



## 个人技能

- 专业技能**
- 精通第二代测序数据的生物信息学分析，能够熟练处理高通量、大规模的基因组数据
  - 熟练使用三大生物信息数据中心（UCSC, NCBI 和 Ensembl）查找所需资源；熟悉多个常用的生物学数据库（dbSNP, SRA, GEO, COSMIC 等）
  - 熟悉常用的生物学数据格式（FASTA, FASTQ, BED, GFF, VCF 等）；熟练使用常见的生物信息学工具或软件（Galaxy, BioMart, Genome Browser, DAVID, EMBOSS, BLAST, IGV 等）
  - 撰写多篇指导性短文（《基因组的坐标系统》，《获取基因组的子序列》等）；制作多个培训资料（《Galaxy 入门》，《第二代测序中的数据格式与常用工具》等）
- 计算机技能**
- 熟练使用 Linux 操作系统（Ubuntu）作为平台开展生物信息学分析工作；搭建 Linux（CentOS）服务器作为实验室的生物信息学平台，并负责系统管理与维护
  - 精通 Perl（包括 BioPerl）语言，能够熟练编程处理生物学数据；熟练掌握 R 语言进行统计分析、制表及绘图；熟练使用 Shell 编程控制工作流程
  - 熟练使用  $\text{\LaTeX}$  /  $\text{\XeTeX}$  进行科技排版，使用 Beamer 制作学术性幻灯片
  - 撰写多篇指导性短文（《文本处理中常用的 Shell 命令》，《在 R 中绘制双坐标轴的方法》等）；编写多个实用性 Perl 脚本（`fetchGenomeSeq.pl`, `seqTools.pl` 等）；制作并分享多个  $\text{\LaTeX}$  模板（《使用  $\text{\XeTeX}$  的 Beamer 模板》等）
  - 2006 年 4 月通过全国计算机等级考试（三级网络技术）
- 英语水平**
- 掌握生物学（尤其是生物信息学）专业英语，能够熟练阅读、撰写英文文献
  - 2006 年 6 月通过大学英语六级考试，成绩为 77/100

## 获奖情况

- 2010 – 2012 连续三年获中科院 A 等奖学金
- 2006 年获山东大学优秀学生一等奖学金及校级三好学生荣誉称号
- 2005 年获山东大学优秀学生二等奖学金
- 2004 年获山东大学优秀学生一等奖学金及校级三好学生荣誉称号
- 2003 年获国家一等奖学金

## 发表论文

- [1] **Yi Xianfu**, Cai Yudong, He Zhisong, Cui Weiren, Kong Xiangyin. (2010). Prediction of nucleosome positioning based on transcription factor binding sites. *PLoS ONE*, 5(9), 1-7. [IF=4.411]
- [2] **Yi Xianfu**, He Zhisong, Chou Kuochen, Kong Xiangyin. (2012). Nucleosome positioning based on the sequence word composition. *Protein and Peptide Letters*, 19(1), 79-90. [IF=1.849]
- [3] Lin Bin\*, Yin Shanye\*, Shu Yang\*, **Yi Xianfu\***, et al. Rare variations identified in X are associated with congenital heart disease. (\* These authors contributed equally to this work.) [In Preparation]
- [4] Yin Shanye\*, Lin Bin\*, **Yi Xianfu**, Deng Wenjun, et al. Identification of lung adenocarcinoma driver mutations by pooled exome sequencing and network reconstruction. (\* These authors contributed equally to this work.) [In Preparation]
- [5] Zhang Zhenguo, Zhou Li, Hu Landian, Zhu Yufei, Xu Heng, Liu Yang, Chen Xianfeng, **Yi Xianfu**, Kong Xiangyin, & Laurence D. Hurst. (2010). Nonsense-mediated decay targets have multiple sequence-related features that can inhibit translation. *Molecular Systems Biology*, 6(442), 1-9. [IF=9.667]