




คู่มือการใช้งานระบบ Clinical decision support system
สำหรับการแปลผลการดื้อยาและสายพันธุ์ของเชื้อวัณโรค

1. เมื่อเข้าสู่เว็บไซต์ <https://mtb.nbt.or.th/> จะพบกับหน้าเว็บไซต์หลักของ National Biobank of Thailand: TB Web Service ดังรูปด้านล่าง


National Biobank of Thailand : TB Web Service

User Manual Contact us Logout



Mycobacterium Tuberculosis (MTB) causes a major problem in public health. With the high prevalence of MTB in Thailand, the world health organization (WHO) assigned Thailand to the high tuberculosis (TB) burden group of 14 countries whose burdens encompass TB infection, infection with both TB and HIV (TB+HIV) and infection with multidrug-resistant TB (MDR-TB). More and more cases of drug resistant TB hampers the success of TB control program due to higher treatment failure rate. Quite often that new TB infected patients will be prescribed with multiple drugs because the standard TB drug sensitivity test usually takes up to two months. Such practices could promote the higher incidence of TB drug resistance. Thus, WHO recommends the use of TB whole genome sequencing (WGS) in the standard TB control program comprising diagnosis, prediction of TB drug resistance, and TB spreading management. WGS is faster and cheaper; soon TB WGS is hence becoming a standard practice in public health. However, WGS of TB entails generation of large sequencing data files. Such data require rather complex bioinformatic operations that could confuse TB interpretation personnel. With this challenge, we develop this platform to solicit support for development of a computational platform assisting TB drug resistant prediction with high accuracy using both TB's single nucleotide polymorphisms (SNPs) and structural variations (SV) from TB WGS data. The resulting computational prediction of drug-resistant TBs should promote the construction of an up-to-date national TB genomic portal that offer a prototype of TB drug program of TB in Thailand.

↓



TB NGS Analysis Platform

Full scale NGS analysis platform for research support. Including lineage and drug resistant prediction, genome browser to explore your data, phylogenetic tree, outbreak analysis, structural variant analysis etc.


GET START

↓

Clinical decision support system

Clinical decision support system based on NGS data analysis reference from "Practical guideline for next-generation sequencing of Mycobacterium tuberculosis laboratories and data interpretation" publish by Department of Disease Control

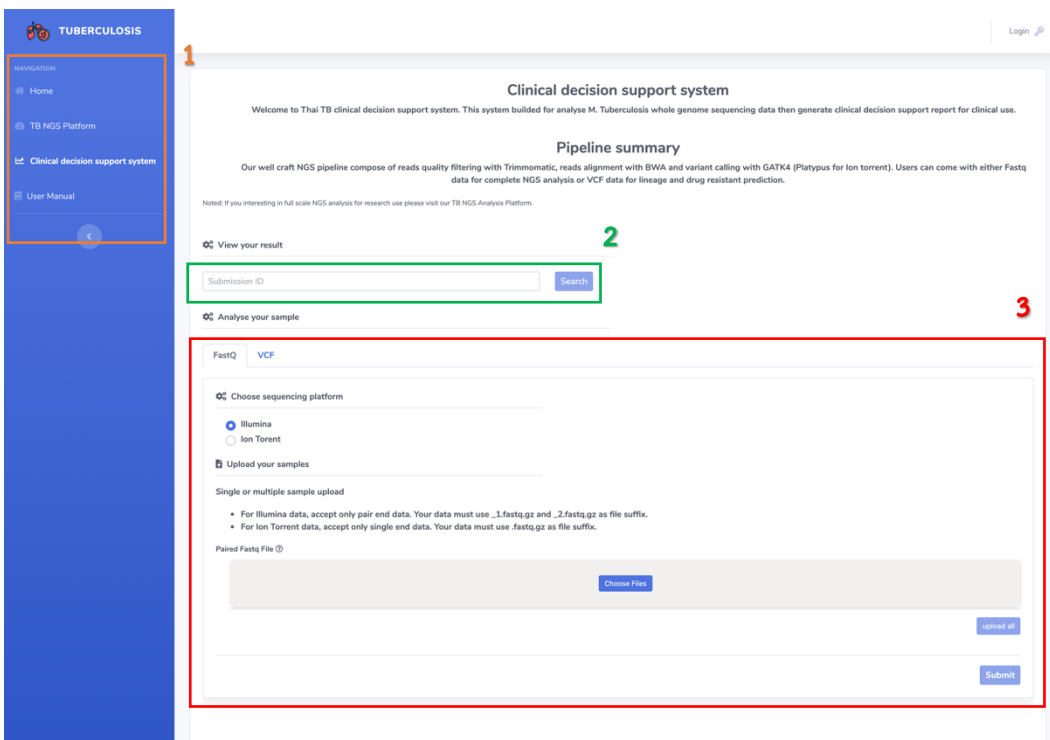
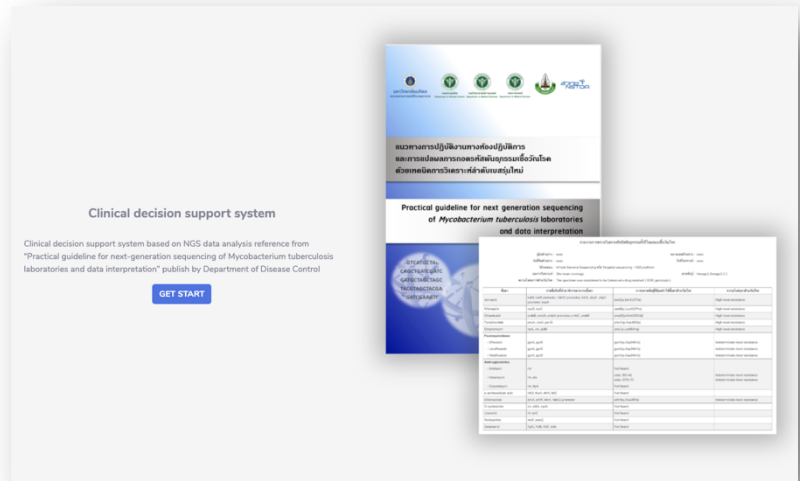
GET START



