



โครงการอบรมเชิงปฏิบัติการ

เรื่อง R for Bioinformatics and Data Visualization

ระหว่างวันที่ 5 - 6 ตุลาคม 2560

จัดโดย ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

1. ความเป็นมา/หลักการและเหตุผล

เนื่องจากความก้าวหน้าของเทคโนโลยี high throughput sequencing ในปัจจุบันทำให้งานวิจัยที่ใช้เทคโนโลยีนี้ผลิตข้อมูลดิบออกมาเป็นปริมาณมหาศาล ในกระบวนการวิจัยจำเป็นต้องรวบรวมและจัดเก็บข้อมูล วิเคราะห์ข้อมูลและสถิติ แสดงผลในรูปแบบที่มีความหมาย ทำรูปและตารางสำหรับเผยแพร่และตีพิมพ์ผลงานวิจัย ดังนั้นนักวิจัยจำเป็นต้องใช้ซอฟต์แวร์เฉพาะทางเพื่อช่วยจัดการข้อมูลดังกล่าว

R เป็นภาษาเขียนโปรแกรมสำหรับการคำนวณเชิงสถิติและกราฟิกส์ ผู้ใช้งานระบบปฏิบัติการหลัก เช่น UNIX, Windows, MacOS สามารถใช้ R ได้ฟรีโดยไม่มีค่าใช้จ่าย ปัจจุบันการวิเคราะห์ข้อมูลส่วนใหญ่จำเป็นต้องใช้โปรแกรม R ดังนั้นจึงควรจัดอบรมเชิงปฏิบัติการให้แก่อาจารย์ นักวิจัย นักศึกษา และผู้สนใจทั่วไป

2. วัตถุประสงค์และขอบเขตของโครงการ

เพื่อให้ผู้ผ่านการอบรมสามารถใช้ R รวบรวมและจัดเก็บข้อมูล วิเคราะห์ข้อมูลและสถิติ แสดงผลในรูปแบบที่มีความหมาย ทำรูปและตารางสำหรับเผยแพร่และตีพิมพ์ผลงานวิจัย รวมถึงนำความรู้ที่ได้จากการอบรมไปประยุกต์ใช้ในการศึกษาและงานวิจัยของผู้อบรมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

3. หัวข้อการอบรม/สัมมนา

วันที่ 1: วันพฤหัสบดีที่ 5 ตุลาคม 2560

- How to install R / R Studio / R Packages
- A brief introduction to R
- DNA sequence statistics
- Sequence databases
- Pairwise sequence alignment
- Multiple alignment and phylogenetic trees
- Computational gene-finding
- Comparative genomics
- Hidden Markov models
- Protein-protein interaction graphs

วันที่ 2: วันศุกร์ที่ 6 ตุลาคม 2560

- Statistical graphics
- Principal Component Analysis (PCA), Principal Coordinate Analysis (PCoA)
- Basic statistics
- Linear models
- Nonlinear models
- Heatmaps
- Time series and autocorrelation
- Clustering

เอกสารอ้างอิง

- Avril Coghlan, A Little Book of R For Bioinformatics, (2017).
<https://media.readthedocs.org/pdf/a-little-book-of-r-for-bioinformatics/latest/a-little-book-of-r-for-bioinformatics.pdf>
- Jared P. Lander, R for Everyone, Addison-Wesley (2014).

หมายเหตุ: อาจมีการปรับเปลี่ยนหัวข้อและระยะเวลาในแต่ละหัวข้อของการอบรมได้ตามความเหมาะสม

4. วิธีการจัดอบรมและสัมมนา

เป็นการจัดอบรมเชิงปฏิบัติการ โดยแบ่งการอบรมเป็น ภาคบรรยายและภาคปฏิบัติ โดยในภาคปฏิบัติ นั้น ผู้เข้าอบรมจะได้ลงมือปฏิบัติการการใช้โปรแกรม R เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลต่างๆ

5. ระยะเวลา ในการดำเนินงาน และการจัดฝึกอบรม/สัมมนา

5.1. ระยะเวลาในการเตรียมงาน ระหว่างวันที่ 1 สิงหาคม ถึง 13 ตุลาคม 2560

5.2. ระยะเวลาในการจัดอบรม ระหว่างวันที่ 5 ถึง 6 ตุลาคม 2560

6. สถานที่

ห้อง Computer 2 ชั้น 5 อาคารมหาวชิราวุธ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

7. คุณสมบัติผู้เข้าร่วมอบรม/สัมมนา

7.1. อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา หรือผู้สนใจ ในสาขาวิทยาศาสตร์ที่มีความรู้พื้นฐาน เกี่ยวกับการวิเคราะห์ลำดับเบส

7.2. อาจารย์ นักวิจัย นักวิชาการ นิสิต/นักศึกษา หรือผู้สนใจ ที่กำลังทำวิจัยเพื่อศึกษาและวิเคราะห์ ข้อมูลทางด้านวิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ ที่ต้องการใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ข้อมูล

7.3 ผู้เข้าร่วมอบรมควรมีพื้นฐานการใช้คอมพิวเตอร์ หรือการเขียนโปรแกรมมาบ้าง

8. จำนวนผู้เข้าร่วมอบรม และ ค่าลงทะเบียน

จำนวนผู้เข้าร่วมการอบรม 65 คน โดยมีระยะเวลาการลงทะเบียน และจัดเก็บค่าลงทะเบียน ดังนี้

ระยะเวลาการลงทะเบียน	อัตราการลงทะเบียน
วันที่ 1 สิงหาคม ถึง 15 กันยายน 2560	3,500 บาท (สำหรับนิสิต/นักศึกษา)
วันที่ 1 สิงหาคม ถึง 15 กันยายน 2560	4,500 บาท
วันที่ 16 ถึง 25 กันยายน 2560	4,500 บาท (สำหรับนิสิต/นักศึกษา)
วันที่ 16 ถึง 25 กันยายน 2560	5,500 บาท

** สิ้นสุดการรับลงทะเบียนในวันที่ 25 กันยายน 2560

9. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

9.1. ผู้เข้าร่วมอบรมมีความรู้และความเข้าใจ ในการใช้โปรแกรม R เพื่อการวิเคราะห์ข้อมูลต่างๆ ทางด้านวิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ

9.2. ผู้เข้าร่วมอบรมสามารถนำความรู้ที่ได้ไปประยุกต์ใช้กับงานวิจัยของตนเองได้อย่างมีประสิทธิภาพ

10. หน่วยงานที่รับผิดชอบ

ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย