

แบบฟอร์มแจ้งความประสงค์การใช้งบประมาณสำหรับการพัฒนาบุคลากรคณะวิทยาศาสตร์
ประจำปีงบประมาณ พ.ศ.๒๕๕๖

ข้าพเจ้า น.ส. ช่อทิพย์ สกุลสิงห์โรจน์ ตำแหน่ง ผู้ช่วยศาสตราจารย์สังกัด สภามหาวิทยาลัย
ได้ขออนุญาตเข้าร่วม(อบรม/สัมมนา/ประชุมวิชาการ/ศึกษาดูงาน) ตามหนังสือขออนุญาต เลขที่ ศธ.๐๕๒๓.๔. ๙.๑./ ๐๕๕
ลงวันที่ ๗ พ.ค. ๒๕๕๖ โดยการเข้าร่วม(อบรม/สัมมนา/ประชุมวิชาการ/ศึกษาดูงาน) ดังกล่าว ข้าพเจ้ามีความประสงค์จะ

☐ ไม่ใช้งบประมาณของคณะวิทยาศาสตร์หรือมหาวิทยาลัย ☐ ใช้งบส่วนตัว
☐ ใช้งบประมาณจากแหล่งอื่น คือ
☒ ใช้งบประมาณในส่วนของการพัฒนาบุคลากรคณะวิทยาศาสตร์ และในการนี้จะมีเอกสารประกอบตาม
เงื่อนไขของแต่ละกรณี (โปรดทำเครื่องหมาย ✓ หน้าข้อที่ท่านเลือก)

- ☐ กรณีที่ ๑ ไม่มีเอกสารใด ๆ เสนอคณะฯ (คนละไม่เกิน ๖,๐๐๐ บาท)
- ☐ กรณีที่ ๒ มีเอกสารรายงานสรุปเนื้อหา (คนละไม่เกิน ๔,๐๐๐ บาท) โดยจัดส่งเอกสาร
รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ อย่างน้อย ๑ หน้ากระดาษ A๔
- ☐ กรณีที่ ๓ เข้าร่วมนำเสนอผลงานวิชาการ
- คนละไม่เกิน ๑๕,๐๐๐บาท (สำหรับสายวิชาการ)
- คนละไม่เกิน ๑๐,๐๐๐บาท (สำหรับสายสนับสนุนวิชาการ)
โดยจะจัดส่งหนังสือตอบรับการเข้าร่วมนำเสนอผลงานฯ พร้อมด้วยเอกสารดังต่อไปนี้
☐ บทคัดย่อ หรือ สำเนาโปสเตอร์(ย่อขนาด A๔) หรือบทความฯ ฉบับเต็ม
☐ รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ อย่างน้อย ๑ หน้ากระดาษ A๔
☐ เอกสารอื่น ๆ (โปรดระบุ).....
- ☒ กรณีที่ ๔ เข้าอบรมเชิงปฏิบัติการ
- คนละไม่เกิน ๑๕,๐๐๐บาท (สำหรับสายวิชาการ)
- คนละไม่เกิน ๑๐,๐๐๐บาท (สำหรับสายสนับสนุนวิชาการ)
โดยจะจัดส่งหนังสือตอบรับการเข้าร่วมนำเสนอผลงานฯ พร้อมด้วยเอกสารดังต่อไปนี้
☐ สำเนาใบรับรอง หรือ หนังสือรับรอง จากการเข้าอบรมฯ
☒ รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ อย่างน้อย ๑ หน้ากระดาษ A๔
☐ สำเนาใบประกาศนียบัตร หรือ เกียรติบัตร
☐ เอกสารอื่น ๆ (โปรดระบุ).....

ช่อทิพย์ สกุลสิงห์โรจน์ ผู้ขออนุญาต
นางสาวช่อทิพย์ สกุลสิงห์โรจน์
๗ / พ.ค. / ๒๕๕๖

ศาสตราจารย์ ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน
(น.ส. ศาสตราจารย์ ดร.ศุภลักษณ์)
๗ / พ.ค. / ๒๕๕๖

หมายเหตุ : ๑. งบประมาณที่ใช้สำหรับการพัฒนาบุคลากร หมายถึงรวมถึงค่าใช้จ่ายทุกประเภทที่ใช้ในการเข้าร่วมการอบรม/สัมมนา/ประชุม เช่น
ค่าลงทะเบียน ค่าใช้จ่ายในการเดินทาง และอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้อง

๒. การใช้งบประมาณพัฒนาบุคลากรในที่คณะวิทยาศาสตร์จัดสรร ให้ถือปฏิบัติตามเงื่อนไขที่กำหนดไว้ในแต่ละกรณี

