปแบบเชิงปฏิบัติการ

9.00- 10.30 น.	Sequencing library quality control
10.30-10.45 น.	Break
10.40-12.00 น.	Sequencing library quality control (cont.)
12.00-13.00 น.	Lunch
13.00-16.00 น.	Pooling library and sequencing

วันที่ 3: วันที่ 21 เม.ย. 2564 อบรมในรูปแบบ Online

9.00- 10.30 น.	Sequencing run and raw data quality control
10.30-10.45 น.	Break
10.45-12.00 น.	Sequencing run and raw data quality control (cont.)
12.00-13.00 น.	Lunch
13.00-14.30 น.	Assembly and annotation of prokaryotic genome
14.30-14.45 น.	Break
14.45-16.00 น.	Assembly and annotation of prokaryotic genome (cont.)

วันที่ 4: วันที่ 22 เม.ย. 2564 อบรมในรูปแบบ Online

9.00-10.30 น.	Species and strains identification using whole genome sequencing
10.30-10.45 น.	Break
10.45-12.00 น.	Species and strains identification using whole genome sequencing (cont.)
12.00-13.00 น.	รับประทานอาหารกลางวัน
13.00-14.00 น.	Antibiotics resistant and virulence genes searching
14.00-14.15 น.	Break
14.15-16.00 น.	SNP calling and whole genome phylogenetic tree construction

หมายเหตุ: หัวข้อและเวลาอาจจะมีการปรับเปลี่ยนตามความเหมาะสม

4. วิธีการจัดอบรมและสัมมนา

เป็นการจัดอบรมการอบรมเชิงปฏิบัติการ โดย ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้เรียนรู้วิธีการเตรียมตัวอย่าง DNA library และได้ลงมือเตรียมตัวอย่าง DNA library จากจีโนมของแบคทีเรีย เพื่อการวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) และรูปแบบ online สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลของลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ

5. ระยะเวลา ในการดำเนินงาน และการจัดฝึกอบรม/สัมมนา

5.1. ระยะเวลาในการเตรียมงาน ระหว่างวันที่ 1 มีนาคม 2563 ถึง 22 เมษายน 2564

5.2. ระยะเวลาในการจัดอบรม ระหว่างวันที่ 19-22 เมษายน พ.ศ. 2564

6. สถานที่การจัดอบรม

6.1 รูปแบบเชิงปฏิบัติการ ที่ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ชั้น 12 อาคารมหาชิรณทิต

6.2 รูปแบบ online ผู้บรรยาย จะบรรยายที่ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ชั้น 12 อาคารมหาชิรณทิต โดย ผู้เข้าร่วมอบรมจะเข้าร่วมอบรมผ่านทางโปรแกรมการประชุมแบบ online (Zoom) ทั้งนี้ ผู้เข้าร่วมอบรมแบบ online ต้องเตรียมคอมพิวเตอร์ส่วนตัว โปรแกรมการประชุมแบบ online (Zoom) และ internet เพื่อเข้าร่วมฟังบรรยาย ให้พร้อมก่อนเข้าร่วมอบรม

7. คุณสมบัติผู้เข้าร่วมอบรม/สัมมนา

7.1. อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา หรือผู้สนใจ ในสาขาวิทยาศาสตร์ โดยผู้เข้าร่วมอบรม ต้องมีความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับการวิเคราะห์ลำดับเบสด้วย Next Generation Sequencing มาบ้างแล้ว

7.2. อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา หรือผู้สนใจ ที่กำลังทำวิจัยเพื่อศึกษาและวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรีย โดยต้องมีความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับการวิเคราะห์ลำดับเบสด้วย Next Generation Sequencing มาบ้างแล้ว

8. รูปแบบการเข้าร่วมอบรม จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม และ ค่าลงทะเบียน

จำนวนผู้เข้าร่วมการอบรมทั้งหมด 75 คน สามารถเลือกรูปแบบการอบรม โดยมีรูปแบบการอบรม 3 รูปแบบ ดังนี้

