Dr. Charles Lee
(The Jackson Laboratory for Genomic Medicine, USA)

Charles Lee 박사는 1996년 University of Alberta에서 박사학위를 취득하였으며 Cambridge University와 Harvard Medical School에서 Postdoctoral Fellow 를 거쳐 Harvard Medical School에서 교수로 재직하였다. 또한 서울대학교 석좌초빙교수를 역임한 바 있으며 현재 The Jackson Laboratory for Genomic Medicine 연구소장 겸 교수 및 이화여자대학교의 초빙석좌교수로 재직 중이다.

2004년 사람과 사람 사이 유전체에 '단위반복변이 (Copy Number Variation)'라는 구조적 유전체변이가 존재하는 것을 세계 최초로 규명하였으며 2008년에 시작된 1000 유전체 프로젝트 (1000 Genome Project)의 구조적 변이 (Structural Variation) 그룹의 연구책임자로 인간 유전체 변이에 대한 연구를 활발히 진행하고 있다.

그의 연구는 의학 분야에서 새로운 진단법의 발견, 유전성 질환에 대한 새로운 정보 제공 및 개인별 맞춤치료의 가능성을 제시하여 유전체학의 흐름을 바꿨다는 평을 얻고 있다. 2008년에는 호암상을 수상하였으며 2014년에는 톰슨로이터가 선정한 노벨 생리의학상 유력 후보에 이름을 올린 바 있다.

최근 대표연구업적

Sudmant PH, Rausch T, Gardner EJ, Handsaker RE, Abyzov A, ... , *Mills RE, *Gerstein M, *Bashir A, *Stegle O, *Devine SE, *Lee C, *Eichler EE, *Korbel JO. An integrated map of structural variation in 2,504 human genomes. Nature. 2015 Oct. 1;526 (7571) 75-81 **co-senior author*

Park H, Cho S, Kim H, Na D, Han J, Chae J, Park C, Park O, Min S, Kang J, Choi B, Min J, Kown J, Suh Y, Kong S, Lee H, Liu E, Kim J, Kim S, Yang H, Lee C*. Genomic alteration in BCL2L1 and DLC1 contribute to drug sensitivity in gastric cancer. PNAS 2015 Sept.; 112 (40) 12492-12497

Iskow RC, Gokcumen O, Abyzov A, Malukiewicz J, Zhu Q, Sukumar AT, Pai AA, Mills RE, Habegger L, Cusanovich DA, Rubel MA, Perry GH, Gerstein M, Stone AC, Gilad Y, *Lee C. Regulatory element copy number differences shape primate expression profiles. Proc Natl Acad Sci U S A. 2012 Jul 31;109(31):12656-61. PMCID: PMC3411951

Brown KH, Dobrinski KP, Lee AS, Gokcumen O, Mills RE, Shi X, Chong WW, Chen JY, Yoo P, David S, Peterson SM, Raj T, Choy KW, Stranger BE, Williamson RE, Zon LI, Freeman JL, *Lee

C. Extensive genetic diversity and substructuring among zebrafish strains revealed through copy number variant analysis. Proc Natl Acad Sci U S A. 2012 Jan 10;109(2):529-34. PMCID: PMC3258620

Ju YS, Kim JI, Kim S, Hong D, Park H, Shin JY, Lee S, Lee WC, Kim S, Yu SB, Park SS, Seo SH, Yun JY, Kim HJ, Lee DS, Yavartanoo M, Kang HP, Gokcumen O, Govindaraju DR, Jung JH, Chong H, Yang KS, Kim H, Lee C, Seo JS. Extensive genomic and transcriptional diversity identified through massively parallel DNA and RNA sequencing of eighteen Korean individuals. Nat Genet. 2011 Jul 3;43(8):745-52.

Mills RE, Walter K, Stewart C, Handsaker RE, Chen K, Alkan C, Abyzov A, Yoon SC, Ye K, Cheetham RK, Chinwalla A, Conrad DF, Fu Y, Grubert F, Hajirasouliha I, Hormozdiari F, Iakoucheva LM, Iqbal Z, Kang S, Kidd JM, Konkel MK, Korn J, Khurana E, Kural D, Lam HY, Leng J, Li R, Li Y, Lin CY, Luo R, Mu XJ, Nemesh J, Peckham HE, Rausch T, Scally A, Shi X, Stromberg MP, Stütz AM, Urban AE, Walker JA, Wu J, Zhang Y, Zhang ZD, Batzer MA, Ding L, Marth GT, McVean G, Sebat J, Snyder M, Wang J, Ye K, *Eichler EE, *Gerstein MB, *Hurles ME, *Lee C, *McCarroll SA, *Korbel JO; 1000 Genomes Project. Mapping copy number variation by population-scale genome sequencing. Nature. 2011 Feb 3;470(7332):59-65. PMCID: PMC3077050 **co-senior author*