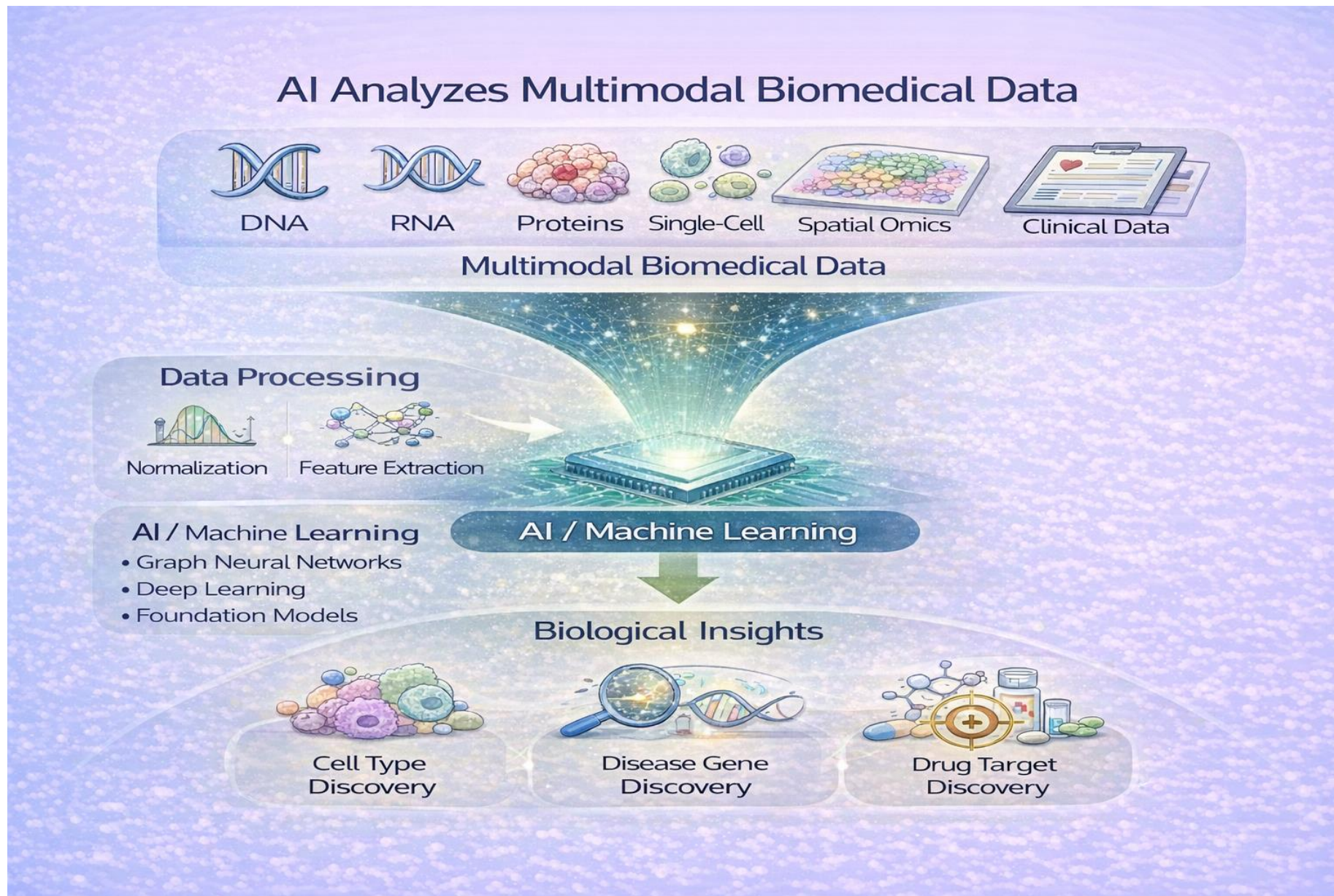


연구실 소개

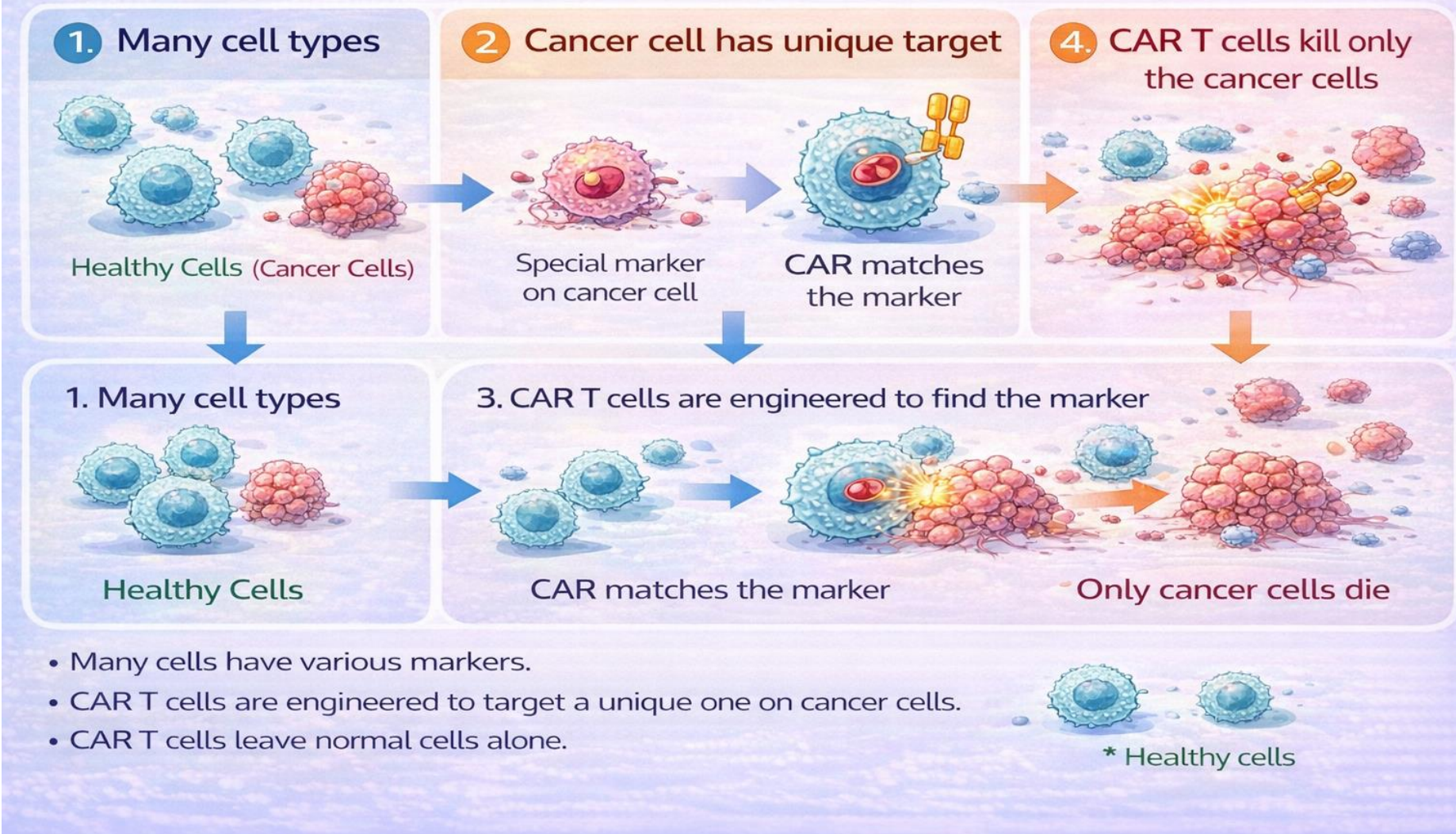
명지대학교
인공지능 및 데이터 분석 연구실
오민식

Multimodal Biomedical Data



Multimodal Biomedical Data

How CAR T Finds Cancer Cells



AI-based scRNA-seq embedding SW 개발

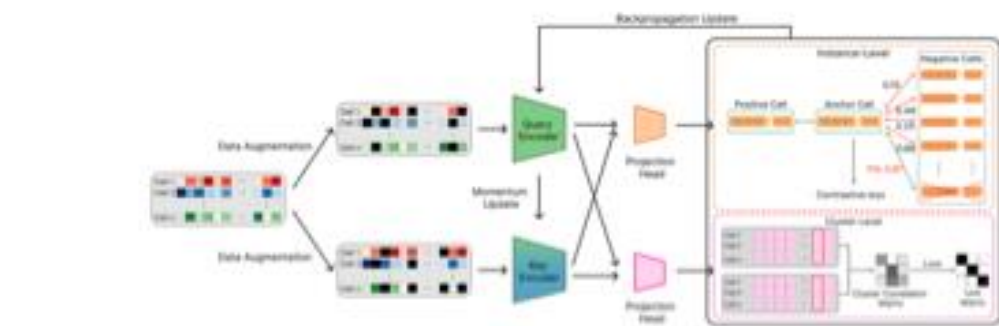


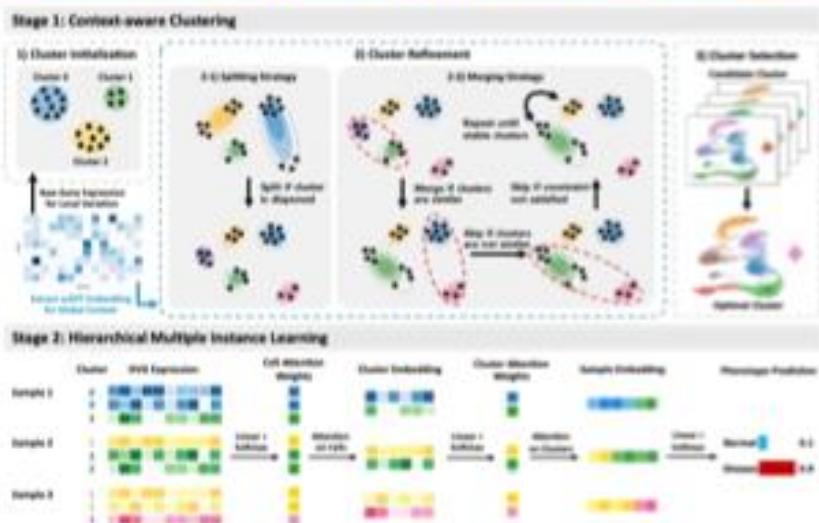
Figure 1 consists of three subplots. Subplot (a) is a bar chart showing the Success Rate (%) for 1000 