강의개요

Deep Learning in Bioinformatics

최근 다양한 생물 종, 인체 부위 및 질환 관련 오믹스 데이터는 점점 더 많이 생산되고 있으며, 중요한 의생명과학의 문제에 대한 해답을 구하고자 활용되고 있다. 신약 개발을 포함한 많은 문제에서 대규모 분자구조를 이용한 기능, 반응성 예측도 매우 중요한 문제이다. 딥러닝은 비선형 변환의 조합을 이용하여 데이터의 높은 수준의 추상화를 통해 특성을 추출함으로써 예측이나 분류와 같은 문제를 해결하고자 한다. 따라서 딥러닝은 의생명과학 분야에서도 좋은 성과를 보이고 있다.

본 강의에서는 대용량 유전체, 분자구조, 텍스트 데이터와 다양한 딥러닝 모델을 이용하여 유전인자나 그들의 기능을 예측하는 방법들을 소개한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 딥러닝 모델 개요
- 시퀀스 데이터를 이용한 유전인자 예측
- 분자구조 데이터를 이용한 기능 예측
- 텍스트 데이터를 이용한 정보 추출

*참고강의교재:

Deep Learning (Aaron Courville, Ian Goodfellow, and Yoshua Bengio, 2015)

Deep Learning for the Life Sciences (Peter Eastman, Patrick Walters, Bharath Ramsundar, Vijay S. Pande, 2019)

*교육생준비물:

노트북 (Google Colab 이용)

- * 강의 난이도: 중급
- * 강의: 노미나교수 (한양대학교 컴퓨터소프트웨어학부)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Mina Rho, Ph.D.



▶ Personal Info

Name Mina Rho

Title Associate Professor
Affiliation Hanyang University

▶ Contact Information

Address 222, Wangsimni-ro, Sungdong-Gu, Seoul, 04763 Email minarho@hanyang.ac.kr Phone Number 010-3460-9257

Research interest: Translational bioinformatics, machine learning, and (meta)genomics

Educational Experience

B.S. in Computer Science, Ewha Womans University, Korea
 M.S. in Computer Engineering, Boston University, USA
 Ph.D. in Computer Science, Indiana University, USA

Professional Experience

2009-2012	Postdoctoral Associate, Dept. of Computer Science, Indiana University, Seoul,	
Korea		
2012-2013	Assistant Professor, Dept. of Biostatistics and Bioinformatics, Roswell Park Cancer	
	Institute, Buffalo, USA	
2013-2017	Assistant Professor, Dept. of Computer Science, Hanyang University, Seoul, Korea	
2017-Current	Associate Professor, Dept. of Computer Science, Hanyang University, Seoul,	
Korea		

Selected Publications (5 maximum)

- 1. HJ Gwak, M Rho (2022) "ViBE: a deep learning model to classify viruses using metagenome sequencing data", Briefings in Bioinformatics: bbac204
- 2. J Jeon, J Lee, SM Jung, JH Shin, WJ Song, M Rho (2021) "Genomic Determinants Encode for the Reactivity and Regioselectivity of Flavin-Dependent Halogenases in Bacterial Genomes and Metagenomes", mSystems: 6(3)

- 3. Y Park, J Lee, H Moon, Y Choi, M Rho (2021) "Discovering microbe-disease associations from the literature using a hierarchical long short-term memory network and an ensemble parser model", Scientific Reports: 11(5874)
- 4. HJ Gwak, M Rho (2020) "Data-driven modeling for species-level taxonomic assignment from 16S rRNA: Application to human microbiomes", Frontiers in microbiology :11
- 5. SK Lim, D Kim, DC Moon, Y Cho, M Rho (2020) "Antibiotic resistomes discovered in the gut microbiomes of swine and cattle", Giga Science :9(5)

강의 시간표

시 간	발표 내용	연 자
09:00-09:20(20)	등록	
09:20-09:30(10)	공지사항 전달	
9:30–10:50(80)		
10:50-11:00(10)	휴식	
11:00-12:10(70)		
12:10-13:40(90)	점심	
13:40-15:10(90)	Deep learning in Bioinformatics	노미나 교수
15:10-15:20(10)	휴 식	
15:20-16:50(90)	Deep learning model을 이용한 실습	곽호진, 박예솔 조교