**郭士成**

**1、个人简介**

1986年生，男，中共党员，山东济宁人，复旦大学现代人类学教育部重点实验室遗传学在读博士(导师，金力). 2009年毕业于东北农业大学生命科学学院,2012.12-2014.4在德克萨斯大学休斯顿健康科学中心学习，主要从事遗传流行病学研究相关的遗传因素关联分析，疾病遗传风险模型构建，复杂疾病分子诊断模型建立，高维芯片及二代测序的数据分析等。具体工作涉及肺癌药物基因组及炎症,硬皮病, 系统性红斑狼疮等免疫性疾病的分子流行病及易感性方面研究工作, 及多种肿瘤的基因 DNA 甲基化的分子诊断方法的开发,并参与多项相应的肿瘤体外诊断专利 (CN 201110430858,CN 201110287529)。

**2、大学开始受教育经历及实习单位**

2013.6-2014.4，美国德克萨斯大学休斯顿科学中心，公共卫生学院（Research Scholar）

2012.12-2013.6，美国德克萨斯大学休斯顿科学中心，公共卫生学院（Visiting Student）

2012.1-2013.12，中国科学院上海生命科学研究院计算生物学研究所（实习）

2012.1-2013.12，复旦大学风湿、免疫、过敏性疾病研究中心（实习）

2011.9-2014.6， 复旦大学生命科学学院，现代人类学教育部重点实验室（在读）

2009.9-2011.9， 上海医学院，上海市肿瘤研究所癌基因与抑癌基因国家重点实验室（博士在读）

2008.7-2008.10，厦门大学生科院细胞生物学与肿瘤细胞工程教育部重点实验室（本科实习）

2005.9-2009.6， 东北农业大学，生命科学学院，生物技术专业（211,本科学校）

**3、研究工作经历**

参与了“炎黄甲基化项目” (Plos Biology, 2010) “家蚕甲基化组谱项目” (Nature Biotechnology, 2010) , “MicroRNA 在肝癌 EMT 转变中的作用机制” (Neoplasia, 2011) , “XRCC1 基因多态性对晚期非小细胞肺癌以铂类为基础的化疗中的预测作用评估” (Clinical Cancer Research, 2012) , “膀胱癌甲基化组绘制及诊断标记物的筛选” (Plos One, 2012) , “IGF2BP2基因多态性与II型糖尿病关联程度的定量评估” (Acta Diabetol，2012) ,甲状腺癌GWAS显著位点中国人群的验证(Journal of Medical Genetics, 2013) 及风险预测模型的评估（Cancer Medicine 2014) , DNA甲基化对抑癌基因PLZF 参与非小细胞肺癌增值及凋亡的调控机制(FASEB, 2013) , “APC甲基化用于非小细胞肺癌诊断价值评估”(Clinical Epigenetics，2014) . “家族遗传性急性淋巴瘤致病因子TGM6的定位”（2013）等工作。“硬皮病相关肺纤维化发病与治疗进程中的关键分子事件研究”（2013）

**4， 主要荣誉和奖励**

2009,2012, 2013 复旦大学博士生优秀奖学金

2012年中国大学生“挑战杯”创业计划大赛， 上海市银奖

2008年度东北三省数学建模比赛黑龙江省二等奖

2006-2008, 优秀三好学生

2007年度全国大学生数学建模比赛黑龙江省二等奖

2006年国家奖学金/国家励志奖学金

已提交及马上要提交的文章

1. **S.-C. Guo**, Weilin Pu, Li Jin, Jiucun Wang, DNA methylation microarray-based meta-analysis identifies a panel of epigenetic biomarkers for NSCLC cancer diagnosis, 2013. (submit soon)
2. Hao Xiong, Shicheng Guo, Xiangning Chen. Differential analysis of allele specific expressions with RNA-seq data. Genome Biology, 2014 (submited)

