



Yuelong CHEN 陈玥茏

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，专注于生物信息学算法开发与计算生物学研究，擅长通过算法开发、高通量数据分析及多组学计算流程构建解决复杂生物学问题。

- BALEEN: 利用 dynamic time warping (DTW) 算法及贝叶斯模型识别 Nanopore 直接 RNA 测序数据上的 mRNA 分子上的修饰位点。(撰写 paper 中，目标：Nature Communications)
- FIN: 基于 transformer 模型，构建新的 genefusion 检测模型，达到高准确及高敏感的 fusion 检测。(开发中，目标：Nature Communications)
- TAPE: 借助深度自动编码器架构与自适应训练方案，整合批量 RNA-seq 和单细胞 RNA-seq 数据，实现组织自适应的反卷积及细胞类型特异性基因表达预测，具备高精度、高稳健性与快速分析能力。(已发表)
- (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

香港, 中国

博士 (生物信息学)

2019 年 8 月 - 2025 年 6 月

哈尔滨医科大学

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

哈尔滨, 黑龙江, 中国

学士 (生物信息学)

2007 年 9 月 - 2012 年 7 月

- 主修课程 (生物信息相关): 生物信息学导论、生物信息学软件、生物芯片技术、生物统计学、生物数据信息挖掘、药物生物信息学、统计遗传学与基因作图、基因组信息学、医学信息分析方法、医学遗传学
- 主修课程 (计算机相关): C++ 语言程序设计、JAVA 语言程序设计、数据结构、图论、信息论基础、数据库原理与程序设计、UNIX 系统应用、高等多元统计分析、模式识别、优化算法、运筹学、计算机图形学、人工神经网络、概率论与数理统计

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

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

北京橡鑫生物科技有限公司
血液肿瘤项目生物信息组长

北京, 中国
2017 年 3 月 - 2018 年 1 月

- 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
血液肿瘤项目生物信息工程师

北京, 中国
2015 年 7 月 - 2017 年 2 月

- 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

Patents

| 专利名称 | 申请号 | 发明人 | 专利类型 |
|-----------------------------|------------------|--|------|
| 一种检测拷贝数变异的方法、装置和存储介质 | CN202010184960.3 | 陈玥菴; 刘永初; 李阳; 刘阳; 吕佩涛 | 发明专利 |
| 用于检测遗传性疾病基因变异的方法、装置及终端设备 | CN201811021290.2 | 陈玥菴; 刘永初; 刘阳; 李阳; 吕佩涛 | 发明专利 |
| 一种用于检测血液病相关体细胞突变的装置 | CN201710067161.6 | 陈玥菴; 侯光远; 李停; 方真; 刘伟; 玄兆伶; 李大为; 梁峻彬; 陈重建 | 发明专利 |
| 一种用于利用循环肿瘤 DNA 样本检测体细胞突变的装置 | CN201710067084.4 | 陈玥菴; 侯光远; 蔡丽丽; 李雪峰; 方真; 玄兆伶; 李大为; 梁峻彬; 陈重建 | 发明专利 |
| 一种用于利用肿瘤 FFPE 样本检测体细胞突变的装置 | CN201710067031.2 | 陈玥菴; 侯光远; 刘卉; 陈玉洁; 王旺; 玄兆伶; 李大为; 梁峻彬; 陈重建 | 发明专利 |

Skills

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

操作系统 Linux, Windows, MacOS

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, Git, Github, Singularity

语言 普通话, 英语

Publications(5 年内)

- 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. **[IF: 15.7]**
- 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. **[IF: 14.1]**
- 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. **[IF:3.0]**