(ฉบับใหม่ ณ วันที่ ๕ ตุลาคม ๒๕๕๕)

รายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าอบรม สัมมนา หรือประชุมวิชาการ

ข้าพเจ้านางสาวช่อทิพา สกุลงสิงหาโรจน์ ตำแหน่ง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สังกัดสาขาวิชา พันธุศาสตร์ ขอนำเสนอรายงานสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์จากการเข้าร่วมอบรมเชิงปฏิบัติการ เรื่อง World-Wide-Web Bioinformatics สำหรับการวิเคราะห์ดีเอ็นเอและโปรตีน เมื่อวันที่ ๒๐-๒๒ พฤษภาคม ๒๕๕๖ ณ ศูนย์บริการมัลติมีเดีย สำนักคอมพิวเตอร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพมหานคร ตาม หนังสือขออนุญาตเดินทางไปราชการ เลขที่ศธ.๐๕๒๓.๔.๙.๑/๐๕๕ ลงวันที่ ๗ พฤษภาคม ๒๕๕๖ ซึ่งการเข้าร่วมอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังกล่าวข้าพเจ้าได้เลือกใช้งบประมาณการพัฒนาบุคลากรตามกรณีที่ ๔ ดังนั้นจึงขอนำเสนอสรุปเนื้อหาและการนำไปใช้ประโยชน์ของการอบรมเชิงปฏิบัติการ ดังต่อไปนี้

รายงานการอบรมเชิงปฏิบัติการเรื่อง

World-Wide-Web Bioinformatics สำหรับการวิเคราะห์ดีเอ็นเอและโปรตีน

วันที่ ๒๐-๒๒ พฤษภาคม ๒๕๕๖ ณ ศูนย์บริการมัลติมีเดีย สำนักคอมพิวเตอร์

มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กทม

ชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) เป็นศาสตร์ที่ใช้ความรู้ด้านเทคโนโลยีสารสนเทศมาจัดการและเก็บ ข้อมูลจำนวนมากที่ได้จากการทดลองทางชีวภาพ การประยุกต์ใช้ความรู้ทางด้านชีวสารสนเทศจะทำให้ สามารถสืบค้นข้อมูลของยีนและโปรตีนได้อย่างถูกต้องและรวดเร็ว เป็นประโยชน์ต่อการเข้าใจโครงสร้างและ การทำงานของยีนและโปรตีนในสิ่งมีชีวิต และอาจทำให้ค้นพบยีนหรือโปรตีนชนิดใหม่ได้ซึ่งจะเป็นประโยชน์ ทางด้านการแพทย์ และการเกษตรเป็นอย่างดี

ฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ (Nucleotide Sequence Database)

ข้อมูลของดีเอ็นเอและ mRNA จะถูกเก็บรวบรวมอยู่ในฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ ฐานข้อมูลลำดับ นิวคลีโอไทด์ที่นิยมใช้อย่างกว้างขวาง มี ๓ ฐานข้อมูลหลัก คือ

๑. GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)
๒. European Molecular Biology Laboratory (EMBL) (<http://www.ebi.ac.uk/embl/>)
๓. DNA Databank of Japan (DDBJ) (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)

ทั้ง ๓ ฐานข้อมูล มีการแลกเปลี่ยนข้อมูลของลำดับนิวคลีโอไทด์ซึ่งกันและกัน และมีการปรับข้อมูลให้ ทันสมัยอยู่ตลอดเวลา ดังนั้น ฐานข้อมูล GenBank, EMBL และ DDBJ ประกอบด้วยข้อมูลเดียวกันแต่ต่างกันใน รูปแบบการจัดเก็บข้อมูล หน้าเว็บ และการแสดงผลการค้นหาที่ต่างกัน

ฐานข้อมูลโปรตีน (Protein Database)

การศึกษาโครงสร้างและหน้าที่ของโปรตีนทั้งหมดที่ได้จากการแปลรหัสจากยีนในเซลล์ของสิ่งมีชีวิต เรียกว่า โปรตีโอมิกส์ (Proteomics) เป็นประโยชน์อย่างมากต่อการศึกษาหน้าที่และการแสดงออกของยีน การแสดงออกของยีนอาจเกิดได้มากกว่าหนึ่งรูปแบบ เนื่องจากการเกิด mRNA splicing ทำให้สร้างโปรตีนได้หลายชนิด นอกจากนี้ ยังมีการดัดแปลงโปรตีน (post-translational modification) เกิดได้หลายแบบ ทำให้โปรตีนมีสมบัติแตกต่างกัน โปรตีโอมิกส์จึงช่วยอธิบายหน้าที่ของยีนในเซลล์ได้ เมื่อนำชีวสารสนเทศมาใช้ในการเก็บข้อมูลของโปรตีนที่ได้จากการทดลอง ช่วยให้การค้นหาข้อมูลและการศึกษาด้านโปรตีนทำได้เป็นระบบและรวดเร็วขึ้น ฐานข้อมูลหลักที่ใช้ค้นหาข้อมูลโปรตีน ได้แก่ UniProtKB (SwissProt/TrEMBL), InterPro, Prosite, Pfam, Jpred และ PDB

การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโน (Sequence Alignment และ Blast)

การศึกษาโปรตีนหรือโปรตีนโดยศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการหรือความเกี่ยวข้องกับยีนหรือโปรตีนอื่นอย่างไร จะช่วยให้สามารถศึกษาหน้าที่ โครงสร้าง และการทำงานของยีนหรือโปรตีนที่เราสนใจได้ วิธีการศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ ได้แก่ การเปรียบเทียบความเหมือน (identity) หรือความคล้าย (similarity) ของลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโน การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโน แบ่งออกเป็น ๒ แบบ

๑. Pairwise sequence alignment (PSA) คือ การเปรียบเทียบ ๒ sequences
๒. Multiple sequence alignment (MSA) คือ การเปรียบเทียบมากกว่า ๒ sequences ขึ้นไป

Basic local alignment search tool (BLAST)

โปรแกรม BLAST เป็นการทำ PSA แบบ local โดยจะนำ sequence ที่ได้จากการทดลอง (query) มาเปรียบเทียบกับแต่ละ sequence ที่มีในฐานข้อมูล (target) โปรแกรม BLAST ประกอบด้วยโปรแกรมส่วนย่อย ได้แก่ nucleotide BLAST (BLASTn), protein BLAST (BLASTp), BLASTx, tBLASTn และ tBLASTx

Multiple sequence alignment และ Phylogeny

Multiple sequence alignment เป็นการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์หรือลำดับกรดอะมิโนมากกว่าสองลำดับขึ้นไป โดยเปรียบเทียบทีละคู่เพื่อหาคู่ที่มีความคล้ายคลึงกันมากที่สุดและนำมาเรียงต่อกันตามลำดับ มีประโยชน์อย่างมาก เช่น เปรียบเทียบหาลักษณะอนุรักษ์ (conserved sequence regions) และ motif และวิเคราะห์ลำดับชั้นของวิวัฒนาการของยีนหรือโปรตีนแต่ละชนิดในสิ่งมีชีวิตต่าง ๆ ได้ (phylogenetic analysis) โปรแกรมที่นิยมใช้สำหรับ multiple sequence alignment คือ Clustalw (www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/)

ในการอบรมครั้งนี้ทำให้ได้รู้จักซอฟต์แวร์ที่เป็นประโยชน์สำหรับการสืบค้นข้อมูลและวิเคราะห์ลำดับดีเอ็นเอและโปรตีนบนอินเทอร์เน็ต และช่วยเสริมสร้างทักษะการใช้งานชีวสารสนเทศบนอินเทอร์เน็ตได้เป็นอย่างดี

ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์
(นางสาวช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์)
11 / ส.ช. / 2556

ความคิดเห็นของผู้บังคับบัญชาชั้นต้น (ประธานหลักสูตร/เลขานุการคณะ/หัวหน้างาน)

ศ.ดร.ช่อทิพา สกุลสิงหาโรจน์
.....
.....

แสงทอง พงษ์เจริญกิต
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. แสงทอง พงษ์เจริญกิต)
12 / ส.ช. / 2556

ความคิดเห็นของคณบดีคณะวิทยาศาสตร์หรือผู้แทน

.....
.....

.....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ฟิ่งพร เนียมทรัพย์)
...../...../.....



มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ประกาศนียบัตรฉบับนี้ให้ไว้เพื่อแสดงว่า

นางสาว ช่อทิพา สุกุลสิงหาโรจน์

ได้ผ่านการฝึกอบรมหลักสูตร

World-Wide-Web Bioinformatics

สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลและโปรตีน

ระหว่างวันที่ ๒๐-๒๒ พฤษภาคม ๒๕๕๖

Handwritten signature

(ดร.เนนพพร คุณากร)

หัวหน้าฝ่ายเครื่องมือและวิจัยทางวิทยาศาสตร์

Handwritten signature

(ศาสตราจารย์ ดร.อุทัยรัตน์ ณ นคร)

ผู้อำนวยการ

สถาบันวิจัยและพัฒนาเทคโนโลยีเกษตรศาสตร์