강의개요

Introduction to genome-wide association studies

전장유전체연관분석(GWAS, genome-wide association studies)은 인간 질병이나 형질과 연관된 유전 변이를 발굴하고 유전적 조성을 규명하는 대표적인 연구 방법론이다. 그 동안 전세계에서 진행된 대규모 GWAS 연구들은 다양한 형질과 연관된 유전 변이를 발굴하였고 이러한 변이들은 형질의 유전력을 상당 부분 설명하게 되었다. 나아가, 대규모 GWAS 분석 결과(GWAS summary statistics)가 공유됨에 따라, 유전력(heritability), 질병 간 유전적 상관성(genetic correlation), 다인자유전점수(polygenic risk score), 멘델리안 무작위법(Mendelian randomization) 등 여러 post-GWAS 분석이 가능하게 되었고 질병의 유전적 조성을 이해하는데 핵심적인 정보를 제공하고 있다.

본 강의에서는 GWAS를 중심으로 한 유전체 분석의 배경, 이론 및 분석 방법론 등을 소개하고, 복합 질환에서 최근 GWAS 연구 결과를 소개하고자 한다. 이를 통해 GWAS 기반의 연구를 해석하기 위한 기초 지식을 쌓고, 나아가 GWAS 분석 및 GWAS 결과의 응용 연구를 위한 핵심 역량을 갖추는 것을 목표로 한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 유전체 분석을 위한 개념
- GWAS 분석의 이론과 방법론
- Post-GWAS 분석의 이론과 방법론
- 대표적인 연구 결과의 소개

*참고강의교재:

Tam et al. Benefits and limitations of genome-wide association studies, Nature Reviews Genetics, 20:467-484, 2019.

Balding. A tutorial on statistical methods for population association studies, Nature Reviews Genetics, 7:781-791, 2006.

이종극, 질병 유전체 분석법 3판

- * 강의 난이도: 초급
- * 강의: 원홍희 교수 (성균관대학교 삼성융합의과학원)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Hong-Hee Won, Ph.D.



▶ Personal Info

Name Hong-Hee Won

Title Associate Professor

Affiliation Sungkyunkwan University

▶ Contact Information

Address 81, Irwon-Ro, Gangnam-Gu, Seoul, 06351

Email wonhh@skku.edu Phone Number 010-6326-3452

Research interest: Population genomics, genome-wide association study, polygenic risk score

Educational Experience

2002 B.S. in Computer Science, Yonsei University, Korea 2004 M.S. in Computer Science, Yonsei University, Korea

2011 Ph.D. in Bioinformatics, KAIST, Korea

Professional Experience

Research Scientist, Samsung Biomedical Research Institute and Samsung Medical Center, Korea
 Research Fellow, Massachusetts General Hospital, Harvard Medical School, and Broad Institute of MIT and Harvard, USA
 Assistant Professor, Sungkyunkwan University, Samsung Medical Center, Korea
 Associate Professor, Sungkyunkwan University, Samsung Medical Center, Korea

Selected Publications (5 maximum)

- 1. Kim S, et al. Shared genetic architectures of subjective well-being in East Asian and European ancestry populations, Nature Human Behaviour, 6(7):1014-1026, 2022.
- 2. Kim M, et al. Association between adiposity and cardiovascular outcomes: an umbrella review and meta-analysis of observational and Mendelian randomization studies, European Heart Journal, 42(34):3388-3403, 2021.
- 3. Khera AV, et al. Association of rare and common variation in the lipoprotein lipase gene with coronary artery disease, Journal of the American Medical Association JAMA, 317(9):937-46, 2017.

- 4. Do R, et al. Exome sequencing identifies rare LDLR and APOA5 alleles conferring risk for myocardial infarction, Nature 518:102-106, 2015.
- 5. Stitziel NO, et al. Inactivating mutations in NPC1L1 and protection from coronary heart disease, New England journal of medicine NEJM, 371(22):2072-2082, 2014.