

informatics and present a seminar. Students learn research methods, preparation and presentation skills.

3393.508 생물정보학특론 1 3-3-0

Advanced Bioinformatics 1

최신 생물정보학 분야를 선정하여 강의함으로써 빠르게 변화하고 있는 이 분야에 유연하게 대처하여, 학생들에게 최신의 학문을 습득하도록 한다.

In this lecture, the most advanced scientific fields in bioinformatics will be examined to familiarize students with the most recent trends in the field.

3393.509 생물정보학특론 2 3-3-0

Advanced Bioinformatics 2

최신 생물정보학 분야를 선정하여 강의함으로써 빠르게 변화하고 있는 이 분야에 유연하게 대처하여, 학생들에게 최신의 학문을 습득하도록 한다.

In this lecture, the most advanced scientific fields in bioinformatics will be examined to familiarize students with the most recent trends in the field.

3393.510* 생물정보학 및 실습 3 4-3-2

Bioinformatics and Practice 3

본 과목에서는 <생물정보학 1·2>에서 생물정보학에 대한 전반적인 이해를 한 학생을 대상으로 하며 생물학적 데이터베이스, 컴퓨터 기법과 알고리즘에 대한 이해에 기반한 대량 서열 분석, 방대한 데이터로부터의 데이터 마이닝 등 생물정보학적 기법에 대해 심도있게 다루어 응용분석과 프로그램 설계 기술을 습득하도록 한다. 또한 DNA microarray 등의 생물정보학의 각종 현안 과제를 고급 통계학적 관점이나 모델링 분석법 등을 적용하여 심도있게 고찰한다.

In this lecture, students who have good insights in bioinformatics from the course on <Bioinformatics and Practice 1, 2> will be taught in the advanced areas, such as biological databases, the analysis of large-scale sequence data upon the basis of understanding of computational tools and algorithm, data mining for valuable information from huge amount of data and other sophisticated fields. In addition, the present trends in bioinformatics are taught.

3393.602 단백질구조분석 3-3-0

Analysis of Protein Structure

단백질의 구조분석은 유전체의 염기서열 결정 이후 후기유전체(post-genome)시대에 필수적인 연구분야이다. 이 과목에서는 단백질의 구조, 단백질의 구조결정방법 및 단백질의 구조예측에 대하여 강의하고 단백질의 물리적 성질과 protein folding, 단백질 상호작용에 대하여 강의하며 이를 규명하기 위한 연구방법에 대하여 강의하고 토의한다.

Since the sequencing of the entire human genome, studies on protein structure have received more attention. This course covers methodology of protein structure determination and prediction. In addition, students participate in discussion on the properties of proteins and protein folding.

3393.603 바이오데이터마이닝 3-3-0

Biological Data Mining

데이터마이닝은 대량의 데이터베이스로부터 과거에는 알지 못했지만 데이터 속에서 유도된 새로운 모형을 발견하여 미래에 실행 가능한 정보를 추출해 내는 학문이다. 즉 데이터에 숨겨진 패턴과 관계를 찾아내어 광맥을 찾아내듯이 정보를 발견해 내는 것이다. 바이오데이터 마이닝은 DNA microarray와 같이 대용량을 high throughput 유전체 자료에 고급 통계 분석과 모델링 기법을 적용하여 유용한 패턴과 연관성을 찾아내는 학문이다.

Data mining is a new research area for mining valuable information from huge amount of data. Specifically, it focuses on developing models and analysis tools to discover new patterns and associations among variables in the data. This course introduces students to statistical models and analysis tools for high throughput genomic data such as DNA microarray data.

3393.605A 약물유전체학 3-3-0

Pharmacogenomics

최근의 신약개발 기술에는 유전자 수준의 분자생물학 연구성과들이 광범위하게 활용되고 있다. 특히 인간 유전체의 염기서열이 밝혀짐으로써 인간 질병의 원인 유전자들이 규명되고 이에 근거한 새로운 개념의 질병치료법 및 신의약품 개발이 급속하게 진행될 것으로 전망이 된다. 따라서 이에 관한 약리학적 이론과 최신 연구동향 향후 약학분야에서의 활용과 발전방안을 강의하고자 한다. 먼저 개체의 약물처리에 의한 유전자 다양성에 따른 약효의 다양성과 약물의 표적인 유전자군의 다양성을 강의한다.

Recently, advances of molecular biological research on a genome-wide scale have been widely utilized as methods for the drug development. In particular, as all human genome genes are discovered, it is expected that disease-causing genes all will be elucidated, and then followed by rapid growth on drug discovery and development of new medication. This lecture focuses on the pharmacological approach, recent research movements, and future prospects in the field of pharmacology.

