

出國報告(出國類別：開會)

102 屆美國癌症研究學會年度大會
及
受邀參訪美國俄亥俄州州立大學
癌症研究中心

服務機關：國防醫學院三軍總醫院

姓名職稱：賴鴻政、副教授

派赴國家：美國

報告日期：100 年 04 月 23 日

出國時間：100 年 03 月 31 日至 04 月 10 日

摘要

AACR (American Association of Cancer Research) (美國癌症研究學會)，目前全世界癌症研究最大的學會之一，會中呈現癌症研究領域最新的觀念與技術，對癌症研究領域的人來說，是個吸取新知的好機會也是與其他學者建立起合作平台。今年參加 AACR，對 Next generation sequencing, Epigenomics, Cancer stem cells, microenvironment, microRNA, ovarian cancer 和 cervical cancer 等與自己實驗室研究相關領域的最新進展進行瞭解。Next generation sequencing 結合 Epigenomics 的發展，可運用於開發生物標記和個人化醫學等研究，這部分我們將有機會與世界一流的研究團隊合作，建立在婦科癌症領域領先的地位。cancer stem cell 的研究進展也很快，卵巢癌幹細胞的研究相對較少，這是我們與全世界競爭的好機會。microenvironment、metastasis 與 miRNA 著重在對調控機制的探討，有許多重要研究成果和研究模式也值得借鏡。子宮頸癌著墨較少，對美國來說，子宮頸癌相對為不構成問題的疾病，但開發中國家卻需求殷勤，這也是我們的優勢。一趟行程，雖然疲累，但收穫豐盛，知識充實、瞭解技術趨勢、合作的網絡將更加密切與多元。期能有更好的成果，發展本院研究發展的特色。回程參訪俄亥俄州立大學，癌症研究中心，討論雙方未來合作可能，回國至今兩星期，已積極安排人員於下半年赴美執行合作計畫，希望藉此進一步提升本研究室至國際級之水準。

目次

| | |
|-------------|----|
| 本文..... | 4 |
| 目的 | 4 |
| 過程 | 5 |
| 心得及建議 | 6 |
| 附錄 | 10 |

本文

目的

AACR (American Association of Cancer Research) (美國癌症研究學會)，是全世界癌症研究最大的學會之一，每年的年會，都吸引上萬人次來自全球的癌症相關的研究人員，包括來自各大學及學術單位的研究人員、博士後研究人員、博士研究生、來自各醫學中心的醫療人員，各層級政府部門與癌症政策相關的人員、醫藥產業相關的公司與投資者、民間健康促進團體與非營利機構及各種的媒體，參與人數之多、層次之完整，涵蓋範圍之廣泛，均為癌症研究領域之冠。這對台灣的研究人員而言，是一個促進不斷學習與建立國際合作的熔爐。同時，來自世界各地有共同興趣的研究人員，也有很好的機會，建立起合作的橋樑，職多年來於婦科癌症之研究，已通過 AACR 的審核，成為 AACR 正式的 active member (活躍會員)，每年若時間與計畫補助許可，均親自參與，期能有效調整研究步調與方向，發展先進之技術，與建立國內、國際與產業界的合作，務實的解決現有臨床上未解的重要課題，落實本院醫學中心研究發展的角色。今年參加 AACR，將對表基因，癌症幹細胞，癌症生成的微環境，癌症轉移，microRNA，子宮頸癌和卵巢癌等與自己實驗室研究相關領域的進展，進行瞭解。此外俄亥俄州州立大學癌症中心在癌症學術研究十分先進，其相關研究涵蓋研發端至臨床應用端，所進行之相關研究對於目前棘手的婦女癌症問題也多有著墨。以期透過參訪確認未來研究合作的内容。

過程

大事記：

航班：

3/31 台北→

4/01 洛杉磯→奧蘭多

4/6-8 奧蘭多→哥倫布

4/08 哥倫布→芝加哥→洛杉磯→

4/10 台北

4/2-6 AACR 大會，由於大會有多達上百場演講與數千個壁報展示，行前已先利用大會所提供的線上的查詢與個人化的排程系統，將有興趣的主題依時段列出，以便在這龐大的會議中擷取相關資訊。排程系統所列之內容如[附件](#)。

