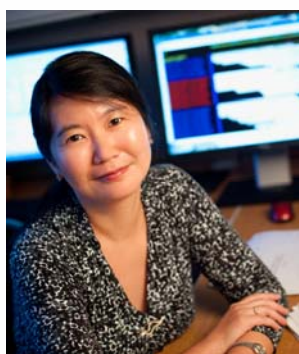




浙江大学医学院学术报告

Clinical whole-genome sequencing for detecting cancer genetic predisposition and for directing cancer treatment



报告人：张尽晖 教授

时 间：2016年9月19日15:30

地 点：医学院综合楼205

主持人：邵吉民 教授

张尽晖教授是国际著名基因组学分析专家，现任美国圣裘德医院（St. Jude Children's Research Hospital, Memphis, TN）计算生物学系主任，生物信息学讲席教授。她应用大规模多维数据整合分析方法来研究癌症基因组。她曾参与研发DNA序列分析最著名的算法 BLAST，领导了第一个人类全基因组基因多型性的分析。2002-2009在任职美国国立癌症所生物信息学主任期间，她参与了癌症基因组图谱计划的脑癌与卵巢癌的基因分析。自2010年起她的研究重心转向了领衔担纲分析美国最大的两项儿童癌症基因项目及开发有世界影响力的计算分析方法。她在儿童癌症基因组的研究引领了众多新的发现，包括新的癌症亚型，致癌基因，癌症抗药性及扩散 和新的药物靶点。

近五年来她的科研团队在国际顶级期刊发表多篇论文，包括New England Journal of Medicine(2), Nature(5), Nature Genetics(6), Nature Methods(2)等，论文被引用近九万次，据Thomson Reuters她是生物学及生化学类论文被引用最高的科学家之一。她的工作被主流媒体（Wall Street Journal, BBC和NBC等）报导。2015年，张教授创建了圣裘德医院的计算生物系，领导临床基因组和大数据驱动的创新新生物医学研究。

欢迎广大师生踊跃参加!

**主办：浙江大学医学院肿瘤研究中心
浙江大学肿瘤研究所**