

โครงการจัดการอบรมเชิงปฏิบัติการ

ชื่อโครงการ การอบรมเชิงปฏิบัติการ เรื่อง “Next-Gen Sequencing 103: การวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์สำหรับข้อมูลลำดับเบสจากเทคโนโลยีเอ็นจีเอส”

หน่วยงานที่รับผิดชอบ

ศูนย์จีโนมทางการแพทย์

ศูนย์ความเป็นเลิศ คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี

ปีงบประมาณ

2559

1. หลักการและเหตุผล

การศึกษาจุลินทรีย์ทั้งหมดที่มีอยู่ในหนึ่งชุมชน (community) หรือในตัวอย่างที่มีอยู่ตามธรรมชาตินั้นสามารถทำได้โดยวิธีการสกัดดีเอ็นเอออกมาจากตัวอย่างในชุมชนที่ต้องการศึกษาโดยตรง ไม่ต้องทำการเพาะเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์ การศึกษาลักษณะแบบนี้เรียกว่า การทำเมตาจีโนมิกส์ การทำเมตาจีโนมิกส์นั้นจะครอบคลุมไปจนถึงการศึกษาจุลินทรีย์ที่ไม่สามารถเพาะเลี้ยงได้ (uncultivable microbes) ซึ่งพบว่าตัวอย่างจุลินทรีย์ตามธรรมชาติทั้งหมดนั้นจะมีมากถึงร้อยละ 99

กระบวนการทำเมตาจีโนมิกส์จะเริ่มตั้งแต่ การสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างในสิ่งแวดล้อมนั้นๆ จากนั้นจะมีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอและการถอดรหัสพันธุกรรมด้วยวิธีการหรือเครื่องมือที่มีความแตกต่างกัน ไปจนถึงการวิเคราะห์เพื่อหาความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากร และวิเคราะห์ถึงองค์ประกอบในความหลากหลายของระบบนิเวศนั้นๆ โดยประโยชน์ที่ได้จากการศึกษาเมตาจีโนมิกส์ สามารถประยุกต์ในงานทางการแพทย์ พลังงานจากเชื้อจุลินทรีย์ (Biofuel) การทำงานด้าน Biotechnology การเกษตร และผลหรือความสามารถของเชื้อจุลินทรีย์ในสิ่งแวดล้อม การทำเมตาจีโนมิกส์ สามารถแบ่งออกได้เป็น 2 วิธีหลัก ๆ คือ การอ้างอิงจากคุณสมบัติจำเพาะที่ต้องการศึกษา (function-based screening) หรืออ้างอิงจากลำดับเบสของยีนที่ต้องการ (sequence-based screening) โดยที่ผ่านมามีชีวโมเลกุลมากมายที่ถูกค้นพบด้วยวิธีเมตาจีโนมิกส์ เช่น DNA polymerase, lipase, cellulase, protease หรือยีนที่สร้างสารปฏิชีวนะ

ในส่วนของเทคโนโลยีการถอดลำดับเบสที่ใช้งานในการศึกษาเมตาจีโนมิกส์นั้นได้เริ่มมีการศึกษาจากการทำ shotgun sequencing จนในปัจจุบันด้วยเทคนิควิเคราะห์ลำดับเบสรุ่นใหม่ (Next generation sequencing) การศึกษานิเวศจุลินทรีย์จึงเป็นเรื่องที่สามารถทำได้ แต่ทั้งนี้ก็มีข้อจำกัดในการวิเคราะห์ข้อมูลจำนวนมากที่ได้จากการถอดรหัสพันธุกรรม จึงเกิดความต้องการในการนำเครื่องมือทางชีวสารสนเทศมาใช้ในการวิเคราะห์

ศูนย์จีโนมทางการแพทย์ เล็งเห็นถึงข้อจำกัดดังกล่าวจึงได้เชิญผู้เชี่ยวชาญจากสถาบัน Qiime ซึ่งเป็นหน่วยงานที่ผลิตโปรแกรมชีวสารสนเทศในการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์ในรูปแบบโอเพนซอร์ส (open source) มาจัดอบรมเชิงปฏิบัติการในประเทศไทย ในระหว่างวันที่ 14-15 ธันวาคม 2558 นี้ เพื่อส่งเสริมให้แพทย์ นักวิจัย นักวิทยาศาสตร์ และนัก ชีวสารสนเทศ ได้เห็นภาพรวมและปฏิบัติการวิเคราะห์ข้อมูลพันธุกรรมของจุลินทรีย์ที่ได้จากการถอดรหัสพันธุกรรมด้วยเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสรุ่นใหม่ด้วยโปรแกรมทางชีวสารสนเทศ เพื่อ

พัฒนาศักยภาพของนักวิจัยไทย ลดระยะเวลาในการวิเคราะห์ข้อมูล และ ปลักดันให้เกิดผลงานวิจัยทางด้านเมตาจีโนมิกส์ต่อไปในอนาคต