4/2 於橘郡國際會議中心辦理報到，並參加會前研討會及活動

4/3 壁報展示論文，並參加相關癌症研究等研討會。

4/4 參加婦科癌症等相關研究研討會。

4/5 參加癌症幹細胞等相關研究研討會。

4/6 ①參加癌症相關之科學新知等研究研討會。

②至俄亥俄州州立大學(The Ohio state University)，受邀參訪生物癌症中心(Center for Cancer Systems Biology)。

4/07 俄亥俄州州立大學(The Ohio state University)，受邀參訪 Center for Cancer Systems Biology 由相關單位人員引導，前往參觀實驗室及研究設施，聽取相關研究人員簡介及互相研討。

4/08 參訪俄亥俄州州立大學 Human genomic center，由相關單位人員引導，前往參觀研究設施，並與相關研究人員相互研討研究成果及共同未來合作發展。

心得及建議

A. 表基因與甲基化 DNA (Epigenomics and DNA methylation)的進展

因為 next-generation sequencing 技術的成熟 (Solexa, SoLid) 使得 Epigenomics 的研究和其他基因體學的資料有效整合成為驗證實驗結果真實性的重要一環。目前，本院並無這些貴重的儀器設備，但都有管道可以取得使用這些平台。前端處理的技術，本實驗室已累積相當的經驗，後端的 bioinformatics 也多有新的整合型資料和雲端技術可供運用。如何善用這些資料和技術，盡快運用於臨床問題的解決上，方能在這個領域，佔有一席之地。

B. 癌症幹細胞 (Cancer Stem Cells) 的進展

癌症幹細胞的觀念，快速進展，以乳癌幹細胞的報告最多其次是肺癌和大腸癌，這和這些癌症的高發生率有關。但是，究竟如何看待癌症幹細胞和其研究運用。有證據已顯示，癌幹細胞具有異質性 (heterogeneity)，但無論如何，高抗藥性與高放射治療抵抗性，是這類癌幹細胞的特性，它的分化，也蘊藏了，治療的機制。許多的研究團隊，致力於此。目前臨床意義的發展，以利用癌幹細胞做為新藥開發和抗藥性篩選。我們自己的研究團隊，已成功分離卵巢癌與乳癌幹細胞，並直接切入新藥與生物標記的研發，近期內，獲致相當不做的成果，與大多數研究團隊相較，並不遜色，也有我們自己的特色。但是，相關的基礎研究所能投入的資源，非常有限，必須建立有利於癌症幹細胞更基礎研究的材料與思維，並積極尋求多方的合作機會，才能有利於長期的發展。

C. 癌症生成的微環境 (microenvironment) 的角色的進展

癌症的生成，與細胞所處在的環境有關，這個議題，越來越顯的重要。細胞與環境間的互動，決定了很多事，也存在許多解決問題的機會。但是，這類的研究，如何建立研究的模式，並不容易。這次的會議，多有著墨於 TGF β 調控途徑機制的研究，利用癌細胞和微環境的交互作用進行癌抗藥性和轉移機制的研究，也在我們有興趣且經長期思考的主題上，給予更多的思考辯證，許多可能性，以利後續研究系統的建立和進行。

D. 癌症轉移 (metastasis) 的研究

癌症轉移的機制，近年來在 EMT 的探討很多，今年也不例外，在許多 EMT 或 MET 的機制上，也有很多的報告，研究 EMT 似乎就成了這幾年，癌症轉移的研

究重點。其中，對 EMT 的訊息傳遞與基因調控機制著墨頗多，miRNA, p53 和 Snail 調控途徑是討論的重點，而 EMT 也是癌症幹細胞的特性之一，目前在乳癌癌幹細胞和 EMT 的交互作用下，針對化療抗藥性較高的癌幹細胞其特有的分子特性和基因表現群組，已有初步的交互網絡分析結果，這部分的進展實驗室也有相關初步研究結果，相對其他研究團隊尚未針對卵巢癌癌幹細胞做深入探討，我們目前著重在未知的甲基化基因與癌症轉移的關係，如何透過 EMT 的調控，而非 EMT 本身的生物現象的探討，將是實驗室未來可深入研究的方向。

