강의개요

Integrative analysis of multi-omics data

이질적이고 빅데이터인 다중오믹스 데이터는 다양한 생물학 현상을 측정하는데 활용된다. 그러나 다중오믹스 데이터들의 수치와 유전체 적인 요소의 의미가 다르므로 생물학적으로 의미가 있도록 통합 및 분석돼야 한다. 현재 다중오믹스 데이터를 분석한 연구들이 활발히 수행되고 있으며 단일세포 영역까지 분석분야를 넓히고 있다.

관련 전처리, 통합 및 분석 방법들을 살펴보고 최근에 수행한 다중오믹스 유전자 조절 방법 및 패스웨이 분석 방법을 소개하고자 한다. TCGA의 다양한 암에 대한 다중오믹스 데이터를 활용하여 암의 하위유형을 잘 구분할 수 있는 오믹스 요소 및 패스웨이 발굴을 예시로 강의를 구성하였다.

* 강의 난이도: 초급

* 강의: 정인욱교수 (경북대학교 컴퓨터공학부)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Inuk Jung, Ph.D.



▶ Personal Info

Name Inuk Jung

Title Assistant Professor

Affiliation Department of Computer Science, College of IT,

Kyungpook National University

▶ Contact Information

80 Daehak-ro, Buk-gu, Daegu 41566

Email inukjung@knu.ac.kr

Phone Number 053-950-5552

Research interest: Machine learning and computational genomics

Educational Experience

2004 B.S. in Computer Science, Canterbury University, New Zealand

2007 M.S. in Computer Science, Yonsei University, Korea

2017 Ph.D. in Interdisciplinary Program in Bioinformatics, Seoul National University

Professional Experience

2007-2011 Research Engineer at LG Electronics, Anyang, Korea

2017-2019 Research Fellow, Bioinformatics Institute, Seoul National University, Korea 2019- Assistant Professor at Department of Computer Science, College of IT,

Kyungpook National University

Selected Publications (5 maximum)

- 1. Jaemin Jeon, Eon Yong Han and Inuk Jung, "MOPA: An Integrative Multi-Omics Pathway Analysis Method for Measuring Omics Activity", PLOS ONE 2022 (in publication)
- Inuk Jung, Minsu Kim, Sungmin Rhee, Sangsoo Lim and Sun Kim, MONTI: A Multi-Omics Non-negative Tensor Decomposition Framework for Gene-Level Integrative Analysis, Frontiers in Genetics, 10 September 2021
- 3. Minsik Oh, Sungjoon Park, Sangseon Lee, Dohoon Lee, Sangsoo Lim, Dabin Jeong, Kyuri Jo, Inuk Jung and Sun Kim, "DRIM: A Web-Based System for Investigating Drug Response at the Molecular Level by Condition-Specific Multi-Omics Data Integration", Frontiers in Genetics, 12 November 2020
- 4. Inuk Jung, Joungmin Choi, and Heejoon Chae, "A non-negative matrix factorization based

- framework for the analysis of multi-class time-series single-cell RNA-seq data." *IEEE Access* 2020
- 5. Sangsoo Lim, Sangseon Lee, Inuk Jung, Sungmin Rhee, Sun Kim, "Comprehensive and critical evaluation of individualized pathway activity measurement tools on pan-cancer data", <u>Briefings in Bioinformatics</u> 2018