13/20
5470/61
17/8/61

ที่ สธ ๐๒๐๑.๐๒/ว ๔๙๖

ถึง กรม สำนักงานคณะกรรมการอาหารและยา สำนักงานรัฐมนตรี องค์การเภสัชกรรม หน่วยงานในสังกัดสำนักงานปลัดกระทรวงสาธารณสุข สำนักงานสาธารณสุขจังหวัด โรงพยาบาลศูนย์ โรงพยาบาลทั่วไป สำนักงานเขตสุขภาพที่ ๑ - ๑๓

พร้อมนี้ ขอส่งสำเนาหนังสือคณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล ที่ ศธ ๐๕๑๗.๐๗/๕๘๑๖ ลงวันที่ ๑๘ มิถุนายน ๒๕๖๑ เรื่อง ขอความอนุเคราะห์ประชาสัมพันธ์และเชิญเข้าร่วมการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง "Cloud computing pipeline for Exome sequencing" รายละเอียดตามเอกสารที่แนบ

จึงเรียนมาเพื่อโปรดทราบและประชาสัมพันธ์ให้หน่วยงานในสังกัดทราบด้วย จะเป็นพระคุณ

กระทรวงสาธารณสุข
๑๖ สิงหาคม
กระทรวงสาธารณสุข

สำนักงานปลัดกระทรวงสาธารณสุข
กองกลาง
โทร. ๐ ๒๕๙๐ ๑๑๗๒
โทรสาร ๐ ๒๕๙๐ ๑๑๗๔

เรียน นพ. สสจ.
เพื่อโปรดทราบ
๑๗ ส.ค. ๒๕๖๑
9 17 ส.ค. 61

(นางเกศรินทร์ ไทยศรีวงศ์)
นักวิชาการสาธารณสุขเชี่ยวชาญ (ด้านส่งเสริมพัฒนา)
ปฏิบัติราชการแทน นายแพทย์สาธารณสุขจังหวัดจันทบุรี

ผู้อำนวยการกองกลาง
เลขรับ 11541
วันที่ 14 - ธ.ค. - 61
เวลา 15 : 56

107.23
14/3/61
15.06
กระทรวงสาธารณสุข
รับ 43454
๑๕ ส.ค. ๒๕๖๑
14.13

คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล
มหาวิทยาลัยมหิดล
เลขที่ 2 ถนนวังหลัง แขวงศิริราช
เขตบางกอกน้อย กรุงเทพฯ 10700

ที่ ศธ 0517.07/ 5816
วันที่ 18 มิ.ย. 2561
เรื่อง ขอความอนุเคราะห์ประชาสัมพันธ์และเชิญเข้าร่วมการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง "Cloud computing pipeline for Exome sequencing"

เรียน อธิการบดี/คณบดี/ผู้อำนวยการ/ประธาน/เลขาธิการ/หัวหน้า

ด้วย ศูนย์วิจัยเป็นเลิศชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลทางคลินิก คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล จัดการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง "Cloud computing pipeline for Exome sequencing" ในระหว่างวันที่ 10 - 11 กันยายน พ.ศ.2561 เวลา 08.00 – 17.00 น. ณ ห้องประชุม 304 – 305 อาคารเฉลิมพระเกียรติ ๘๐ พรรษา ๕ ธันวาคม ๒๕๕๐ (SiMR) ชั้น 3 คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อเพิ่มขีดความสามารถในการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Whole exome และเผยแพร่ความรู้และ pipeline ที่สร้างขึ้นสู่กลุ่มวิจัยต่างๆ ที่มีข้อมูลลำดับเบส Whole exome อยู่แล้วหรือวางแผนที่จะทำการหาลำดับเบสในอนาคต แก่ผู้เข้าร่วมการอบรมเชิงปฏิบัติการจำนวน 30 ท่าน อัตราค่าลงทะเบียนท่านละ 3,000.00 บาท นั้น

ทั้งนี้ ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถเบิกค่าลงทะเบียนและค่าใช้จ่ายต่าง ๆ ได้ตามระเบียบกระทรวงการคลัง และผู้เข้าร่วมการอบรมสามารถเข้าร่วมอบรมได้โดยไม่ถือเป็นวันลา เมื่อได้รับการอนุมัติจากผู้บังคับบัญชา

