

Aligning Genomic Ecosystem for South Thai Genome

Surasak Sangkhathat MD PhD

Translational Medicine Research Center
Prince of Songkla University



We Serve Research



Explore • Commit • Discover



Variants Associated with Infantile Cholestatic Syndromes Detected in Extrahepatic Biliary Atresia by Whole Exome Studies: A 20-Case Series from Thailand

Surasak Sangkhathat¹ Wison Laochareonsuk¹ Wanwisa Maneechay² Kanita Kayasut³
Piyawan Chiengkriwate¹

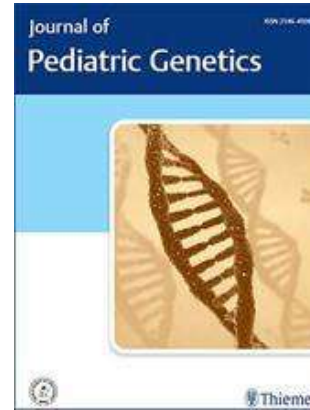


Table 2 Clinical and pathological characteristics of the 11 BA cases with rare variants of the genes studied

Serial no.	Mutated gene	Sex	Initial bilirubin (DB/TB) (mg/dL) and serology	Age ^a (d)	Jaundice clearance	Last follow-up age	Follow-up remarks
B2	<i>JAG1</i> <i>ABCC2</i>	M	10.57/11.41 CMV-IgG and IgM positive	41	Not improved	6 mo (loss)	Early cirrhosis at 6 mo, lost to follow-up
B6	<i>UGT1A1</i>	M	11.92/12.75	77	jaundice free	13 y	Late portal hypertension and hypersplenism at 10 y, improved after splenic embolization
B7 ^b	<i>JAG1</i>	F	9.12/9.12	77	Improved	8 y	Late portal hypertension and esophageal varices, underwent transplantation at 9 y
B8	<i>MYO5B</i>	M	13.47/19.05 HBsAg positive	149	Not improved	6 mo	Early cirrhosis, died of gram-negative sepsis
B52	<i>MYO5B</i>	F	11.25/14.48	120	jaundice free	8 y	Late portal hypertension and hypersplenism
B67	<i>JAG1</i>	F	13.03/13.85	178	-	-	Operative death at postop day 22 due to massive ascites and gram-negative sepsis
B73	<i>RFX6</i>	M	13.56/15.38	65	jaundice free	5 y	Doing well
B80	<i>MLL2</i>	F	18.73/19.36 CMV-IgG and IgM positive	84	Not improved	8 mo	Died of respiratory syncytial virus associated pneumonia
B86	<i>ERCC4</i>	M	6.21/7.95	54	Not improved	1 y (dead)	Early cirrhosis at 6 mo, lost to follow-up
B95	<i>KCNH1</i> , <i>JAG1</i>	F	16.29/16.80 Toxoplasma IgG positive	123	Not improved	2 y	Portal hypertension, ascites
B101	<i>ABCB11</i>	F	11.43/12.47	142	Not improved	1 y	Early cirrhosis at 6 mo

20 DNA samples from pathologically compatible BA read by WES

13 significant variants in 11 genes
JAG1 was the most common variants
3 in 4 cases with JAG1 mutations had early failure

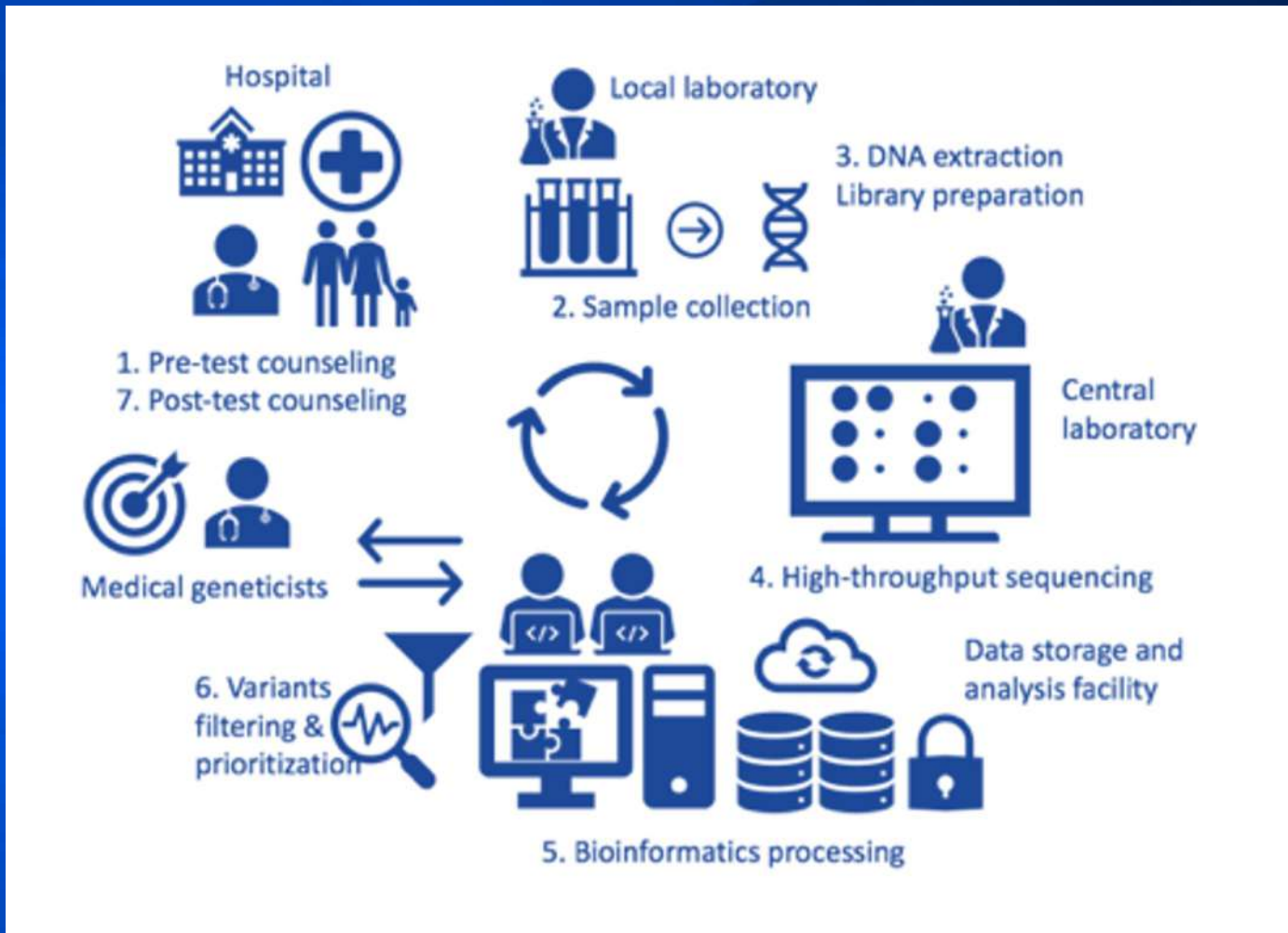
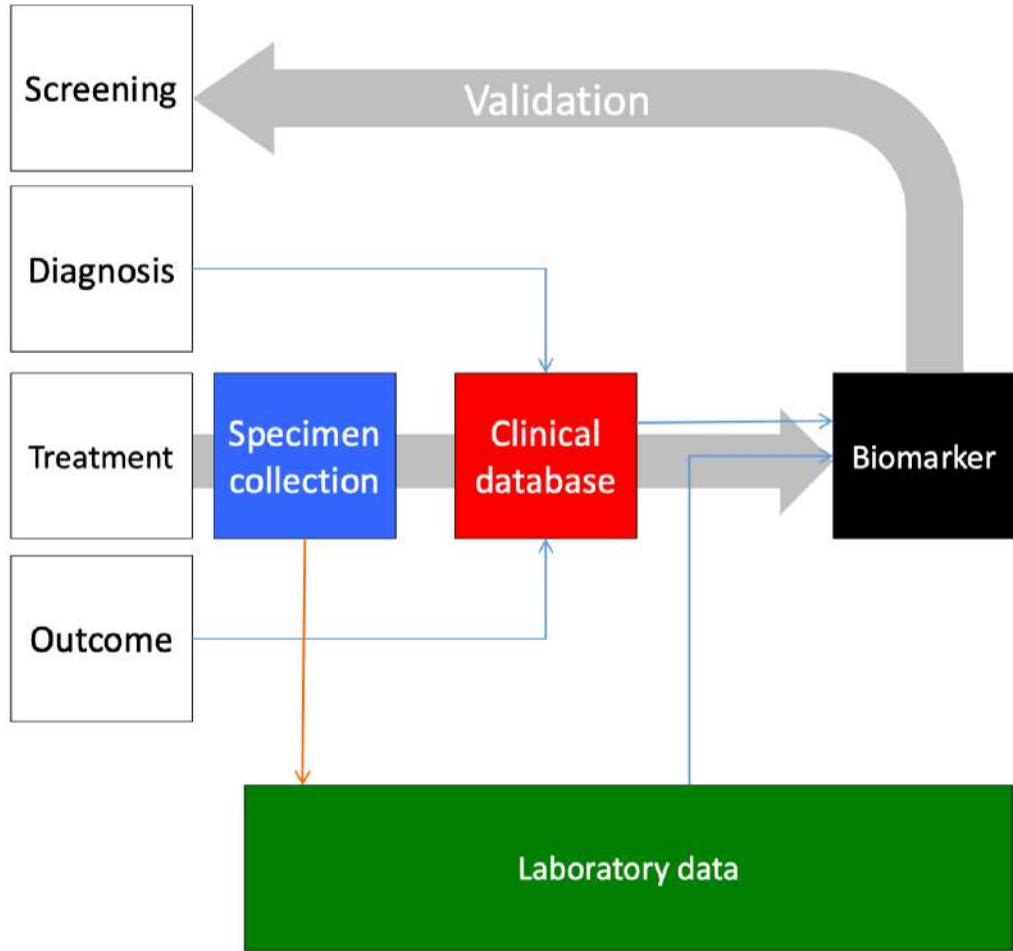
Abbreviations: BA, biliary atresia; CMV, cytomegalovirus; DB, direct bilirubin; IgG, immunoglobulin G; IgM, immunoglobulin M; TB, total bilirubin.
Note: Age^a: age at operation date; B7^b, BA with associated congenital cardiac defects.



รูปที่ 10 (บน) พิธีลงนามความร่วมมือระหว่างกระทรวงสาธารณสุข กระทรวงวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี กระทรวงศึกษาธิการ มหาวิทยาลัย แพทยสภา และองค์กรอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้อง เมื่อวันที่ 16 มีนาคม พ.ศ. 2561, (ล่าง) การประชุมเชิงปฏิบัติการ การจัดทำแผนปฏิบัติการระดับชาติด้านการแพทย์แบบจีโนมิกส์/การแพทย์แม่นยำ เมื่อวันที่ 14-15 มิถุนายน พ.ศ. 2561



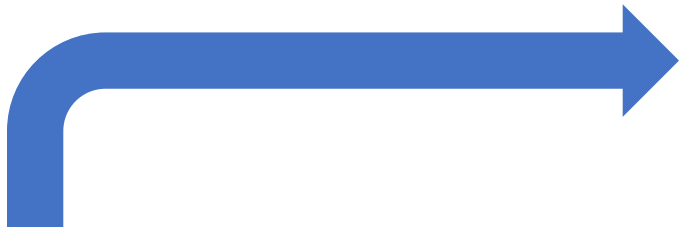
Setting up an ecosystem: From research to service



