|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **主动应聘:­**大分子理化分析研究员（上海）2022-09-02 08:11 | | | | | |
|  | | | | | |
| {{[imagePhoto]}} | | **冯女士** 在职，急寻新工作  女 | 30岁 | 上海-浦东新区 | 硕士 | 工作5年  研究员 | 上海药明康德新药开发有限公司 | 制药/生物工程  邮箱：869232002@qq.com  手机：18217623736 | | | |
| [联系TA](https://lpt.liepin.com/resume/common/dispatch?backUrl=https%3A%2F%2Flpt.liepin.com%2Fcvview%2Fshowresumedetail%3FresIdEncode%3D84609f2c9aUe87f4631579a%26sfrom%3DR_LOCALRES) | |  | | | |
|  | |  | | | |
| **| 求职意向** | | | | | |
|  | | | | | |
| **| 工作经历** | | | | | |
| **上海药明康德新药开发有限公司** | | | | 2018.11-至今 (3年10个月) | |
| **研究员** | | | | | |
| 所在部门： | HitS事业部 | | 汇报对象： | | 组长 |
| 下属人数： | 0人 | | 工作地点： | | 上海-浦东新区 |
| 月 薪： |  | | | | |
| 职责业绩： | 化合物的筛选：使用的技术是 DNA 编码化合物库(简称 DEL )合成和亲和筛选技术，利用合成好的 DEL 化合物库，以感兴趣的蛋白为靶点蛋白，进行亲合筛选以得到与靶点蛋白有结合的化合物,具体负责的工作内容包括:筛选前靶点的调研;筛选实验的条件设置和实验执行,包括蛋白 QC 验证和筛选前验证,亲和筛选  和 qPCR 定量等，参与构建 NGS 文库并对 NGS 处理后的数据进行简单分析整理。  筛选后化合物的验证：通过对 NGS 数据分析会得到一系列与靶点蛋白有结合的化合物，经过与客户确认，会挑选出一些结合强的化合物进行重新合成和一系列验证，本人主要负责 ASMS 验证，即利用 LCMS 仪器（Q-TOF），  对筛选后化合物与靶点蛋白的结合进行初步验证，对验证到结合强的化合物，也会利用生物物理方法进一步验证其结合强度。 | | | | |
|  | | | | | |
| **上海伯豪生物技术有限公司** | | | | 2017.07-2018.11 (1年4个月) | |
| **生物技术员** | | | | | |
| 所在部门： | 科技服务部 | | 汇报对象： | | 组长 |
| 下属人数： | 0人 | | 工作地点： | | 上海-浦东新区 |
| 月 薪： |  | | | | |
| 职责业绩： | 负责高通量测序文库的构建（包括DNA文库，RNA文库等），以及文库的质控等工作。 | | | | |
|  | | | | | |
|  | | | | | |
| **| 项目经历** | | | | | |
| **达托霉素工业菌株构建项目** | | | | 2014.12-2017.06 (2年6个月) | |
| 项目职务： | 负责人 | | | | |
| 所在公司： | 中国科学院大学植生所 | | | | |
| 项目描述： | 1. 达托霉素高产菌株的构建： 删除竞争途径：Arylomycin合成基因簇的缺失； 增加前体供应：结构基因dptE与dptF的组合过表达，前体供应基因dptJ的过表达，正调控基因depR1的过表达，三个PPTase同源基因的过表达； 增加合成基因簇拷贝数：利用CRISPR/Cas9介导的TAR分三段捕获（Dap1，Dap2，Dap3），并通过TAR将Dap2与Dap3进行了拼接，拼接片段在Arylomycin敲除菌株中增加了拷贝数。 | | | | |
| 项目职责： | 具体负责项目的执行和阶段性成果汇报。 | | | | |
| 项目业绩： | 完成了上述菌株的构建工作，并通过发酵对菌株产量进行了验证。 | | | | |
|  | | | | | |
| **原始霉素高产菌株的构建** | | | | 2014.07-2014.12 (5个月) | |
| 项目职务： | 负责人 | | | | |
| 所在公司： | 中科院大学植生所 | | | | |
| 项目描述： | 2. 原始霉素的研究 通过TAR分两段对原始霉素I合成基因簇进行了捕获并利用TAR进行了拼接，之后通过增加原始霉素I合成基因簇拷贝数提高了原始霉素I的产量。 文章：1. Meng JL, Feng RR, Zheng GS, Ge M, Yvonne Mast, Wolfgang Wohlleben, Gao JF, Jiang WH, and Lu YH. Improvement of pristinamycin I (PI) production in Streptomyces pristinaespiralis by metabolic engineering approaches. Synth Syst Biotechnol. 2017 Jun; 2(2): 130–136.(共同一作) 2. Zhao YW, Feng RR, Zheng GS, Tian JZ, Ruan LJ, Ge M, Jiang WH, and Lu YH. Involvement of the TetR-Type Regulator PaaR in the Re gulation of Pristinamycin I Biosynthesis through an Effect on Precursor Supply inStreptomyces pristinaespiralis. J Bacteriol. 2015 Jun; 197(12): 2062–2071. | | | | |
| 项目职责： | 负责项目的具体执行和阶段成果汇报 | | | | |
| 项目业绩： | 完成了相关菌株构建，得到了原始霉素高产菌株，并发表了相关文章。 | | | | |
|  | | | | | |
|  | | | | | |
| **| 教育经历** | | | | | |
| **中国科学院大学** 生物工程·硕士·统招 | | | | 2014.09-2017.06 | |
| **吉林大学** 植物保护·本科·统招 | | | | 2010.09-2014.06 | |
|  | | | | | |
|  | | | | | |
| **| 语言能力** | | | | | |
| **英语**（CET6、读写精通） **，普通话**（二级甲等、同声翻译） | | | | | |
|  | | | | | |
|  | | | | | |
| **| 技能标签** | | | | | |
| 小分子药物筛选、二代测序、分子生物学、生物工程 | | | | | |
|  | | | | | |
|  | | | | | |
| **| 自我评价** | | | | | |
| 喜欢钻研和学习新知识，积极乐观，乐于助人，沟通能力好。 | | | | | |
|  | | | | | |
|  | | | | | |

声明：该人选信息仅供公司招聘使用，严禁以招聘以外的任何目的使用人选信息或利用猎聘平台及人选信息从事任何违法违规活动。 否则，猎聘有权单方决定采取包括但不限于删除发布内容，限制、暂停使用，终止合作永久封禁账户等措施。

操作时间：2022.09.02 13:37:45 操作人：91466437