จึงเรียนมาเพื่อขอเรียนเชิญท่านและบุคลากรในสังกัดของท่านเข้าร่วมการอบรมเชิงปฏิบัติการครั้งนี้ โดยขอความอนุเคราะห์เพื่อโปรดประชาสัมพันธ์ให้บุคลากรในสังกัดของท่านทราบ ผู้สนใจสามารถดูรายละเอียดและสมัครเข้าร่วมการอบรมได้ที่ http://bdm.si.mahidol.ac.th/pipeline2018 หรือสอบถามข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่ ศูนย์วิจัยเป็นเลิศชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลทางคลินิก คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล

ขอขอบพระคุณที่ท่านได้ให้ความอนุเคราะห์มา ณ โอกาสนี้

ขอแสดงความนับถือ

(ศาสตราจารย์ ดร.นพ.ประสิทธิ์ วัฒนาภา)
คณบดีคณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล
๑๕ ส.ค. ๒๕๖๑

(นางสาวนิตยา พวงเงิน)
นักวิชาการ
๑๕ ส.ค. ๒๕๖๑

(นางอรชุดา บูรณปรีชา)
ผู้อำนวยการกองกลาง
ปฏิบัติราชการแทนปลัดกระทรวงสาธารณสุข

นางสาวพรเพ็ญ นุชงาม ผู้ประสานงาน
ศูนย์วิจัยเป็นเลิศชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลทางคลินิก
คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล
โทรศัพท์ 02-419-7000 ต่อ 92685 มือถือ 090-990-5814
E-mail: sibdm@mahidol.ac.th

โครงการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง "Cloud computing pipeline for Exome sequencing"
ระหว่างวันที่ 10 - 11 กันยายน พ.ศ.2561เวลา 08.00 – 17.00 น.
ณ ห้องประชุม 304 – 305 อาคารเฉลิมพระเกียรติ ๘๐ พรรษา ๕ ธันวาคม ๒๕๕๐ (SiMR) ชั้น 3
คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล

1. **หลักการและเหตุผล**

ปัจจุบันการพัฒนาของเทคโนโลยีการหาลำดับเบสแบบใหม่ (Next-Generation Sequencing) สามารถให้ผลการหาลำดับเบสที่มีจำนวนมากและมีความซับซ้อนมากขึ้น ดังนั้นระบบคอมพิวเตอร์พื้นฐานที่ใช้สำหรับจัดการและวิเคราะห์ข้อมูลจำเป็นต้องพัฒนามากขึ้นเพื่อรองรับการวิเคราะห์ข้อมูลได้ถูกต้องและรวดเร็ว การจัดการข้อมูลลำดับเบสทั้งระดับ Whole genome Exome หรือ Transcriptome จำเป็นต้องใช้พื้นที่ในการจัดเก็บขนาดใหญ่ และระบบการคำนวณที่มีกำลังการประมวลผลสูง การวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบสขนาดใหญ่โดยใช้ระบบพื้นฐานสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลที่ติดตั้งในองค์กร (Local Computer Infrastructure) ที่มีประสิทธิภาพไม่เพียงพอในการวิเคราะห์ข้อมูล ทำให้เกิดการใช้ทรัพยากรของระบบการประมวลจำนวนมาก และมักจะใช้เวลานานในการวิเคราะห์ข้อมูล การแก้ปัญหาโดยเพิ่มประสิทธิภาพ Local Computer Infrastructure สามารถทำได้ แต่ต้องใช้งบประมาณจำนวนมาก เนื่องจากระบบมีราคาสูง อีกทั้งยังต้องเสียงบประมาณในการบำรุงรักษาและพัฒนาระบบเพื่อให้ระบบสามารถทำงานได้อย่างมีประสิทธิภาพ ซึ่งในการดูแลระบบประมวลผลขนาดใหญ่นี้ จำเป็นต้องใช้เจ้าหน้าที่ทางด้านเทคโนโลยีสารสนเทศในการทำงาน นอกจากนี้อาจเสี่ยงต่อสถานการณ์ที่มีช่วงเวลาที่ในองค์กรไม่มีความต้องการที่จะวิเคราะห์ข้อมูล ทำให้ระบบถูกตั้งทิ้งไว้ไม่ได้ใช้งานแต่ยังคงต้องมีค่าใช้จ่ายในการบำรุงรักษาระบบอยู่เช่นเดิม