8.1 รูปแบบที่ 1: อบรม 4 วัน ตั้งแต่ วันที่ 19-22 เม.ย. 2564 ที่ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์และชีวสารสนเทศ ครอบคลุมการอบรมเชิงปฏิบัติการ และการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) โดย ในการอบรมเชิงปฏิบัติการ ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้เรียนรู้วิธีการเตรียมตัวอย่าง DNA library เพื่อวิเคราะห์ลำดับเบสด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) และ ได้รับสิทธิ์การนำตัวอย่าง genomic DNA ของแบคทีเรีย มาทดลองเตรียมตัวอย่าง โดยรับผู้เข้าร่วมอบรม จำนวน 15 คน (เรียงลำดับผู้ได้รับสิทธิ์ จากการลงทะเบียน 15 คนแรก)

8.2 รูปแบบที่ 2: อบรม 4 วัน ตั้งแต่ วันที่ 19-22 เม.ย. 2564 ที่ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศศาสตร์ ครอบคลุมการอบรมเชิงปฏิบัติการ และการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) โดย ในการอบรมเชิงปฏิบัติการ ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้เรียนรู้การเตรียมตัวอย่าง DNA library เพื่อวิเคราะห์ลำดับเบสด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) และได้รับสิทธิ์ในการนำตัวอย่าง genomic DNA ของแบคทีเรีย มาทดลองเตรียมตัวอย่าง DNA library แต่ ไม่ได้รับสิทธิ์สำหรับวิเคราะห์ลำดับเบสด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) โดยรับผู้เข้าร่วมอบรม จำนวน 10 คน

8.3 รูปแบบที่ 3: เป็นการอบรมในรูปแบบ online อบรม 3 วัน ดังนี้

วันที่ 19 เม.ย. 2564 เวลา 9.00 - 12.00 น.

วันที่ 21-22 เม.ย. 2564 9.00 - 16.00 น.

อบรมผ่านทางโปรแกรมการประชุมแบบ online (Zoom) โดยเนื้อหาครอบคลุมเฉพาะการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) ทั้งนี้ ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้รับลำดับเบสของแบคทีเรียเพื่อใช้ในการอบรม โดยรับผู้เข้าร่วมอบรม จำนวน 50 คน

โดยมีระยะเวลาการลงทะเบียน ระหว่าง วันที่ 19 มีนาคม ถึง 9 เมษายน 2564 และจัดเก็บค่าลงทะเบียน ดังนี้

รูปแบบการอบรม	อัตราการลงทะเบียน
รูปแบบที่ 1: จำนวน 4 วัน (19-22 เม.ย. 2564)	5,000 บาท
รูปแบบที่ 2: จำนวน 4 วัน (19-22 เม.ย. 2564)	3,000 บาท
รูปแบบที่ 3: จำนวน 3 วัน (19 , 21-22 เม.ย. 2564)	1,500 บาท

* สิ้นสุดการรับลงทะเบียนในวันที่ 9 เมษายน 2564

** บุคลากรของรัฐจากส่วนงานและส่วนราชการต่างๆ มีสิทธิ์เบิกค่าลงทะเบียนตลอดจนมีสิทธิ์เบิกค่าใช้จ่ายต่างๆ ได้ตามระเบียบของราชการ

9. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

9.1. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ และทราบถึงวิธีการเตรียมตัวอย่างเพื่อวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS)

9.2. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ การวิเคราะห์วิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics)

9.3. ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถนำความรู้ที่ได้ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยได้อย่างมีประสิทธิภาพ



10. หน่วยงานที่รับผิดชอบ

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย และ บริษัท
เกตซ์ เฮลท์แคร์ (ประเทศไทย) จำกัด

11. รายชื่อวิทยากร

- 11.1 ดร. พินิตพล พรหมบุตร ผู้จัดการการศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์ฯ และทีมงาน
- 11.2 เจ้าหน้าที่จาก บริษัท เกตซ์ เฮลท์แคร์ (ประเทศไทย) จำกัด