

강의개요

Bioinformatics for Cancer Immunotherapy

본 강의에서는 차세대 암 치료 기법으로 떠오르고 있는 면역항암 치료의 원리와, 이를 수행하는 데에 필요한 다양한 생물정보학 분석 기법을 설명한다. 효율적인 암 면역치료의 기반이 되는 암 면역 특성과 환경에 대한 분석, 특히 암 유전체 분석, 변이 분석, 항원 분석의 원리를 이해하고 나아가 이를 다양한 데이터에 활용할 수 있는 기초지식을 다시는 것을 목표로 한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 암 면역치료의 역사와 개요
- 암 면역치료의 방법 및 연계된 유전체 분석 기법
- 효과적인 암 정밀 면역치료를 위한 암 면역특성 및 면역환경 분석 기법
- 생물정보학 분석 도구 소개

*참고강의교재:

- 유인물 배포 예정

* 강의 난이도: 초급

* 강의: 김상우 교수 (연세대학교 의과대학)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Sangwoo Kim, Ph.D.



► Personal Info

Name Sangwoo Kim
Title Associate Professor
Affiliation Yonsei Univ. College of Medicine

► Contact Information

Address 50-1, Yonsei-ro, Seodaemun-gu, Seoul, 03722, Korea
Email swkim@yuhs.ac
Phone Number 010-3407-9861

Research interest : Genomic analysis of human disease, Algorithm development

Educational Experience

2002 B.S. in Computer Science, KAIST
2004 M.S. in Bioinformatics, KAIST
2010 Ph.D. in Bioinformatics, KAIST

Professional Experience

2010-2013 Post-doc research fellow, UC San Diego
2014-2019 Assistant Professor, Yonsei University College of Medicine
2020- Associate Professor, Yonsei University College of Medicine

Selected Publications (5 maximum)

1. Kim TM, Yang IS, Seung BJ, Lee S, Kim D, Ha YJ, Seo MK, Kim KK, Kim HS, Cheong JH, Sur JH, Nam H and **Kim S***, Cross-species Oncogenic Signatures of Breast Cancer in Canine Mammary Tumors, Nature Communications, 2020 11, article number 3616
2. Jo S-Y, Kim E, and **Kim S***, Impact of mouse contamination in genomic profiling of patient-derived models and best practice for robust analysis, Genome Biology 2019, (20):231
3. Kim J, Kim D, Lim JS, Maeng JH, Son H, Kang H-C, Nam H, Lee JH* and **Kim S***, The use of technical replication for detection of low-level somatic mutations in next-generation sequencing, Nature Communications 2019, article 1047
4. Lee G, Ryu HJ, Choi JW, Kang H, Yang WI, Yang IS, Seo M-K, **Kim S*** and Yoon SO*, Characteristic gene alterations in primary gastrointestinal T and NK cell lymphomas, Leukemia

2019 33:1797-1832

5. Kim S, Kim HS, Kim E, Lee MG, Shin E-C, Paik S, and **Kim S***, Neopepsee: accurate genome-level prediction of neoantigens by harnessing sequence and amino acid immunogenicity information, *Annals of Oncology* 2018, 29(4):1030-1036