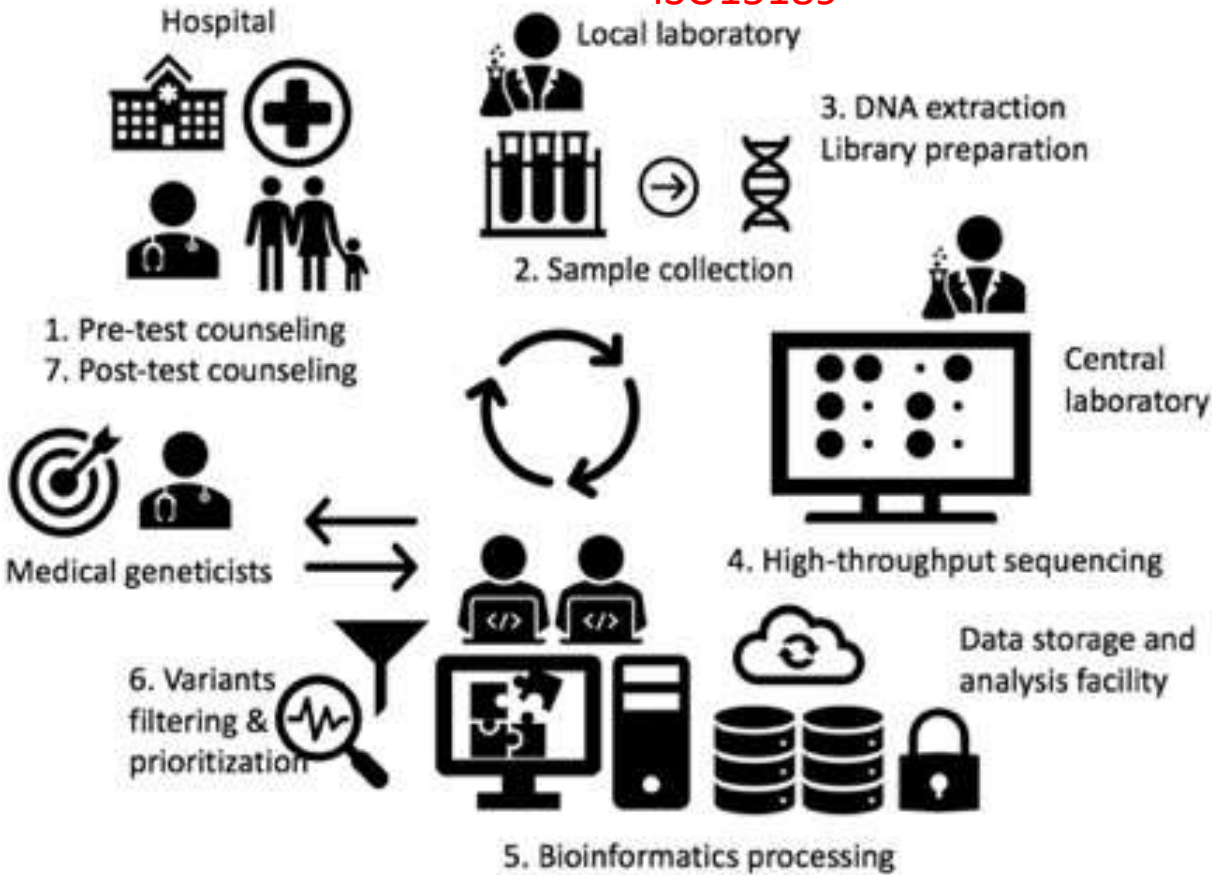
South Thai Genome Project



- สถาบันวิจัยระบบสาธารณสุข (สวรส.) ภายใต้แผนจีโนมิกส์ประเทศไทย
- เขตสุขภาพที่ 12 ประกอบด้วยจังหวัด ตรัง พัทลุง สตูล สงขลา ปัตตานี ยะลา นราธิวาส
- กลุ่มโรคที่ศึกษา
 - โรคพบน้อยหรือให้การวินิจฉัยยาก (rare disease)
 - โรคมะเร็งทางพันธุกรรม (familial cancer)
 - เภสัชพันธุศาสตร์ (pharmacogenomics)
- เครื่องมือสนับสนุนการวินิจฉัยทางคลินิก (clinical genomics)
- ข้อมูลสำหรับการสร้างฐานข้อมูลความถี่พหุรูปนิวคลีโอไทด์เดี่ยว (minor allele frequency)

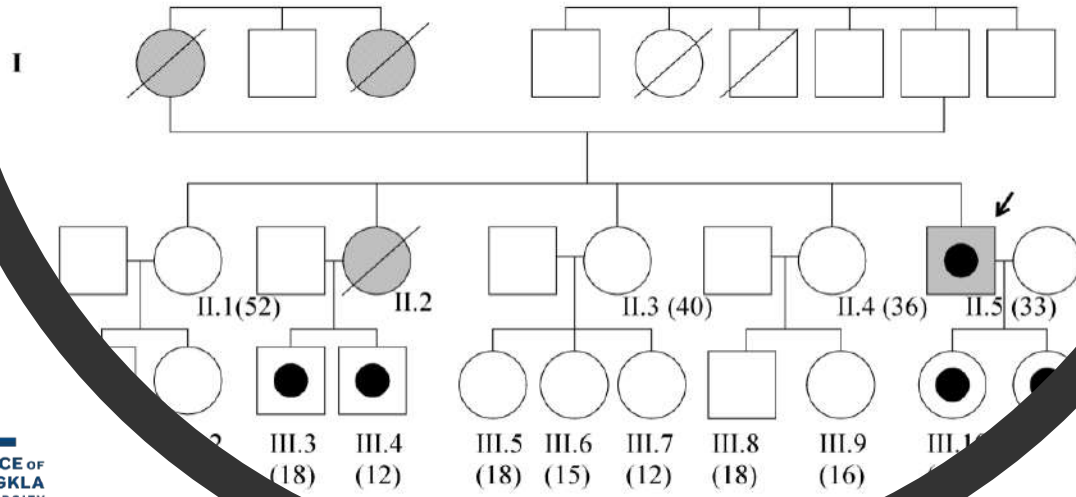


ISO15189

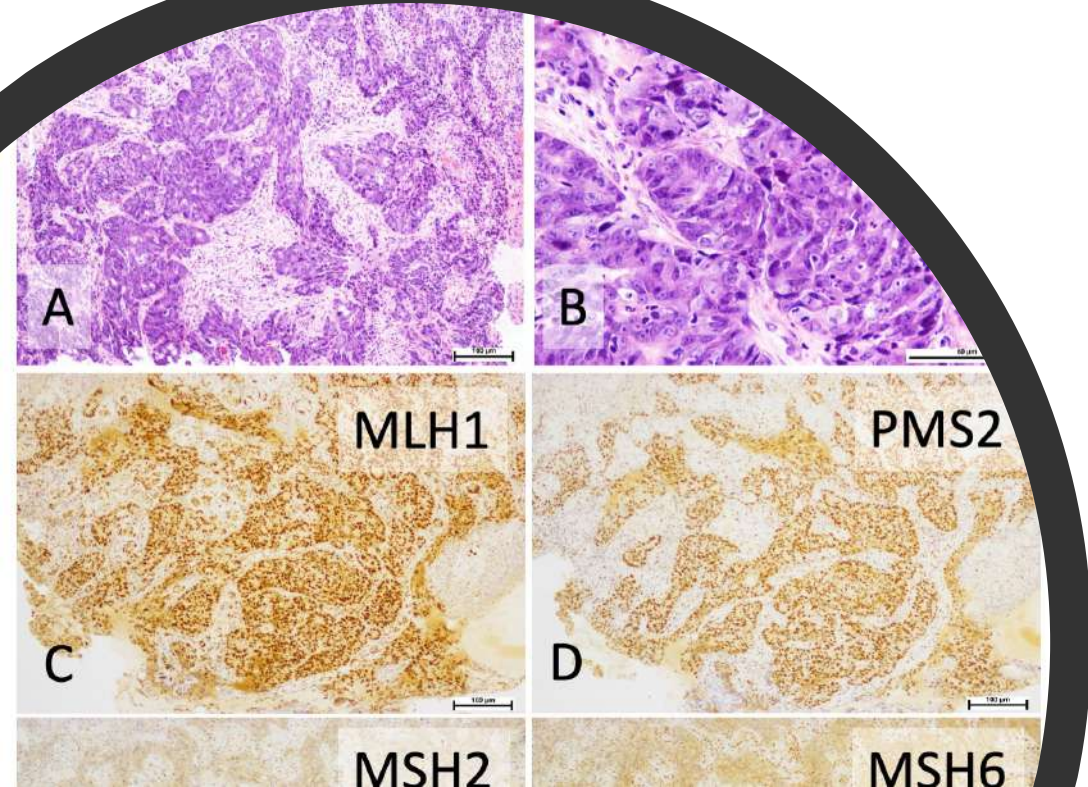


- Storage and analysis
- Reference genome
- Hospital-linked
- Awareness
- Capacity building

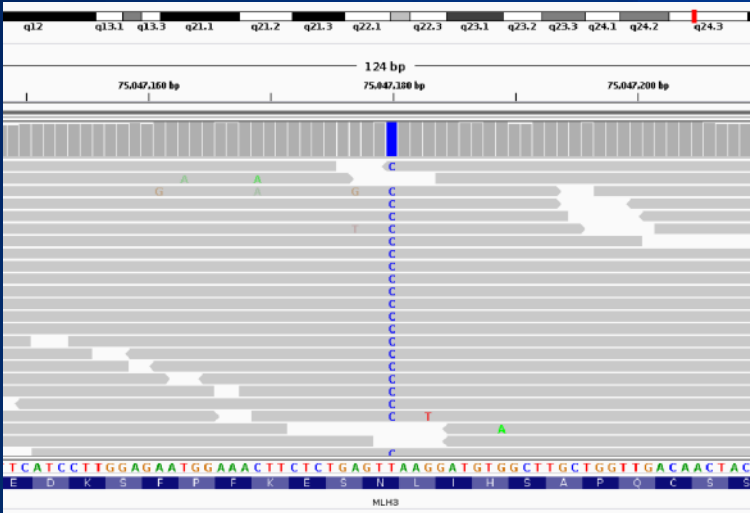




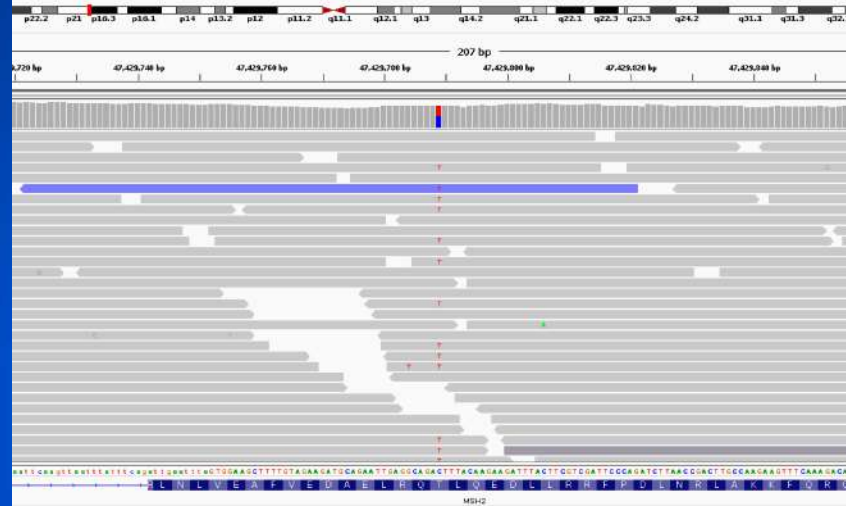
Germline testing for hereditary cancers: Colorectal cancer



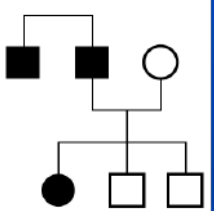
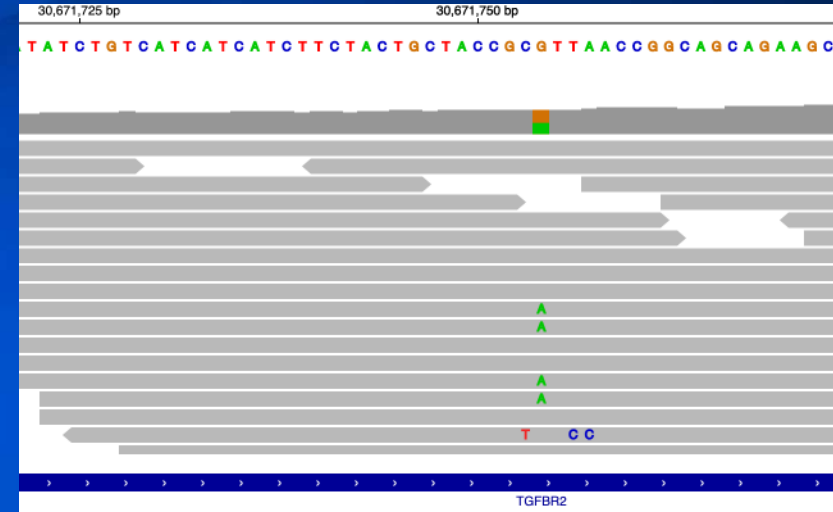
Germline test for hereditary cancers; Colorectal cancer



