

个人简历

罗晓琦

出生日期: 1999 年 8 月 12 日

微信: 2514196254

E-mail: luoxiaoqiabi@gmail.com

教育背景

本科:

生物信息学学士学位; 苏州大学医学部

2017 年 9 月-2021 年 6 月

绩点排名: 3/32

研究生:

生物信息学理学硕士; 爱丁堡大学

2021 年 9 月-2022 年 11 月

数据分析能力

- 熟练掌握 Python、R 语言; 熟悉 Linux 系统使用; 熟悉生物信息分析常用数据库及工具
- 个人 GitHub 网址: <https://github.com/XiaoqiLuo>

科研经历

◆ 研究生毕业论文: Predicting gene-regulatory motifs from large scale transcriptome resources (2022 年)

- ✧ 本研究建立了一个从 RNA-Seq 数据中反向寻找转录后修饰的调节元件的 pipeline, 并识别出 miRNA response element。
- ✧ 开发了样本重注释策略, 将来自 SRA 样本结构多样的注释转化统一的注释格式。设计了根据重注释信息自动选择具有生物学比较意义的样本组并实行差异表达分析的策略。
- ✧ 使用 Sylamer 进行富集分析, 预测出显著富集的 motif, 并将其与对应的 miRNA 匹配。
- ✧ 该 pipeline 对 TCGA、GEO、GTEx 数据库共 265,712 个样本进行 20,167 次差异表达分析和富集分析。
- ✧ 分析结果展示网站: https://cei.bio.ed.ac.uk/msc_project/production/。

◆ 全外显子组测序分析流程搭建 (2021 年)

- ✧ 使用 snakemake 基于 GATK4 搭建的全外显子分析流程。
- ✧ 代码托管于: https://github.com/XiaoqiLuo/whole_exome_seq_snakemake

- ◆ 论文摘要: **Identification of novel biomarkers for lymph node metastasis of Esophageal squamous cell carcinoma** 第一作者, 发表于 BASIC & CLINICAL PHARMACOLOGY & TOXICOLOGY

✧ 发表于 <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/bcpt.13542> (No.1107)

- ◆ 鳞状细胞癌中基于肿瘤微环境相关基因集的特征和趋化因子靶标的鉴定 (2020 年)

- ✧ 建立食管鳞癌和头颈部鳞癌队列的复发风险预测模型并使用外部数据集进行验证。
- ✧ 通过肿瘤微环境和免疫细胞类型分析识别复发事件的危险因素。
- ✧ 分析了 1337 对配体和受体的表达, 以推断潜在的串扰。其中 14 对显示出高度相关性, 并且在复发组之间存在显著差异。趋化因子 CCL2 和 CCR5 的紊乱导致单核细胞丰度变化, 从而引起肿瘤微环境改变并最终导致复发。
- ✧ 上述数据分析流程整合封装, 代码托管于:

https://github.com/XiaoqiLuo/Tumor_Microenvironment

获奖情况

- ◆ 苏州大学优秀毕业生

ADDITIONAL INFORMATION

- ◆ 语言: 雅思 7 分 ; Mandarin (Native Language)