

초대의 글



삼성유전체연구소장 **박웅양**

올해부터 차세대염기서열분석(NGS) 유전자패널 검사에 대한 보험급여가 시작되었습니다. 이제 환자의 유전체정보를 분석해서 진단과 치료에 활용할 수 있게 되었습니다.

정밀의료에 필요한 환자의 유전체정보를 정확하게 분석하고 활용하기 위해서는 유전체 데이터의 구조와 분석과정을 이해하는 것이 필요합니다. 또한 환자로부터 데이터 활용에 대한 동의를 얻어 임상정보와 유전체정보를 통합해서 분석하면 새로운 마커를 발굴하고 예측모델을 만들 수 있습니다.

이를 위해 임상의학에 필요한 유전체정보 분석방법을 학습할 수 있는 워크숍을 준비하였습니다. 이 과정을 통해서 많은 임상의학자들이 유전체 데이터를 자유롭게 활용할 수 있는 계기가 되길 기대합니다.



교육인재개발실장 **이주홍**

안녕하십니까?

삼성서울병원은 체계적인 의사직 인재양성 프로그램인 S-Track 교육체계를 운영하고 진료, 연구, 리더십 Track에 따라 교육 프로그램을 모듈화하여 수준별, 맞춤형 교육을 제공하고 있습니다.

연구 역량 강화를 위해 올해 전반기에 신설된 '의생명 유전체 데이터 분석 워크숍'은 유전체 관련 연구에 관심이 있는 원내 교수 및 연구자들에게 높은 호응을 받았으며 이에 프로그램을 외부에 공개하여 관심 있는 국내외 연구자들을 모시려 합니다.

본 워크숍을 통해 임상의학이 유전체 분석의 역량을 강화할 수 있는 기회가 되기를 바라며 많은 관심과 참여 부탁드립니다.

등록안내

교육인원 DAY 당 50명 (SMC 의료진 30명, 원외 20명)

등록비 (원외) DAY 당 등록비 (교재, 중식 포함)

소속	등록비
일반 (병원,기업)	18만원
SMC 협력/모자 병원	13만원

※ SMC 의료진: 병원 전액 지원 (단, 중식 제외)

신청마감 8월 18일(금)까지
- 교육당일 현장등록 불가

신청방법 (원외)

- 교육인재개발실 홈페이지(<http://education.samsunghospital.com>) → 게시판 → 공지사항
- 신청서 양식 다운로드 후, 작성하여 담당자에게 이메일 제출(dm613.lee@samsung.com)
- 최종 교육 확정된 분에 한하여 등록비 입금 안내가 개별적으로 진행됩니다. (8/18 이후)

※ SMC 의료진: DARWIN에서 교육신청

문의 삼성서울병원 교육인재개발실
- 연락처: 02) 3410-3678
- 이메일: dm613.lee@samsung.com

2017년 의생명 유전체 데이터 분석 워크숍

Biomedical Genome Data
Analysis Workshop

장소 : 삼성서울병원

- DAY I (9/9,토)
임상의를 위한 유전체 분석 소개
- DAY II (9/16,토)
NGS 기술을 활용한 유전체 분석
- DAY III (9/23,토)
임상유전체 분석법
- DAY IV (10/14,토)
R을 활용한 의생명 데이터분석



Overview

유전체 연구 및 임상유전체 데이터 분석에 관심있는 임상의학계 NGS 기술을 활용한 유전체 분석, 임상유전체 분석법, R을 활용한 의생명 데이터 분석법을 제공한다.

Learning Objective

1. 임상의를 위한 유전체, 유전자 분석의 기본 개념을 이해한다.
2. NGS 기술을 활용하여 whole-exome 시퀀싱 분석, RNA-시퀀싱 데이터 분석, single-cell 시퀀싱 genomics를 이해한다.
3. 임상유전체 분석법을 익혀 유전질환 분석, 암 패널 시퀀싱 분석, cell-free DNA 분석, 질병유전체 분석, 질병유전체 데이터마이닝을 이해한다.
4. R을 활용하여 의생명 데이터 분석기법을 이해하고 암유전체 데이터 분석법을 익힌다.

