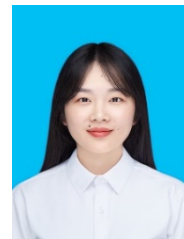


# 陈凤玲

出生年月:1991 年 12 月| 31 周岁| 已婚| 共产党员  
电话: 18914299582 | 邮箱: [cfl15@tsinghua.org.cn](mailto:cfl15@tsinghua.org.cn)  
北京市海淀区, 清华大学医学科学楼 D227, 100084  
个人网站: <https://chenfengling.github.io>  
应聘岗位: 教学科研岗-骨干人才



## 教育经历

### 清华大学

博士后 生命学院  
导师: 颀伟  
奖项: CLS 特等博士后基金

2020 年 9 月-至今  
中国 北京

### 斯坦福大学

访问学者 统计学院  
导师: 王永雄  
奖项: 清华大学博士生短期访学基金

2019 年 6 月 - 2019 年 12 月  
美国 加州

### 清华大学

博士 自动化学院 生物信息专业  
导师: 张奇伟

2015 年 9 月 - 2020 年 8 月  
中国 北京

奖项: 清华大学综合优秀二等奖学金, 清华大学博士生社会实践先进个人

课程: 统计学方法及其应用, 应用随机过程, 模式识别, 概率图模型理论与方法, 实验设计与数据处理

### 北京航空航天大学

本科 电子信息工程

2011 年 9 月 - 2015 年 7 月  
中国 北京

奖项: 国家奖学金, 国家励志奖学金, 电子信息工程学院党校优秀干部

课程: 工科数学分析, 信号与系统, 通信原理, 信息论基础, 自动控制理论

## 研究经历与成果

基于生物信息学与机器学习背景, 我的一系列工作围绕表观组学的算法开发、实验设计和数据挖掘展开:

### 博士后阶段

**1. 小鼠合子基因组激活关键调控因子研究:** 参与设计敲低、敲除、过表达以及转录因子结合位点检测等实验, 整合分析 Stacc-seq、ATAC-seq 和 RNA-seq 数据, 揭示小鼠合子基因组激活的关键转录因子 OBOX。文章发表于《Nature》。辅助挖掘另一关键母源因子 TDP43 对 ZGA 调控的具体机制, 文章发表于《Nature Communications》。

**2. 三胚层染色质构象动态变化与调控机制研究:** 整合分析三胚层 Hi-C、组蛋白和 RNA-seq 数据, 揭示三胚层细胞命运决定过程中染色质构象多层面的变化和调控机制, 通过机器学习方法检测验证关键基因的调控元件。文章准备中。

### 博士阶段

**1. 小鼠肌肉发育过程的染色质构象研究:** 与协和基础所朱大海研究组合作, 基于 MyoD 基因缺失的小鼠肌肉分化系统设计实验, 整合分析 Hi-C、ChIP-seq 和 RNA-seq 数据, 发现 MyoD 可以和 CTCF 一样介导染色质环, 是小鼠肌肉细胞特异染色质构象的组织者, 揭示组蛋白乙酰化是 MyoD 介导染色质环形成的必要非充分条件。文章发表于《Nature Communications》。

**2. 急性淋巴细胞白血病的染色质构象研究:** 与北京大学吴虹课题组合作, 设计收集并整合分析 T-ALL 病人与对照组的 Hi-C 与 RNA-seq 数据, 构建了 T-ALL 两种亚型的染色质构象图谱及与基因表达的联系。利用 Hi-C 数据检测出了多个新非编码区重组位点, 发现重组形成的染色质环, 从而揭示 HOXA 阳性病人的两种亚型及其不同的染色质调控机制, 其中 HOXA13 阳性预后更差, 对临床具有指导意义。文章发表于《Nature Communications》。

**3. 染色质相互作用域检测方法 HiCDB:** 开发基于相对绝缘性的快速算法 HiCDB, 其精度、灵敏性高于现有算法, 可发现细胞特异的功能性染色质结构, 助力染色质构象研究。文章发表于《Nucleic Acids Research》。