วิธีแก้ปัญหาเหล่านี้ทางหนึ่งคือการเช่าระบบคอมพิวเตอร์มาใช้ตามปริมาณที่ต้องการ โดยปัจจุบันมีระบบการประมวลผลแบบกลุ่มเมฆ (Cloud computing) ที่ตัว Hardware ขนาดใหญ่ของระบบตั้งอยู่ที่ใดที่หนึ่ง ผู้ที่เช่าใช้บริการระบบสามารถลงทะเบียน (Log in) เข้าไปใช้งานเพื่อ ส่งข้อมูลเข้าไปในระบบ ลงโปรแกรม วิเคราะห์ข้อมูล เก็บผลการวิเคราะห์ ผ่านระบบอินเตอร์เน็ทจากที่ใดก็ได้ ทั้งนี้ผู้ใช้งานจะชำระเงินค่าเช่าระบบตามขนาดของระบบประมวลผล และระยะเวลาใช้งานเท่าที่ต้องการเท่านั้นโดยไม่ต้องกังวลในเรื่องของการดูแลรักษาและพัฒนาในส่วน Hardware ของระบบเลย การเช่าระบบคอมพิวเตอร์มาใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลตามปริมาณที่ต้องการนี้ใช้งบประมาณน้อยกว่าการซื้อระบบคอมพิวเตอร์ที่มีกำลังประมวลผลสูงมาติดตั้งเองมาก ซึ่งเหมาะสมกับโครงการวิจัยขนาดเล็กที่ต้องการระบบประมวลผลมาวิเคราะห์ข้อมูลเฉพาะช่วงเวลาที่ดำเนินโครงการ หรือโครงการขนาดใหญ่ที่อาจมีระบบคอมพิวเตอร์กำลังประมวลผลสูงอยู่แล้วแต่ต้องการระบบประมวลผลเพิ่มชั่วคราว

Whole Exome Sequencing เป็นการหาลำดับเบสบริเวณ exon ของทุกยีน (gene) ในจีโนม (genome) ลำดับเบสบริเวณ exon ถูกใช้เป็นต้นแบบสร้างสาย mRNA สำหรับการสังเคราะห์โปรตีน การเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส (mutation) ในส่วน exon เป็นสาเหตุของความผิดปกติทางพันธุกรรมหลายชนิด ดังนั้นการศึกษาข้อมูลลำดับเบส whole exome จึงมีความสำคัญทั้งในแง่ของการตรวจหา mutation ที่เกี่ยวข้องกับความผิดปกติทางพันธุกรรม (Genetic marker) หรือวินิจฉัยความผิดปกติทางพันธุกรรมที่พบได้ยาก (Rare genetic disorder)

ในการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Whole exome เพื่อให้ได้ผลการวิเคราะห์ที่รวดเร็วและถูกต้องน่าเชื่อถือต้องประกอบด้วยสองส่วนที่สำคัญคือ ระบบคอมพิวเตอร์ที่มีกำลังประมวลผลสูงพอรองรับปริมาณข้อมูลลำดับเบส Whole exome ได้ และโปรแกรมทางชีวสารสนเทศที่เหมาะสมในการวิเคราะห์ข้อมูล โดยปัจจุบันจำนวนของข้อมูลลำดับเบสในระดับ Whole exome ถูกนำมาใช้ในงานวิจัยเพิ่มขึ้นอย่างมาก อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์ข้อมูลเหล่านี้จนได้ผลข้อมูลในระดับที่ต้องการนั้นยังไม่พบว่าทำได้โดยง่ายในหลายๆ โครงการวิจัย ปัญหานี้ทำให้ลดความก้าวหน้าของงานวิจัยในโครงการที่ต้องใช้ข้อมูลประเภทนี้ แต่ขาดคนวิเคราะห์ข้อมูล หรือวิธีวิเคราะห์ข้อมูลทางชีวสารสนเทศที่เหมาะสม ดังนั้นการสร้าง pipelines และ workflows อัตโนมัติ ที่ผ่านการตั้งค่าโปรแกรมที่เหมาะสมเพื่อรองรับการวิเคราะห์ข้อมูล และติดตั้งบนระบบคอมพิวเตอร์ที่มีกำลังประมวลผลสูงที่มีความยืดหยุ่นในการลดหรือขยายขนาด