MSH3 gene
g. 75047180T>C
p.Asn375Asp



MSH2 gene
g. 47429789C>T
p.The375Ile

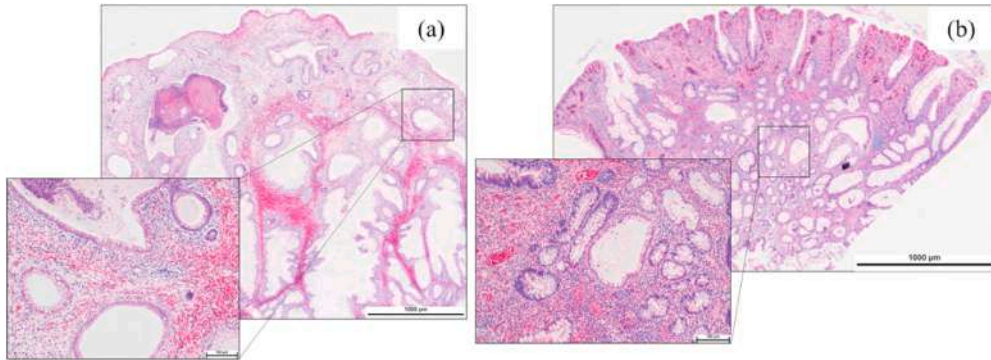


TGF-beta2 receptor gene
g.30671754A>G
p.Val261Ile

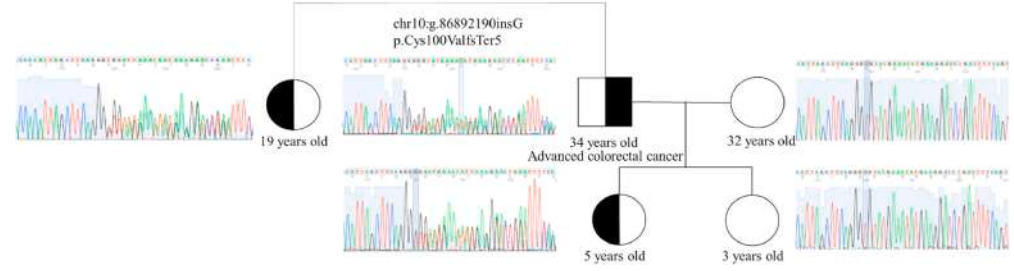
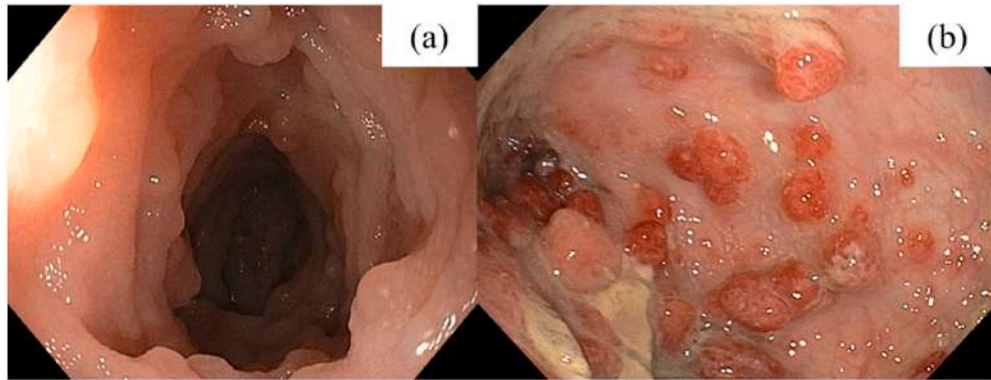
HNPCC