E. MicroRNA

MicroRNA 是近五年新興的熱門領域，有許多的研究切入，對抗藥性、對癌症轉移的調控，與表基因的調控，都有研究。利用 microRNA 作為癌症篩檢或預後指標的研究，也有一些生物資訊的報告。在生物學機轉的研究上，microRNA 有許多新發現其影響的範圍之廣，其中連新的長片段非編碼 RNA(long intergenic noncoding RNA) 也證實具有影響轉錄基因的表現和穩定性，但是，就臨床的切入點來看，目前在大腸癌的血清中，希望利用 miRNA 做為初期癌症篩檢的研究，然而在婦科癌症的篩檢研究值得再仔細思考。

E. 子宮頸癌 (Cervical cancer)

子宮頸癌，是我們實驗室研究多時的癌症，主因為台灣是高發生率的國家。但是，對美國而言，子宮頸癌並不是最主要的議題，加上，疫苗的研發成功，對子宮頸癌的報告，並不多。反倒是，引起子宮頸癌的人類乳突病毒 (HPV) 在頭頸部癌症的角色探討比較多。但是，這正是我們的優勢，在眾多開發中國家，子宮頸癌的問題，仍然很嚴重，且，美國不願對子宮頸癌相關的篩檢議題花大筆的經費繼續研發，相對我們的研究，就非常獨特且重要。我們實驗室，在子宮頸癌甲基化生物標記的研究上，已經是領先全球的團隊之一，目前正進行中的計畫，若能盡快完成，領先的地位將更加穩固，除學術地位之外，更具有高度的產業價值。如何加強與國際研究團隊的合作，擴大本院研究成果的影響力，仍在繼續努力。

F. 卵巢癌 (Ovarian cancer)

卵巢癌的研究，這幾年逐漸受到重視，主要因為數十年來在診斷與治療上，並無太大突破，但又是婦科癌症致死率最高的癌症。會中，有不同的方式號稱分離出癌症幹細胞，結果還很初步，與目前本實驗室相對的研究計畫，並沒有比我

們進步。倒是，有一個香港團隊的正常上皮細胞的培養，對發展未來的卵巢癌基礎研究，可能有幫助，會中與其代表討論，同意將他們所建立的許多正常卵巢上皮的細胞株相關的研究材料與我們分享，對我們未來的研究也會有幫助。其他許多針對個別基因對卵巢癌轉移能力與抗藥性的研究方法，都可以未來計畫的參考。另外癌前診斷、預後或抗藥性生物標記的開發也多有成果，但是其成效並沒有優於我們使用特定甲基化基因來分析，所以我們需要加緊腳步使我們的研究成果開花結果。

本團隊先前往俄亥俄州州立大學(The Ohio state University)，受邀參訪 Center for Cancer Systems Biology 和 Human genomic center 相關研究單位進行參訪，參觀相關研究設施及聽取相關實驗之研究報告外，會後本團隊也與多位相關研究學者交流，得到了進一步的臨床及學術交流合作的空間，希望未來國醫中心相關單位能給予協助，促成合作交流之機會，以期促進國醫中心及本團隊之優質發展。

參訪俄亥俄州州立大學 - Center for Cancer Systems Biology

位於美國俄亥俄州的哥倫布市，在查核美國各大學的癌症計劃中，美國國家癌症研究所（NCI）授予美國俄亥俄州立大學綜合癌症中心的最高評級 - “特優”。其中俄亥俄州立大學綜合癌症中心包括腫瘤醫院和研究所以及癌症研究人員多名代表來自該校的 13 個學科的 18 個學院。其中 Dr. Tim Hui-ming Huang 多年著力研究於附表基因體學與乳癌的相關性，他曾率先開發的高通量基因芯片技術用於破譯複雜的相互作用的 DNA 甲基化與組蛋白修飾在乳腺癌和卵巢癌。並證實乳腺癌幹細胞和癌症起始細胞的致癌機制，其中已經證明“雌激素印跡”的現象，與早期發育時的暴露在內分泌干擾物的人，在成年後罹患乳腺癌的風險增加。調查結果顯示，表基因抑制物療法可能會提供一個有效的方法。目前也有相關藥物進入第一期的臨床試驗。未來的研究發展方向為，利用大規模平行測序方法，結合統計工具來開發模型遺傳沉默基因在各種癌症的發展。我們可以提供亞洲婦科相關癌症（子宮頸癌、卵巢癌和子宮內膜癌）多年臨床研究經驗，並討論雙方在未來的交流合作。



