

华中农业大学 - 生物信息学 - 马大哈

基本信息

姓 名：马大哈

学 校：华中农业大学

专 业：生物信息学

电 话：1347975****

邮 箱：225417****@qq.com

爱 好：羽毛球、游泳、射箭.....



求职意向

生物信息工程师 - 肿瘤方向

期望薪资：**K ~ **K

掌握技能

R：能够对数据进行整理分析，并生成相应的可视化；如 `circlize` 包绘制圈图，`ggplot2` 等。

Perl：熟悉基本的文本操作；如 序列剪切、反向、翻译、长度统计等。

Linux：熟练掌握基本的 Linux 操作，`sed`、`awk`、`cut` 等对文本进行处理，熟悉 PBS、LSF 集群作业调度系统。

Python：熟练使用 Python 针对基因数据进行清洗并进行数据统计与可视化，此外还了解一部分爬虫应用，以及 Web 自动化等。

项目经历

2020.09 - 2021.06 芸薹属祖先基因组与顺序重建

项目描述:

从现有的芸薹属物种基因组重建出其祖先基因组与其顺序。根据禹式三角模型选择白菜、甘蓝、黑芥基因组为实验样本，拟南芥为参考基因组。熟练使用 blast+、Needle、Water 等序列比对工具以及 MCScanX 获取芸薹属物种的同源关系。从而针对同源部分通过祖先重建算法重建芸薹属的祖先基因组。并通过祖先顺序重建算法 MLGO 重构芸薹属的祖先顺序序列，并进行相关分析。

2020.03 - 2020.06 COVID19 分析新冠疫情流行病学数据

项目描述:

利用 R 语言包 COVID19 统计截至 2020.05.31 的全球总确诊数据以及中国累积确诊数据，并绘制中国累积确诊人数时间走势图，发现中国累积确诊人数在 02 月增势明显，自 03 月后，中国确诊人数没有出现大幅度增长，中国疫情在 02 月中下旬得到阶段性控制。

2022.03 - 2022.04 个人博客的搭建

项目描述:

基于 Hexo + Github-pages + Next.Gemini 部署；在 Next.Gemini 主题的基础上，添加诸多个性化样式，最终呈现在 *Wei's Blog* - <https://zerobio.github.io>。供个人学习笔记存放，记录关于“生信”的知识，未来也会整理更多生信相关的程序。

2021.11 - 2022.06 几种单倍型基因组组装工具的比较

项目描述:

单倍型基因组组装方法是针对于动植物基因组组装提出的更为精确的组装策略。针对 Gamete binning、Trio binning、Hifiasm、Falcon Phase、ALLHiC 五种组装工具进行比较，评估五种工具单倍型分型质量。N50 显示组装序列的连续性，BUSCO 评估组装的完整性，Merqury 评估工具的分型质量，SyRI 检测两个单倍型之间的结构差异。