และเสียค่าใช้จ่ายเท่าที่ใช้จริง ก็จะทำให้การวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Whole exome เป็นไปได้อย่างมีประสิทธิภาพสูงสุดทั้งในแง่ของผลการวิเคราะห์ข้อมูลและค่าใช้จ่ายที่เกิดขึ้น

เพื่อเพิ่มขีดความสามารถในการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Whole exome ของนักศึกษา อาจารย์ นักวิจัยในหน่วยงานหรือองกรค์ที่ต้องใช้ข้อมูลในระดับ Whole exome ได้อย่างมีประสิทธิภาพ หน่วยชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลวิจัย งานวิจัย คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล จัดการประชุมเชิงปฏิบัติการเรื่อง "Cloud computing pipeline for Exome sequencing" เพื่ออบรมการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Human Whole exome โดยใช้ pipeline อัตโนมัติที่หน่วยฯ สร้างขึ้นโดยใช้ GATK Best Practices ของ Broad Institute และวิเคราะห์ข้อมูลบนระบบ Cloud computing โดยการอบรมจะเริ่มตั้งแต่การดาวน์โหลดและติดตั้ง Pipeline บนระบบ Cloud computing ที่เตรียมไว้ให้ การนำข้อมูลเข้าไปวิเคราะห์ด้วย pipeline อัตโนมัติบนระบบ Cloud computing และเก็บผลการวิเคราะห์ข้อมูล

2. **วัตถุประสงค์**

   2.1 เพื่อเพิ่มขีดความสามารถในการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Whole exome ของผู้เข้าร่วมการอบรมที่ต้องใช้ข้อมูลในระดับ Whole exome

   2.2 เพื่อเผยแพร่ความรู้และ pipeline ที่สร้างขึ้นสู่กลุ่มวิจัยต่างๆ ที่มีข้อมูลลำดับเบส Whole exome อยู่แล้วหรือวางแผนที่จะทำการหาลำดับเบสในอนาคต

3. **หน่วยงานที่รับผิดชอบ**

   ศูนย์วิจัยเป็นเลิศชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลทางคลินิก สำนักงานรองคณบดีฝ่ายวิจัย
   คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล

4. **วัน เวลา และสถานที่จัดประชุม**

   วันที่ 10 ~ 11 กันยายน พ.ศ.2561 เวลา 08.00 – 17.00 น.
   ณ ห้องประชุม 304 – 305 อาคารเฉลิมพระเกียรติ ๘๐ พรรษา ๕ ธันวาคม ๒๕๕๐ (SiMR) ชั้น 3
   คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล

5. **ผู้เข้าร่วมประชุมและค่าลงทะเบียน**

   อาจารย์ นักวิจัย นักวิทยาศาสตร์ นักศึกษา และผู้ที่สนใจทั่วไป จำนวน 30 ท่าน อัตราค่าลงทะเบียน ท่านละ 3,000.00 บาท

6. **รูปแบบและหัวข้อการจัดอบรม**

   6.1 **รูปแบบการจัดอบรม**

   เป็นการจัดอบรมเชิงปฏิบัติการ มีการบรรยายและการปฏิบัติตามที่วิทยากรได้สอน พร้อมมีเอกสารประกอบการอบรม เปิดโอกาสให้ผู้เข้าอบรมถาม – ตอบ และแสดงความคิดเห็น

   6.2 **หัวข้อที่ใช้ในการอบรม**

   '6.2.1 Overview of exome analysis pipeline
   6.2.2 Exome analysis pipeline installation
   6.2.3 Pre-analysis: Data preparation and quality control
   6.2.4 Exome analysis pipeline demonstration
   6.2.5 Post-analysis: Results interpretation

7. **วิทยากร**

7.1 Assistant Professor Prapat Suriyaphol, Center of Excellence in Bioinformatics and Clinical Data Management, Research of Division, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok, Thailand.

