

## 黄腾

(+86)-186-9805-1438

E-mail: huangt2017@163.com

中共党员



## 教育及工作经历

---

2026/04 - 今: 科研课题合作

2022/07 - 2026/04: 谱天（天津）生物科技有限公司 | 生信科学家

2018/08 - 2022/07: 澳门大学健康科学学院 | 生物医药 | 博士 | 导师: 王山鸣教授

2013/07 - 2018/07: 中国科学院天津工业生物技术研究所 | 马红武组 & Igor 组 | 助理研究员

2017/08: Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University | Biological Systems Unit | Collaboration Visitor

2010/09 - 2013/06: 哈尔滨医科大学 | 生物医学工程（生物信息学方向）| 硕士 | 导师: 李霞教授

2005/09 - 2010/06: 哈尔滨医科大学 | 生物技术（生物信息学方向，五年制）| 学士

## 经历概述

---

生物信息学专业，兼具生物医学和软件工程的思维和知识，产学研经历。主要研究方向为多组学（基因、转录、蛋白、代谢）分析及人工智能的应用；基因调控区域的突变在癌症中的作用；基因集间功能相似性分析及应用；工业生物的分析。其他课题涉及深度学习模型的应用和微调（分类数据、时序数据）；数据挖掘；组学比较分析。负责分析并管理科研服务项目。推动搭建干实验管理体系、科服流程体系。软件产品调研、设计和组织实现。有十余年数据库网站及分析网站搭建和维护经历；有多年 NGS 检测数据分析经历。检测分会委员。有与医生项目沟通经验和投融资沟通经历；了解医疗相关行业一线情况。有组织管理经验。

代表性论文：

1. **Huang, T.**, Li, J., and Wang, S.M. (2023). Etiological roles of core promoter variation in triple-negative breast cancer. *Genes & Diseases* 10, 228-238. (IF: 14.6; SCI(中科院一区); 封面文章)
2. **Huang, T.**, Li, J., Zhao, H., Ngamphiw, C., Tongsimma, S., Kantaputra, P., Kittitharaphan, W., and Wang, S.M. (2023). Core promoter in TNBC is highly mutated with rich ethnic signature. *Brief Funct Genomics* 22, 9-19. (IF: 3.2; SCI(中科院三区))
3. **Huang, T.**, Li, J., and Wang, S.M. (2022). Core promoter mutation contributes to abnormal gene expression in bladder cancer. *BMC Cancer* 22, 68. (IF: 4.1; SCI(中科院二区))
4. Gupta, H., Chandratre, K., Sinha, S., **Huang, T.**, Wu, X., Cui, J., Zhang, M.Q., and Wang, S.M. (2020). Highly diversified core promoters in the human genome and their effects on gene expression and disease predisposition. *BMC Genomics* 21, 842. (IF: 3.9; SCI(中科院二区))
5. Li, Y., **Huang, T.**, Xiao, Y., Ning, S., Wang, P., Wang, Q., Chen, X., Chaohan, X., Sun, D., Li, X., and Li, Y. (2013). Prioritising risk pathways of complex human diseases based on functional profiling. *Eur J Hum Genet* 21, 666-672. (IF: 4.6; SCI(中科院二区))

主要科研经历:

- 多组学分析及人工智能的应用  
2022/07 - 今; 成果: 5 篇软著 (均为第一作者)、3 篇专利 (均为第一作者; 在投)、多个分析工具和模型、多个项目
- 基因调控区域 (核心启动子) 的突变在癌症中的作用  
2018/11 - 2024/07; 成果: 4 篇文章 (第一作者 4 篇, 其中封面文章 1 篇)、2 个项目
- 工业生物的分析  
2013/07 - 2018/07; 成果: 涉及多个分析课题, 3 篇文章、4 个项目
- 基因集间功能相似性定量分析及应用  
2009/07 - 2013/02; 成果: 5 篇文章 (并列第一作者 1 篇)、4 个项目、4 个相关分析平台
- 生物信息学分析平台和数据库的搭建和维护  
2009/07 - 2021/07; 成果: 涉及多个领域的网站, 包括生物信息学分析平台和数据库。

主要工作经历

- 科研服务项目:  
2023/11 - 2026/04; 累计管理约 275 项, 其中约 213 项亲自分析或参与; 同时, 涉及负责部门间、与客户沟通协调。项目为与医院合作研究; 以蛋白质组学和代谢组学为核心, 涉及转录组学和基因组学。并且推动科服流程体系搭建, 编写需求分析说明模板文档及多篇分析流程执行文档。
- 管理体系搭建和软件开发及注册检验:  
作为共同作者和发起人, 编写《软件全生命周期质量管理体系》文档和运行记录。作为主要参与者, 参与《多肽提取质控数据分析软件》的医疗器械独立软件注册 (检验、体系核查) 及文档编写。
- 软件产品调研、设计和组织实现。
- 临床样本 NGS 检测数据分析。
- 分析架构、方法、工具开发: 约 56 项。
- 引入数据、方法、工具: 约 64 项。
- 评估优化分析流程、方法、文档、可行性: 约 39 项。
- 协助其它人员工作。带新人和知识分享。有投融资沟通经历。
- 联合党支部书记。宿舍小导师-小组长并培养多位小组长。

代表性项目:

1. 人类基因组核心启动区多态性及其在癌症基因组突变研究中的应用 | 子课题负责人 | 省部级 (澳门)  
  
