

강의개요

Introduction to single cell transcriptomics analysis

2009년 단일세포에서 얻은 RNA sequencing 데이터가 처음 발표된 이후로 이제는 single cell RNA sequencing (scRNAseq)은 유전자발현 연구에 필수적인 도구로 자리잡고 있다. 이에 따라 데이터분석의 기본적인 파이프라인도 표준화되고 있지만 여전히 처음 접하는 연구자에게는 접근하기에 많은 어려움이 있다.

본 강의에서는 단일세포기술의 역사와 기본분석 파이프라인에 대해서 공부하고 가장 널리 쓰이는 Seurat과 Scanpy 사용법에 대해 설명한다. 이론강의에서 분석파이프라인이 만들어진 배경에 대해서 학습하고 그 원리를 탐구한 후에 예제 데이터를 통하여 Seurat과 Scanpy의 구성과 활용법에 대해서 익히고 연구자들이 생산한 데이터에 적용하여 분석하고 해석할 수 있는 역량을 갖추는 것을 목표로 한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 단일세포 기술의 역사
- scRNAseq 데이터분석 기본 파이프라인 (품질관리, 정규화, 차원축소, 시각화, 클러스터링)
- Seurat를 활용한 scRNAseq 데이터 분석
- Scanpy를 활용한 scRNAseq 데이터 분석

*참고강의교재:

Current best practices in single-cell RNA-seq analysis: a tutorial / Malte Luecken, Fabian Theis

*교육생준비물:

Seurat (R package), Scanpy (Python package)가 설치된 노트북 (메모리 16GB 이상)

* 강의 난이도: 중급

* 강의: 김준일교수 (숭실대학교 컴퓨터공학부)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Junil Kim, Ph.D.



► Personal Info

Name Junil Kim
Title Assistant Professor
Affiliation Soongsil University

► Contact Information

Address 369, Sangdo-Ro, Dongjak-Gu, Seoul, 06978
Email junilkim@ssu.ac.kr
Phone Number 010-3140-6567

Research interest : Single Cell Genomics, Systems Biology, Network Biology

Educational Experience

2005 B.S. in Bioinformatics, Soongsil University, Republic of Korea
2008 M.S. in Bioinformatics, Seoul National University, Republic of Korea
2014 Ph.D. in Bio and Brain Engineering, KAIST, Republic of Korea

Professional Experience

2014-2016 Postdoctoral Researcher, CHA Cancer Institute, CHA University, Republic of Korea
2016-2018 Postdoctoral Researcher, Perelman School of Medicine, University of Pennsylvania, USA
2018-2021 Postdoctoral Researcher, BRIC, University of Copenhagen, Denmark
2021- Assistant Professor, School of Systems Biomedical Science, Soongsil University, Republic of Korea

Selected Publications (5 maximum)

1. Guangzheng Weng, **Junil Kim***, and Kyoung Jae Won*, "VeTra: a tool for trajectory inference based on RNA velocity", *Bioinformatics* (**IF: 6.937**), btab364, May 2021. (*Co-corresponding authors)
2. **Junil Kim**, Simon T. Jakobsen, Kedar N. Natarajan, Kyoung Jae Won, "TENET: gene network reconstruction using transfer entropy reveals key regulatory factors from single cell transcriptomic data", *Nucleic Acids Research* (**IF: 16.971**), Vol. 49, No. 1, e1-e1, Jan. 2021.
3. Shibiao Wan, **Junil Kim**, Kyoung Jae Won, "SHARP: hyper-fast and accurate processing of single-cell RNA-seq data via ensemble random projection", *Genome Research* (**IF: 9.043**), Vol. 30, Issue 2, 205-213, Jan. 2020. (Google Scholar Citations: **11** / Web of Science Citations: **4**)
4. **Junil Kim**, Diana E. Stancescu, and Kyoung Jae Won, "CellBIC: Bimodality-based top-down clustering of single-cell RNA sequencing data reveals hierarchical structure of the cell type", *Nucleic Acids Research* (**IF: 16.971**), Vol. 46, Issue 21, e124, Aug. 2018. (Google Scholar Citations: **8** / Web of Science Citations: **4**)

5. **Junil Kim**, Sang-Min Park, and Kwang-Hyun Cho, "Discovery of a kernel for controlling biomolecular regulatory networks", *Scientific Reports*, Vol. 3, 2223, July 2013. (Google Scholar Citations: **87** / Web of Science Citations: **44**)