**4、科研成果**

1. **S.-C. Guo**, Y.-L Wang, Y. Li. Li Jin, M.-M Xiong, J.-C Wang. Significant SNPs have limited prediction ability for thyroid cancer. Cancer Medicine, 2013. (accept)
2. **S.-C. Guo**, LiXing Tan, Weilin Pu, Li Jin, Jiucun Wang, Diagnosis Role of APC Promoter Methylation in Non-Small Cell Lung Cancer: A Integrate-Analysis of Published Article and Microarray Data. Clinical Epigenetics, 2014 (accept)
3. Wang, Y.-L**\***., S.-H. Feng**\***, **S.-C. Guo\***, W.-J. Wei, D.-S. Li, Y. Wang, X. Wang, Z.-Y. Wang and L. Jin, Confirmation of papillary thyroid cancer susceptibility loci identified by genome-wide association studies of chromosomes 14q13, 9q22, 2q35 and 8p12 in a Chinese population. Journal of Medical Genetics, 2013.
4. Wang, X., L. Wang, **S. Guo**, Y. Bao, Y. Ma, F. Yan, K. Xu, Z. Xu, L. Jin, and D. Lu, Hypermethylation reduces expression of tumor-suppressor PLZF and regulates proliferation and apoptosis in non-small-cell lung cancers. The FASEB Journal, 2013.
5. Lin, S., L. Pan, **S. Guo**, J. Wu, L. Jin, J.-C. Wang, and S. Wang, Prognostic role of microRNA-181a/b in hematological malignancies: a meta-analysis. PLoS One, 2013. 8(3): p. e59532.
6. Zhao, Y., H. Zhou, K. Ma, J. Sun, X. Feng, J. Geng, J. Gu, W. Wang, H. Zhang, Y. He, **S. Guo**, X. Zhou, J. Yu, and Q. Lin, Abnormal methylation of seven genes and their associations with clinical characteristics in early stage non-small cell lung cancer. Oncol Lett, 2013. 5(4): p. 1211-1218.
7. Zhao, Y. **\***, **S. Guo\***, J. Sun**\***, Z. Huang**\***, T. Zhu, H. Zhang, J. Gu, Y. He, W. Wang, and K. Ma, Methylcap-Seq Reveals Novel DNA Methylation Markers for the Diagnosis and Recurrence Prediction of Bladder Cancer in a Chinese Population. PLoS One, 2012. 7(4): p. e35175.(并列一作)
8. Wu, J., J. Liu, Y. Zhou, J. Ying, H. Zou, **S. Guo**, L. Wang, N. Zhao, J. Hu, and D. Lu, Predictive Value of XRCC1 Gene Polymorphisms on Platinum-Based Chemotherapy in Advanced Non–Small Cell Lung Cancer Patients: A Systematic Review and Meta-analysis. Clinical Cancer Research, 2012. 18(14): p. 3972-3981.
9. Wu, J., J. Wu, Y. Zhou, H. Zou, **S. Guo**, J. Liu, L. Lu, and H. Xu, Quantitative assessment of the variation in IGF2BP2 gene and type 2 diabetes risk. Acta Diabetologica, 2011: p. 1-11.
10. He, Y., Y. Cui, W. Wang, J. Gu, **S. Guo**, K. Ma, and X. Luo, Hypomethylation of the hsa-miR-191 locus causes high expression of hsa-mir-191 and promotes the epithelial-to-mesenchymal transition in hepatocellular carcinoma. Neoplasia (New York, NY), 2011. 13(9): p. 841.
11. Zhou, X., J. Sun, Y. He, H. Zhang, J. Yu, **S. Guo**, Y. Cai, X. Hu, and J. Zhu, Correlation of the methylation status of CpG islands in the promoter region of 10 genes with the 5-Fu chemosensitivity in 3 breast cancer cell lines]. Zhonghua zhong liu za zhi [Chinese journal of oncology], 2010. 32(5): p. 328.
12. Xiang H., Zhu J., Chen Q., Dai F., Li X., Li M., Zhang H., Zhang G., Li D., Dong Y., Zhao L., Lin Y., Cheng D., Yu J., Sun J., Zhou X., Ma K., He Y., Zhao Y., **Guo S**., Ye M., Guo G., Li Y., Li R., Zhang X., Ma L., Kristiansen K., Guo Q., Jiang J., Beck S., Xia Q., Wang W., Wang J. Single base-resolution methylome of the silkworm reveals a sparse epigenomic map. Nat Biotechnol. 2010;28:516-20.
13. Li Y., Zhu J., Tian G., Li N., Li Q., Ye M., Zheng H., Yu J., Wu H., Sun J., Zhang H., Chen Q., Luo R., Chen M., He Y., Jin X., Zhang Q., Yu C., Zhou G., Huang Y., Cao H., Zhou X., **Guo S**., Hu X., Li X., Kristiansen K., Bolund L., Xu J., Wang W., Yang H., Wang J., Li R., Beck S., Zhang X. The DNA methylome of human peripheral blood mononuclear cells. PLoS biology. 2010;8:e1000533