



โครงการอบรม

เรื่อง การวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS) ครั้งที่ 2

ระหว่างวันที่ 2-5 กรกฎาคม พ.ศ. 2567

จัดโดย ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ และ ภาควิชาจุลชีววิทยา

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ร่วมกับ

บริษัท ไบโอเอนทิสต์ จำกัด

1. ความเป็นมา/หลักการและเหตุผล

เทคนิคการหาลำดับเบสประสิทธิภาพสูง (Next generation sequencing) ได้ถูกนำมาใช้ในการหาลำดับเบสของจีโนมแบคทีเรียเนื่องจากสามารถอ่านลำดับเบสได้อย่างรวดเร็วและมีราคาถูกลงมาก ทำให้มีการบรรจุข้อมูลจีโนมแบคทีเรียลงในฐานข้อมูล GeneBank มากกว่า 6,500 จีโนม (David and Kathryn, 2013) เมื่อมีการแยกเชื้อแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ก็จะมี การอ่านลำดับเบสทั้งจีโนมและทำการเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลดังกล่าวด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) เพื่อนำข้อมูลจีโนมที่เปรียบเทียบได้ไปใช้ประโยชน์ในงานวิจัยหลากหลายสาขา ตัวอย่างเช่น การระบุเอกลักษณ์และวิวัฒนาการของแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ การค้นหายีนต้านยาปฏิชีวนะในจีโนมของเชื้อดื้อยา และการระบุแบคทีเรียสายพันธุ์ก่อโรคจากการค้นหายีนก่อโรคหรือยีนสร้างสารพิษในจีโนม อย่างไรก็ตาม ข้อมูลที่ได้จากการอ่านลำดับเบสทั้งจีโนมมีปริมาณมากและมีความซับซ้อน ดังนั้น การวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศจึงต้องทำเป็นระบบและเป็นขั้นตอน เพื่อที่จะทำให้การเปรียบเทียบและการฝากข้อมูลของจีโนมใหม่ลงในฐานข้อมูลมีความถูกต้อง

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศได้เล็งเห็นถึงความสำคัญและความจำเป็น ในการวิเคราะห์ข้อมูลและประมวลผลที่ได้จากการหาลำดับเบสด้วยเทคนิคนี้ โดยการอบรมในครั้งนี้ ได้แบ่งเป็น การอบรมเชิงปฏิบัติการ สำหรับการเตรียมตัวอย่างและวิเคราะห์ตัวอย่างด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) และ การวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของแบคทีเรีย ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง โดยใช้วิธีทางชีวสารสนเทศผ่าน web-based bioinformatics tools

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 และสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจข้อมูลของตนเองได้อย่างถูกต้องและเหมาะสม

3. หัวข้อการอบรม/สัมมนา

วันที่ 1: 2 ก.ค. 2567 อบรมรูปแบบ online ผ่านโปรแกรม Zoom

เวลา	หัวข้อ	ผู้ดำเนินงาน/วิทยากร
08.30-09.00 น.	ลงทะเบียน	
09.00-10.00 น.	Introduction: Sequencing technology	พิริยะ กลั่นแก้ว ผู้จัดการศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์ และชีวสารสนเทศ
10.00-10.45 น.	Introduction: Bioinformatics analysis using Galaxy (Web-based tools)	
10.45-11.00 น.	Break	
11.00-12.00 น.	Data quality control	
12.00-13.00 น.	พักรับประทานอาหารกลางวัน	
13.00-14.30 น.	Data quality control (cont.)	
14.30-14.45 น.	Break	
14.45-16.00 น.	Genome Assembly of prokaryotic genome	



วันที่ 2: 3 ก.ค. 2567 อบรมรูปแบบ online ผ่านโปรแกรม Zoom

เวลา	หัวข้อ	ผู้ดำเนินงาน/วิทยากร
08.30-09.00 น.	ลงทะเบียน	
09.00-10.30 น.	- Genome contamination check - Species and strains identification using whole genome sequencing	อ.ดร. ฉัตรสุดา ตักดาเพชรศิริ ภาควิชาโรคพืช คณะเกษตร กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขต กำแพงแสน
10.30-10.45 น.	Break	
10.45-12.00 น.	Species and strains identification using whole genome sequencing (Cont.)	อ.ดร. ฉัตรสุดา ตักดาเพชรศิริ
12.00-13.00 น.	พักรับประทานอาหารกลางวัน	
13.00-14.30 น.	Annotation of prokaryotic genome	ณิชาพัฒน์ กนกสินวุฒิพงศ์ นักวิทยาศาสตร์บริการ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์ และชีวสารสนเทศ
14.30-14.45 น.	Break	
14.45-16.00 น.	Antibiotics resistant and virulence genes searching	ณิชาพัฒน์ กนกสินวุฒิพงศ์
16.00-17.00 น.	Application of WGS for epidemiological investigation and AMR determination of seafood-borne pathogenic bacteria <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	ผศ.ดร.ชนม์ชนก เมืองนาโพธิ์ ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์ มหาวิทยาลัย



