

강의개요

Beginning Version Control for Bioinformatics

앗! 지금 보고 있는 RNA-Seq 분석에서 지난 주까지 분명히 기대했던 GO term이 나왔는데 갑자기 나오지 않는다. 마감이 코앞이라 정신없이 작업했더니 뭘 고쳤는지 기억도 잘 나지 않는다. 당장 내일이 프로젝트 팀 회의인데 뭐라고 말해야 하지... 좌절이다.

코드는 텍스트 파일 여러 개의 뭉치이지만 현실에선 하나의 축이 더해져야 한다. 바로 시간축이다. 1주일만 지나도 내 코드가 남의 코드 같은 느낌이 든다. 작업하면서 바뀌는 부분들을 제대로 기록하고 관리하면 오래된 코드에서도 왜 어떻게 그런 식으로 바뀌었는지 언제든 확인하고 더 효율적으로 일할 수 있다. 특히 여러 사람이 공동으로 작업할 때는 이슈를 관리하고 여러 명의 변경 사항을 통합하고 같이 만들어 낸 버그를 추적하는 데 버전 컨트롤(Version Control)이 꼭 필요하다.

이 강의에서는 버전 컨트롤러로 가장 널리 사용되고 있는 git의 기본 사용법을 익히고 버전 컨트롤의 주요 개념들에 대해서 소개한다. 그리고, git 저장소를 중심으로 이슈 트래킹, 코드 교환, 배포, 연속 통합(Continuous Integration) 등 현대적인 개발 환경의 핵심 플랫폼을 제공하는 GitHub 서비스의 기본적인 사용법과 개념을 같이 익혀서 좀 더 재현 가능하고 안전한 생물정보학 데이터 분석을 시작하는 동기를 마련하는 것을 목표로 한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- Version Control의 기본 개념
- Git 사용법
- GitHub의 주요 개념
- GitHub 사용 실습

*교육생준비물: 수강 도중에 동영상을 멈추고 실습하는 경우 macOS, Linux 또는 Windows가 설치돼 있고 인터넷에 접속 가능한 컴퓨터 필요.

* 강의 난이도: 초급

* 강의: 장혜식 (서울대학교 생명과학부 조교수)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Hyesik Chang, Ph.D.



► Personal Info

Name Hyesik Chang
Title Assistant Professor
Affiliation Seoul National University

► Contact Information

Address: 1 Gwanak-ro Gwanak-gu, Seoul, 08826
Email: hyeshik@snu.ac.kr
Website: <https://qbio.io>

Research interest: High-throughput sequencing, post-transcriptional regulation, RNA-protein interaction

Educational Experience

1998–2007 B.S.E. in Information and Industrial Engineering, Yonsei University, Korea
2007–2009 M.S.E. in Bio and Brain Engineering, KAIST, Korea
2009–2014 Ph.D. in Biological Sciences, Seoul National University, Korea

Professional Experience

2001–2005 Software Developer, Solution Development Team, LinuxKorea, Inc.
2014–2019 Research Assistant Professor, IBS Center for RNA Research, Seoul National University
2018– Research Fellow, Center for RNA Research, Institute for Basic Science
2019– Assistant Professor, School of Biological Sciences, Seoul National University

Selected Publications (5 maximum)

1. D. Kim, J.-Y. Lee, J.-S. Yang, J. W. Kim, V. N. Kim, and H. Chang. (2020) "The Architecture of SARS-CoV-2 Transcriptome." *Cell*, 181(4):914–921.
2. H. Chang¹, J. Yeo¹, J.-G. Kim, H. Kim, M. Lee, J. Lim, H. H. Kim, J. Ohk, H.-Y. Jeon, H. Lee, H. Jung, K.-W. Kim, and V. N. Kim. (2018) "Terminal uridylyltransferases execute programmed clearance of maternal transcriptome in vertebrate embryos." *Molecular Cell*, 70:72–82.e7.
3. J. Lim¹, M. Ha¹, H. Chang¹, S. C. Kwon, D. K. Simanshu, D. J. Patel, and V. N. Kim. (2014) "Uridylation by TUT4 and TUT7 marks mRNA for degradation." *Cell*, 159(6):1365–1376.
4. H. Chang¹, J. Lim¹, M. Ha, and V. N. Kim. (2014) "TAIL-seq: genome-wide determination of poly(A) tail length and 3' end modifications." *Molecular Cell*, 53(6):1044–1052.

5. J. Cho¹, H. Chang¹, S. C. Kwon, B. Kim, Y. Kim, J. Choe, M. Ha, Y. K. Kim, and V. N. Kim. (2012)
"LIN28A is a suppressor of ER-associated translation in embryonic stem cells." *Cell*, 151(4):765–777.

¹ Co-first authors