2.วัตถุประสงค์

1. ผู้เข้าร่วมประชุมจะได้มีความรู้เบื้องต้นในการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์
2. ผู้เข้าร่วมประชุมจะได้มีความรู้ในการเลือกใช้เทคโนโลยีในการถอดข้อมูลรหัสพันธุกรรมที่เหมาะสมสำหรับการศึกษาด้านนิเวศวิทยาจุลินทรีย์
3. ผู้เข้าร่วมประชุมจะมีความรู้ความเข้าใจในการติดตั้งโปรแกรม เพื่อใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์
4. ผู้เข้าร่วมประชุมจะมีความรู้ความเข้าใจในการเตรียมข้อมูลรหัสพันธุกรรมที่ได้จากเครื่องวิเคราะห์ลำดับเบสรุ่นใหม่ เพื่อใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์
5. ผู้เข้าร่วมประชุมจะมีความรู้ความเข้าใจในการใช้สถิติที่เหมาะสม ในการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์
6. ผู้เข้าร่วมประชุมจะได้มีความรู้ในการเลือกใช้ฐานข้อมูลอ้างอิง เพื่อการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์
7. ผู้เข้าร่วมประชุมจะได้ฝึกปฏิบัติการใช้โปรแกรมชีวสารสนเทศ เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์ เบื้องต้นได้

3.เป้าหมาย

จำนวน 60 ราย ซึ่งผู้เข้าอบรมร้อยละ 80 สามารถเข้าใจเนื้อหาหลักสูตร ดังที่แนบมาพร้อมกัน

4.รูปแบบโครงการ

การอบรมเชิงปฏิบัติการ “Next-Gen Sequencing 103: การวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์ สำหรับข้อมูลลำดับเบสจากเทคโนโลยีเอ็นจีเอส” โดยวันแรกจะนำการบรรยายทฤษฎี สาธิตการหาวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์ด้วยโปรแกรมชีวสารสนเทศ รวมทั้งการนำไปประยุกต์ใช้พอเป็นสังเขป ส่วนใน 2 วันถัดมาจะเป็นการฝึกปฏิบัติวิเคราะห์ข้อมูลลำดับพันธุกรรมของนิเวศวิทยาจุลินทรีย์

วันจันทร์ที่ 14 ธันวาคม พ.ศ. 2558 เวลา 8.00 – 18.00 น. (บรรยาย) 1 วัน

วันอังคารที่ 15 ธันวาคม พ.ศ. 2558 เวลา 8.00 – 18.00 น. (ฝึกปฏิบัติการ) 1 วัน

5.แนวทางการดำเนินงาน

5.1 ประชุมคณะกรรมการศูนย์จีโนมทางการแพทย์ ภายใต้ศูนย์ความเป็นเลิศ คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี

5.2 ขั้นตอนการปฏิบัติงาน

5.2.1 นำเสนอโครงการเพื่อขออนุมัติจากผู้บริหาร

- 5.2.2 ประสานงานติดต่อกับวิทยากร
- 5.2.3 ดำเนินการจัดหาสถานที่จัดการประชุม
- 5.2.4 จัดเตรียมเอกสารสำหรับการประชุม
- 5.2.5 เตรียมกำหนดการประชุม การบรรยายวิชาการ และฝึกภาคปฏิบัติ
- 5.2.6 สรุปผล และประเมินผลการดำเนินงานเสนอต่อผู้บริหาร

6.กลุ่มเป้าหมายผู้เข้าร่วมการประชุม

1. การอบรมเชิงปฏิบัติการ “Next-Gen Sequencing 103: การวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์ สำหรับข้อมูลลำดับเบสจากเทคโนโลยีเอ็นจีเอส” เหมาะสำหรับนักศึกษา แพทย์ นักวิจัย และผู้สนใจที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์ข้อมูลพันธุกรรมจุลินทรีย์ได้ที่จากเทคโนโลยีเอ็นจีเอส

จำนวนผู้ลงทะเบียน

- บรรยาย 40 - 60 คน
- บรรยายและฝึกปฏิบัติ 20 - 25 คน

7.เวลาและสถานที่การจัดการประชุม

ณ ห้องประชุมท่านผู้หญิงวิระยา ชั้น 5 ศูนย์การแพทย์สิริกิติ์ โรงพยาบาลรามาธิบดี

8.แผนการดำเนินงาน

รายการ	เดือนที่		
	1	2	3
1. ประชุมคณะกรรมการ			
2.รวบรวมหัวข้อเรื่องและกำหนดการ			
4.ประชาสัมพันธ์งานประชุม			
5.ติดต่อเชิญวิทยากร			
6.ติดต่อผู้สนับสนุนและผู้ลงทะเบียน			
9.จัดเตรียมเอกสารประกอบการประชุม			
10.ดำเนินการจัดการประชุม			

9. ค่าลงทะเบียน

ลงทะเบียน	ราคา (บาท)
บรรยาย	2,000
บรรยายและฝึกปฏิบัติ	5,000

10. ผลที่คาดว่าจะได้รับ

ผู้เข้าร่วมการอบรมมีความรู้ความเข้าใจในการวางแผนการวิเคราะห์ข้อมูลนิเวศวิทยาจุลินทรีย์สำหรับข้อมูลลำดับเบสจากเทคโนโลยีเอ็นจีเอสได้

11. การประเมินผลเมื่อสิ้นสุดการประชุมเชิงปฏิบัติการ

จัดทำแบบสอบถามความพึงพอใจแก่ผู้เข้าร่วมประชุม และทำการประเมินผลจากจำนวนผู้เข้าร่วมประชุม (ไม่ต่ำกว่าร้อยละ 80 ของผู้เข้าร่วมประชุม) เพื่อให้ทราบถึงความพึงพอใจของผู้เข้าร่วมประชุมและติดตามผลความคืบหน้าของในปีต่อไป

12. ผู้รับผิดชอบโครงการและผู้ประสานงานโครงการ

ศูนย์จีโนมทางการแพทย์

ศูนย์ความเป็นเลิศ คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี

โทรศัพท์ 02-201-1470 ต่อ 21