參訪 Human genomic center:

進 10 年來，癌症研究主流由分子層次進入基因體時代，尤其當人體的基因體解碼定序完成後，各國研究菁英們紛紛投入後基因體學的研究，由轉譯基因體學、miRNA 基因體學進展到功能基因體學和表基因體學。所以基因體研究中心的好壞將會決定未來的學術研究的先機。在參訪過程中，除了環境的介紹，更對該單位的研究成果和品管有了深入的瞭解，並對於我們後續的相關研究也提出建議以及合作機會。



附錄

| AuthorFirst Name | Day | SessionNumber | SessionTitle | SessionType | PrscentationTitle |
|------------------|-------|---------------|---|---------------------|---|
| Jean-Pierre | 2-Apr | ED11 | Epigenetic Regulation and Cancer | Educational Session | The cancer epigenome |
| Ellen | 2-Apr | MW11 | Harvesting the Yield from the TCGA | Methods Workshop | The intersection between TCGA and the Ovarian Cancer Association Consortium: Germline variation |
| Preethi | 2-Apr | MW11 | Harvesting the Yield from the TCGA | Methods Workshop | A genome-wide search for tumor suppressor microRNAs for ovarian |
| Sanford | 2-Apr | ED11 | Epigenetic Regulation and Cancer | Educational Session | DNA methylation markers for early cancer detection |
| Douglas | 2-Apr | MW11 | Harvesting the Yield from the TCGA | Methods Workshop | Genomic associations with surgical outcome |
| Nikolaus | 2-Apr | MW11 | Harvesting the Yield from the TCGA | Methods Workshop | Data access and analytical opportunities |
| Joanne | 2-Apr | ED14 | microRNAs: Major Players in Cancer Initiation, Progression, and Dissemination | Educational Session | miRNA binding disruption and cancer risk and development |
| Joel | 2-Apr | ED14 | microRNAs: Major Players in Cancer Initiation, Progression, and Dissemination | Educational Session | Altered visibility of microRNA targets in human cancer |
| Arul | 2-Apr | ED13 | Understanding the Tumor Genome through Next-Generation Sequencing | Educational Session | Advancing next generation sequencing approaches for personalized oncology |
| Mitchell | 2-Apr | ED15 | Non-coding RNAs Beyond MicroRNAs: New Rising Stars in the Genomic Galaxy | Educational Session | Large intergenic non-coding RNAs: Discovery, function, and mechanism |
| Elaine | 2-Apr | ED13 | Understanding the Tumor Genome through Next-Generation Sequencing | Educational Session | The uses of next-generation sequencing in understanding cancer |
| Ahmad | 2-Apr | ED15 | Non-coding RNAs Beyond MicroRNAs: New Rising Stars in the Genomic Galaxy | Educational Session | Epigenetic regulation by large non-coding RNA |
| Kristin | 2-Apr | MW06 | Integrating Clinical and Experimental Data into Mathematical Models to Understand and Exploit Mechanisms of Cancer Growth | Methods Workshop | Using clinical imaging and mathematical modeling to drive patient-specific predictions of tumor dynamics |
| Matthew | 2-Apr | ED13 | Understanding the Tumor Genome through Next-Generation Sequencing | Educational Session | Experimental and analytical approaches for cancer genome sequencing |
| Philip | 2-Apr | ED13 | Understanding the Tumor Genome through Next-Generation Sequencing | Educational Session | Novel insights into cancer development and progression revealed by whole genome structural variation characterisation |
| Ramana | 2-Apr | ED15 | Non-coding RNAs Beyond MicroRNAs: New Rising Stars in the Genomic Galaxy | Educational Session | Bioinformatics methods for nextGen small RNA sequencing |
| Harold | 3-Apr | PL01 | Opening Plenary Session: The Future of Cancer Research: Challenges and Opportunities | Plenary Session | New Directions in Cancer Research |
| Lynda | 3-Apr | PL01 | Opening Plenary Session: The Future of Cancer Research: Challenges and Opportunities | Plenary Session | Translating cancer genomics: From discovery to medicine |
| Wauw | 3-Apr | PL01 | Opening Plenary Session: The Future of Cancer Research: Challenges and Opportunities | Plenary Session | The landscape of cancer prevention: Personalized approach in lung cancer |