Practical guideline for next generation sequencing of Mycobacterium tuberculosis laboratories and data interpretation

Chapter	Page
1. Introduction	1
2. Laboratory workflow	2
3. Data analysis	3
4. Drug resistance prediction	4
5. Lineage prediction	5
6. Structural variant analysis	6
7. Phylogenetic tree	7
8. Outbreak analysis	8
9. Conclusion	9

2. เพื่อเข้าใช้งานระบบ clinical decision support system ให้เลื่อนมาที่หัวข้อ Clinical decision support system และกดปุ่ม GET START



3. ระบบจะนำท่านเข้าสู่หน้าหลัก เพื่ออัปโหลดไฟล์และเรียกดูผลการวิเคราะห์ โดยจะแบ่งออกเป็น 3 ส่วนดังนี้

1. แสดงลิงค์ทางลัดเพื่อไปยังหน้าอื่นๆ ของ TB web service
2. เป็นส่วนที่ให้ผู้ใช้งานนำ run ID ที่ได้จากระบบมาใส่เพื่อเรียกดูผลการวิเคราะห์
3. เป็นส่วนการอัปโหลดไฟล์และสั่งวิเคราะห์

4. การอัปโหลดไฟล์และสั่งวิเคราะห์จะมีให้เลือกสองรูปแบบคืออัปโหลดไฟล์ Fastq หรือ VCF โดยมีรายละเอียดดังนี้

4.1 เลือกอัปโหลดไฟล์ Fastq

1. เลือก sequencing platform ที่ใช้สำหรับข้อมูลที่ต้องการวิเคราะห์

2. ผู้ใช้กด Choose Files เพื่อเลือกไฟล์ตัวอย่าง โดยไฟล์ตัวอย่างจะต้องตั้งชื่อไฟล์ตามรูปแบบที่กำหนด ทั้งนี้ขึ้นกับ sequencing platform ที่ได้เลือกไว้ (สามารถเลือกได้หลายตัวอย่าง)

Illumina : เป็นไฟล์แบบคู่ต้องตั้งชื่อลงท้ายด้วย _1.fastq.gz และ _2.fastq.gz
Ion torrent : เป็นไฟล์แบบเดี่ยวต้องตั้งชื่อลงท้ายด้วย .fastq.gz

3. ผู้ใช้กด Upload all เพื่อเริ่มต้นการอัปโหลด ผู้ใช้จำเป็นต้องรอให้การอัปโหลดไฟล์เสร็จสมบูรณ์ก่อนจึงจะสามารถกด submit เพื่อเริ่มวิเคราะห์ได้

4. กด Submit เพื่อเริ่มการวิเคราะห์ ผู้ใช้จะได้รับไฟล์ที่ระบุเลข run ID เพื่อใช้ในการเรียกดูผลการวิเคราะห์

