

강의개요

Introduction to Gene Expression Profiling

어떤 유전자나 물질이 세포에서 어떤 일을 할까? 어떤 가설을 갖고있던 가장 먼저 RNA-seq 먼저 해 보고 시작하게 된지 이제 15년이 되었다. 유전자 발현의 중심축인 DNA-RNA-단백질에서 RNA는 가장 노력과 비용에 비해 많은 정보를 얻을 수 있는 효율적인 물질이다. 최근 인기있는 단일세포 RNA-seq은 세포형과 세포의 위치까지 고려하는 막강한 도구로 떠올랐지만, 여전히 bulk RNA-seq은 가격과 시료 요구사항, 기술난이도와 간편함 면에서 비할 수 없이 좋은 접근성을 제공한다.

이 강의에서는 시퀀싱을 이용한 유전자 발현량 분석에 대해 전혀 경험이 없는 입문자를 위하여 라이브러리 준비 과정, 유전자 발현량 분석의 기초 개념에 대해 소개한다. 또한, 발현량 및 전사체 분석을 통해 달성하고자 하는 여러 생물학적 가설에서 사용되는 전형적인 분석 순서에 대해 입문자가 전체 윤곽을 쉽게 잡을 수 있도록 기본 시나리오들을 몇 가지 소개한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 시퀀싱과 RNA-seq 라이브러리 준비 방법
- 유전자 발현량 추정 방법과 정규화
- 변하는 유전자 분석
- 주요 가설과 데이터 형태에 따른 이후 분석 기법

* 교육생 준비물: 없음

* 강의 난이도: 초급 (일반생물학 수준의 지식이 필요함)

* 강의: 장혜식 교수 (서울대학교 생명과학부)

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