**강의개요**

**질량분석을 활용한 단백체 연구**

**(이론) Mass Spectrometry-based Proteomics  
(실습) Proteomics Data Analysis**

인간의 DNA에 있는 유전자들은 발달 및 노화 과정 동안, 장기 및 조직의 위치에 따라, 그리고 외부 환경의 변화에 대응하여 단백질을 만들어 내고 있는 것은 매우 흥미로운 일이다. 이를 통해 다세포 생물의 하나인 인간 몸속의 수많은 세포가 각기 다른 일을 유기적으로 할 수 있는 것일 것이다. 우리는 많은 경우 유전적이지 않은 상황으로 인해 DNA의 변형을 맞이하고 이를 통해 세포에 병인이 발생하여 때로는 결국 죽음에 이르는 병을 얻게 된다.

최근 질량분석법을 기반으로 하는 단백질 집합(통칭 단백체, Proteome)에 대한 연구 기술이 급격히 발달하고 있으며 가까운 시일 내에 NGS 수준의 방대한 데이터 양을 생산하는 날이 머지 않았다. 그렇다면 우리는 언제 단백체 기반의 빅데이터 연구를 하게 될까? 나아가서 유전체와 단백체 통합에 대한 활발한 연구를 통해 생명체가 시간적, 그리고 공간적으로 어떻게 외부 환경에 반응하고, 어떻게 내부적으로 짜여진 프로그램을 영위해 나가는지 이해할 수 있을 것이다. 그러나 단백체 데이터는 유전체 데이터와는 상이한 방식으로 수집이 되고 이를 이해하는 방법은 매우 다르다.

본 강의에서는 질량분석에 대해 이해하고 단백체 데이터 수집 방식을 공부할 것이며 단백체 데이터 분석을 위해 사용되는 플랫폼에 대해 경험하고 데이터 처리에 대한 예를 다룰 것이다. 이를 통해 빅데이터를 빠르고 손쉽게 처리할 수 있는 핵심 역량을 갖추는 것을 목표로 한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

* Mass Spectrometry 개요와 단백체 실험의 개론
* MS 데이터 수집 방법 및 이해
* 데이터 처리 방법과 이해

\*참고강의교재: Min-Sik Kim et al. Nature 2014

\*교육생준비물: 노트북 (메모리 8GB 이상, 디스크 여유공간 30GB 이상)

\* 강의 난이도: 초급

**Curriculum Vitae**

**Speaker Name: Min-Sik Kim, Ph.D.**

****

▶**Personal Info**

Name Min-Sik Kim

Title Associate Professor

Affiliation Department of New Biology, DGIST

▶**Contact Information**

Address DGIST, 333 TechnoJungang-daero, Dalseong-gun, Daegu, 42988

Email mkim@dgist.ac.kr

Phone Number 053-785-1630

**Research interest :** Mass Spectrometry, Proteomics, Systems Biology, Metabolomics, Multi-Omics

**Educational Experience**

2002 B.S. in Chemistry, Korea University, Korea

2004 M.S. in Physical Chemistry, Korea University, Korea

2013 Ph.D. in Biological Chemistry, Johns Hopkins University School of Medicine, USA

**Professional Experience**

2013-2016 Postdoctoral fellow, Institute of Genetic Medicine, Johns Hopkins University School of Medicine

2016-2018 Assistant Professor, Department of Applied Chemistry, Kyung Hee University

2018-present Assistant, Associate Professor, Department of New Biology, DGIST

**Selected Publications (5 maximum)**

1. Hyeon, D. Y., Nam, D...., **Kim, M.-S.**, ... Hwang, D., Lee, S.-W. (2022) Proteogenomic landscape of human pancreatic ductal adenocarcinoma in an Asian population reveals tumor cell-enriched and immune-rich subtypes. **Nature Cancer**. Accepted.
2. **Jang, E. W.**¶, **Park, J. H.**¶, ... **Kim, M.-S.\*** (2022) Cntnap2-dependent molecular networks in autism spectrum disorder revealed through an integrative multi-omics analysis. **Molecular Psychiatry**. Accepted.
3. Cha, S.-J., **Kim, M.-S.**, Na, C. H., Jacobs-Lorena, M. (2021) Plasmodium sporozoite phospholipid scramblase interacts with mammalian carbamoyl-phosphate synthetase 1 to infect hepatocytes. **Nature Communications**. 12(1):6773.
4. Park, J.-H., Ryu, S. J., ...,, **Lee, J. H., Park, J. H.**, ..., **Kim, M.-S.\***, Hwang, D.\*, Lee, Y.-S.\*, and Park, S. C.\* (2021) Disruption of nucleocytoplasmic trafficking as a cellular senescence driver. ***Experimental & Molecular Medicine****.* 53, 1092–1108.
5. Huh, S., Hwang, D.\*, **Kim MS\*** (2020) Statistical modeling for enhancing discovery power of citrullination from tandem mass spectrometry data. ***Analytical Chemistry***. 92, 19, 12975–12986.