

洪璟昕

手机：18125153027 · 邮箱：944977300@qq.com



教育背景

华南农业大学（双一流），农业昆虫与害虫防治，硕士 2022.09 - 2025.06

- 研究方向：植物检疫与生物入侵，重点研究生物病毒在害虫防治中的应用，结合生物信息学工具进行病毒基因组分析与功能预测
- 学业情况：GPA3.89/4.0，二等奖学金
- 英语水平：CET-6，具备良好的英文文献阅读和写作能力，曾发表英文学术期刊论文
- 主修课程：分子生物学、组学数据分析、昆虫生理学、昆虫生态学、入侵生物学

南京林业大学（双一流），森林保护，本科 2018.09 - 2022.06

工作技能

- 分子生物学实验：精通 PCR、qPCR、DNA 提取、RNA 提取等实验技术，具备独立设计、优化和执行 PCR 实验的能力，熟悉实验流程的标准化和数据质量控制
- 实验数据分析与自动化：熟练使用 Python、R 和 Perl 进行实验数据处理与分析，能够运用 Shell 脚本进行实验流程的自动化处理，具备 Linux 操作系统使用经验，能够有效地管理实验数据和分析流程
- 生物信息学与数据分析：具备生物信息学背景，能够使用 Fastp、Bowtie2 等工具进行高通量测序数据的预处理和分析，并结合 PCR 实验结果进行深入的功能分析与注释
- 统计分析与报告撰写：精通 R 语言，能够进行实验数据的统计分析可视化，熟练使用 ggplot2 等 R 包生成清晰易懂的实验报告

项目经历

基于宏基因组数据的红火蚁体内病毒种类及功能分析 2023.09 - 今

- 从中国 5 个不同地理位置采集红火蚁样本，涵盖工蚁、生殖蚁、蚁后、幼虫和蛹等虫态，使用 Trizol 提取总 RNA，构建 Illumina 测序文库并进行高通量测序
- 使用 Fastp 进行测序数据的质量控制与清洗，使用 MEGAHIT 进行序列拼接，结合功能注释工具深入分析病毒种类与功能，为病毒相关的入侵物种防治提供科学数据支持
- 利用 PCR 技术检测并验证目标病毒的存在，确保基因组数据分析结果的准确性和可靠性
- 编写 Python 和 Perl 脚本进行高通量测序数据的处理，包括目标基因的提取、病毒基因组的组装与功能预测，并使用 MEGA 开展系统发育分析；通过 R 语言进行数据的统计分析可视化
- 研究成果揭示了特定病毒的功能潜力，为基于基因组数据的生物防治策略开发提供了关键理论依据，助力入侵物种防控研究

广东省外来入侵物种普查及数据分析 2023.09 - 2023.12

- 作为项目负责人，领导跨部门团队开展入侵物种调查，制定调查方案与路线，成功完成 300 余次现场普查，并汇总分析全省数据
- 使用 SPSS 和 R 语言对数据进行统计分析，评估特定生物防治措施对害虫的有效性
- 负责数据清洗、整合与可视化分析，深入评估生物防治措施对农作物产量的影响，为防治决策提供科学依据

水稻病虫害数据采集与综合防治策略优化 2023.05 - 2023.08

- 参与广东省水稻病虫害的现场数据采集，采用网捕法、目测法等标准化方法，确保数据质量和一致性，为后续防治策略的制定奠定了坚实的数据基础
- 使用 Excel 和 R 对采集的数据进行清洗、整理与分析，评估不同防治策略的效果，研究表明 IPM 综合防治方案显著提升了病虫害控制效果
- 协调与农业技术推广人员的合作，参与制定更具实际应用性的综合防治方案，推动项目成果在实际生产中的有效落地

学术成果

- 论文：发表国际学术期刊 《The Effect of Botanical Pesticides Azadirachtin, Celangulin, and Veratramine Exposure on an Invertebrate Species *Solenopsis invicta* (Hymenoptera: Formicidae)》