

# 데이터 마이닝 연구실

Data Mining & Computational Biology Lab



이 현 주 교수

E-mail [Hyunjulee@gist.ac.kr](mailto:Hyunjulee@gist.ac.kr)  
Tel 062-715-2213

## Education

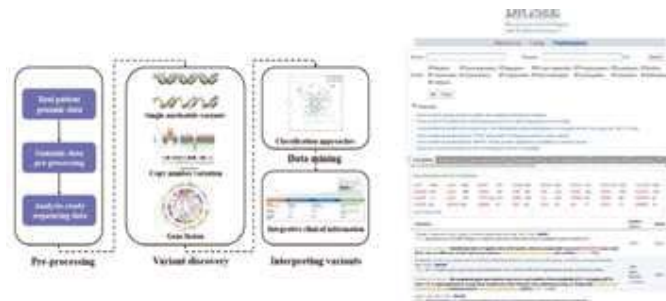
- 2002 ~ 2006 University of Southern California (Ph.D. - Computer Science)
- 1997 ~ 1999 Seoul National University (M.S. - Computer Engineering)
- 1993 ~ 1997 KAIST, South Korea (B.S. - Computer Science)

## Experience

- 2007~Present Gwangju Institute of Science and Technology, Professor
- 2006 ~ 2007 Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Postdoctoral Fellow
- 2002 ~ 2006 University of Southern California, Research Assistant
- 2001 ~ 2002 Korea Wisenut Inc., Senior Engineer
- 1998 ~ 2001 Intus Technology inc., Xinics Inc., Engineer

## 연구실 소개

데이터 마이닝 및 계산 생물학 연구실은 생명/의학/사회 문제 해결을 위한 ICT 방법론을 개발하기 위한 융합 연구를 추구한다. 인터넷에서 생명과학에 걸친 다양한 분야의 이질적 데이터의 통합/분석을 통하여, 보편적이고 조직적인 정보추출을 위한 데이터마이닝을 연구하고 있다. 현재 진행 중인 연구들은 다음과 같다. i) 암과 관련된 유전자 및 세포 신호전달 경로들을 발굴하고, 암환자들의 개인화된 게놈 정보를 분석하여 표적 항암제를 추천함으로써, 암환자들의 진료에 도움을 주고자 한다. ii) 질병 관련 검색엔진을 개발하여 질병 연구를 촉진시키는데 기여하고자 한다. iii) 소셜 미디어 등의 빅 데이터로부터 개인화된 특성을 추출하여 개인의 신체적/정신적 건강을 향상시킬 수 있는 정보를 추천하고자 한다.



## 연구성과

### 수행중인 주요 연구과제 (주요과제경력)

- 개인맞춤 암 치료를 위한 엑솜시퀀싱 해석 기법 개발 (미래창조과학부)
- MCMT 분석을 위한 소재-효능 텍스트 마이닝 시스템 개발 (한국연구재단)

### 주요논문 (대표실적)

- An analysis of disease-gene relationship from Medline abstracts by DigSee, Scientific Reports (2017)
- Prioritizing cancer-related microRNAs by integrating microRNA and mRNA datasets, Scientific Reports (2016)
- Characterizing the interests of social media users: Refinement of a topic model for incorporating heterogeneous media, Information Sciences (2016)
- Identification of cancer-driver genes in focal genomic alterations from whole genome sequencing data, Scientific Reports (2016)
- HerDing: herb recommendation system to treat diseases using genes and chemicals, Database-The Journal of Biological Databases and Curation (Oxford) (2016)
- DEOD: Uncovering dominant effects of cancer-driver genes based on a partial covariance selection method, Bioinformatics (2015)
- A Computational Approach to Identifying Gene-microRNA Modules in Cancer, PLoS Computational Biology (2015)
- DigSee: Disease Gene Search Engine with Evidence sentences (version cancer), Nucleic acids research (2013)

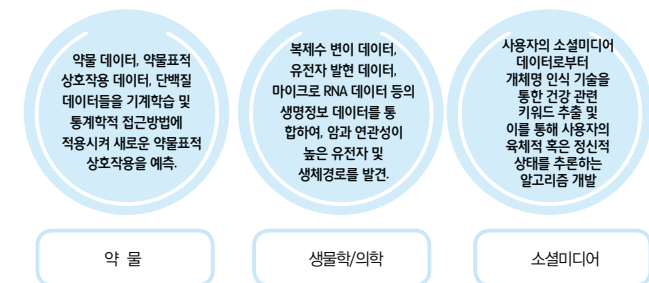
### 주요특허

- 유전자 및 화학성분을 이용하여 질병치료용 허브를 추천하는 방법 및 장치
- 유전자와 질병간의 관계를 포함하는 문장 검색 엔진
- 랜드마크 추천기법
- 위키피디아와 뉴스미디어를 사용한 소셜미디어 사용자 관심사 모델링 기법

### 주요연구시설

- 서버 17대 이상 보유 (총 108코어 이상, 메모리 576GB 이상, 하드 280TB 이상, NVIDIA Titan X (Pascal))

## 융합연구 및 비전 융합연구가능 분야 목록 반영



Tel. 062.715.2213 e-mail. [hyunjulee@gist.ac.kr](mailto:hyunjulee@gist.ac.kr) Web. <http://combio.gist.ac.kr>