7.2 Assistant Professor Bhoom Suktitipat, Center of Excellence in Bioinformatics and Clinical Data Management, Research of Division, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok, Thailand.

7.3 Dr.Harald Grove, Center of Excellence in Bioinformatics and Clinical Data Management, Research of Division, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok, Thailand.

7.4 Dr.Dumrong Mairiang, National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, National Science and Technology Development Agency, Pathumthani, Thailand.

7.5 Dr.Kwanrutai Mairiang, Center of Excellence in Bioinformatics and Clinical Data Management, Research of Division, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok, Thailand.

8. **การประเมินโครงการ**

ผู้เข้าร่วมการอบรมกรอกแบบสำรวจความพึงพอใจ

9. **ผลที่คาดว่าจะได้รับ**

9.1. ผู้เข้าร่วมการอบรมมีทักษะและความรู้ความเข้าใจมากขึ้นในเรื่องการวิเคราะห์ข้อมูลลำดับเบส Human Whole exome

9.2. ผู้เข้าร่วมการอบรมสามารถนำ pipeline อัตโนมัติที่ได้จากการอบรมไปใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูล Whole exome ในงานวิจัยได้จริง

CLOUD COMPUTING PIPELINE FOR EXOME SEQUENCING WORKSHOP

10 - 11 กันยายน พ.ศ.2561
เวลา 08.00 - 17.00 น.

ณ ห้องประชุม 304 - 305 อาคารเฉลิมพระเกียรติ ๘๐ พรรษา ๕ ธันวาคม ๒๕๕๐ (SIMR) ชั้น 3
คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล

มหาวิทยาลัยมหิดล
คณะแพทยศาสตร์
ศิริราชพยาบาล

BDM
DIVISION OF BIOINFORMATICS AND DATA MANAGEMENT FOR RESEARCH

genomax Technologies

cisco

dimension data

NTT Communications
Transform. Transcend.

คุณกำลังประสบปัญหาเหล่านี้อยู่หรือไม่

- คุณมีข้อมูล EXOME หรือกำลังวางแผนทำ EXOME SEQUENCING
- คุณไม่แน่ใจว่าจะวิเคราะห์ข้อมูลอย่างไร
- คุณไม่มีนักชีวสารสนเทศในทีม
- คุณไม่มีงบประมาณสำหรับซื้อ SOFTWARE สำหรับวิเคราะห์
- คุณไม่มี IT INFRASTRUCTURE สำหรับวิเคราะห์ข้อมูล

ข่าวดี คุณจะไม่ต้องประสบปัญหาเหล่านี้อีกต่อไป

เพียงแค่คุณสมัครเข้าร่วมการอบรมครั้งนี้ คุณจะได้รับ

- CLOUD COMPUTING ACCOUNT
- PIPELINE สำหรับวิเคราะห์ข้อมูล EXOME
- ประสบการณ์ตรงในการเรียนรู้วิธีติดตั้ง PIPELINE บนระบบ CLOUD และการวิเคราะห์ข้อมูล EXOME

หัวข้อการอบรม

- OVERVIEW OF EXOME ANALYSIS PIPELINE
- INSTALLATION
- DATA PREPARATION AND QUALITY CONTROL
- DEMONSTRATION
- RESULTS INTERPRETATION

โดยทีมวิทยากรผู้เชี่ยวชาญจากศูนย์วิจัยเป็นเลิศชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลทางคลินิก
คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล

อัตราค่าลงทะเบียนท่านละ 3,000 บาท
สามารถสมัคร ONLINE ได้ตั้งแต่บัดนี้ จนถึง วันที่ 27 สิงหาคม 2561
รับจำกัด 30 ที่นั่งเท่านั้น

สอบถามข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่
ศูนย์วิจัยเป็นเลิศชีวสารสนเทศและจัดการข้อมูลทางคลินิก
คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล
ห้อง 205 อาคารเฉลิมพระเกียรติ ๘๐ พรรษา ๕ ธันวาคม ๒๕๕๐ (SiMR) ชั้น 2
เลขที่ 2 ถนนวังหลัง แขวงศิริราช เขตบางกอกน้อย กรุงเทพฯ 10700
02-419-7000 ต่อ 92685 sibdm@mahidol.ac.th

bdm.si.mahidol.ac.th/pipeline2018