VUS: Novel variants

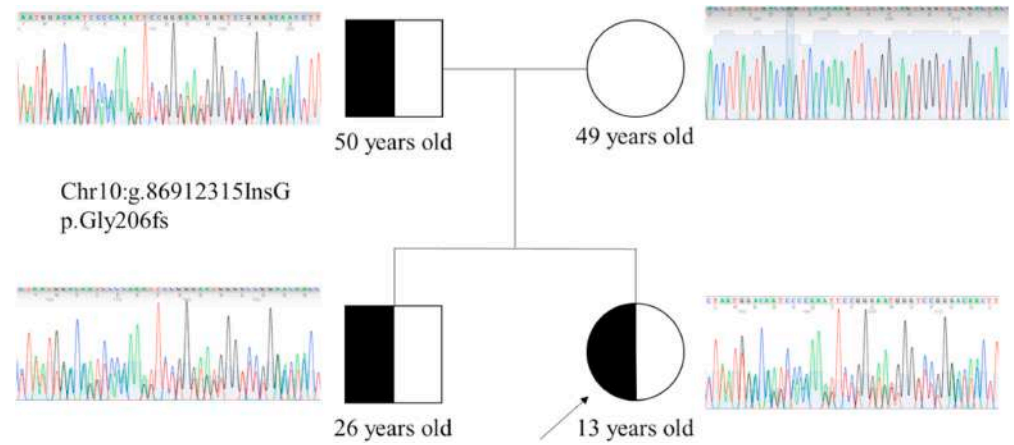




Juvenile polyposis syndrome in 2 large families



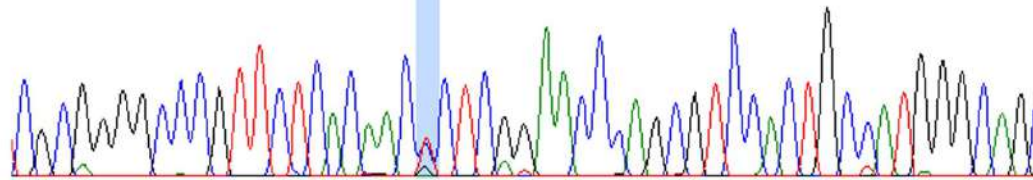
BMPR1A



Germline test for hereditary cancers; Colorectal cancer

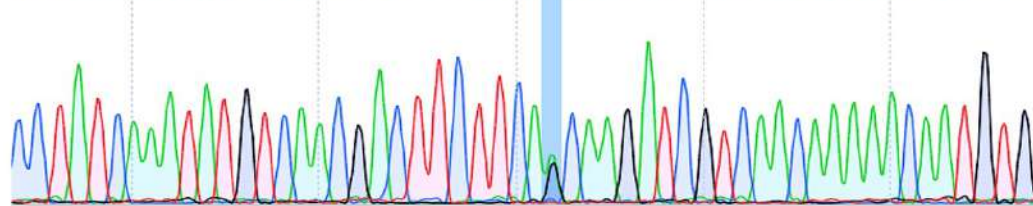
PTCH1 c.4045 C>T

CGCGGGGCCCCGTTCTCACAACTCTCGGAACCCAGCGTCCACTGCCATGGGCAGC

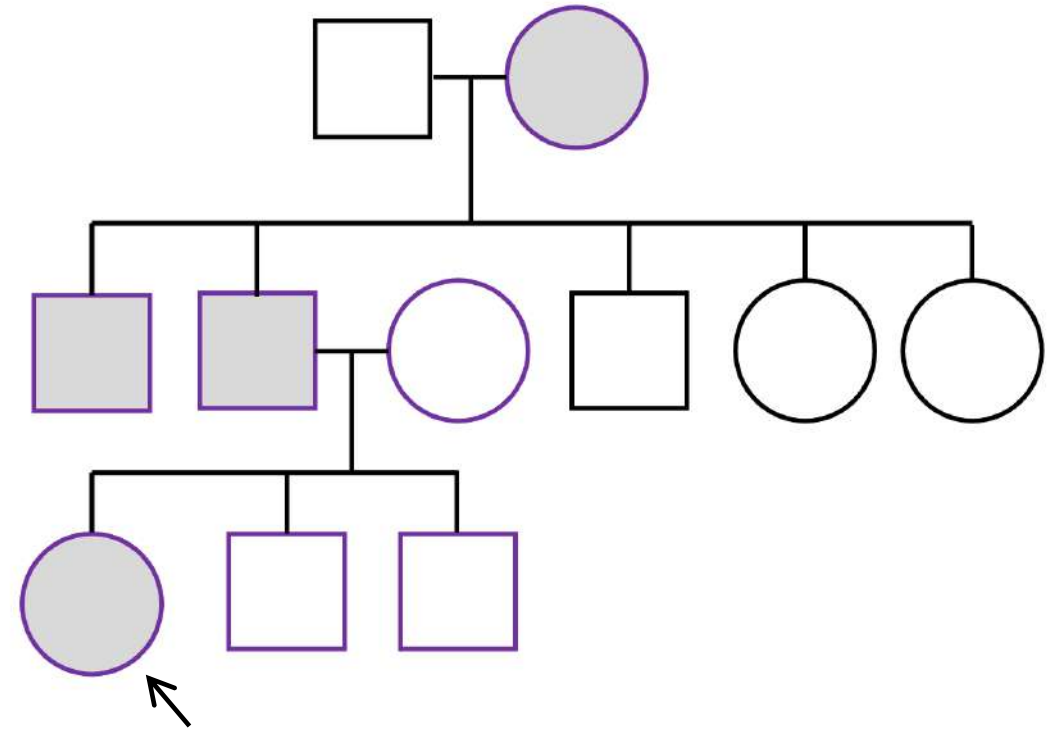


MET proto-oncogene c.1124 A>G

CCTATCAAATATGTCAACGACTTCTTCAAACAAGATCGTCAACAAAACAATGTG



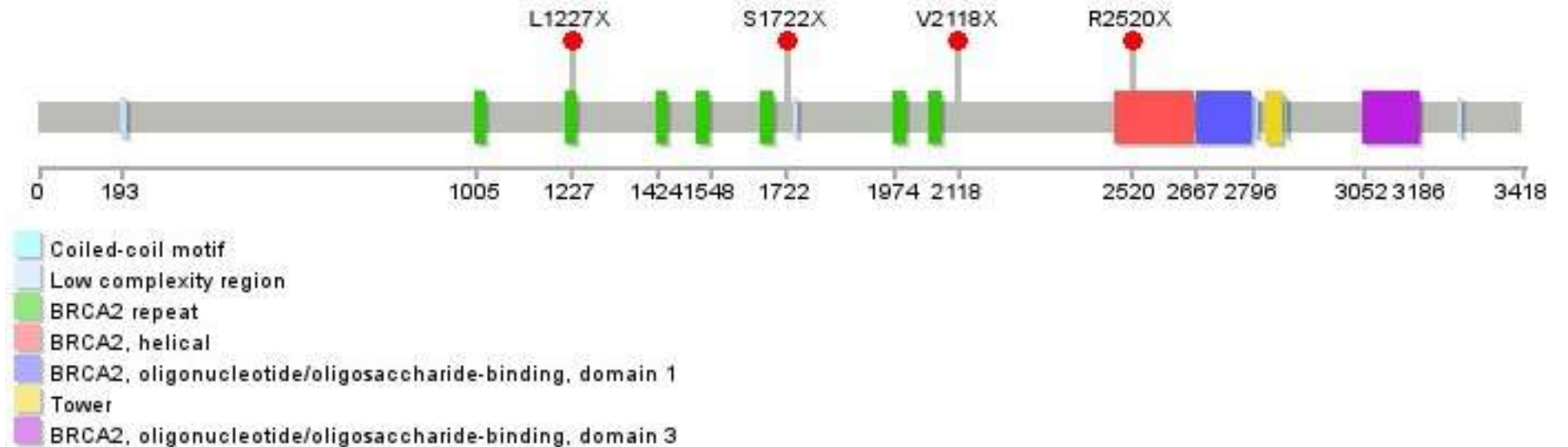
Kongcharoen N. *submitted*



BRCA1

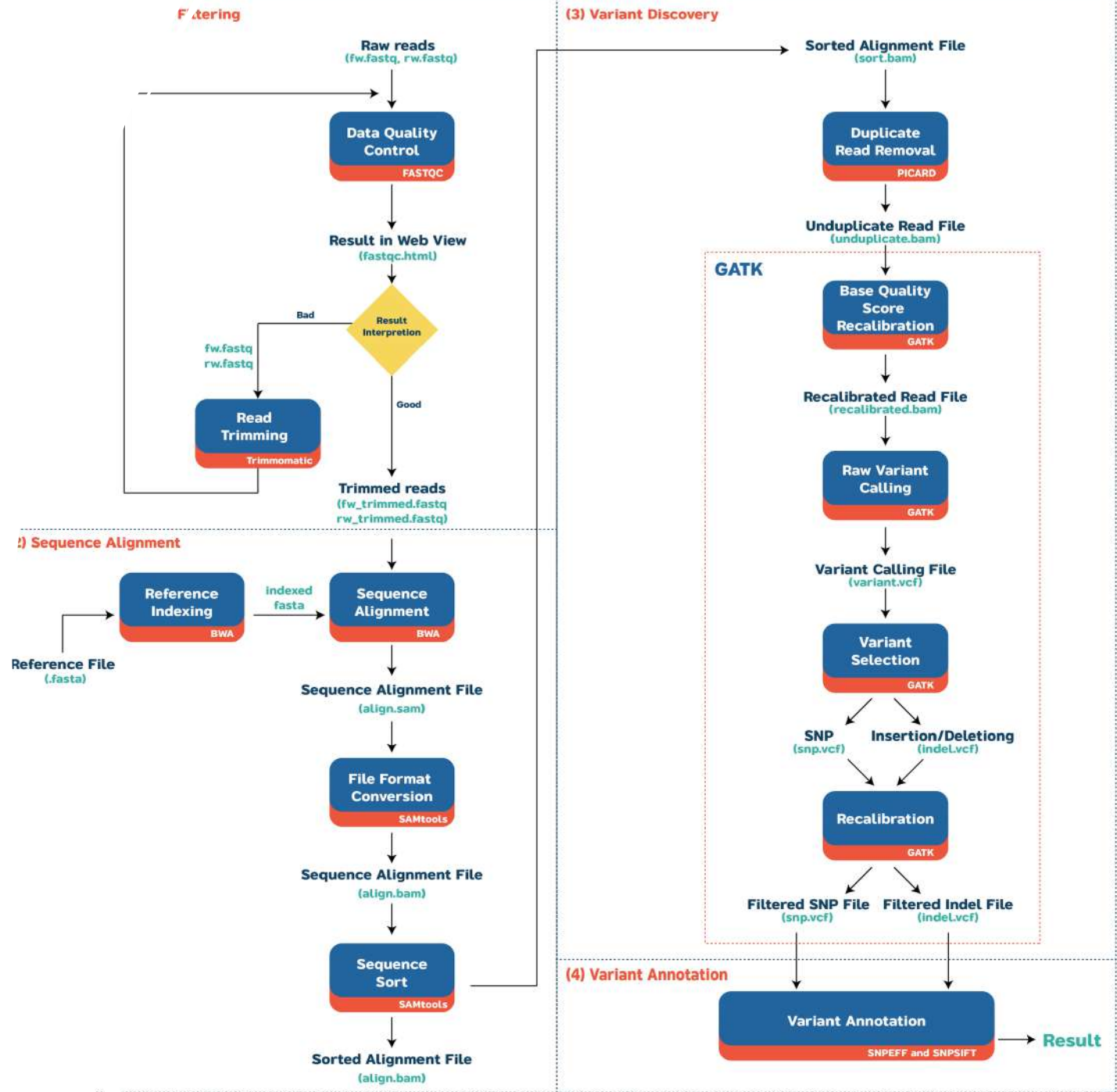


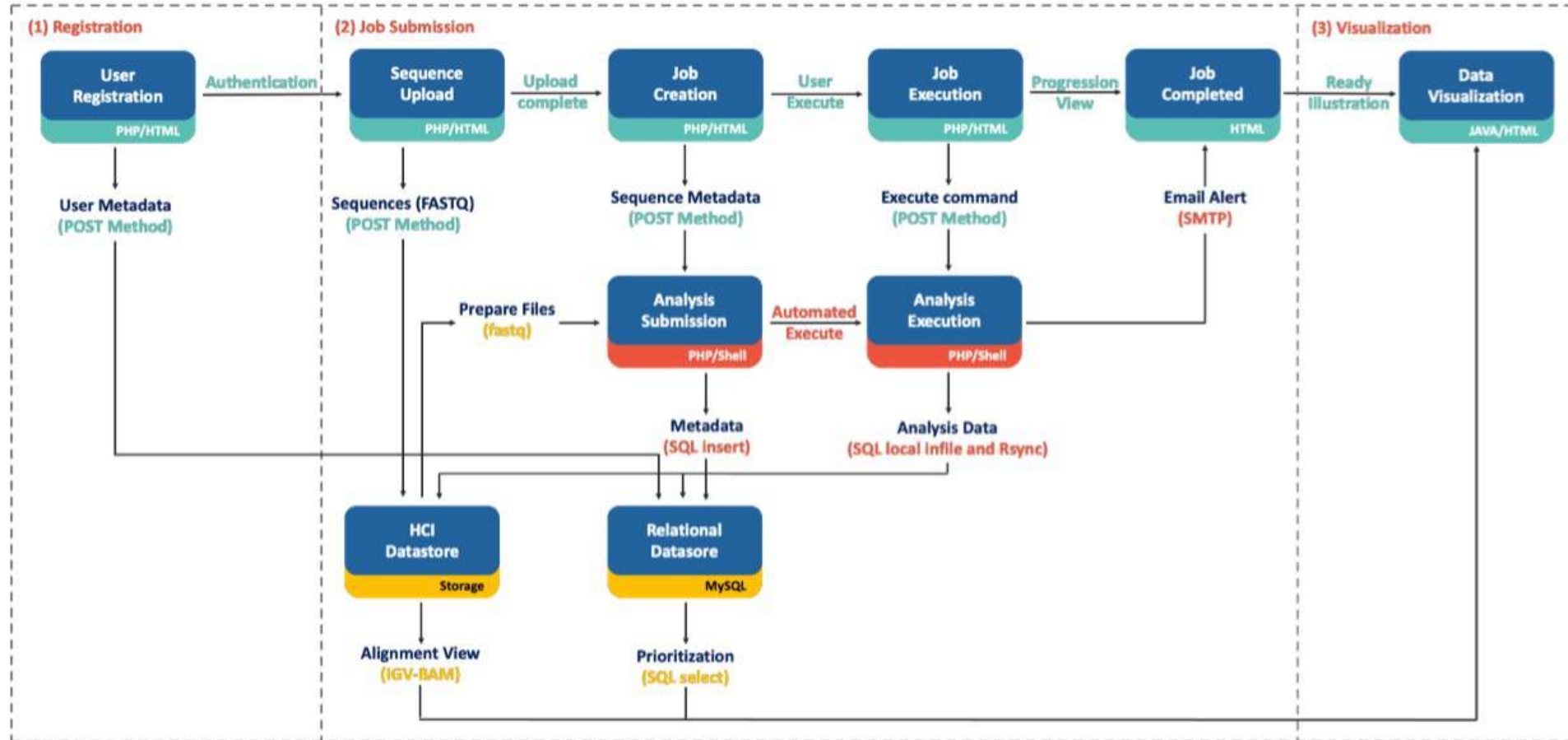
BRCA2



- 3 southern border provinces have multicultural societies
- Moderate to high penetrance germline variants were found in 8/64 cases (12.5%) in those provinces
 1. BRCA1 in 3 (4.7%)
 2. BRCA2 in 4 (6.3%)
 3. ATM in 1 (1.6%)
 - and 4. PALB2 in 1 (1.6%)
- BRCA1/BRCA2 landscape data in Thai southern provide guide for screening germline genetic test with appropriate cost-effectiveness

Pipeline integration





HCI: hyperconverged infrastructure, SMTP: simple mail transfer protocol, HTML: hypertext markup language, SQL: structured query language, IGV: integrative genomics viewer, BAM: binary alignment map

Figure 2. Three layers of web-based genomic analysis platform

iCBC – Pipeline integration



Home Task Analysis Genome:GN045 SURASAK

Integrative Computational Biology for Cancer

Read More

Workflow

Individual Genomic Analysis

Filtering

Raw reads
(fw.fastq, rw.fastq)

Data Quality Control
FASTQC

Result in Web View
(fastqc.html)

Bad
Result Interpretation

Sorted Alignment File
(align.bam)

(3) Variant Discovery

Sorted Alignment File
(sort.bam)

Duplicate Read Removal
PICARD

Unduplicate Read File
(unduplicate.bam)

GATK

Base Quality Score Recalibration
GATK

Recalibrated Read File
(recalibrated.bam)

Raw Variant Calling
GATK

Variant Calling File
(variant.vcf)

Variant Selection
GATK

SNP
(snp.vcf)

Insertion/Deletions
(indel.vcf)

Recalibration
GATK

Filtered SNP File
(snp.vcf)

Filtered Indel File
(indel.vcf)

(4) Variant Annotation

Variant Annotation

SNPEFF and SnpSIFT

Result

Table 1. Reference genomic contig separation for pre-processing and variant discovery process

Chunk	Chromosome	Start position	End position	Total base pairs
chunk1	1	1	140,000,000	140,000,001
chunk2	1	140,000,001	248,956,422	139,956,422
chunk3	2	1	31,000,000	31,000,000
chunk4	2	31,000,001	171,000,000	140,000,000
chunk5	2	171,000,001	242,193,529	139,193,530
chunk6	3	1	68,000,000	68,000,000
chunk7	3	68,000,001	198,295,559	130,295,559
chunk8	4	1	140,000,000	140,000,001
chunk9	4	140,000,001	190,214,555	140,214,556
chunk10	5	1	90,000,000	90,000,000
chunk11	5	90,000,001	181,538,259	141,538,260
chunk12	6	1	50,000,000	50,000,000
chunk13	6	50,000,001	170,805,979	141,805,980
chunk14	7	1	21,000,000	21,000,000
chunk15	7	21,000,001	159,345,973	141,845,974
chunk16	8	1	3,500,000	3,500,000
chunk17	8	3,500,001	145,138,636	141,638,636
chunk18	9	1	138,394,717	138,394,718
chunk19	10	1	133,797,422	133,797,423
chunk20	11	1	135,086,622	135,086,623
chunk21	12	1	133,275,309	133,275,310
chunk22	13	1	114,364,328	141,364,330
chunk23	14	1	27,000,000	27,000,000
chunk24	14	27,000,001	107,043,718	140,043,719
chunk25	15	1	60,000,000	60,000,000
chunk26	15	60,000,001	101,991,189	132,329,535
chunk27	16	1	90,338,345	90,338,345
chunk28	17	1	83,257,441	140,257,443
chunk29	18	1	57,000,000	57,000,000
chunk30	18	57,000,001	80,373,285	131,990,903
chunk31	19	1	58,617,616	58,617,616
chunk32	20	1	50,000,000	50,000,000
chunk33	20	50,000,001	64,444,167	111,972,620
chunk34	21	1	46,709,983	46,709,983
chunk35	22	1	50,818,468	50,818,468
chunk36	X	1	110,000,000	110,000,001
chunk37	X	110,000,001	156,040,895	103,268,311
chunk38	Y	1	57,227,415	57,227,415
chunk39	M	1	16,569	16,570



Genome re-chunk

Cancer panel on WES

- Pre-group disease based gene panel
 - Cancers
 - Congenital malformations
 - Condition based

PSU GENOMIC ANALYSIS TECHNOLOGY CENTER

Home Task Analysis Genome:GN006T SURASAK

QualityControl TrimSequence AlignReference VariantCalling VariantFiltering VariantAnnotate

Prioritising Condition

Prioritization Type

Start Analysis

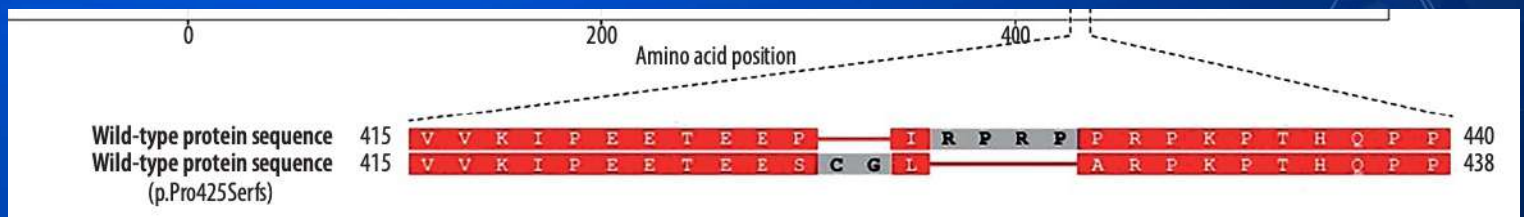
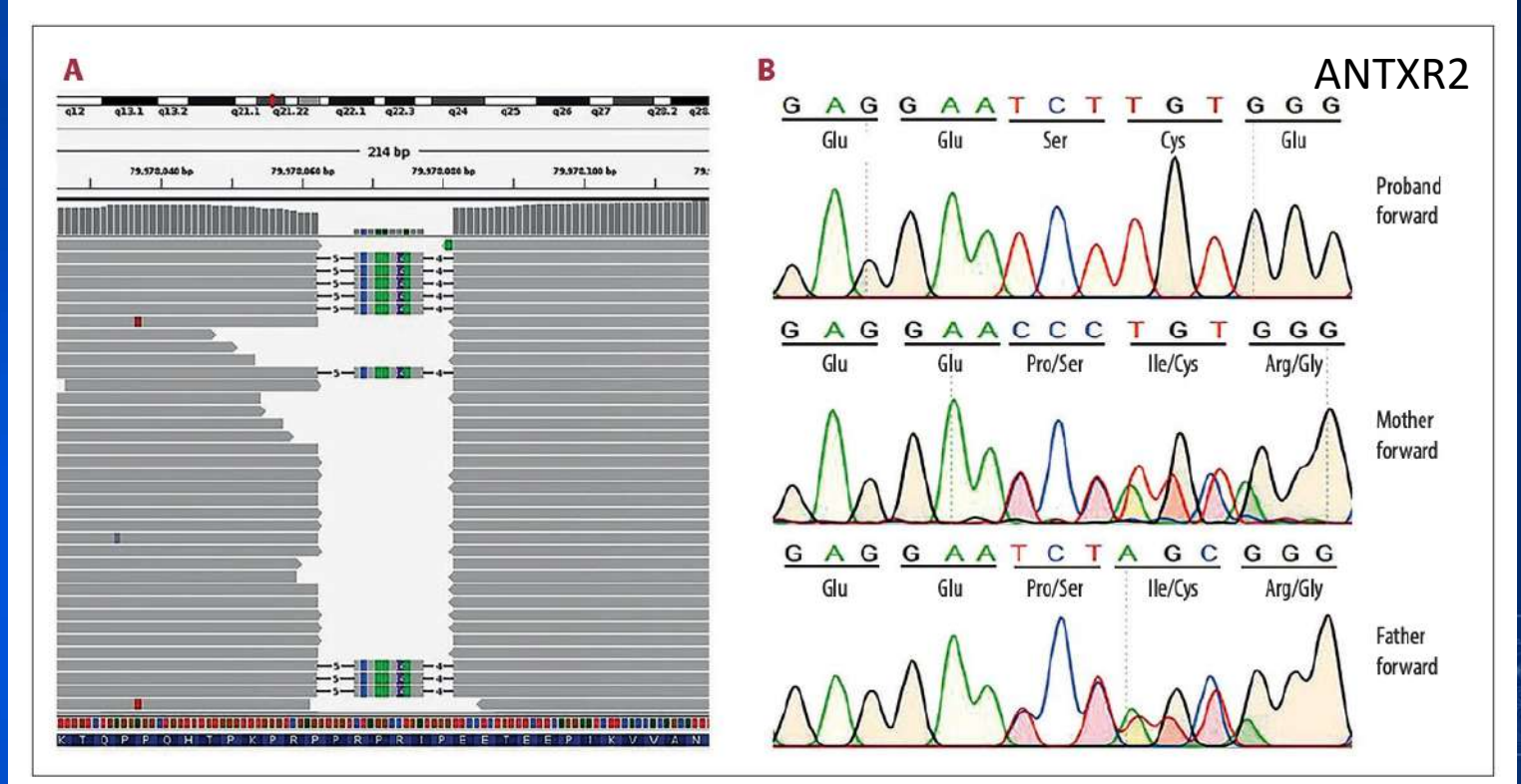
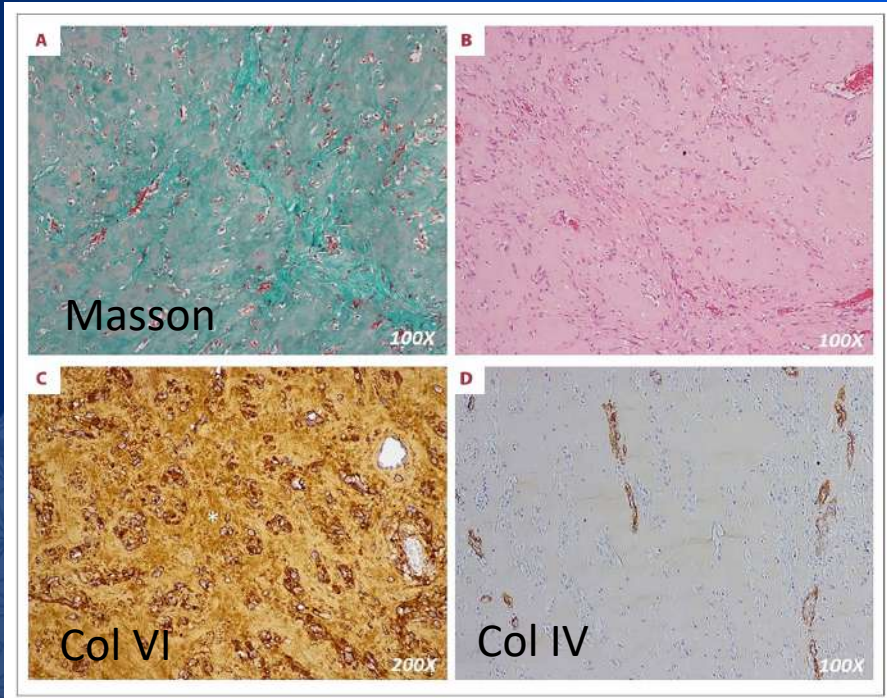
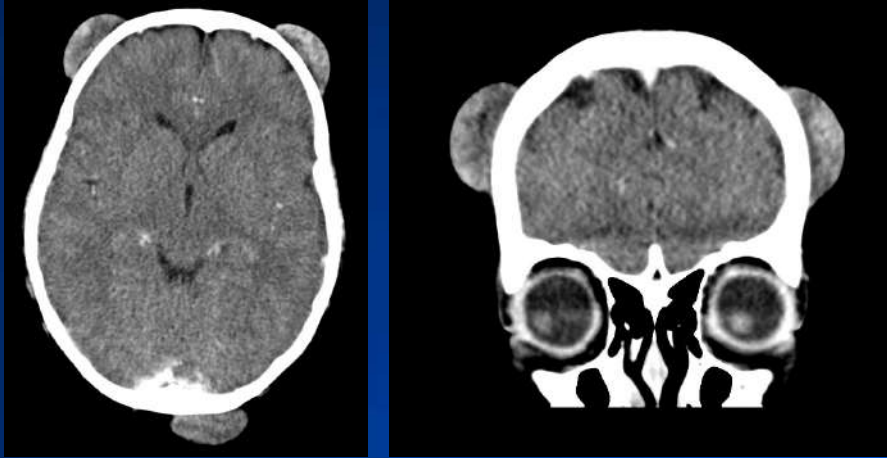
Overall
View analysis process.