iterations across 10 datasets (A1 to A10). The legend indicates five methods: HSC (blue), HSC+ (orange), HSC+L (green), HSC+L+ (red), and HSC+L+L (purple). Subplot (b) is a scatter plot of the 1000th iteration results, showing the distribution of data points for the same five methods. Subplot (c) is a line plot showing the Success Rate (%) versus Iterations (0 to 1000) for the 1000th iteration results, with the same five methods represented by different colored lines.

기존 세포 군집 임베딩 형성 모델 대비 우수한 성능을 보였으며, 군집 내의 전이 과정 포착 및 전이 핵심 조절 인자 식별 가능성을 시사

- 기존 세포 군집 임베딩 형성 모델 대비 우수한 성능을 보였으며, 군집 내의 전이 과정 포착 및 전이 핵심 조절 인자 식별 가능성을 시사

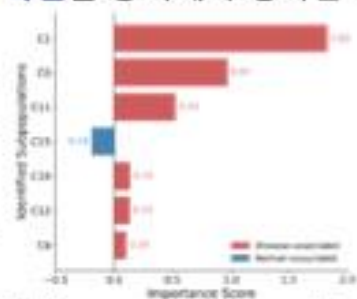
석사 과정 논문 주제들

AI-based patient phenotype prediction model 개발



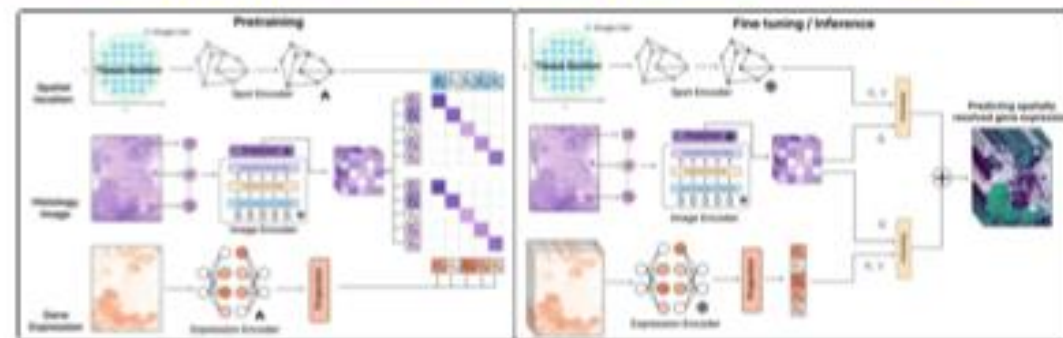
- 단일세포 전사체의 계층적 정보를 반영하기 위한 dual attention 구조를 통해 환자 질병 예측과 질병 연관 세포 하위집단 식별을 동시에 수행하는 AI 모델 개발