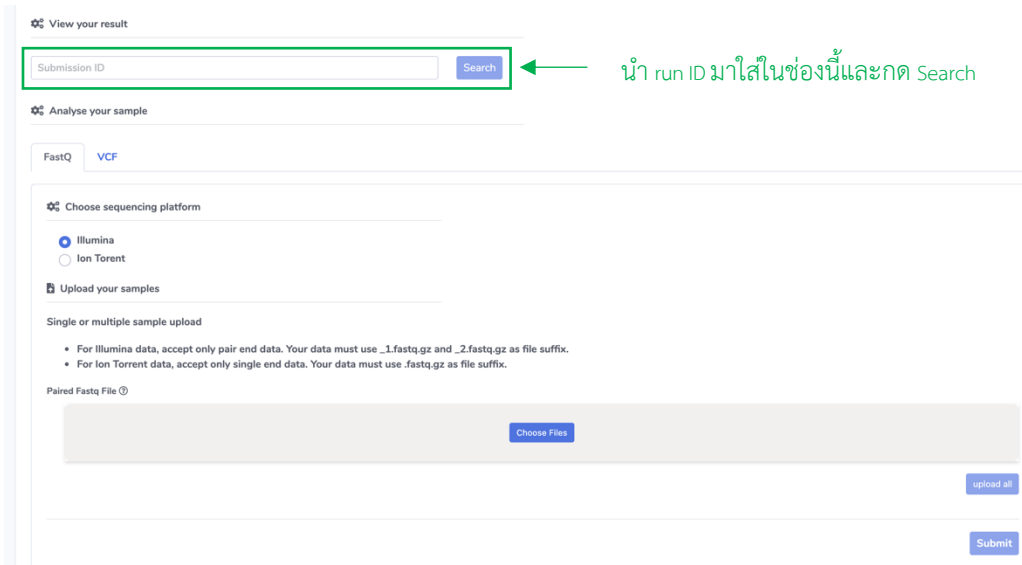
4.2 เลือกอัปโหลดไฟล์ VCF

1. กดปุ่ม Choose Files เพื่อเลือกไฟล์ VCF โดยไฟล์จะต้องตั้งชื่อลงท้ายด้วย .vcf.gz (สามารถเลือกได้หลายตัวอย่าง)

2. กด Upload all เพื่อเริ่มต้นการอัปโหลด ผู้ใช้จำเป็นต้องรอให้การอัปโหลดไฟล์เสร็จสมบูรณ์ก่อนจึงจะสามารถกด Submit เพื่อเริ่มวิเคราะห์ได้

3. กด Submit เพื่อเริ่มการวิเคราะห์ ผู้ใช้จะได้รับไฟล์ที่ระบุเลข run ID เพื่อใช้ในการเรียกดูผลการวิเคราะห์

5. นำ run ID มาใส่ในช่อง View your result และกด Search ระบบจะนำท่านไปยังหน้าเว็บเพื่อดูผลการวิเคราะห์

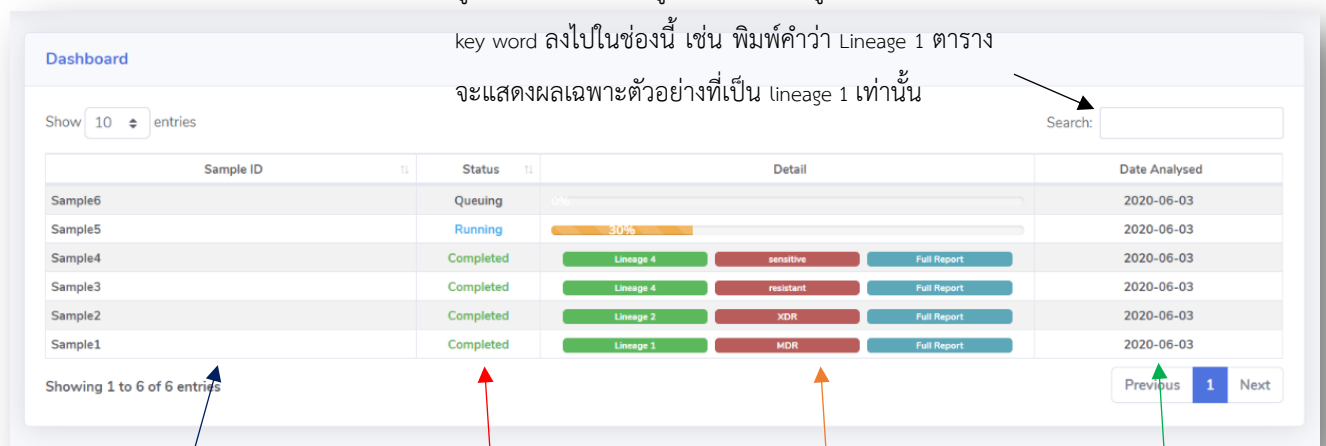


6. ผู้ใช้สามารถดูข้อมูลการวิเคราะห์ที่ได้จากตารางในหน้า Dashboard ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

ผู้ใช้สามารถกรองข้อมูลหรือค้นหาข้อมูลได้จากการพิมพ์

key word ลงไปในช่องนี้ เช่น พิมพ์คำว่า Lineage 1 ตาราง

จะแสดงผลเฉพาะตัวอย่างที่เป็น lineage 1 เท่านั้น



คอลัมน์ที่ 1 ข้อมูล sample ID

คอลัมน์ที่ 2 แสดงสถานะการ
สั่งงาน โดยจะมี 3 สถานะคือ

1. Queuing (รอคิว)
2. Running (กำลังประมวลผล)
3. Completed (เสร็จสมบูรณ์)

คอลัมน์ที่ 3 แสดงเปอร์เซ็นต์
ความคืบหน้าของการวิเคราะห์
และเมื่อการวิเคราะห์เสร็จสิ้น
ระบบจะโชว์ข้อมูล Lineage,
Drug resistant type และลิงค์เพื่อ
ไปยังหน้า report

คอลัมน์ที่ 4 แสดงวันที่และ
เวลาที่การวิเคราะห์เสร็จ