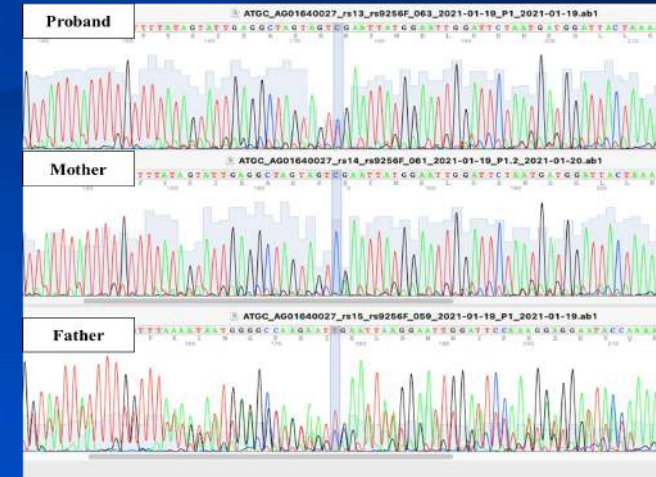
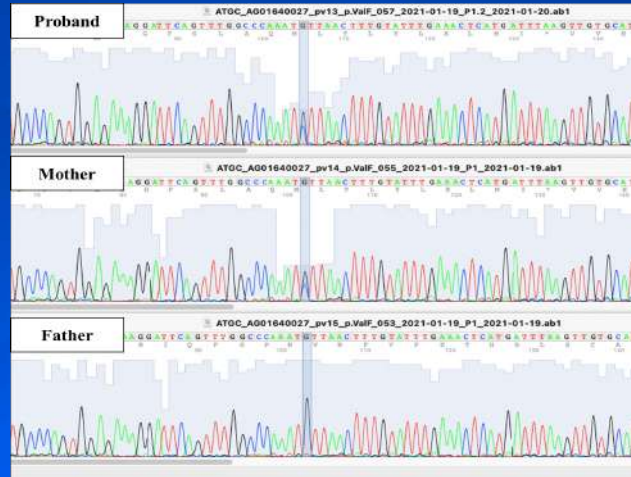
Timeline
View analysis timeline.

Visualization

Quality View Alignment View Variant View Annotation View

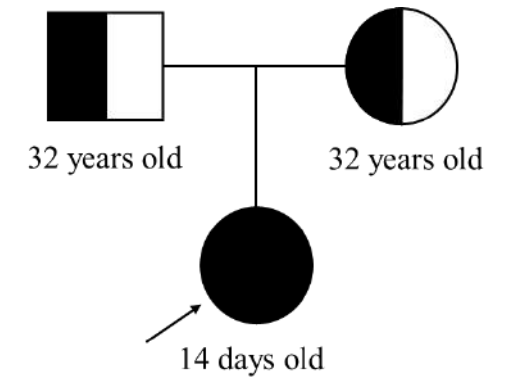
FastQC Burrows-Wheeler Aligner Genome Analysis Toolkit SnpEff





Compound Heterozygous variants in *DYNC2H1*

chr11:103179154G>C
p.Val2090Leu (left)
chr11:103125116C>T
rs925675970
p.Arg560Ter (right)



A 2-YO girl with generalized muscle weakness and hypotonia aggravated by meaty diet

Table 2 Electrolyte and specific biochemistry of the patient at the time of admission

Chemistry	Value	Reference
Blood urea nitrogen	12.9 mg%	6–20 mg%
Creatinine	0.13 mg%	–
Sodium	138.0 mmol/L	136–145 mmol/L
Potassium	4.47 mmol/L	3.4–4.5 mmol/L
Chloride	105.6 mmol/L	98–107 mmol/L
Bicarbonate	18.8 mmol/L	22–29 mmol/L
Calcium	9.8 mg%	8.6–10.2 mg%
Phosphorus	4.2 mg%	4–7 mg%
Serum ceruloplasmin	21 mg%	
Serum ammonia	124.0 mcg/dL	12–66 mcg/dL
Urine copper	0.031 mg/L	

Amino acids	Result (μmol/L whole blood)	Reference Range (Age 2 to 5 days) (μmol/L whole blood)
Alanine	381.5	125.73 – 425.75
Arginine	7.1	1.18 – 23.11
Citrulline	18.5	5.38 – 22.06
Glycine	249.3	252.16 – 730.44
Leu/leu/Pro-OH	119.6	69.73 – 218.14
Methionine	47.4	7.57 – 32.29
Ornithine	256.3	41.41 – 183.08
Proline	126.0	84.27 – 287.34
Phenylalanine	42.3	32.49 – 82.34
Tyrosine	66.1	31.21 – 171.32
Valine	130.0	66.18 – 218.35
Cit/Phe	0.4	0.11 – 0.43
Met/Phe	1.1	0.15 – 0.58
Phe/Tyr	0.6	0.27 – 1.45
Val/Phe	3.1	1.39 – 3.82
Leu/Phe	2.8	1.41 – 3.76
Succinylacetone	0.4	0.24 – 0.59

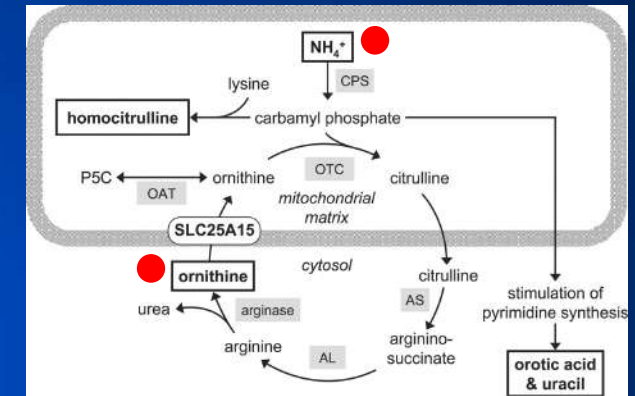
which is above the 99th percentile for the unpartitioned newborn

RESULT:

The amino acids profile for the sample dated May 07, 2019, revealed an elevation in methionine and ornithine.

INTERPRETATION:

Increased methionine and ornithine could be secondary to liver dysfunction.



Korman SH 2004

Methionine
Ornithine

A 2-YO girl with generalized muscle weakness and hypotonia aggravated by meaty diet > Hyperornithinemia-hyperammonemia-homocitrullinuria (HHH) syndrome

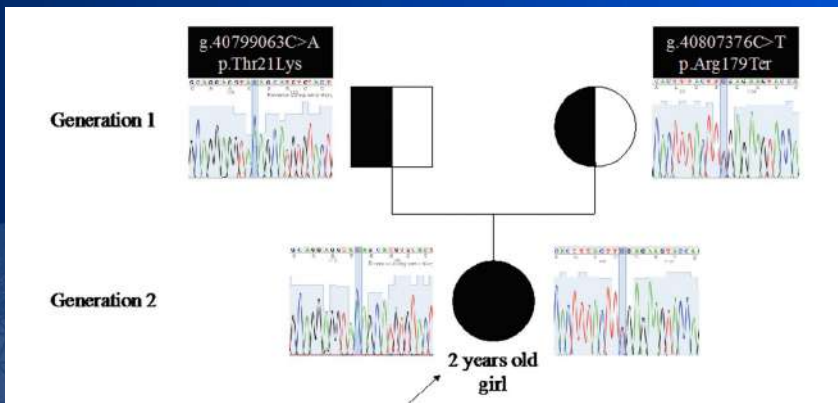
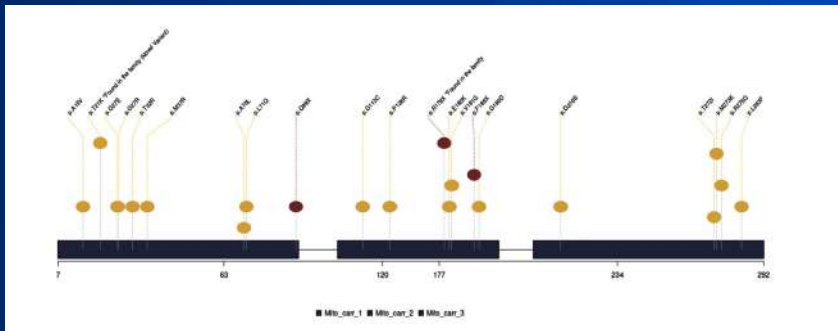


Fig. 2 The pedigree shows the inheritant pattern of compound heterozygous mutations of SLC25A15 at codon 21 (p.Thr21Lys) and codon 179 (p.Arg179Ter).

