



Yuelong CHEN 陈玥茳

生物信息 · 细胞分子生物

香港中文大学逸夫科学大楼 113 室

☎ (+86) 18500200613 | ✉ yuelong.chen.btr@gmail.com | 🏠 <https://loganylchen.github.io> | 📺 loganylchen

“完成比完美更重要。”

Summary

香港中文大学生物信息学博士研究生，专注于转录组学分析、Nanopore DRS 算法开发及疾病机制研究，整合生物信息学与实验技术解决复杂生物学问题。

- 转录组及转录后调控: 开发基于 Nanopore 直接 RNA 测序 (DRS) 的新型 RNA 修饰检测方法。构建多组学分析流程，解析转录组动态变化与疾病发生发展的关联机制。
- 生物信息学算法开发: 主导开发 Nanopore DRS 数据处理工具链，包括转录本组装、定量及修饰位点识别模块。
- 代谢疾病与肿瘤机制研究: 聚焦糖尿病对肾小管 / 肾小球的差异化损伤机制，通过单细胞转录组揭示细胞异质性; 探索肿瘤的转录调控网络，开发基于转录组/表观转录组特征的预后标志物。
- (基金) 主要贡献: 2022 年香港 RGC GRF 项目 (获批); 2024 年香港 RGC GRF 项目 (在审); 2024 年 1+1+1 联合基金项目 (获批)

Education

香港中文大学生命科学学院

香港, 中国

博士 (细胞分子生物)

2019 年 8 月 - 2025 年 6 月

哈尔滨医科大学生物信息科学与技术学院

哈尔滨, 黑龙江, 中国

硕士 (生物信息学)

2012 年 9 月 - 2015 年 7 月

哈尔滨医科大学生物信息科学与技术学院

哈尔滨, 黑龙江, 中国

学士 (生物技术 [生物信息方向])

2007 年 9 月 - 2012 年 7 月

Work Experience

深圳安吉康尔科技有限公司

深圳, 广东, 中国

生物信息总监

2018 年 5 月 - 2019 年 7 月

- 负责构建遗传病检测全自动检测平台
- 变异检测一体机的开发
- 专利: FH 测序文库的构建方法和引物组及试剂盒
- 专利: 用于检测遗传性疾病基因变异的方法、装置及终端设备
- 专利: 一种检测拷贝数变异的方法、装置和存储介质

欧蒙医学诊断 (中国) 有限公司

北京, 中国

生物信息工程师

2018 年 2 月 - 2018 年 4 月

- 开发, 完善现有的基于 NGS 耳病检测模型

- 研发血液肿瘤 FLT3-ITD NGS 检测方法, 并在定量上稳定与金标准毛细管电泳结果一致
- 参与血液肿瘤 IVD 研发

安诺优达基因科技 (北京) 有限公司

- 负责血液肿瘤临床商业检测项目
- 开发全自动监控及运行平台, 保证血液肿瘤临床商业检测无错运行
- **专利**: 一种用于检测体细胞突变的装置
- **专利**: 用于检测血液病相关基因变异的试剂盒
- **专利**: 一种用于检测血液病相关体细胞突变的装置
- **专利**: 一种用于利用循环肿瘤 DNA 样本检测体细胞突变的装置
- **专利**: 一种用于利用肿瘤 FFPE 样本检测体细胞突变的装置

Skills

编程语言 Python, R, LaTeX, CUDA, C, 深度学习框架 (Pytorch)

数据分析 NGS 转录组, 单细胞转录组, Nanopore 转录组, NGS 基因组

开发 Docker, Github, Singularity

语言 普通话, 英语

Publications

- Yanshuo Chen, Yixuan Wang, **Yuelong Chen**, Yuqi Cheng, Yumeng Wei, Yunxiang Li, Jiuming Wang, Yingying Wei, Ting-Fung Chan, and Yu Li. “Deep Autoencoder for Interpretable Tissue-Adaptive Deconvolution and Cell-Type-Specific Gene Analysis.” Nature Communications 13, no. 1 (November 8, 2022): 6735. [↗](#)
- Jizhou Zhang, Xiao Lin, **Yuelong Chen**, Tsz-Ho Li, Alan Chun-Kit Lee, Eugene Yui-Ching Chow, William Chi-Shing Cho, and Ting-Fung Chan. “LAFITE Reveals the Complexity of Transcript Isoforms in Subcellular Fractions.” Advanced Science (Weinheim, Baden-Wurttemberg, Germany) 10, no. 3 (January 2023): e2203480.
- Keng Po Lai, Nathan Yi Kan Tam, **Yuelong Chen**, Chi Tim Leung, Xiao Lin, Chau Fong Tsang, Yin Cheung Kwok, et al. “miRNA-mRNA Integrative Analysis Reveals the Roles of miRNAs in Hypoxia-Altered Embryonic Development- and Sex Determination-Related Genes of Medaka Fish.” Frontiers in Marine Science 8 (January 21, 2022): 736362.
- Yuanyuan Xu, Yan Li, Qingyu Xu, **Yuelong Chen**, Na Lv, Yu Jing, Liping Dou, et al. “Implications of Mutational Spectrum in Myelodysplastic Syndromes Based on Targeted Next-Generation Sequencing.” Oncotarget 8, no. 47 (October 10, 2017): 82475–90.
- Yunfeng Wang, Xiujie Chen, Lei Liu, **Yuelong Chen**, Hongzhe Ma, Ruizhi Yang, and Xiangqiong Liu. “Identifying the Causative Proteins of Similar Side Effect Pairs to Explore the Common Molecular Basis of These Side Effects.” Molecular bioSystems 11, no. 7 (July 2015): 2060–67.
- Fujian Tan, Ruizhi Yang, Xiaoxue Xu, Xiujie Chen, Yunfeng Wang, Hongzhe Ma, Xiangqiong Liu, **Yuelong Chen**. “Drug Repositioning by Applying ‘expression Profiles’ Generated by Integrating Chemical Structure Similarity and Gene Semantic Similarity.” Molecular bioSystems 10, no. 5 (May 2014): 1126–38.
- Xiujie Chen, Xiangqiong Liu, Xiaodong Jia, Fujian Tan, Ruizhi Yang, Sheng Chen, Lei Liu, Yunfeng Wang, and **Yuelong Chen**. “Network Characteristic Analysis of ADR-Related Proteins and Identification of ADR-ADR Associations.” Scientific Reports 3 (2013): 1744.