วันที่ 3: 4 ก.ค. 2567: อบรมในรูปแบบเชิงปฏิบัติการ: ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์และชีวสารสนเทศ

เวลา	หัวข้อ	ผู้ดำเนินงาน/วิทยากร
08.30-09.00 น.	ลงทะเบียน	ทีมวิทยากร ศูนย์วิทยาศาสตร์ โอมิคส์และชีวสารสนเทศ พริยะ กลั่นแก้ว ณิชพัฒน์ กนกสินวุฒิพงศ์ ภาณุพงษ์ ท่อนแก้ว และ ทีมวิทยากร จาก บริษัท ไบโอ เอนทิสต์ จำกัด
09.00-10.00 น.	Introduction: DNA library preparation for Bacterial whole genome sequencing	
10.00-10.30 น.	Break	
10.30-12.00 น.	Hands-on: DNA qualification and quantification	
12.00-13.00 น.	พักรับประทานอาหารกลางวัน	
13.00-14.30 น.	Hands-on: DNA library preparation	
14.30-14.45 น.	Break	
14.45-16.00 น.	Hands-on: DNA library preparation (cont.)	

วันที่ 4: 5 ก.ค. 2567: อบรมในรูปแบบเชิงปฏิบัติการ: ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์และชีวสารสนเทศ

เวลา	หัวข้อ	ผู้ดำเนินงาน/วิทยากร
08.30-09.00 น.	ลงทะเบียน	ทีมวิทยากร ศูนย์วิทยาศาสตร์ โอมิคส์และชีวสารสนเทศ พริยะ กลั่นแก้ว ณิชพัฒน์ กนกสินวุฒิพงศ์ ภาณุพงษ์ ท่อนแก้ว และ ทีมวิทยากร จาก บริษัท ไบโอ เอนทิสต์ จำกัด
09.00-10.00 น.	Library quality control	
10.00-10.30 น.	Break	
10.30-12.00 น.	Hands-on: Library qualification and quantification	
12.00-13.00 น.	พักรับประทานอาหารกลางวัน	
13.00-16.00 น.	Pooling library and sequencing	

หมายเหตุ: หัวข้อและเวลาอาจจะมีการปรับเปลี่ยนตามความเหมาะสม



4. วิธีการจัดอบรมและสัมมนา

เป็นการจัดอบรมการอบรมเชิงปฏิบัติการทั้งรูปแบบ on-site และ online โดย รูปแบบ on-site ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้เรียนรู้วิธีการเตรียมตัวอย่าง DNA library และได้ลงมือเตรียมตัวอย่าง DNA library จากจีโนมของแบคทีเรีย เพื่อการวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer) และ การจัดอบรมรูปแบบ online ผ่านโปรแกรม zoom ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้เรียนรู้การวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของแบคทีเรีย ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง โดยใช้วิธีทางชีวสารสนเทศผ่าน web-based bioinformatics tools

5. ระยะเวลา ในการดำเนินงาน และการจัดฝึกอบรม/สัมมนา

5.1. ระยะเวลาในการเตรียมงาน ระหว่างวันที่ 1 พฤษภาคม ถึง 5 กรกฎาคม 2567

5.2. ระยะเวลาในการจัดอบรม ระหว่างวันที่ 2 ถึง 5 กรกฎาคม 2567

6. สถานที่การจัดอบรม

6.1 รูปแบบเชิงปฏิบัติการ on-site ที่ ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ชั้น 12 อาคารมหาวชิรุณหิศ

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

7. คุณสมบัติผู้เข้าร่วมอบรม/สัมมนา

อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา ที่มีแผน หรือ กำลังทำวิจัยเพื่อศึกษาและวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรีย โดยมีความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับการวิเคราะห์ลำดับเบสด้วย Next Generation Sequencing มาบ้างแล้ว แต่ยังไม่มีความเข้าใจ หรือ ยังไม่ทราบขั้นตอน และวิธีในการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ



