



学术报告

受中国矿业大学信息与控制工程学院和中国矿业大学生物信息研究所邀请，加拿大卡尔加里大学 Edwin Wang 教授在我校举行学术报告。欢迎广大师生踊跃参加！

报告题目：Cancer germline genomics: from biological insights to genomic predictions

时 间：11 月 22 日下午 3:00

地 点：南湖校区信息与控制工程学院 A311

主办单位：中国矿业大学信息与控制工程学院；中国矿业大学生物信息研究所

报告人简介：Edwin Wang，现任加拿大卡尔加里大学讲席教授、终身教授，曾任加拿大国家科学院高级研究员和麦吉尔大学教授。具有生物与计算双重教育背景，国际生物信息学知名专家。网络生物学和系统生物学，特别是癌症系统生物学一流学者。美国癌症研究学会（AACR）癌症系统生物学智囊团（Think Tank）的三十名领域内学术领袖之一。多家国际著名生物信息学杂志的副主编和编委，尤其是一直长期担任生物信息领域顶级期刊 PLoS Computational Biology 的编委。美国国家癌症研究所、美国国立卫生研究院，加拿大国家科学与工程研究委员会、加拿大农业部、加拿大国家创新基金会、加拿大国家卫生研究院基金项目评审专家。2005 年和 2008 年两次获得加拿大国家科学院生物研究所所长科学奖。发表了 60 余篇具有高影响力的期刊研究论文，多数成果发表在国际顶级学术期刊上，例如 Nature Communications, Nature/EMBO Molecular Systems Biology, Cell Reports, Genome Research, JAMA Oncology, Trends Genet, Seminars in Cancer Biology 等。主编了癌症系统生物学领域内的第一部专著（2010）。开创了 microRNA/non-coding RNA 基因网络研究领域。有关癌症分子网络模块的开创性研究工作被写进由诺贝尔奖获得者 Hartwell 博士和系统生物学之父 Hood 博士主编的大学《遗传学》教科书（2014 和 2017 年版）。他带领的研究团队描绘了第一个人类癌症细胞信号通路图谱，开发了领先的鉴定分子标志物的算法，运用这独特计算方法发现了乳腺癌和前列腺癌的高精度（90% - 97%）生物标记物并拥有三项国际专利。提出癌症特征分子网络计算框架，将 20 年来传统的癌症特征描述转化为量化网路模型，从而整合癌症组学数据，用于建模和发展假说。利用计算系统生物学的手段来开发了多项针对肿瘤个性化医疗的分子诊断技术。例如：开发的组合基因标记组算法成功地解决了有关 II 期结肠癌化疗的争议了 20 年以上的问题。

报告摘要：Advances in genome sequencing technology allow to generating a large amount of genomic data for tumors and paired normal samples. Traditionally, somatic mutations and other genomic alternations in tumor genomes have been widely explored and studied. Thus far, only limited research groups have worked on germline genomics of cancer. Here I will present several studies in cancer germline genomics which have been done in the past few years. The first part includes new insights into cancer biology, highlighting the importance of the germline genomes for tumorigenesis, metastasis, and guidance in treatment. The second part includes conceptual frameworks, and new algorithms to use germline genomic data to predict clinical outcomes and somatic mutations for early cancer detection.