| AuthorFirst Name | Day | SessionNumber | SessionTitle | SessionType | PresentationTitle |
|------------------|-------|---------------|---|---------------------------|--|
| Ervin | 3-Apr | PL01 | Opening Plenary Session: The Future of Cancer Research: Challenges and Opportunities | Plenary Session | An investigator-initiated, phase II randomized, double-blind, placebo-controlled trial of GDC-0449 for prevention of BCCs in basal cell nevus syndrome (BCNS) patients |
| William | 3-Apr | PL01 | Opening Plenary Session: The Future of Cancer Research: Challenges and Opportunities | Plenary Session | Effective translation of cancer discoveries to cancer treatment |
| Stephen | 3-Apr | PL01 | Opening Plenary Session: The Future of Cancer Research: Challenges and Opportunities | Plenary Session | The heritable component of cancer: Insights from genome-wide association studies and beyond |
| Carl | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 2: Data Analysis and Dissemination - Summary/Q&A |
| Bradley | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 1: Strategy and Goals of TCGA - TCGA 2011-A status report |
| Jing | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 2: Data Analysis and Dissemination - Case Studies in Data Access, Data Integration and Data Visualization - UCSC Genome Browser |
| Greg | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 2: Data Analysis and Dissemination - TCGA data portal and genome data analysis centers |
| Kenna | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 1: Strategy and Goals of TCGA - The challenge of tumor accrual and cancer selection |
| Paul | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 1: Strategy and Goals of TCGA - The effect of technology development on TCGA direction |
| Nikolaus | 3-Apr | NIH03 | The Cancer Genome Atlas (TCGA) ??A Rapidly Expanding Community Resource: Status, Review of Data Dissemination | NCI/NIH-Sponsored Session | Part 2: Data Analysis and Dissemination - Case Studies in Data Access, Data Integration and Data Visualization - cBIO Cancer Genomics Portal |
| Maria | 3-Apr | MS.TB02.01 | Stem Cells in Cancer Biology and Therapy 1 | Minisymposium | Epigenetic-microRNA networks in colon cancer stem cells |
| Todd | 4-Apr | PL02 | Integrative and Systems Genomics Approaches for the Elucidation of Tumor Initiation and | Plenary Session | New insights into the cancer genome |
| Andrea | 4-Apr | PL02 | Integrative and Systems Genomics Approaches for the Elucidation of Tumor Initiation and | Plenary Session | A systems biology approach to integrative cancer genomics |
| Levi | 4-Apr | PL02 | Integrative and Systems Genomics Approaches for the Elucidation of Tumor Initiation and | Plenary Session | Navigating the interface of tumor biology and therapeutic development through integrative genomics |

