

生命科学学会联合体“青年人才托举工程”项目

候选人推荐表

被推荐人姓名	常江	性 别	男	民 族	汉
出生年月	1986.08.15	政治面貌	群众	学 历	博士
工作单位	华中科技大学同济医学院公共卫生学院				
联系地址	湖北省武汉市硚口区航空路 13 号			邮政编码	430030
电话号码	-		传 真	-	
E-mail	-		手 机	-	
职 称	副教授		研究领域	肿瘤遗传学	
教育及工作经历	2017.11-至今 华中科技大学同济医学院公共卫生学院，副教授 2014.07-2017.11 华中科技大学同济医学院公共卫生学院，讲师 2009.09-2014.07 北京协和医学院，肿瘤学，博士				
科研工作概述	<p>被推荐人现为华中科技大学同济医学院公共卫生学院副教授，主要从事肿瘤遗传学和分子流行病学方面的研究工作，研究方向为食管癌等消化系统恶性肿瘤的遗传易感性。至 2018 年，已发表 SCI 收录论文 35 篇，总被引用 620 余次。其中，第一/通讯作者（含并列）论文 10 篇（累计 IF:129.6），包括 <i>Nature Genetics</i> (IF:27.1)、<i>Nature Communications</i> (IF:12.4)、<i>Cancer Research</i> (IF:9.1)、<i>International Journal of Cancer</i> (IF:7.4) 等国际权威期刊。目前主持国家自然科学基金面上项目、青年项目各一项，同时作为研究骨干参与国家 863、973 等重大研究项目。</p> <p>被推荐人面对“后 GWAS”时代肿瘤遗传学领域的机遇与挑战，在工作中逐步形成了自己的研究思路和工作特色，从低频易感位点挖掘、基因-环境交互作用分析、遗传变异的功能机制解析等方面入手，在识别以食管癌为代表的肿瘤易感基因并阐明其功能机制方面取得了突出成绩：首次发现视黄酸代谢酶 CYP26B1 的低频遗传变异，通过影响个体的视黄酸代谢水平，显著影响食管癌的发生风险。首次证实过度饮酒与乙醇脱氢酶（ADH）和乙醛脱氢酶（ALDH）两个基因家族遗传变异的交互作用显著影响了中国人群食管癌的易感性。研究为食管癌等肿瘤的个体化预防提供了充实的理论依据。研究成果被 <i>CA: A Cancer Journal for Clinicians</i>、<i>The New England Journal of Medicine</i>、<i>Nature</i>、<i>Nature Genetics</i> 等国际一流 SCI 期刊引用，还作为经典案例被写入《<i>Gastrointestinal Malignancies</i>》、《<i>Biological Basis of Alcohol-induced Cancer</i>》等国际医学教材，受到国内外同行的高度认可。</p> <p>主要学术成绩包括以下 2 个方面：</p> <p>（一）、从低频易感位点挖掘和功能机制解析入手，揭示中国人群食管癌等消化系统肿瘤的遗传易感新基因，并建立肿瘤遗传易感预测模型（<i>Nature Genetics</i>, 2018; <i>Cancer Research</i>, 2018; <i>Carcinogenesis</i>, 2013）。</p> <p>（二）、从基因-环境交互作用和多组学数据联合分析入手，阐明基因-饮酒交互作用与食管癌的易感性关并揭示其分子基础（<i>Nature Genetics</i>, 2012; <i>Nature Communications</i>, 2017）</p>				

发表文章情况

- (1) **Chang J[#]**, Zhong R[#], Tian J[#], Li J[#], Zhai K, Ke J, Lou J, Chen W, Zhu B, Shen N, Zhang Y, Zhu Y, Gong Y, Yang Y, Zou D, Peng X, Zhang Z, Zhang X, Huang K, Wu T, Wu C*, Miao X* & Lin D. Exome-wide analyses identify low-frequency variant in CYP26B1 and additional coding variants associated with esophageal squamous cell carcinoma. *Nat Genet* 50, 338-343 (2018). (IF: 27.1)
- (2) **Chang J[#]**, Tan W[#], Ling Z[#], Xi R[#], Shao M[#], Chen M[#], Luo Y, Zhao Y, Liu Y, Huang X, Xia Y, Hu J, Parker J S, Marron D, Cui Q, Peng L, Chu J, Li H, Du Z, Han Y, Tan W, Liu Z, Zhan Q, Li Y, Mao W*, Wu C* & Lin D. Genomic analysis of oesophageal squamous-cell carcinoma identifies alcohol drinking-related mutation signature and genomic alterations. *Nat Commun* 8, 15290 (2017). (IF: 12.4)
- (3) **Chang J[#]**, Tian J[#], Yang Y[#], Zhong R[#], Li J, Zhai K, Ke J, Lou J, Chen W, Zhu B, Shen N, Zhang Y, Gong Y, Zhu Y, Zou D, Peng X, Huang K & Miao X*. A rare missense variant in TCF7L2 associates with colorectal cancer risk by interacting with a GWAS-identified regulatory variant in the MYC enhancer. *Cancer Res* (2018). (IF: 9.1)
- (4) **Chang J**, Huang Y, Wei L, Ma B, Miao X, Li Y, Hu Z, Yu D, Jia W, Liu Y, Tan W, He Z, Ke Y, Wu T, Shen H, Zeng Y, Wu C* & Lin D*. Risk prediction of esophageal squamous-cell carcinoma with common genetic variants and lifestyle factors in Chinese population. *Carcinogenesis* 34, 1782-6 (2013). (IF: 5.1)
- (5) **Chang J[#]**, Wei L[#], Miao X, Yu D, Tan W, Zhang X*, Wu C* & Lin D. Two novel variants on 13q22.1 are associated with risk of esophageal squamous cell carcinoma. *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev* 24, 1774-80 (2015). (IF: 4.6)
- (6) Li J, Wang Y, Zhu Y, Gong Y, Yang Y, Tian J, Zhang Y, Zou D, Peng X, Ke J, Gong J, Zhong R* & **Chang J***. Breast cancer risk-associated variants at 6q25.1 influence risk of hepatocellular carcinoma in a Chinese population. *Carcinogenesis* 38, 447-454 (2017). (Corresponding author, IF: 5.1)
- (7) Wu C[#], Kraft P[#], Zhai K[#], **Chang J[#]**, Wang Z, Li Y, Hu Z, He Z, Jia W, Abnet C C, Liang L, Hu N, Miao X, Zhou Y, Liu Z, Zhan Q, Liu Y, Qiao Y, Zhou Y, Jin G, Guo C, Lu C, Yang H, Fu J, Yu D, Freedman N D, Ding T, Tan W, Goldstein A M, Wu T, Shen H, Ke Y, Zeng Y, Chanock S J, Taylor P R & Lin D. Genome-wide association analyses of esophageal squamous cell carcinoma in Chinese identify multiple susceptibility loci and gene-environment interactions. *Nat Genet* 44, 1090-7 (2012). (Co-first author, IF: 27.1)
- (8) Tan D E[#], Foo J N[#], Bei J X[#], **Chang J[#]**, Peng R, Zheng X, Wei L, Huang Y, Lim W Y, Li J, Cui Q, Chew S H, Ebstein R P, Kuperan P, Lim S T, Tao M, Tan S H, Wong A, Wong G C, Tan S Y, Ng S B, Zeng Y X, Khor C C, Lin D, Seow A L, Jia W H & Liu J. Genome-wide association study of B cell non-Hodgkin lymphoma identifies 3q27 as a susceptibility locus in the Chinese population. *Nat Genet* 45, 804-7 (2013). (Co-first author, IF: 27.1)
- (9) Dai J, Shen W, Wen W, Chang J, Wang T, Chen H, Jin G, Ma H, Wu C, Li L, Song F, Zeng Y, Jiang Y, Chen J, Wang C, Zhu M, Zhou W, Du J, Xiang Y, Shu X O, Hu Z, Zhou W, Chen K, Xu J, Jia W, Lin D, Zheng W & Shen H. Estimation of heritability for nine common cancers using data from genome-wide association studies in Chinese population. *Int J Cancer* 140, 329-336 (2017). (Co-first author, IF: 7.4)
- (10) Li J[#], **Chang J[#]**, Tian J, Ke J, Zhu Y, Yang Y, Gong Y, Zou D, Peng X, Yang N, Mei S, Wang X, Cheng L, Hu W, Gong J, Zhong R & Miao X. A rare variant P507L in TPP1 interrupts TPP1-TIN2 interaction, influences telomere length, and confers colorectal cancer risk in Chinese population. *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev* (2018). (Co-first author, IF: 4.6)

<p>获奖情况</p>	<p>2017年，湖北省自然科学二等奖（排名第二）</p>				
<p>未来3-5年研究工作设想与创新性、可行性的分析（限400字）</p>	<p>工作设想： 被推荐人拟在前期的工作基础之上，通过整合食管癌全基因组关联（GWAS）和全外显子组关联（EWAS）的数据，对关联 P 值达到潜在关联的全部遗传位点，进行大规模的人群验证和系统的功能机制研究，从而更全面、系统的挖掘出食管癌的遗传易感位点。</p> <p>创新性： 本研究是首次对全基因组和全外显子组数据进行整合，可以最大化的覆盖基因组中的常见和低频变异，弥补了全基因组和全外显子组关联研究覆盖度不足的劣势，具有新颖性，也为其它疾病的分子遗传学研究提供了新的策略和思路。</p> <p>可行性： 本研究思路来源于前期研究结果，并且已经取得初步的研究结果。被推荐人所在单位华中科技大学同济医学公共卫生学院2017年入选国家“双一流”建设学科，并在教育部组织的第四轮学科评估中名列 A+。学院拥有环境与健康教育部重点实验室，具有国内一流、国际先进的分子流行病学和分子生物学实验技术平台，具备项目实施所需的各种技术条件和人员物质基础。</p>				
<p>导师指导小组</p>					
<p>序号</p>	<p>姓名</p>	<p>职称</p>	<p>单位</p>	<p>联系电话</p>	<p>E-mail</p>
<p>1</p>	<p>林东昕</p>	<p>教授</p>	<p>中国医学科学院肿瘤医院</p>	<p>-</p>	<p>-</p>
<p>2</p>	<p>邬堂春</p>	<p>教授</p>	<p>华中科技大学同济医学院</p>	<p>-</p>	<p>-</p>
<p>3</p>	<p>缪小平</p>	<p>教授</p>	<p>华中科技大学同济医学院</p>	<p>-</p>	<p>-</p>
<p>被推荐人单位意见</p>	<p>常江副教授是我学院肿瘤遗传学和分子流行病学专业的优秀青年人才，鉴于其突出的学术水平、科研能力和发展潜力，我院积极推荐其申报“青年人才托举工程”项目。</p> <p style="text-align: right;">公章：</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>				

学会意见

公章:

年 月 日

联合体意见

执行主席（签字）:

年 月 日