8. รูปแบบการเข้าร่วมอบรม จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม และ ค่าลงทะเบียน

จำนวนผู้เข้าร่วมการอบรมทั้งหมด 60 คน สามารถเลือกรูปแบบการอบรม โดยมีรูปแบบการอบรม 2 รูปแบบ ดังนี้

8.1 รูปแบบที่ 1: อบรม 2 วัน ตั้งแต่ วันที่ 2 ถึง 3 กรกฎาคม 2567 รับผู้เข้าร่วมอบรม จำนวน 40 คน เป็นการอบรมในรูปแบบ online ผ่านทางโปรแกรม zoom โดยเนื้อหาครอบคลุมการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของแบคทีเรีย ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง โดยใช้วิธีทางชีวสารสนเทศผ่าน web-based bioinformatics tools

8.2 รูปแบบที่ 2: อบรม 4 วัน ตั้งแต่ วันที่ 2 ถึง 5 กรกฎาคม 2567 รับผู้เข้าร่วมอบรม จำนวน 20 คน

8.2.1 วันที่ 2 ถึง 3 กรกฎาคม 2567 เป็นการอบรมในรูปแบบ online ผ่านทางโปรแกรม zoom โดยเนื้อหาครอบคลุมการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสของแบคทีเรีย ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง โดยใช้วิธีทางชีวสารสนเทศผ่าน web-based bioinformatics tools

8.2.2 วันที่ 4 ถึง 5 กรกฎาคม 2567 อบรมที่ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิคส์และชีวสารสนเทศ ครอบคลุมการอบรมเชิงปฏิบัติการ และการวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) โดย ในการอบรมเชิงปฏิบัติการ ผู้เข้าร่วมอบรมจะได้เรียนรู้การเตรียมตัวอย่าง DNA library เพื่อวิเคราะห์ลำดับเบสด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสแบบประสิทธิภาพสูง (Next Generation Sequencer)

โดยมีระยะเวลาการลงทะเบียน ระหว่าง วันที่ 13 พฤษภาคม ถึง 21 มิถุนายน 2567 และจัดเก็บค่าลงทะเบียน ดังนี้

รูปแบบการอบรม	อัตราการลงทะเบียน
รูปแบบที่ 1: จำนวน 2 วัน (2 ถึง 3 กรกฎาคม 2567)	2,500 บาท
รูปแบบที่ 2: จำนวน 4 วัน (2 ถึง 5 กรกฎาคม 2567)	7,500 บาท

* สิ้นสุดการรับลงทะเบียนในวันที่ 21 มิถุนายน 2567

** บุคลากรของรัฐจากส่วนงานและส่วนราชการต่างๆ มีสิทธิ์เบิกค่าลงทะเบียนตลอดจนมีสิทธิ์เบิกค่าใช้จ่ายต่างๆ ได้ตามระเบียบของราชการ

***หากชำระเงินแล้ว ไม่คืนเงินทุกกรณี



9. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 9.1. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ และทราบถึงวิธีการเตรียมตัวอย่างเพื่อวิเคราะห์ลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยเทคนิค Next Generation Sequencing (NGS)
- 9.2. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ การวิเคราะห์วิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสทั้งจีโนมของแบคทีเรียด้วยวิธีทางชีวสารสนเทศ (Bioinformatics)
- 9.3. ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถนำความรู้ที่ได้ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยได้อย่างมีประสิทธิภาพ

10. หน่วยงานที่รับผิดชอบ

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ และภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ร่วมกับ บริษัท ไบโอเอนทิสต์ จำกัด

11. รายชื่อวิทยากร

- | | |
|---|---|
| 11.1 นายพิริยะ กลั่นแก้ว | ผู้จัดการการศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์ฯ |
| 11.2 นางสาวณิชาพัฒน์ กนกสินวุฒิพงศ์ | นักวิทยาศาสตร์บริการศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ |
| 11.3 ผศ.ดร.ชนม์ชนก เมืองนาโพธิ์ | ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย |
| 11.4 อ.ดร. ฉัตรสุตา ศักดาเพชรศิริ | ภาควิชาโรคพืช คณะเกษตร กำแพงแสน
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขต กำแพงแสน |
| 11.5 เจ้าหน้าที่จาก บริษัท ไบโอเอนทิสต์ จำกัด | |