

강의개요

Cancer multi-omics data analysis based on AI

암 멀티 오믹스 데이터는 전 세계적으로 지속적이고 엄청난 양으로 증가하고 있으나 분석 및 분석 결과의 해석을 최적화하기에는 구조가 상당히 이질적이고 복잡하며, 데이터의 크기 또한 방대하여 상당한 어려움을 겪고 있다.

본 강의에서는 암 멀티 오믹스 데이터를 효과적이고 빠르게 처리하기 위해 인공지능 기법을 활용하여 분석/해석할 수 있는 방법을 강의한다. 암 멀티 오믹스로부터 생성된 돌연변이 및 유전자 발현 등 데이터 특징에 따른 인공지능 활용 방법에 대해 이해를 한다. 특히, AlphaFold2를 활용하여 3차원 단백질 구조를 예측할 수 있는 응용 사례를 보이고, 3차원 단백질 예측 구조에 대해 특화된 자동화 평가 방법을 제안한다. 수강생의 인공지능 활용 범위를 고도화하며 인공지능 빅 데이터 시대에 필요한 생물정보학자의 역량을 갖추는 것을 목표로 한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- Multi-omics 데이터를 활용한 인공지능
- 암 유전자 돌연변이/유전자 발현/단백질 발현 데이터를 활용한 인공지능 응용
- AlphaFold2를 이용한 단백질 3차원 구조 예측
- 구조 예측 결과의 평가 및 해석

*참고강의교재:

담당교수 강의 노트

*교육생준비물:

노트북 (메모리 8GB 이상, 디스크 여유공간 30GB 이상, 온라인 접속)

* 강의 난이도: 초급

* 강의: 홍 동 완 교수 (이노원)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Dongwan Hong, Ph.D.



► Personal Info

Name Dongwan Hong
Title Professor
Affiliation Catholic University of Korea, College of Medicine

► Contact Information

Address 222 Banpodaero, Seocho-gu, Seoul 06591, Republic of Korea
Email dwhong@catholic.ac.kr

Research interest : Cancer genomics, Big data, and Artificial Intelligence

Educational Experience

2002-2007 Ph.D. Dept. of Computer Engineering, Hallym University
1992-1996 B.S. Dept. of Computer Science Hallym University

Professional Experience

2020-present Professor, Catholic University of Korea, College of Medicine
2011-2022 Chief Researcher, National Cancer Center of Korea
2008-2011 Senior Researcher, Seoul National University, Medical Research Institute
2003-2007 Assistant Professor, Dept. of Multimedia, Sonngok University

Selected Publications (In the recent 5 years)

1. Park et. al., Clonal dynamics in early human embryogenesis inferred from somatic mutations, 597, 393-397, Nature, 2021.
2. Kim et. al., FIREVAT: finding reliable variants without artifacts in human cancer samples using etiologically relevant, Genome Medicine, 11(1):81, 2019.
3. Park et. al., Tracing Oncogene Rearrangements in the Mutational History of Lung Adenocarcinoma, CELL, 177, 1842-1857, 2019
4. Yang et. al., RhoGAP domain-containing fusions and PPAPDC1A fusions are recurrent and prognostic in diffuse gastric cancer, NATURE COMMUNICATIONS, 9(1):4439~4439, 2018.
5. Lee et. al., Mutualisk: a web-based somatic MUTation AnaLyIS toolKit for genomic, transcriptional and epigenomic signatures, Nucleic Acids Research, 46(W1):W102~W108, 2018