Table 3 Serum quantitative amino acid validation of the patient

Amino acid	Value	Reference	Amino acid	Value	Reference
Phosphoserine	0	< 95 nmol/ml	Histidine	128	12-132 nmol/ml
Phosphoethanolamine	3	< 5 nmol/ml	Threonine	84	58-195 nmol/ml
Taurine	81	38-153 nmol/ml	Citrulline	31	11-45 nmol/ml
Asparagine	86	29-87 nmol/ml	Sarcosine	5	< 5 nmol/ml
Serine	152	71-208 nmol/ml	Beta-alanine	15	< 27 nmol/ml
Hydroxyproline	15	7-35 nmol/ml	Alanine	731	144-557 nmol/ml
Glycine	260	149-417 nmol/ml	Glutamic acid	39	22-131 nmol/ml
Glutamine	1510	239-976 nmol/ml	1-Methylhistidine	0	< 20 nmol/ml
Aspartic acid	3	< 11 nmol/ml	3-Methylhistidine	1	< 1 nmol/ml
Ethanolamine	< 7	< 64 nmol/ml	Proline	254	80-357 nmol/ml
Argininosuccinic acid	0	< 2 nmol/ml	Ornithine	377	22-97 nmol/ml
Carnosine	2	< 1 nmol/ml	Cystathionine	< 1	< 2 nmol/ml
Anserine	0	< 1 nmol/ml	Cystine	37	2-36 nmol/ml
Homocitrulline	2	< 2 nmol/ml	Lysine	135	59-240 nmol/ml
Arginine	49	31-132 nmol/ml	Methionine	61	11-37 nmol/ml
Alpha-aminoadipic acid	2	< 3 nmol/ml	Valine	163	106-320 nmol/ml
Gamma-amino-n-butyric acid	0	< 3 nmol/ml	Tyrosine	88	31-106 nmol/ml
Beta-aminoisobutyric acid	2	< 5 nmol/ml	Isoleucine	66	30-111 nmol/ml
Alpha-amino-n-butyric acid	33	7-31 nmol/ml	Leucine	103	51-196 nmol/ml
Hydroxylysine	0	< 3 nmol/ml	Phenylalanine	61	30-95 nmol/ml
Tryptophan	64	23-80 nmol/ml	Allo-isoleucine	0	< 3 nmol/ml

A 2-YO girl with generalized muscle weakness and hypotonia aggravated by meaty diet

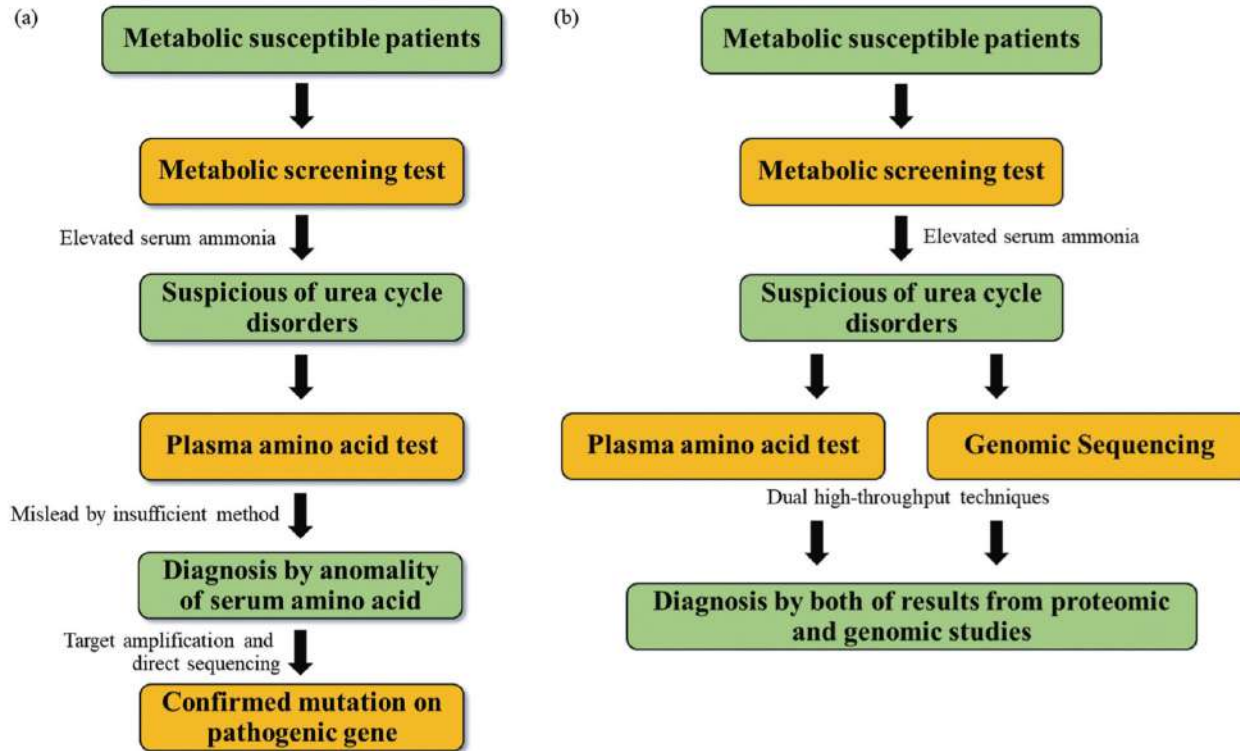


Fig. 3 The comparison of diagnosis schema between (A) traditional algorithm and (B) purposed algorithm.

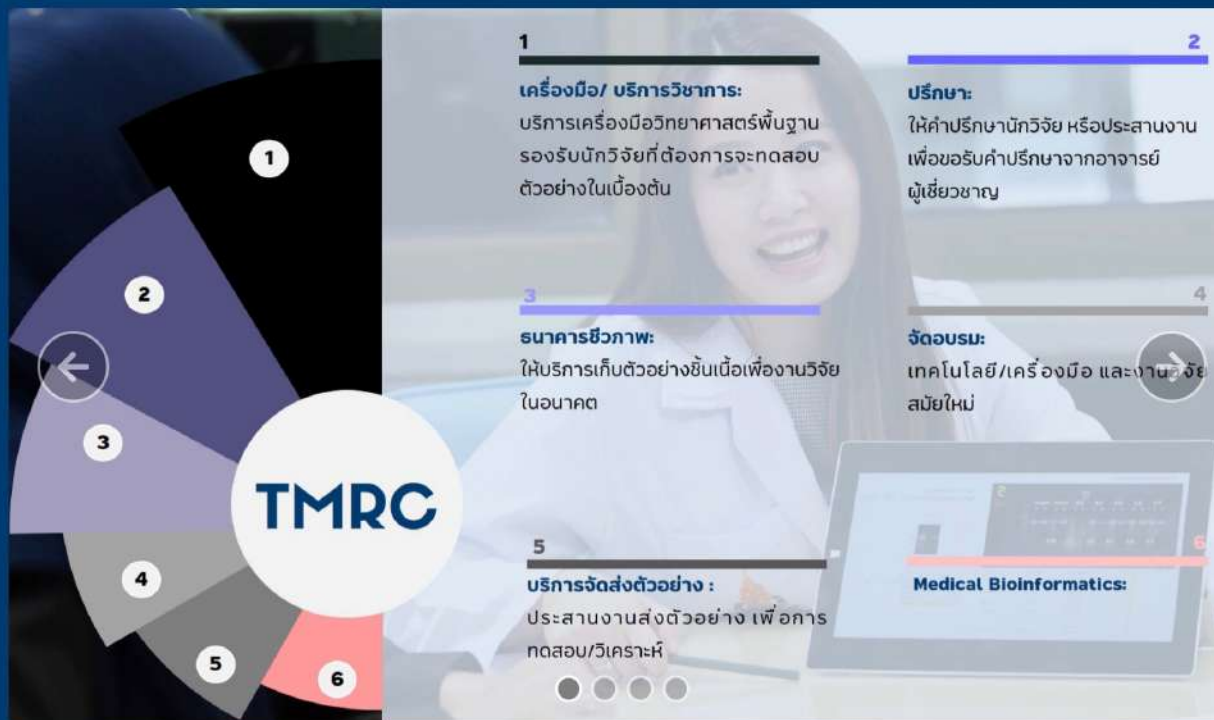


Should rapid clinical sequencing be available, countrywide?

Translational Medicine Research Center

Faculty of Medicine, Prince of Songkla University

ศูนย์วิจัยการแพทย์ปริวรรต คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์



The graphic features a central white circle with the TMRC logo, surrounded by six colored segments (1-6) that correspond to the service descriptions on the right. A navigation arrow is visible on the left side of the segments.

1 **เครื่องมือ/ บริการวิชาการ:**
บริการเครื่องมือวิทยาศาสตร์พื้นฐาน
รองรับนักวิจัยที่ต้องการจะทดสอบ
ตัวอย่างในเมืองต้น

2 **ปรึกษา:**
ให้คำปรึกษานักวิจัย หรือประสานงาน
เพื่อขอรับคำปรึกษาจากอาจารย์
ผู้เชี่ยวชาญ

3 **ธนาคารชีวภาพ:**
ให้บริการเก็บตัวอย่างขึ้นเนื้อเพื่องานวิจัย
ในอนาคต

4 **จัดอบรม:**
เทคโนโลยี/เครื่องมือ และงานวิจัย
สมัยใหม่

5 **บริการจัดส่งตัวอย่าง :**
ประสานงานส่งตัวอย่าง เพื่อการ
ทดสอบ/วิเคราะห์

6 **Medical Bioinformatics:**

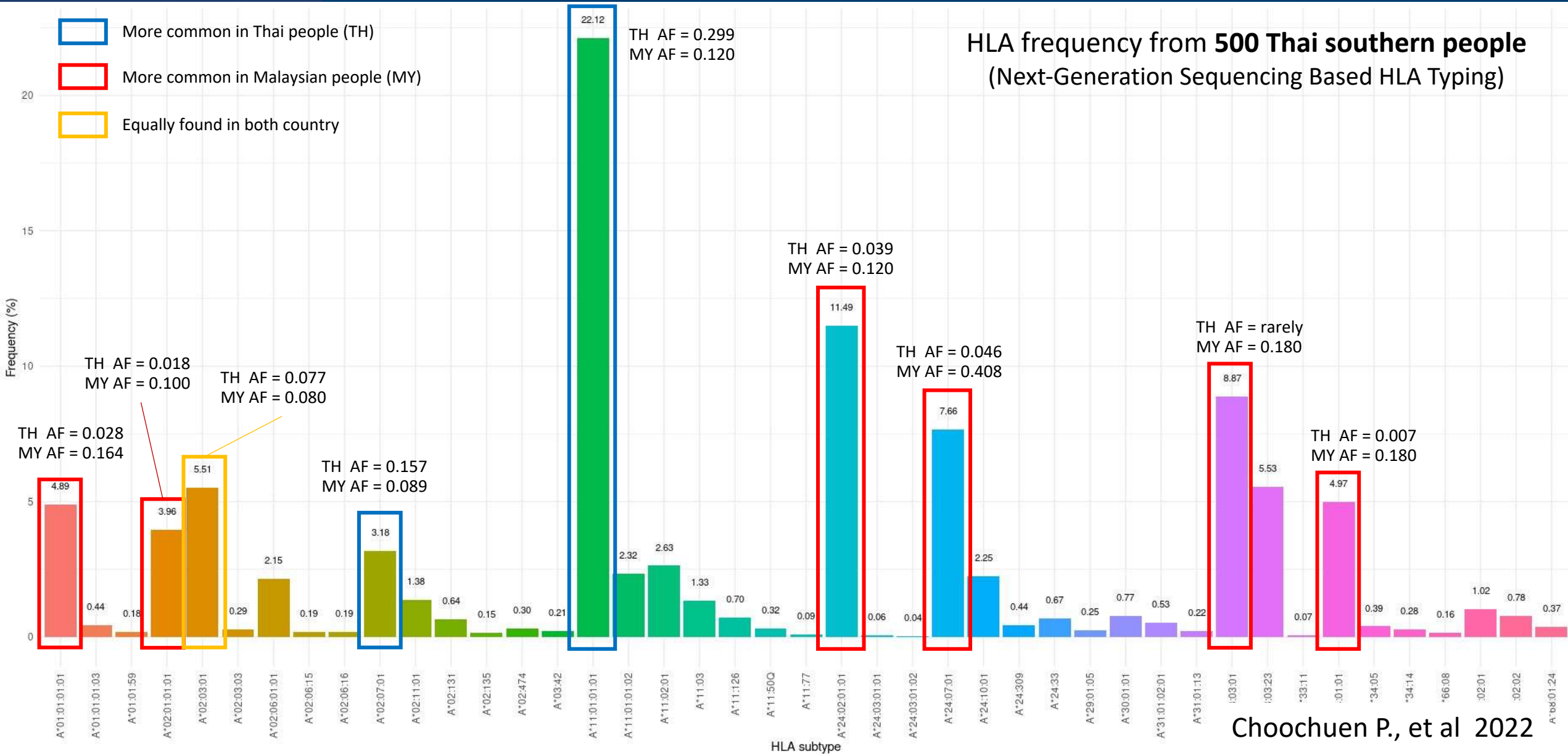
HLA in Thai southern

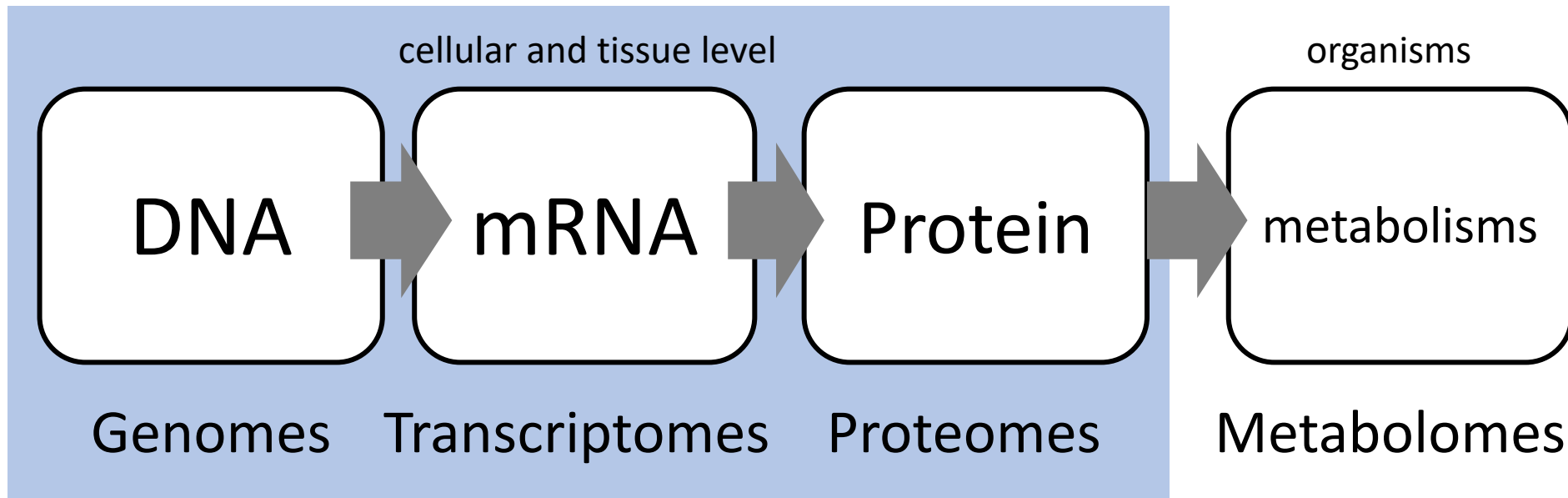
More common in Thai people (TH)