| AuthorFirst Name | Day | SessionNumber | SessionTitle | SessionType | PresentationTitle |
|------------------|-------|---------------|---|---|---|
| James | 4-Apr | PL02 | Integrative and Systems Genomics Approaches for the Elucidation of Tumor Initiation and | Plenary Session | The molecular pathology of acute leukemia |
| Jane | 4-Apr | SY17 | The Bayard D. Clarkson Symposium on Stem Cells and Cancer: Stem Cells and Tumor Plasticity | Major Symposium | Getting abreast of the mammary epithelial hierarchy and breast cancer |
| David | 4-Apr | NC07 | Genomic-based Stratification of Ovarian Carcinoma: Gene, Mouse, Marker, Therapy | New Concepts in Organ Site Research Session | Ovarian cancer subtypes at base pair resolution |
| Scott | 4-Apr | SY38 | Stem Cells and Epigenetic Regulation in Pediatric | Major Symposium | Epigenetic control of leukemia stem cell self-renewal |
| James | 4-Apr | NC07 | Genomic-based Stratification of Ovarian Carcinoma: Gene, Mouse, Marker, Therapy | New Concepts in Organ Site Research Session | Multifaceted approach to the identification and development of predictive biomarkers |
| Marcos | 4-Apr | MS.CB06.0 | Epigenetic Mechanisms and Markers of Disease | Minisymposium | SINE retrotransposons cause epigenetic reprogramming of adjacent gene |
| Qi | 4-Apr | MS.CB06.01 | Epigenetic Mechanisms and Markers of Disease | Minisymposium | An onco-protein axis linking polycomb repressive complex 2 and polycomb repressive complex 1 through miRNAs in cancer |
| Natasa | 4-Apr | MS.LB02 | Late-Breaking Abstracts: Tumor Biology and Genetics | Minisymposium: Late-Breaking Research | Establishment of a positive feedback between PGE₂ and COX2 diverts DC differentiation into MDSCs and sustains their immunosuppressive functions in ovarian cancer |
| Jeffrey | 5-Apr | PL03 | Advances in Tumor Cell Heterogeneity | Plenary Session | Macrophage diversity promotes tumor progression and metastasis |
| Robert | 5-Apr | PL03 | Advances in Tumor Cell Heterogeneity | Plenary Session | Effects of the microenvironment on tumor progression |
| Joan | 5-Apr | PL03 | Advances in Tumor Cell Heterogeneity | Plenary Session | Microenvironment survival signals for disseminated cancer cells |
| Kornelia | 5-Apr | PL03 | Advances in Tumor Cell Heterogeneity | Plenary Session | The clinical significance of intratumor diversity in breast cancer |
| Karen | 5-Apr | NIH11 | NCI? Early Detection Research Network: Charting the Future of Biomarker Research in | NCI/NIH-Sponsored Session | Progress in biomarker development for breast and gynecologic cancers |
| Joseph | 5-Apr | SY09 | DNA Methylation Profiles of Human Cancer | Major Symposium | Sequencing tumor epigenomes: New insights into deregulated promoters, gene bodies, and transposons |
| Joseph | 5-Apr | SY09 | DNA Methylation Profiles of Human Cancer | Major Symposium | DNA methylation dynamics in the human epigenome |
| Anjana | 5-Apr | SY09 | DNA Methylation Profiles of Human Cancer | Major Symposium | TET enzymes and 5-hydroxymethylcytosine |
| Kristian | 5-Apr | SY10 | The Ruth Sager Memorial Symposium on Cancer Genetics and Epigenetics: Cancer Epigenetics and Epigenetic Therapies | Major Symposium | Functional roles of Tet proteins and hydroxymethylation in stem cells and cancer |
| Hendrik | 5-Apr | MS.CL01.01 | Novel Predictive and Prognostic Biomarkers in the Clinic | Minisymposium | Identification of a CpG-island methylator phenotype (CIMP) in a subgroup of pilocytic astrocytoma with favorable prognosis |
| Elaine | 5-Apr | SY44 | TCGA: Discovery and Innovation in Cancer | Major Symposium | NGS enables transformative inquiry into complexity of cancer |
| Joshua | 5-Apr | SY44 | TCGA: Discovery and Innovation in Cancer | Major Symposium | Pathway analysis integrates multi-dimensional genomic data |
| Gad | 5-Apr | SY44 | TCGA: Discovery and Innovation in Cancer | Major Symposium | Cross-tumor genomics reveal new cancer biological insights |

| AuthorFirst Name | Day | SessionNumber | SessionTitle | SessionType | PresentationTitle |
|------------------|-------|---------------|---|-----------------|---|
| Raju | 5-Apr | SY44 | TCGA: Discovery and Innovation in Cancer | Major Symposium | New insights into somatic genomics and epigenomics of CRC |
| Hakon | 6-Apr | SY02 | Digging Beneath the Surface of Genome Scans: Gene- and Pathway-based Analysis of GWAS | Major Symposium | Pathway based analysis of large-scale cancer genomics datasets |
| Stuart | 6-Apr | SY02 | Digging Beneath the Surface of Genome Scans: Gene- and Pathway-based Analysis of GWAS | Major Symposium | Gene-based and pathway-based analysis applied to cancer genome-wide association studies |