**4. 辅助设计基于深度学习的药物组合筛选框架 ScaffComb:** 基于大规模药物数据库, 辅助建立深度学习模型, 从癌症表达谱预测对应药物的分子基团、药物组合和可能的作用机理。文章发表于《Advanced Science》。

## 文章发表

---

共发表（接收）SCI 论文 8 篇，第一作者 5 篇，影响因子大于 10 共 5 篇，近 5 年 JCR 一区文章（一作+共一）共 5 篇。

❖ 第一作者（含共同第一作者）文章，发表在 *Nature*, *Nucleic acids research*, *Nature communications* 等杂志上：

1. Ji, S.\*, **Chen, F.\***, Stein, P.\*, Wang, J.\*, Zhou, Z.\*, Wang, L.\*, ... & Xie, W. (2023). OBOX regulates murine zygotic genome activation and early development. *Nature*. (IF: 69.504)
2. **Chen, F.\***, Li, G.\*, Zhang, M. Q., & Chen, Y. (2018). HiCDB: a sensitive and robust method for detecting contact domain boundaries. *Nucleic acids research*, 46(21), 11239-11250. (IF: 19.16)
3. Wang, R.\*, **Chen, F.\***, Chen, Q.\*, Wan, X.\*, Shi, M., Chen, A. K., ... & Zhu, D. (2022). MyoD is a 3D genome structure organizer for muscle cell identity. *Nature communications*, 13(1), 1-17. (IF: 17.694)
4. Yang, L.\*, **Chen, F.\***, Zhu, H.\*, Chen, Y., Dong, B., Shi, M., ... & Wu, H. (2021). 3D genome alterations associated with dysregulated HOXA13 expression in high-risk T-lineage acute lymphoblastic leukemia. *Nature communications*, 12(1), 3708. (IF: 17.694)
5. Nie, X.\*, Xu, Q.\*, Xu, C.\*, **Chen, F.\***, Wang, Q., Qin, D., ... & Li, L. (2023). Maternal TDP-43 interacts with RNA Pol II and regulates zygotic genome activation. *Nature communications*, 14(1), 4275. (IF: 17.694)

❖ 共同作者文章与专利，发表在 *Advanced Science*, *Biomaterials*, *Cell death & disease* 等杂志上：

6. Ye, Z., **Chen, F.**, Zeng, J., Gao, J., & Zhang, M. Q. (2021). ScaffComb: A Phenotype-Based Framework for Drug Combination Virtual Screening in Large-Scale Chemical Datasets. *Advanced Science*, 8(24), 2102092. (IF: 17.521)
7. Wang, J., **Chen, F.**, Liu, L., Qi, C., Wang, B., Yan, X., ... & Du, Y. (2016). Engineering EMT using 3D micro-scaffold to promote hepatic functions for drug hepatotoxicity evaluation. *Biomaterials*, 91, 11-22. (IF: 15.304)
8. Guo, T.\*, Yuan, Z.\*, Pan, Y., **Chen, F.**, ... & Zhang, M. Q. (2023). Integrating and aligning spatially resolved transcriptomics data across different experiments, conditions, and technologies. (revision in *Genome Biology*).
9. Li, Y., He, Y., Liang, Z., Wang, Y., **Chen, F.**, Djekidel, M. N., ... & Gao, J. (2018). Alterations of specific chromatin conformation affect ATRA-induced leukemia cell differentiation. *Cell death & disease*, 9(2), 200. (IF: 9.696)
10. 陈阳, **陈凤玲**, 李贵鹏, 张奇伟; 一种染色质拓扑结构域边界的分析方法 (专利授权公告号: WO2020029951A1)

\* Equal contribution

## 兴趣与技能

---

**研究兴趣:** 表观基因组, 机器学习, 单细胞及空间组学, 生物信息学

**编程语言:** R, Python, MATLAB, Shell

**英语:** 英语二学位, CET6