

강의개요

Introduction to single cell multiomics technologies

단일 세포 기술의 발달로 유전체, 전사체, 단백체, 그리고 후성 유전체를 분석할 수 있는 기술들이 빠른 속도로 개발되고 있다. 하지만 실제 biological한 의미를 가진 세포를 정확하게 정의하기 위해서는 여러 표현형을 동시에 측정하는 멀티오믹스 기술이 요구된다. 예를 들어, 단일 세포 수준에서 RNA와 표면 단백질의 발현량을 동시에 측정하는 CITE-seq, 그리고 염색질 접근성(ATAC)과 전사체를 동시 분석하는 10x Multiome 및 sci-CAR와 같은 기술들이 대표적인 멀티오믹스(multiomics) 방법론에 해당한다. 본 강의에서는 최신 단일세포 멀티오믹스 데이터 종류들에 대해서 배우고, 이들이 어떻게 만들어지는지 기술적인 원리와 개념을 배우는 것을 목표로 한다. 또한 이런 기술들을 적용하여 실제 논문에서 분석된 예제들을 살펴본다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 단일세포 기술의 역사
- 단일세포 멀티오믹스 기술 I
- 단일세포 멀티오믹스 기술 II
- 단일세포 멀티오믹스 분석 방법론의 적용 예

*참고강의교재:

없음

*교육생준비물:

노트북 (이론강의로 파워포인트나 PDF가 문제없이 열리면 됨)

* 강의 난이도: 초급

* 강의: 황병진교수 (연세대학교 의과대학 의생명과학부)

Curriculum Vitae

Speaker Name: Byungjin Hwang, Ph.D.



► Personal Info

Name Byungjin Hwang
Title Assistant Professor
Affiliation Yonsei University, Department of Biomedical Sciences

► Contact Information

Address: 502 Avison Biomedical Research Center (ABMRC), 50-1 Yonsei-ro, Seodaemun-gu, Seoul 120-752, Korea
Email bjhwang113@yuhs.ac
Phone Number +82-2-2228-0877

Research interests: Single cell multi-omics, CRISPR engineering and Cancer-immunology

Educational Experience

2012 B.S. in Chemistry, Yonsei University, Korea
2018 Ph.D. in Genome engineering and Bioinformatics, Yonsei University, Korea

Professional Experience

2018.12-2022.8 Post-doc research fellow, Institute for Human Genetics, UCSF, USA
2022.7-2022.8 Visiting Scholar, University of Michigan, USA
2022.9- Assistant Professor, Yonsei University, Severance Biomedical Science Institute, Korea

Selected Publications

Connor A. Tsuchida, Nadav Brandes, Raymund Bueno, Marena Trinidad, Thomas Mazumder, Bingfei Yu, **Byungjin Hwang**, Christopher Chang, Jamin Liu, Yang Sun, Caitlin R. Hopkins, Kevin R. Parker, Yanyan Qi, Ansuman T. Satpathy, Edward A. Stadtmauer, Jamie H.D. Cate, Justin Eyquem, Joseph A. Fraietta, Carl H. June, Howard Y. Chang, Chun Jimmie Ye, Jennifer A. Doudna, *Cell*, 2023, "Mitigation of chromosome loss in clinical CRISPR-Cas9-engineered T cells" (**Engineered main plasmid vector system for this CRISPR screen**)

Byungjin Hwang*, David S. Lee*, Whitney Tamaki, Yang Sun, Anton Ogorodnikov, George Hartoularos, Aidan Winters, Bertrand Yeung, Kristopher L. Nazor, Yun S. Song, Eric D. Chow, Matthew H. Spitzer, Chun Jimmie Ye, *Nature Methods*, 2021, doi: 10.1038/s41592-021-01222-3, "SCITO-seq: single-cell combinatorial indexed cytometry sequencing".

Byungjin Hwang*, Wookjae Lee*, Soo-Young Yum*, Yujin Jeon, Namjin Cho, Goo Jang, Duhee Bang; *Nature*

Communications, 2019, doi:[10.1038/s41467-019-09203-z](https://doi.org/10.1038/s41467-019-09203-z), "Lineage tracing using a Cas9-deaminase barcoding system targeting endogenous L1 elements".

Namjin Cho*, **Byungjin Hwang***, Jung-Ki Yoon*, Sangun Park*, Joongoo Lee*, Han Na Seo, Jeewon Lee, Sunghoon Huh, Jinsoo Chung, and Duhee Bang, *Nature Communications*, 2015, DOI:[10.1038/ncomms9351](https://doi.org/10.1038/ncomms9351), "[De novo assembly and next-generation sequencing to analyze full-length gene variants from codon-barcoded libraries](https://doi.org/10.1038/ncomms9351)".