Dataset	CloudPred	ProtoCell4P	ScRAT	HA	Ours
COVID	0.75±0.13	0.81±0.03	0.93±0.02	0.87±0.07	0.94±0.02
Cardio	0.77±0.09	0.87±0.00	0.85±0.06	0.91±0.02	0.97±0.01
Kidney	0.80±0.09	0.83±0.02	0.90±0.03	0.92±0.03	0.93±0.02

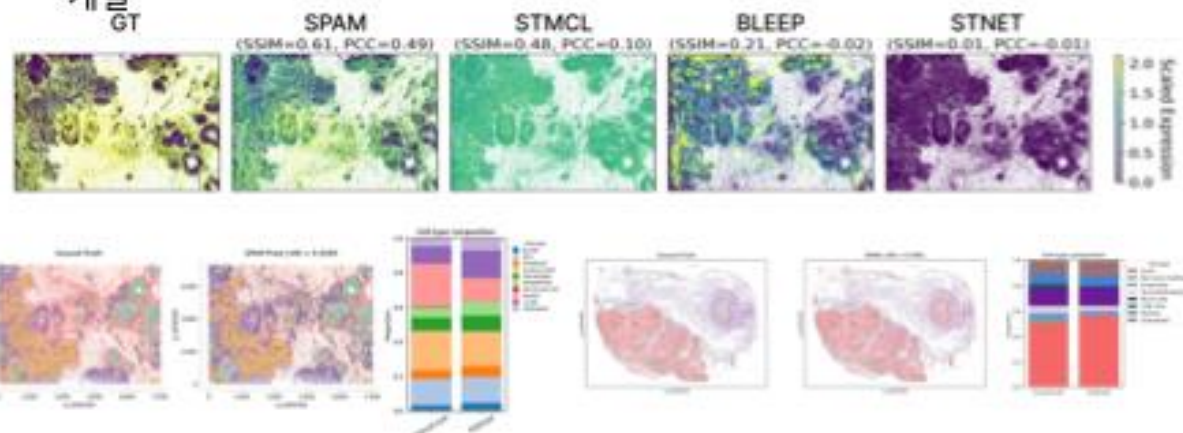


- 기존 모델 대비 우수한 예측 성능을 보였으며, 모델의 importance score를 통해 타겟 질환의 병인 기전 해석 및 치료 타겟 발굴에 활용 가능성을 확인

AI-based spatial gene expression prediction model 개발



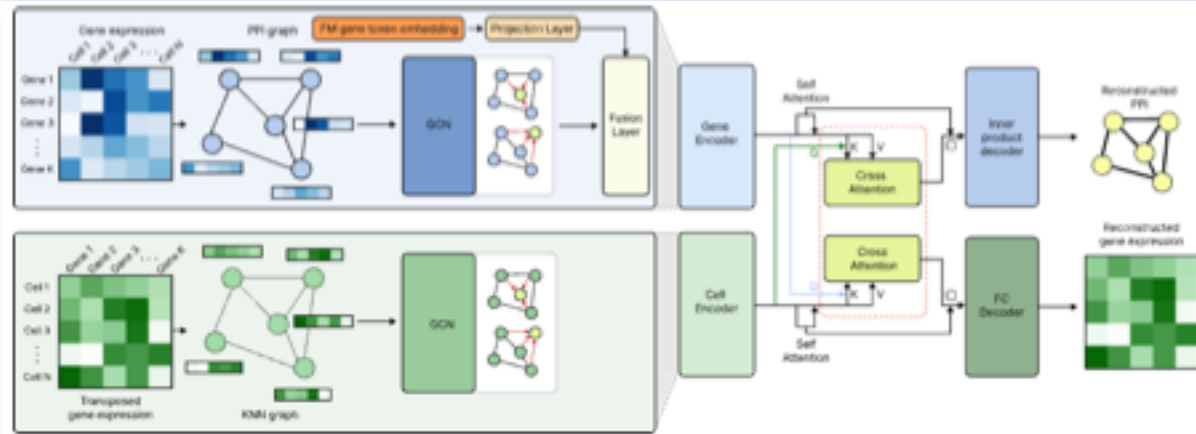
- 공개 공간전사체 데이터를 활용한 대조학습 기반 유전자 발현 파이프라인 개발