Target Audience

유전체 연구를 목적으로 하는 임상의학 또는 의생명 연구자

Course Director

삼성유전체연구소장

박웅양 교수

Planning Committee

삼성서울병원

진단검사의학과

병리과

교육인재개발실차장

인력양성센터장

김종원 교수

김경미 교수

송윤미 교수

성기웅 교수

2017년 의생명 유전체 데이터 분석 워크숍 Program

DAY I 임상의를 위한 유전체 분석 소개

일시/장소: 9/9 (토), 09:00-16:00, 암병원B2, 세미나3

시간	강의 주제	강사
08:30 ~ 09:00	등록	
09:00 ~ 10:00	Introduction to genetics, genomics and bioinformatics	박웅양 교수 (삼성유전체연구소)
10:00 ~ 11:00	Germline 유전체 패널검사의 이해	기창석 교수 (삼성서울병원)
11:00 ~ 12:00	Germline sequence variation의 해석	김종원 교수 (삼성서울병원)
12:00 ~ 13:00	중식	
13:00 ~ 14:00	고형암 유전체 패널검사의 이해	김경미 교수 (삼성서울병원)
14:00 ~ 15:00	Somatic sequence variation의 해석	김정선 교수 (삼성서울병원)
15:00 ~ 16:00	임상연구자를 위한 유전체 연구방법	박웅양 교수 (삼성유전체연구소)

DAY II NGS기술을 활용한 유전체 분석

일시/장소: 9/16 (토), 09:30-16:00, 암병원B2, 강의장2

시간	강의 주제	강사
09:00 ~ 09:30	등록	
09:30 ~ 10:40	NGS 소개 - NGS Overview - NGS Practice Guidelines - NGS Applications	장자현 박사 (녹십자의료재단)
10:50 ~ 12:00	Whole-exome 시퀀싱 분석 - WES Sequencing Technologies - Mendelian Disease - Clinical Applications	최무림 교수 (서울의대)
12:00 ~ 13:00	중식	
13:00 ~ 14:00	암유전체 분석 - Somatic mutation 분석 - Copy number variation 분석 - Functional annotation	김태민 교수 (가톨릭의대)
14:00 ~ 15:00	RNA-seq Data Analysis - WES Sequencing Data Analysis - Quantification of RNA-seq data - Pathway, Ontology Enrichments, Splicing, Gene Fusion	남진우 교수 (한양대)
15:00 ~ 16:00	Single-cell Sequencing Genomics - Single-cell Sequencing Technologies - Single-cell Expression Analysis - Single-cell Sequencing Applications	이혜옥 박사 (삼성유전체연구소)

DAY III 임상유전체 분석법

일시/장소: 9/23 (토), 09:30-16:00, 암병원B2, 강의장2

시간	강의 주제	강사
09:00 ~ 09:30	등록	
09:30 ~ 10:40	유전질환 분석 - 임상유전학의 기초 - 분자 유전진단 기술 - 단일/다인성 유전질환, Genetic Counseling	최병윤 교수 (분당서울대병원)
10:50 ~ 12:00	Cell-free DNA 분석 - cfDNA Technology - Analysis and interpretation of cfDNA - Clinical Applications	박동현 박사 (삼성유전체연구소)
12:00 ~ 13:00	중식	
13:00 ~ 14:00	임상유전체 검사법 - 유전학 검사의 소개 - 희귀질환 유전검사 - 혈액암 유전검사	성문우 교수 (서울의대)
14:00 ~ 15:00	질병유전체 분석법 - Human Genetic Variation - Genomic Marker Detection - Disease Risk Prediction	원홍희 교수 (삼성서울병원)
15:00 ~ 16:00	암 패널 시퀀싱 분석 - Panel Sequencing Technology - Data QC, Variant Detection 및 Annotation - Clinical Applications	손대순 박사 (삼성유전체연구소)

DAY IV R을 활용한 의생명 데이터 분석 (개인 노트북 지참)

일시/장소: 10/14 (토), 09:30-16:00, 암병원B2, 강의장1

시간	강의 주제	강사
09:00 ~ 09:30	등록 및 실습 준비	
09:30 ~ 10:40	R의 Basic - R 프로그래밍의 이해 - 기초 문법과 데이터 구조	김진호 박사 (삼성유전체연구소)
10:50 ~ 12:00	R의 활용 - 기본 통계 테스트 - 기본 데이터 Visualization	김진호 박사 (삼성유전체연구소)
12:00 ~ 13:00	중식	
13:00 ~ 14:20	R을 활용한 유전체 및 임상 데이터 분석 (I) - Gene expression의 통계 분석 - 유전체 및 Clinical 정보 분석	윤재원 MD (삼성유전체연구소)
14:30 ~ 16:00	R을 활용한 유전체 데이터 분석 (II) - Mutation 분석 - Clinical 데이터 분석	신현태 MD (삼성유전체연구소)