More common in Malaysian people (MY)

Equally found in both country

HLA frequency from 500 Thai southern people
(Next-Generation Sequencing Based HLA Typing)





DNA microarrays (Gene Chip)

- cDNA microarray
- Genome Wide Association Study (GWAS)

Next Generation Sequencing

- Copy Number Variation (CNV)
- Whole Genome Sequencing (WGS)
- Whole Exome Sequencing (WES)
- Chromatin Immunoprecipitation Seq.
- 16S rRNA sequencing (microbiomes)

Foreign genomes
(e.g. microbiomes)

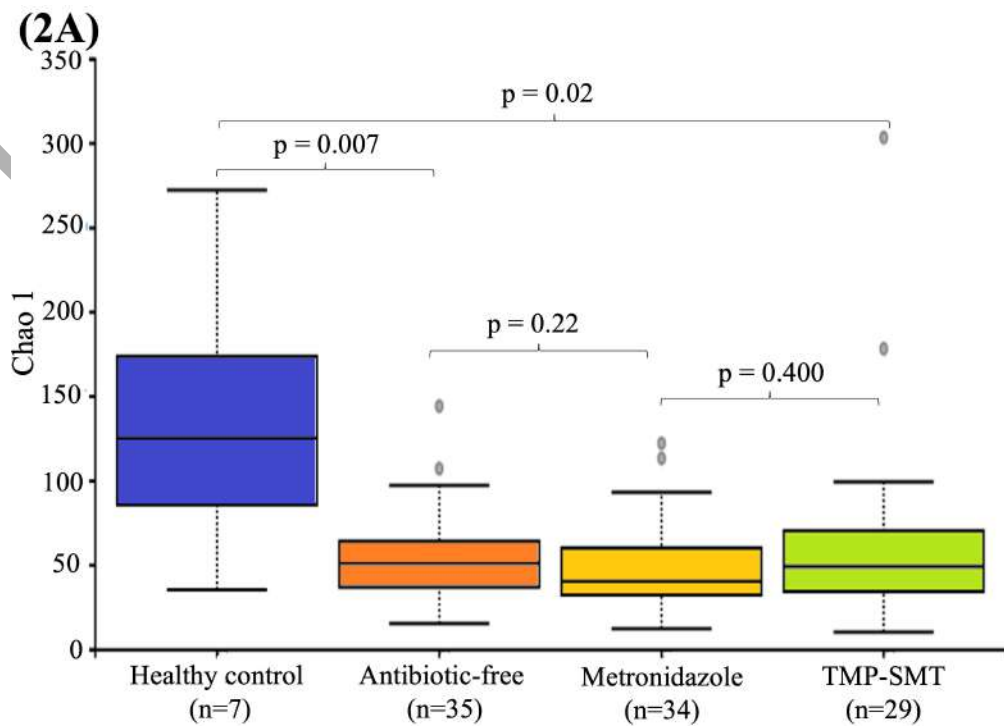
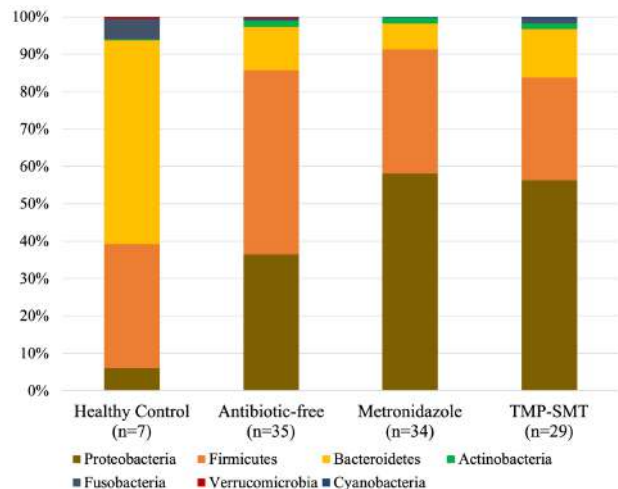
Extracellular vesicles
(exosomes)

Beyond Genomics

Tissue Microarray

Mass Spectrometry

- LC-MS MS
- MALDI/TOF MS



Pediatric Surgery International (2021) 37:1371–1381
<https://doi.org/10.1007/s00383-021-04948-5>

ORIGINAL ARTICLE



Fecal microbiome alterations in pediatric patients with short bowel syndrome receiving a rotating cycle of gastrointestinal prophylactic antibiotics

Le Yi Phyo¹ · Kamonnut Singkhamanan¹ · Wison Laochareonsuk^{1,2} · Komwit Surachat³ · Napsorn Phutong⁴ · Kaimook Boonsanit⁴ · Piyawan Chiengkriwate⁴ · Surasak Sangkhathat^{2,4}

Accepted: 12 June 2021 / Published online: 22 June 2021

© The Author(s), under exclusive licence to Springer-Verlag GmbH Germany, part of Springer Nature 2021

Abstract

Background Pediatric patients with short bowel syndrome (SBS) are at risk of developing small intestinal bacterial overgrowth (SIBO). Prevention of SIBO using cyclic enteric antibiotics has been implemented to control the balance in microbial ecosystems, although its effectiveness has not been well studied.

Purpose This study aimed to explore the change in the gut microbial composition in SBS patients during cyclic antibiotic phases and antibiotic-free period, and to compare the microbiota composition between healthy controls and SBS patients.

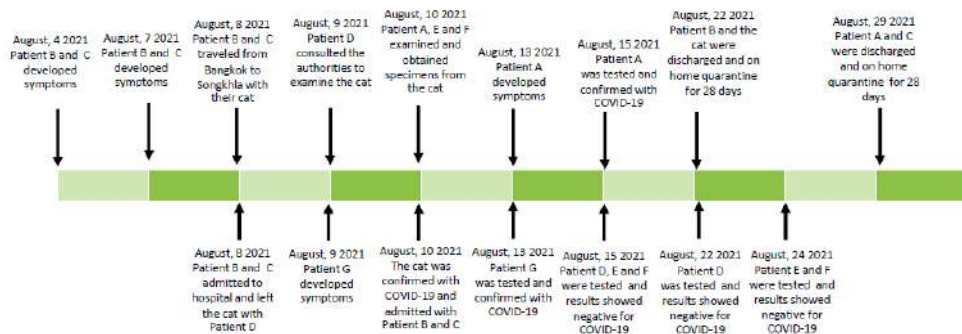
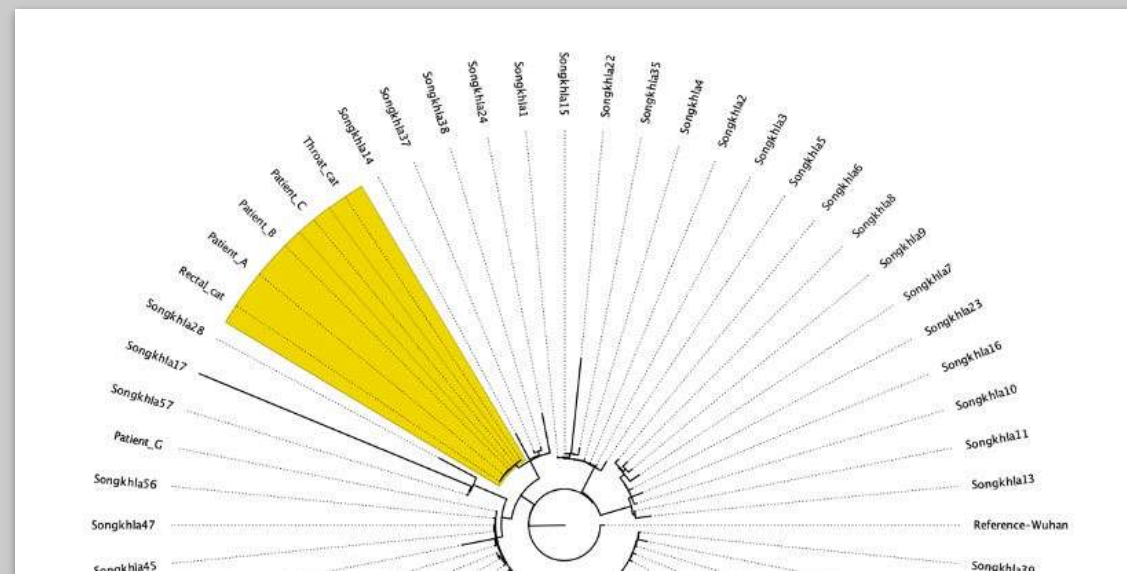
Method SBS patients taking oral metronidazole alternating with trimethoprim–sulfamethoxazole (TMP–SMT) and antibiotic-free conditions as a ‘10-day cyclic protocol’ were involved in fecal microbiome study using Illumina 16S sequencing.

Results When healthy control possessed the majority of *Bacteroidetes* spp. (54%) and *Firmicutes* spp. (33%), the microbial composition in SBS patients especially *Firmicutes* spp. and *Proteobacteria* spp. was prominently changed in each phase of treatment. In antibiotic-free period, SBS patients displayed 49% Firmicutes and 36% Proteobacteria. However, higher Proteobacteria than Firmicutes were detected at the commencement of metronidazole (58% versus 33%). Similarly, 56% Proteobacteria and 27% Firmicutes were found during TMP–SMT. *Escherichia coli* increased prominently during the antibiotic periods.

Conclusion Prophylactic antibiotics change the gut microbiota composition in an unfavorable direction, especially when repeatedly used for a long period. This practice should be reconsidered.

Level of evidence III.

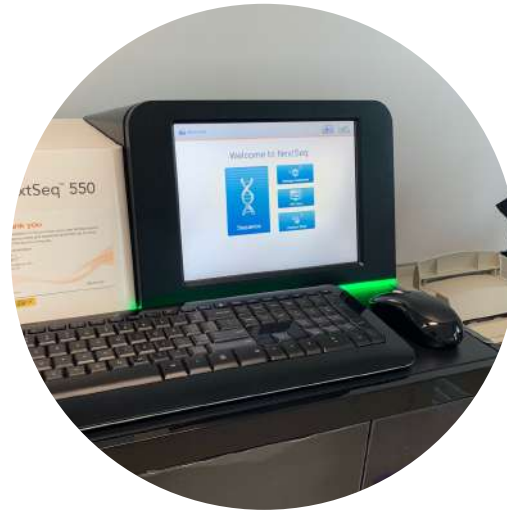
Keywords Short bowel syndrome · Gut microbiota · Small intestinal bacterial overgrowth · Prophylactic antibiotics



Suspected Cat-to-Human Transmission of SARS-CoV-2, Thailand, July–September 2021

Thanit Sila, Jutapoln Sunghan, Wilson Laochareonsuk, Smonrapat Surasombattana, Chanon Kongkamol, Thammasin Ingviya, Pisud Siripattoon, Narongdet Kositpantawong, Siripen Kanchanasuwan, Thanaporn Hortiwakul, Boonsri Charernmak, Ozioma Forstinus Nwabor, Kachornsakdi Silpapojakul, and Sarunyou Chusri
 Author affiliations: Prince of Songkla University Faculty of Medicine, Songkhla, Thailand (T. Sila, W. Laochareonsuk, S. Surasombattana, C. Kongkamol, T. Ingviya, P. Siripattoon, N. Kositpantawong, S. Kanchanasuwan, T. Hortiwakul, B. Charernmak, O.F. Nwabor, K. Silpapojakul, S. Chusri); Prince of Songkla University Faculty of Veterinary Science, Songkhla (J. Sunghan)

