

# 刘惠生

☎ 13610049196    ✉ huishengliu06@gmail.com    📍 广州  
📠 lhs\_scs    🖥 blog : liuhuisheng.com  
👩 生物信息工程师



## 🎓 教育经历

**华南理工大学** 2018.09 - 2021.06  
生物学 硕士 生物科学与工程学院 广东广州  
发表生物信息 SCI 3篇 ( 1作1篇 ) ; 投稿2篇

**西北农林科技大学** 2014.09 - 2018.06  
植物科学与技术 本科 农学院 陕西杨凌

**GPA :** GPA 3.2 , 获得保研资格 , 连续两次获得全国大学生数学建模省一等奖 ;

**相关课程 :** 概率论与数理统计 ; 田间实验设计 ; SAS实验数据分析

## ⚙️ 技能/证书及其他

- **技能 :** Linux , R , Python , SPSS
- **语言 :** 英语 ( CET-6 )
- **兴趣爱好 :** 乒乓球和徒步

## 🏢 实习经历

**BGI深圳** 2018.07 - 2018.09  
实习生 生命科学研究院 深圳  
学习并负责单细胞分析 ; 学习单细胞细胞实验以及流式细胞术等

## 🔬 科研项目经历

**结直肠癌免疫图谱**  
项目执行者  
样本采集 , 单细胞样本制备等

**结直肠癌旁组织中成熟B细胞的动态网络生物标志物研究** 2019.09 - 2021.07  
课题负责人 广州  
挖掘结直肠癌 ( CRC ) 单细胞转录组 , 运用时序的动态网络标志物的方法 , 在基因表达网络水平找出网络的临界变化 , 进而探讨背后的生物学意义与挖掘潜在的生物标志物。文章已接收于Molecular Therapy - Oncolytics IF = 7.2 ( 2020 ) doi : 10.1016/j.omto.2021.06.004。

**动态网络标志物挖掘 : 耗竭T细胞** 2020.01  
项目执行者 广州  
T细胞耗竭过程 ( Tex ) 在免疫治疗中具有重要意义。本项目首先通过拟时序定义出Tex过程 , 然后使用时序的动态网络标志物方法 , 可以在网络水平定义Tex耗竭前的临界细胞类型 , 进而挖掘影响Tex的重要分子 , 为阐明T细胞耗竭分子机制以及免疫疗法提供了新思路。目前文章返修中。

**动态网络生物标志物挖掘 : 泛癌** 2019.12 - 2020.03  
项目参与者 广州  
选取多种肿瘤类型 , 基于AJCC临床分期运用单样本的DNB分析方法 , 可以挖掘出肿瘤转移前的临界时期以及潜在的药物靶点与优良的生物标志物。一篇SCI已接受。

**基因家族在CRC中的预后价值** 2020.09  
项目执行者 广州  
基于前期项目挖掘获得的关键基因 , 在TCGA、GEO等公共数据库挖掘该基因家族在CRC中的预后价值。目前进展 : 数据挖掘中

## 📝 个人总结

熟悉NCBI、GEO、TCGA等公共数据库 ; 熟悉Linux , R , python ; 熟悉RNAseq、sc-RNAseq、基因表达芯片分析以及下游的可视化分析 ; 具有发表SCI的经验。

目前感兴趣的方向是 : 可复现文档和自动化流程的构建。

抗压能力强 , 工作认真。