谭月茜

清华大学医学楼 D204 中国北京市海淀区 邮编100084 tanyuexi@gmail.com (+86) 159 1049 6373

教育经历

2013.09 - 2017.07 理学硕士, 生物信息学, 清华大学

- → 分析了小鼠海马体 polysome RNA 时间序列数据, 构建了基因共表达网络, 发现了记忆形成时可能调控即早基因的新因子
- → 开发了高效的外显子及 RNA 测序数据分析流程, 处理时间从7天缩短至2天. 外显子突变位点的实验验证准确率显著提高

2014.12 – 2015.05 **访问学者**, Baylor College of Medicine

- ◆ 分析了未知转录因子的 ChIP-seq 数据, 发现了前期实验的漏洞, 避免了项目的后续损失
- → 通过组蛋白修饰预测基因表达水平, 运用了 SVM, 聚类和反向消除法降维等机器学习算法, 发现了最佳的预测因子

2008.09 - 2012.07 理学学士、生物技术、华南师范大学

工作经历

2012.03 - 2013.09 研究助理, 北京大学

◆ 负责多个实验室的高通量测序数据分析, 样本数量达 400+

2010.09 - 2012.03 实习生, 华大基因

相关技能

生物信息分析相关经验 7年, 其中 4年与湿实验室紧密合作. 负责分析数据共 19套, 类型包括 DNA 重测序, 外显子捕获, RNA-seq, ChIP-seq, DNA 甲基化, 以及 CRISPR/Cas9 gRNA.

熟悉编程语言 Perl, Shell, AWK, R 语言的统计和绘图, 以及 Linux 环境下的操作. 了解 Python, C++. 熟练运用各聚类算法, 了解 SVM 和基因共表达网络构建.

中/英文: 文献调研, 面向专业或领域外人士的口头展示, 独立撰写报告和文章.

发表文章

Wen L*, Li X*, Yan L*, <u>Tan Y*</u>, Li R, Zhao Y, Wang Y, Xie J, Zhang Y, Song C, Yu M, Liu X, Zhu P, Li X, Hou Y, Guo H, Wu X, He C, Li R, Tang F, Qiao J. Whole-genome analysis of 5-hydroxymethylcytosine and 5-methylcytosine at base resolution in the human brain. Genome Biology 2014, 15(3): R49 (*: Co-first author).

谭月茜, 贾怡昌, 2017, 记忆形成时海马区两个转录翻译关键期的差异表达及调控, 基因组学与应用生物学(已接收)