

赵强

生物信息学硕士

☎ 18250748815

@ 1119220385@qq.com

🔗 <https://github.com/zhq90/zhaoqiang.github.io/delete/master/resume.pdf>

📍 厦门大学翔安校区



求职意向



生物医学大数据分析



生物信息学分析



机器学习、数据挖掘相关领域

科研项目

梅毒的全基因组组装和分析

🔗 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28787460>

主要工作为基因组的拼接以及比较基因组学分析

- 主要项目 co-first author | Tong M-L, Zhao Q, et al.(2017) Plos ONE 12(8): e0182768.

全外显子组分析，探索双向情感障碍的遗传基础

主要负责医疗数据的归一化，外显子组的SNV检测，以及后续的与疾病和用药的分析。

- 主要项目

中药成分的docking分析

运用多种方法(主要为正向对接和反向对接)做分子对接，并对对接结果做进一步分析。

- 合作项目

全长 cDNA 整合文库

通过汇集细胞系或组织的RNA-seq NGS数据，运用多种方法，建立人类cDNA文库。

- 合作项目 co-author

已发表文章



Tong M-L[#], **Zhao Q[#]**, Liu L-L[#], Zhu X-Z, Gao K, Zhang H-L, et al. (2017) Whole genome sequence of the *Treponema pallidum subsp. pallidum* strain Amoy: An Asian isolate highly similar to SS14. PLoS ONE12(8): e0182768. **co-first author**

专业技能



NGS数据分析

全基因组组装和注释、转录组拼接和注释、基于转录组的基因表达差异分析、外显子组分析。



Linux运维

Linux系统的安装、linux系统的日常维护



分子对接

分子的正向对接、反向对接，以及下游靶点分析



计算机语言

python/R/linux，尤其擅长用python解决各种问题，如爬虫、文本处理、自动化分析流程等。



其他

统计分析，网站前端（HTML、CSS、javascript、bootstrap），数据可视化（python/R）

教育背景

学士 | 生物技术

辽宁大学 | 生命科学院

📅 09/2009 - 07/2013 📍 沈阳

- 获得多项奖学金、优秀团员等荣誉

硕士 | 生物学(生物信息学方向)

厦门大学 | 生命科学学院

📅 09/2015 - 07/2018 📍 厦门

- 获得2017—2018学年研究生国家奖学金