

## 강의개요

# Single-cell RNA-sequencing analysis: Assignment of cell types

본 강의는 단일세포 전사체 데이터 분석의 기본적인 측면을 다룬다. 단일세포 수준으로 분석하는 것이 왜 중요한지에 대한 개론을 제공하며, 데이터 유형의 구조와 형식을 설명하고, 데이터 전처리 과정을 이해할 수 있도록 이론과 함께 실습 강의를 제공한다. 또한, 단일세포 전사체 데이터를 이용한 세포 유형을 결정하는 전반적인 과정을 이해할 수 있다. 이를 통해 학습자들은 단일세포 연구에서 데이터를 처리하고 세포 유형을 파악하는데 필요한 기초적인 지식을 습득하게 된다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 단일세포 전사체 데이터 분석의 중요성과 의의를 이해
- 단일세포 전사체 데이터의 구조와 형식에 대해 학습
- 단일세포 전사체 데이터를 활용하여 세포 유형을 할당하는 과정을 이해

\*참고강의교재:

\*교육생준비물:

Rstudio 및 Seurat (R package)가 설치된 노트북 (메모리 8GB 이상, 디스크 여유공간 30GB 이상)

\* 강의 난이도: 초급

\* 강의: 김규태 교수 (아주대학교의과대학 생리학교실) / OOO 조교

# Curriculum Vitae

**Speaker Name: Kyu-Tae Kim, Ph.D.**



## ► Personal Info

Name Kyu-Tae Kim  
Title Assistant Professor  
Affiliation Ajou University School of Medicine

## ► Contact Information

Address 164, Wolrd cup-ro, Yeongtong-gu, Suwon 16499  
Email kimqtae@ajou.ac.kr

**Research interest :** Immunogenomics, Cancer evolution, Computational Biology

## Educational Experience

2010 B.S., Konkuk University, Seoul, Korea  
2012 M.S., Seoul National University, Seoul, Korea  
2015 Ph.D., Seoul National University, Seoul, Korea

## Professional Experience

2013-2017 Researcher, Samsung Genome Institute, Samsung Medical Center, Seoul, Korea  
2017-2019 Postdoctoral Fellow, New York Genome Center, NY, USA  
2020- Assistant Professor, Ajou University School of Medicine, Suwon, Korea

## Selected Publications (5 maximum)

1. Determinants of Response and Intrinsic Resistance to PD-1 Blockade in Microsatellite Instability-High Gastric Cancer, *Cancer Discovery*, 2021 (corresponding author)
2. Somatic mutations and cell identity linked by Genotyping of Transcriptomes, *Nature*, 2019 (first author)
3. SIDR: simultaneous isolation and parallel sequencing of genomic DNA and total RNA from single cells, *Genome Research*, 2018 (first author)
4. Application of single-cell RNA sequencing in optimizing a combinatorial therapeutic strategy in metastatic renal cell carcinoma, *Genome Biology*, 2016 (first author)
5. Single-cell mRNA sequencing identifies subclonal heterogeneity in anti-cancer drug responses of lung adenocarcinoma cells, *Genome Biology*, 2015 (first author)