

강의개요

Single-cell RNA-seq data analysis for marker/drug target discovery

단일세포 RNA-seq과 공간전사체 기술은 조직 혹은 종양 미세환경(TME)에서 세포들이 어떤 상태에 있고, 주변 세포들과 어떤 상호작용을 하는지, 정상조직 혹은 기준이 되는 조직과 어떤 차이가 있는지 등을 정밀하게 확인할 수 있는 기술로 이의 데이터의 분석을 통해 진단 혹은 예후과 관련된 마커나 치료 표적 후보들을 발굴하고 이를 기반으로 검증을 위한 실험을 기획함으로써 많은 시간과 비용을 절약할 수 있다. 물론 이를 위해서는 세포유형 식별, 세포간 상호작용 추론, DEG 및 gene set enrichment 분석 등 다양한 분석도구를 이용한 데이터의 처리가 요구된다.

본 프로그램은 생명과학/의학분야 연구자 혹은 석사 수준의 생명정보 연구자가 손쉽게 종양/조직 미세환경에 대한 분석 결과를 얻고 해당 분석 결과의 데이터 마이닝을 직접 수행하여 마커나 치료 표적 후부를 발굴하고 이들의 생물학적 의미를 추론해낼 수 있도록 해보자는 데에 목표를 두고있다. 본 프로그램을 통해 참여자들은 최소한의 (파이썬) 프로그래밍 스킬로 마커/표적 발굴 연구를 위한 다양한 분석 도구로부터 얻어진 결과를 한눈에 확인하고 이 결과들의 데이터 마이닝/활용법 실습을 통해 시스템적 관점에서 발굴된 후보들에 연관된 생명 과정의 통찰을 얻고 검증을 위한 실험을 기획할 수 있는 방법을 체험해 볼 수 있다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- SCODA 파이프라인을 이용한 단일세포 RNA-seq 데이터의 처리 (세포유형 식별, Copy number variation 및 ploidy 추정, 세포유형간 단백질 상호작용 분석, 조건 간 DEG 분석 및 Gene set enrichment 분석 도구 소개 포함)
- AnnData 포맷 소개 및 SCANPY를 이용한 단일세포 RNA-seq 데이터의 전처리 (실습)
- DEG 분석 결과/세포간 상호작용 결과의 데이터 마이닝 및 마커/표적 발굴 (실습)
- CNV (추정치) 기반의 암세포 표현형 특징 분석 (실습)
- GSEA를 이용한 신호 경로 분석 (실습)

*참고 강의교재: N/A

*교육생준비물: 노트북 (무선랜 접속가능, Google Chrome 설치 필요)

* 강의 난이도: 중급 (단일세포 RNA-seq 기술에 대한 이해 및 기초적인 프로그래밍)

* 강의: 윤석현 교수 (단국대학교 전자전기공학과)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Seokhyun Yoon, Ph.D.



► Personal Info

Name Seokhyun Yoon
Title Professor
Affiliation Dankook University

► Contact Information

Address Rm #310, 2nd engineering building, 152 Jukjeon-ro, Suji-gu, Yongin-si,
Gyeonggi-do, Republic of Korea, 16890
Email syoon@dku.edu

Research interest : Bioinformatics, Machine learning and computational transcriptomics

Educational Experience

2003 Ph.D. in Electrical and Computer Engineering, New Jersey Institute of Technology, USA
1996 M.S. in Electronics, Sungkyunkwan University, USA
1992 B.S. in Electronics, Sungkyunkwan University, Korea

Professional Experience

2005- Professor, Dankook University, Korea
2003-2005 Senior Member of Technical Staff, Samsung Electronics, Korea
1999-1999 Member of Technical Staff, Electronics & Telecom Research Institute (ETRI), Korea

Selected Publications (3 maximum)

1. D. Hong, H. Kim, W. Yang, C. Yoon, M. Kim, CS Yang and S. Yoon, "Integrative analysis of single-cell RNA-seq and gut microbiome metabarcoding data elucidates macrophage dysfunction in mice with DSS-induced ulcerative colitis," Communications Biology, June 2024. <https://doi.org/10.1038/s42003-024-06409-w>
2. J. Lee, M. Kim, K. Kang, CS Yang and S. Yoon, "Hierarchical cell-type identifier accurately distinguishes immune-cell subtypes enabling precise profiling of tissue microenvironment with single-cell RNA-sequencing," Briefings in Bioinformatics, Jan. 2023. <https://doi.org/10.1093/bib/bbad006>
3. M. Kim, W. Yang, D. Hong, HS Won, S. Yoon, "A Retrospective View of the Triple-Negative Breast Cancer Microenvironment: Novel Markers, Interactions, and Mechanisms of Tumor-Associated Components Using Public Single-Cell RNA-Seq Datasets," Cancers, Mar. 2024. <https://doi.org/10.3390/cancers16061173>
4. JS Kim, HK Kim, M. Kim, S. Jang, E. Cho, S. Mun, J. Lee, D. Hong, S. Yoon and CS Yang,, "Colon-Targeted eNAMPT-Specific Peptide Systems for Treatment of DSS-Induced Acute and Chronic Colitis in Mouse," Antioxidants, Nov. 2022. <https://doi.org/10.3390/antiox11122376>