

# Shengliang NI

2025/05/02 update

[fishengliangni@gmail.com](mailto:fishengliangni@gmail.com)

6793648355@edu.k.u-tokyo.ac.jp

[nslbotnslbot.github.io/nslbotcola.github.io](https://nslbotnslbot.github.io/nslbotcola.github.io)

## 教育经历

---

东京大学 (现在)	东京, 日本
理学博士 (计算生物与基础医学)	2021.10- 2026.04
导师: 马丁·弗里斯 (Martin Frith)	

东京大学	东京, 日本
理学硕士学位 (计算生物与基础医学)	2019.10-2021.09
导师: 程久美子 (UI-TEI Kumiko)	

浙江大学	杭州, 中国
农学学士学位 (农业与生物技术)	2014.09-2018.06

## 研究经历

---

由于部分学术会议与期刊强关联, 所以会在此类会议后跟上相关期刊。

\* 代表共著第一作者

Google 学术地址: <https://scholar.google.co.jp/citations?user=oGHnJ3kAAAAJ&hl=ja>

(研究精选)

1. Ni S\*, Shu S\*, Kato M, Saitoh N and Frith M C. Repeat elements enriched in cis-regulatory regions act in cancer cell transition to estrogen-independence. **Oral Presentation. GIW ISCB-Asia 2023 (recommend to *NAR Genomics and Bioinformatics*).**
2. Frith M C, Ni S. DNA conserved in diverse animals since the Precambrian controls genes for embryonic development *Molecular Biology and Evolution*. (2023).
3. Zhang H\*, Ni S\* and Frith M C. An immune-suppressing protein in human endogenous retroviruses *Bioinformatics Advances* (2023, GIW ISCB-Asia 2022 associated).

(其他学术海报和口头演讲)

1. Ni S\*, Shu S\*, Kato M, Saitoh N, Frith M C, Palihati M, Carninci P. Repeat elements enriched in cis-regulatory regions act in cancer cell transition to estrogen-independence. **Poster. Cold Spring Harbor Asia meeting on Chromatin, Epigenetics & Transcription (2024).**
2. Ni S\*, Shu S\*, Kato M, Saitoh N and Frith M C. Investigating the role of repeat elements in promoting the transition of MCF-7 cells to LTED cells. **Poster. The 46<sup>th</sup> annual meeting of MBSJ (2023).**
3. Ni S\*, Shu S\*, Kato M, Saitoh N and Frith M C. Investigating the role of repeat elements in promoting the transition of MCF-7 cells to LTED cells. **Poster. The 68<sup>th</sup> HGA (2023).**
4. Ni S\*, Shu S\*, Kato M, Saitoh N and Frith M C. Investigating the role of repeat elements in promoting the transition of MCF7 cells to LTED cells. **Oral Presentation. The 11<sup>th</sup> IIBMP (2022).**
5. Ni S\* and Frith M C. K The protein fossil record in prokaryote genomes: a hidden treasure. **Oral Presentation. The 11<sup>th</sup> IIBMP (2022).**

6. Ni S\* and Ui-Tei K. Design and validation of antiviral siRNAs for targeting the conserved regions in coronavirus. **Poster. The 43<sup>rd</sup> annual meeting of MBSJ (2020).**
7. Ni S\* and Ui-Tei K. Design and validation of antiviral siRNAs for targeting the conserved regions in coronavirus. **Poster. The 25<sup>th</sup> annual meeting of RNA Biology (2020).**

## 实习与相关经历

---

- 东京大学数据科学家人才培养项目 (DSTEP) 2022-2024
- 宝洁 (Procter & Gamble) 2<sup>nd</sup> IT 编程黑客松 (Hackathon), 东京, 日本 Sep 2020
- 东京大学研究生, 导师: 程久美子 (UI-TEI Kumiko) 2018-2019

## 荣誉奖励

---

- 牛尾奖学金 2022-2024
- 浙江农村信用社国际交流奖学金 2017
- 浙江大学专业特别奖学金 2016, 2017
- 浙江大学文体优秀奖奖学金 2015

## 技能

---

- 语言: 英语 (流利; 托福 86); 中文; 日语
- 编程: UNIX shell (第一优先), Python (第一优先), R, MySQL, HTML5, PHP, C/C++.
- 计算生物学相关技能:
  - ◆ 熟悉生物信息学中多组学数据分析与统计方法 (如 LAST、DESeq2、Seurat、edgeR、clusterProfiler 等);
  - ◆ 掌握机器学习与深度学习基础应用 (如 scikit-learn、XGBoost);
  - ◆ 具备量子计算基础知识 (Qiskit)
  - ◆

## 个人总结

---

我是一名即将从东京大学计算生物学博士项目毕业的学生, 拥有比较丰富的多组学数据分析 (DNA, RNA, interactions) 和计算技能背景。熟练掌握 Python、R、Linux 及多种主流生物信息工具 (如 Seurat、DESeq2、edgeR、clusterProfile、LAST 等), 曾参与乳腺癌模型、转录调控、RNA 干扰、进化生物学等多个项目, 具备从数据预处理到功能注释的完整分析能力。曾入选东京大学 DSTEP 数据科学家项目和日本牛尾财团奖学金, 参与企业级培训及联合项目, 对生物数据产业化, 大规模数据建模以及数学模型在生物数据的应用具有一定认知并看好未来交叉领域的发展。具备一定中日英三语沟通能力和团队协作经验, 能够胜任跨学科、多部门协作型岗位, 期望在制药、生物科技、医疗健康数据, AI for life 等领域发挥专业优势。