3393.606 화학정보학 3-3-0

Chemoinformatics

<화학정보학>은 분자계의 구조, 분광학적 특성, 화학반응과 반응성 등에 대한 화학 정보의 저장, 조작, 표현, 그리고 응용에 관련된 학문이다. 이 과정에서는 유용한 데이터와 정보를 체계적인 지식으로 변환시키기 위한 데이터베이스 구성, 데이터 분석, 시각화, 정보처리, 그리고 정보통합에 대한 방법을 배우고, 실제적인 경우에 적용시키는 훈련을 하게 된다.

<Chemoinformatics> is a study that deals with the storage, manipulation, presentation and application of chemical information of the structures, spectra, reactions and activities of molecular systems. Students will learn data analysis, visualization, data integration, and decision making for the purpose of turning data and information into further knowledge and insight.

3393.607 생물정보통계학 3-3-0

Statistics for Bioinformatics

유전체 관련 자료들을 다루기 위한 통계 기법들을 다룬다. 특히 유전체 자료의 양이 방대하고 복잡하기 때문에 기초적인 통계 모형 이외에도 유전체 자료들의 특징을 잘 고려한 통계분석 방법들을 학습하게 될 것이며 컴퓨터를 이용한 다양한 분석 알고리즘을 다룬다.

As statistics has been a key area for analyzing genomic data, this course covers some basic concepts in statistics such as estimation and testing. In addition, some specific statistical models will be introduced to analyze genomic data statistical computer algorithms.

3393.701 생리네트워크분석 3-3-0

Physiological Network Analysis

미생물의 유전자 데이터베이스를 분석하여 대사 네트워크를 이해하고 이를 재구성할 수 있는 능력을 배양하고 미생물의 총괄적인 생리활성을 규명하여 궁극적으로 생명이라는 기본적인 원리를 이해하고자 한다.

In this lecture, students will learn how to interpret metabolic networks from genome sequence and functional genomics data.

3393.703 화학유전체학 3-3-0

Chemical Genomics

생물정보학적인 도구를 이용한 genomic science, computational technology, 그리고 microchip techniques에 의한 신약개발 방법을 강의한다. 동시에 post human genome sequencing시대에서는 DNA 분석기술의 발전이 3.2 Gbp 인간 genome에서 질병유발 유전자의 분석과 유전적 polymorphism의 초고속 분석을 초래하리라 예측되므로 신약개발이 genomic 기술과 컴퓨터의 발전과 상호관련성이 있음을 토의, 강의한다.

This course will provide students with a detailed understanding of molecular mechanism of bioactive chemicals in cells and development of these chemicals as biochemical probes or clinical drugs. Students will learn drug discovery methods based on genomic science using bioinformatics tools, computational technology, and microchip techniques.

3393.704A 유전체환경상호작용 3-3-0

Genome-environment Interaction

인류에 있어서 유전정보의 가장 큰 활용분야 중 하나는 복합형질(complex traits)의 원인 규명이다. 대부분의 만성질환을 포함하여, 건강상태의 많은 측면들은 이러한 복합형질에 해당된다. 복합형질은 소수의 유전자에 의해서 지배되는 형질들과는 달리, 유전자-환경 상호작용이 형질의 발현에 결정적인 중요성을 가진다. 복합형질에 관여하는 다수 유전자군 들은 각각 특이한 환경요인들과 상호작용을 일으키면서 서로 간에 기능적으로 연계되어 있다. 이 과목에서는, 인간 복합형질의 인과모형 연구에 적용하기 위한 유전자-환경의 상호작용의 이론, 연구방법, 그리고 자료분석 방법을 습득하는 것을 목표로 한다.

Human genome information is expected to give us clues to understanding complex traits including most chronic diseases. In contrast to the traits governed by few genes, complex traits are greatly influenced in the process of their expression by the interaction between the genome and the environment. Many genes involved in complex traits are functionally related to each other interacting with specific environmental factors. This course will expose students to various theories, research designs, and data analysis techniques used to investigate genome-environment interactions in the study of human complex traits.

3393.705 바이오칩정보학 3-3-0

Integrative Biochip Informatics

유전자칩과 단백질칩 등의 바이오칩 기술과 정보학은 후기 유전체 시대를 이끌어 갈 핵심기술이다. 본 강좌는 바이오칩 제작의 기초원리와 자료구조에서 이미지분석, 정규화, 필터링, 누락값추론, 매핑, 통계학적 발현량 분석, 클러스터 분석, 유전자발현 조절 네트워크 분석, 바이오칩 자료의 표준화 및 데이터베이스 구축에 대해 논한다.

Topics covered in this course include use of integrated biochip informatics technology such as image analysis, data normalization, data filtering, multivariate data projection, statistical significance analysis of differentially expressed genes, clustering, gene-regulatory pathway.

3393.803 대학원논문연구 3-3-0

Dissertation Research

대학원과정에 필요한 논문연구를 지도한다.

Students are supervised under faculty and participate in discussions and regularly held meetings to produce high-quality scientific theses.