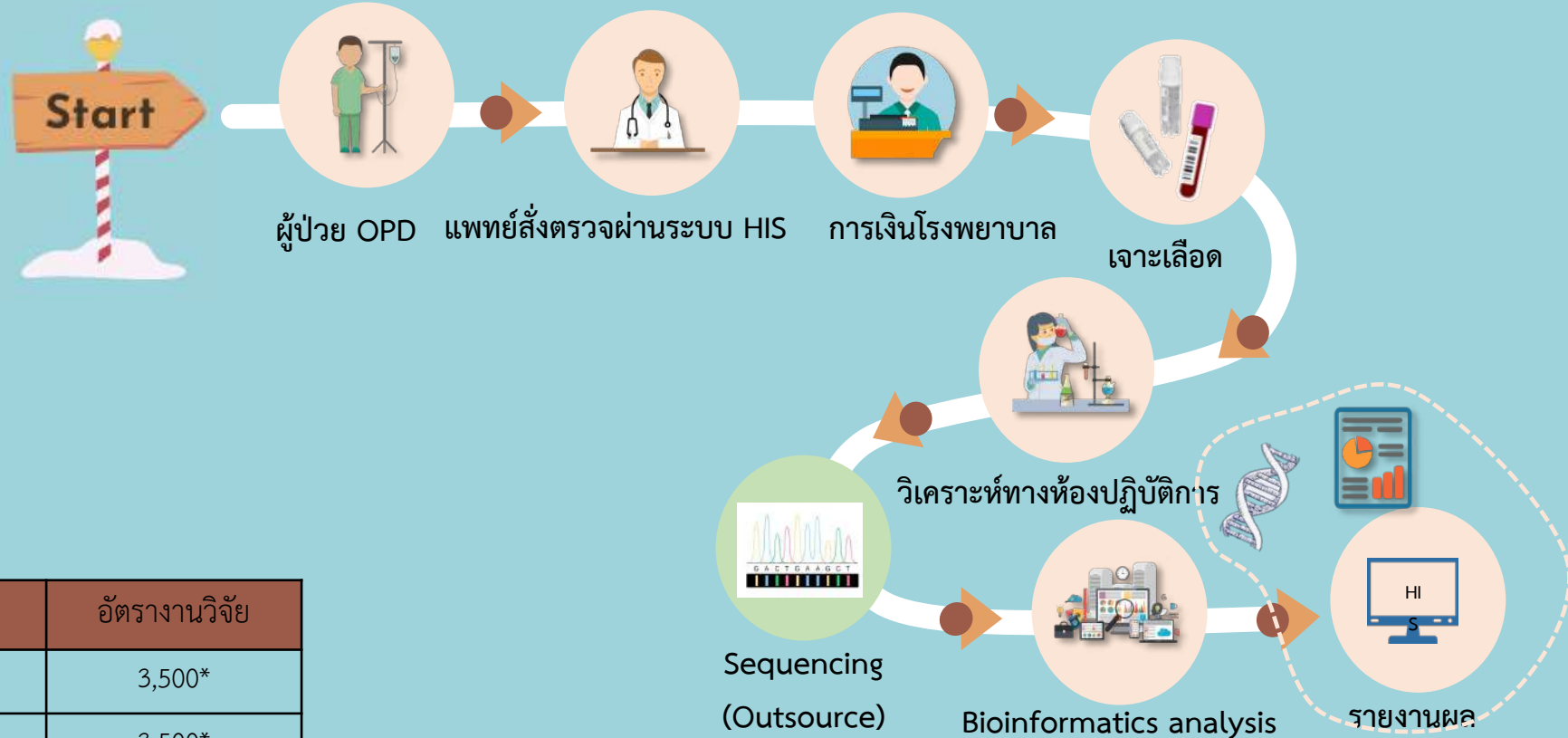
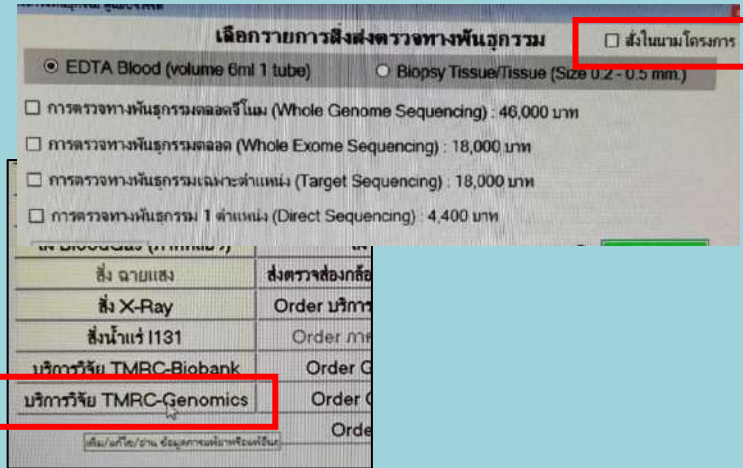
[Main Article](#)



The sequencing machine will still be super-expensive until the 'run' button is hit, over and over again.

(Genomic Analysis Service for research)

บริการทดสอบการตรวจวิเคราะห์ทางพันธุกรรมเพื่อการวิจัย



อัตราค่าบริการ

รายการ	ค่าบริการ	อัตรางานวิจัย
Whole Genome Sequencing	46,000	3,500*
Whole Exome Sequencing	18,000	3,500*
Target Gene Sequencing	18,000	3,500*
Direct Sequencing	4,400	4,400

*ราคาเฉพาะเตรียมตัวอย่าง ไม่รวมค่า Sequencing

Education and Awareness raising

The 1st Prince of Songkla University – Kanazawa University
Joint Workshop on "Precision Medicine and Translational Medical Research"

22nd MARCH 2021 8:45-4:30 AM-PM

Genomic Medicine in Japan
 Assoc. Prof. Kazuyoshi Hosonishi
 Kanazawa University, Japan

Genomic Thailand :
 How far have we come?
 DR. KUNWADORN MANEEMONGKOL
 Director, Biomedical Research and
 Innovation Support, Prince of Songkla University

Understanding the Pandemic
 through the Recent Response
 of Health Authorities
 Assoc. Prof. Dr. Nattapong
 Pongthong, Prince of Songkla University

- Drug Delivery in the New Decade
- Symposium : Research Ecosystem for Precision Medicine in South Thai
- Pharmacogenetic Research in Southern Thailand
- A Cellular Perspective of Adverse Drug Reaction Pharmacogenetics
- Biosensors for Cancer Diagnosis
- Genetic Biomarkers in Brain Tumors

Register (Deadline 17 March 2021) Tentative Program



Translational Medicine Research Center and Department of Biomedical Sciences and Biomedical Engineering
Medical Bioinformatics for Precision Medicine and Translational Research Workshop

7th - 10th March 2021
 Computer Room, 3rd Floor, Rajapattana Medical Education Building

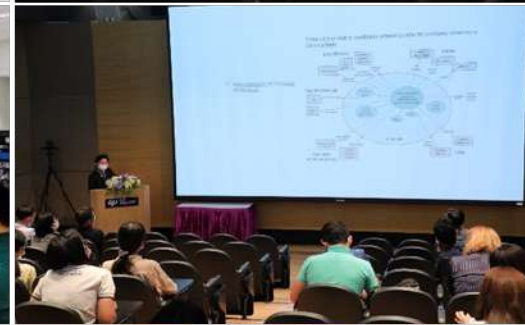
Assoc. Prof. Dr. Komol Sanjanchai, Ph.D.
 Assoc. Prof. Dr. Saisasa Sangmanee, M.D., Ph.D.
 Assoc. Prof. Dr. Wipon Jitpetchsiri, M.D.

Assoc. Prof. Dr. Pongthong Nattapong, M.D.
 Assoc. Prof. Dr. Nattapong Pongthong, Ph.D.

TOPICS:

- Based on bioinformatics workflow for genomic analysis
- Quality control of genomic sequences
- Genomic alignment and preprocessing
- Variant calling and filtration
- Variant annotation and prioritization
- Basic variant interpretation and clinical correlation

Registration fee: 2,000 Baht/person (Deadline 20th Feb 2021)
 Free 10 first participants from faculty of medicine
 Limited only 10 seats




ระบบการจัดเก็บของธนาคารชีวภาพ


ธนาคารชีวภาพร่วมมือกับฝ่ายสารสนเทศโรงพยาบาลสงขลานครินทร์ พัฒนาระบบสารสนเทศของธนาคารชีวภาพ (Biobank Information Management System; BIMS) เพื่อพัฒนาระบบการสั่งเก็บตัวอย่างของแพทย์ การ tracking และการจัดเก็บให้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

SAMPLE COLLECTION


Tissue collection




Normal



Snap freeze




Tumor



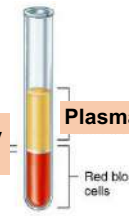
RNALater

Credit: Dvir Aran, Ph.D., University of California, San Francisco

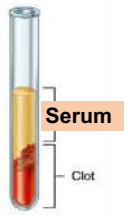
Blood collection



Buffy coat



Plasma



Serum

(a) Uncollected Whole Blood (b) Clotted Whole Blood
 www.majordiagnostics.com

BIOBANK SYSTEM (สั่งเก็บตัวอย่างผ่าน OPD, IPD, OR)

ใบสั่งเก็บชิ้นเนื้อ / เลือด [BIO BANK]

HN : 0000000 AN :
 ชื่อ - นามสกุลผู้ป่วย : XXXX XXXXXXX
 เพศ : ชาย หญิง อายุ : 11 ปี
 สังกัด : ศัลยกรรมเด็ก

ชิ้นเนื้อ : Tumor Tissue Normal Tissue
 Other Tissue
 เลือด : EDTA Blood (หลอดสำหรับส่ง Plasma and buffy coat)
 Clotted Blood (หลอดสำหรับส่ง Serum)
 * สามารถระบุจำนวนหลอดเก็บใน Note **

หมายเหตุ :
 Note :

☐ (แพทย์เป็นผู้นำวินิจฉัยการวินิจฉัย (ชนิด, 04) จากทางคลินิกแล้ว)

แพทย์ผู้ส่ง :
 วันที่ส่งเก็บ :

ส่ง Order [F5] ลบ [F10]

ORDER


←

COLLECT


→

BIO BANK SYSTEM


จัดการแจ้งคำสั่งเก็บตัวอย่างเนื้อเยื่อ / เลือด ในระบบของธนาคารชีวภาพ




ลงทะเบียนแพทย์ / นักรังสี




ลงทะเบียนชิ้นเนื้อ / เลือด



จัดเก็บ - ตอนชิ้นเนื้อ / เลือด



ตรวจสอบชิ้นเนื้อ / เลือดที่ลงทะเบียนแล้ว



สรุปผล / ออกรายงาน

ล็อกเอาท์โปรแกรม

จัดเก็บชิ้นเนื้อ / เลือด

ประเภท Location	ประวัติผู้ป่วย	ประเภท
# ส่วนของชิ้นเนื้อ	วันที่เก็บ	ประเภท

Freezer 1/

- Shelf 1
- Shelf 2
- Shelf 3
- Shelf 4

Scan SN : 0000000 Location : 0000000

ประเภทของชิ้นเนื้อ : ชิ้นเนื้อ

ผู้ส่ง : วันที่ส่ง :

ผู้รับ : เวลา :

ยืนยัน [ESC]

ลบ [F10]

ประวัติสุขภาพผู้ป่วยส่งต่อที่รับ โทร. 1551

STORAGE

TRACKING

การจัดทำระบบ ISO15189 ห้องปฏิบัติการตรวจวิเคราะห์อณูชีววิทยาทางการแพทย์

เพื่อสร้างมาตรฐานสำหรับการให้บริการวิจัย

- การบริการเตรียมตัวอย่างเพื่อวิเคราะห์ทางอณูชีววิทยาตามมาตรฐานห้องปฏิบัติการทางการแพทย์
- รองรับบริการด้านการถอดรหัสพันธุกรรม (Sequencing)

- ✓ สร้างระบบการบริการ กระบวนการวิเคราะห์ ให้เป็นไปตามข้อกำหนดมาตรฐาน
- ✓ จัดทำเอกสารในระบบ
- ✓ ปรับปรุงสถานที่และสภาพแวดล้อม
- ✓ Internal audit
- ✓ ประชุมทบทวนบริหาร
- ✓ เตรียมยื่นขอการรับรองในเดือน มี.ค. 2565



คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์



RDO



สถาบันวิจัยและนวัตกรรม
 ทางทางการแพทย์



บพข. Innohub

Opportunity: High-value medical service in AWC

- Andaman Wellness Corridor project
- World class medical and rehabilitation destination
- High-value medical care





สถาบันวิจัยระบบสาธารณสุข



คณะแพทยศาสตร์
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์



RDO



สถาบันวิจัยและนวัตกรรม
ทางการแพทย์



บพข. Innohub



Explore • Commit • Discover

ขอเชิญเข้าร่วมประชุมเชิงปฏิบัติการ
การวิเคราะห์ทางชีวสารสนเทศสำหรับข้อมูล
รหัสพันธุกรรมตลอดจีโนมของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019

21-22 มีนาคม 2565
 08.30 - 16.30 น.

หัวข้อการอบรม

- Basic structure of SARS-CoV-2 genome
- Specimen collection, RNA preservation and Viral RNA extraction
- Molecular technology for SARS-CoV-2 identification and classification
- Specimen delivery and viral laboratory tour
- SARS-CoV-2 whole genome sequencing
- Introduction to bioinformatics for SARS-CoV-2 genome analysis
- Molecular evolution of SARS-CoV-2
- SARS-CoV-2 lineage/clade identification (command line and web-based tools)
- Phylogenetic tree generation and interpretation

วิทยากร

สงขลานครินทร์ 2565

ค่าลงทะเบียนคนละ 2,500 บาท

★ ผู้เข้าร่วมกิจกรรมครบทั้ง 2 วัน สุนรับของรางวัลพิเศษ ★

ลงทะเบียนฟรี 30 มีนาคม 2565

สอบถามเพิ่มเติม โทร. 074-28-6940 | Email : sudarat@psu.ac.th

<https://rdo.psu.ac.th/> | psugroup.psu.ac.th | 074-28-6940 | Research and Development Office | RDO PSU | PSU Research Channel