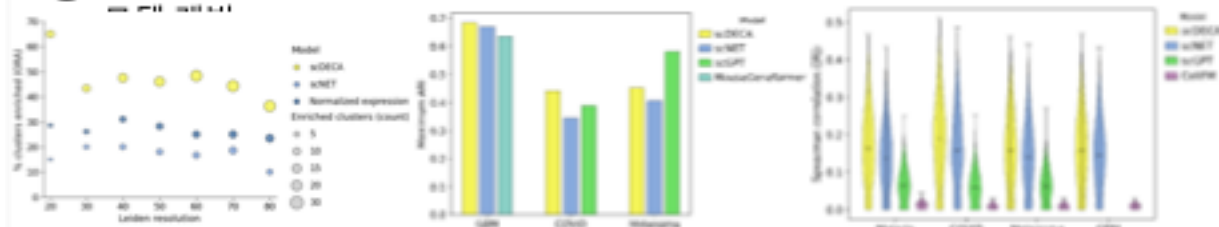
- 공간전사체 유전자 발현 예측 모델과 대비해 향상된 예측 성능을 보였으며, 조직 내 세포 타입에 대한 예측 가능성을 확인

석사 과정 논문 주제들

AI-based scRNA-seq embedding SW 개발



단일세포 전사체에서 유전자-세포 관계를 학습하는 자기지도형 표현 학습 AI



Model	Malaria		Covid		Melanoma		GBM	
	Macro-F1	AUPRC	Macro-F1	AUPRC	Macro-F1	AUPRC	Macro-F1	AUPRC
scDECA	0.67 ± 0.01	0.33 ± 0.01	0.65 ± 0.01	0.39 ± 0.03	0.64 ± 0.01	0.25 ± 0.01	0.63 ± 0.01	0.21 ± 0.02
scNET	0.66 ± 0.00	0.32 ± 0.01	0.64 ± 0.01	0.34 ± 0.03	0.63 ± 0.00	0.22 ± 0.01	0.62 ± 0.00	0.20 ± 0.01
scGPT	0.61 ± 0.01	0.24 ± 0.02	0.59 ± 0.00	0.18 ± 0.01	0.59 ± 0.01	0.17 ± 0.02	-	-
CellFM	0.51 ± 0.00	0.06 ± 0.00	0.51 ± 0.00	0.05 ± 0.00	0.51 ± 0.00	0.04 ± 0.00	0.51 ± 0.00	0.04 ± 0.00
scLINE	0.54 ± 0.01	0.09 ± 0.00	0.53 ± 0.00	0.06 ± 0.00	0.53 ± 0.00	0.06 ± 0.00	0.51 ± 0.00	0.04 ± 0.00

기존 모델 대비 해석력이 향상되었으며, 보편적 생물학적 기능과 문맥 특이적 신호를 균형 있게 반영하여 다양한 downstream 분석에서 높은 설명 가능성을 확인함.

진행중인 협업 주제들

- 췌장암 오가노이드 약물반응 데이터 분석(with 서울대 병원 소화기내과)
 - 췌장암 오가노이드 데이터로 약물 반응 관련 주요 유전자 검출
- 염증 환자 환자 데이터 분석 (with 서울대 의대 피부과)
 - 아토피 환자 / 백반증 환자 scRNA 분석 / 간경화 여부에 따른 간암 환자 차이
- Covid 환자 이종 데이터 인공지능 분석 (with 질병관리청)
 - 임상 / 의료 영상 / 오믹스 시계열 데이터 인공지능 통합 모델 개발
- 사과 DNA 데이터 분석을 통한 유전자 변이와 표현형과의 관계 분석 (with 경북대학교 농업생명과학대학)
- 응급실 급성 심정지 환자 원인 분석 (with 연세대 세브란스 병원 응급의학과)
 - 혈액 단백질 데이터

기타 좋은 소식들

- 수상
 - 박재윤: Best Poster Award
 - BIOINFO 2025 / 한국생명정보학회
 - 노장현: 우수발표논문상 / Excellent Poster Award
 - KCC2025 / 한국정보과학회
 - BIOINFO 2025 / 한국생명정보학회
 - 신유빈: 우수발표논문상
 - KSC2025 / 한국정보과학회
- 석사 과정 학생 연구과제
 - 박재윤: 멀티 오믹스 및 이미지 데이터를 활용한 멀티모달 딥러닝 기반 췌장암 예후 예측
 - 한국연구재단
 - 신지영: LLM을 활용한 Single-cell RNA-seq data 분석 기법 개발
 - 한국여성과학기술인육성재단



끝으로

- 석사과정학생 • 학부생
- 박재윤 – 김명관
- 노장현 – 김동후
- 신지영 – 강한결
- 오명빈
- 최건호
- 김동신
- 신유빈
- 송승후



Biomedical domain에 존재하는 문제를 computational method로 해결하는 것에 관심이 있는 석사/박사 과정생을 모집합니다.
수업 조교한테 문의하거나 msoh@mju.ac.kr로 메일주세요.