此项目中, 我们分析了健康的全球代表性人群核心启动子数据。此项目的数据揭示了人类基因组中核心启动子的高度多样性。我们搭建了数据库来存储全球健康人群核心启动子变异数据并供用户访问。此项目中, 我们对癌症病人的全基因组范围的核心启动子突变进行了分析。

此项目的数据表明癌症中的核心启动子是高度可变的，并通过影响转录起始在癌症发展中发挥作用。此项目产生了 4 篇科研论文；培养了 2 名博士研究生和 1 名科研助理。

2. 定量评估基因集合间功能相似性 | 核心参与人 | 国家级

此项目中，我们设计了一种基于 GO 的定量评估基因集合间功能相似性的计算算法框架。这一算法框架和软件进一步应用于优先鉴定疾病风险通路、miRNA、蛋白质。我们对每个应用方向均搭建了分析平台来对数据进行分析并供用户访问。此项目应用于 4 个国家自然科学基金项目；产生了 5 篇科研论文；培养了 2 名博士研究生、3 名硕士研究生。

3. 人工智能的在生物医学的应用：

项目 1：人工神经网络进行信息挖掘并用于生物设计。项目 2：基于自监督分类的蛋白质组学诊断架构。项目 3：基于 Transformer 的语言模型对时序数据进行学习、预测和微调。项目 4：基于深度学习识别并处理色谱柱尖积液。

技能

- 技术工具使用经验：深度学习模型：分类、时序；编程语言：Python, Java, R, Shell; HTML, CSS, PHP, JS；数据库：MySQL；环境：Windows, Linux 和 Mac OS 操作系统。
- 与人为善，具有团队协作精神和政治素质。参与党支部、宿生管理、调查组、党小组、科研秘书、学生会工作，并组织过多项活动。

专利

- 一种基于自监督深度学习诊断疾病的系统（公开号：CN118782230A）
- 一种基于深度学习识别并处理色谱柱尖积液的方法（公开号：CN117237785A）
- 一种基于时序数据识别疾病复发相关标志物的方法（公开号：CN116504306A）

计算机软件著作权

- 基于机器学习多种诊断模型比较分析软件 V1.0（2025SR1895026）
- 多组间蛋白表达聚类 and 趋势分析软件 V1.0（2025SR1314448）
- 基于 DDA 搜库数据的预处理软件 V1.0（2024SR1750330）
- 搜库数据文件的批量整理软件 V1.0（2024SR1613976）
- 突变频率的注释信息批量映射软件 V1.0（2024SR1609917）

证书

- 2018 - 2022：澳门大学多项证书（学生管理、调查组、助教）
- 2009/05：全国计算机软件技术资格与水平考试 | 证书说明：软件设计师（中级职称）
- 2013/06：大学英语六级
- 2007/12：大学英语四级

获奖情况及其他职务

学术：

- 2026 - 今：天津市检验医学学会第一届细胞与基因检测分会委员

- 2024/07: Genes & Diseases 创刊十周年系列活动-学术交流会作者分享
- 2016 - 今: 中国生物工程学会会员
- 2006/12: 高教社杯全国数学建模联赛三等奖 | 国家级  
竞赛题目: 艾滋病疗法的评价及疗效的预测
- 2006/06: 东北三省数学建模联赛二等奖 | 省区级  
竞赛题目: 高考的公平性问题 | 论文: 基于基尼系数的高考公平性分析
- 2001/06: 青少年科技创新大赛三等奖 | 省区级  
竞赛内容: 设计搭建负重纸桥

其他:

- 2025 - 今: 天津港保税区空二片区科技大厦万通金府第 3 联合党支部书记
- 2018 - 2022: 澳门大学研究生宿舍小导师-小组长、调查组成员
- 2018: 中国科学院天津工业生物技术研究所第四党支部第四党小组小组长
- 2015 - 2018: 中科院课题组安全员
- 2013: 研究所联欢会主持人; 研究所室内运动会作为领队所在团队获得团体第二
- 2007 - 2008: 学生会纪检部部长, 学生会副主席
- 2006 - 2007: 学生会纪检部干事, 学生会纪检部部长
- 2005 - 2006: 班组织委员, 班理论组长
- 2008/11: 校运动会担任裁判, 获“先进工作者”称号

## 科研论文

---

1. **Huang, T.**, Li, J., and Wang, S.M. (2023). Etiological roles of core promoter variation in triple-negative breast cancer. *Genes & Diseases* 10, 228-238.
2. **Huang, T.**, Li, J., Zhao, H., Ngamphiw, C., Tongsima, S., Kantaputra, P., Kittitharaphan, W., and Wang, S.M. (2023). Core promoter in TNBC is highly mutated with rich ethnic signature. *Brief Funct Genomics* 22, 9-19.
3. Qin, Z., Li, J., Tam, B., Sinha, S., Zhao, B., Bhaskaran, S.P., **Huang, T.**, Wu, X., Chian, J.S., Guo, M., Kou, S.H., Lei, H., Zhang, L., Wang, X., Lagniton, P.N.P., Xiao, F., Jiang, X., and Wang, S.M. (2023). Ethnic-specificity, evolution origin and deleteriousness of Asian BRCA variation revealed by over 7500 BRCA variants derived from Asian population. *Int J Cancer* 152, 1159-1173.
4. **Huang, T.**, Li, J., and Wang, S.M. (2022). Core promoter mutation contributes to abnormal gene expression in bladder cancer. *BMC Cancer* 22, 68.
5. Qin, Z., **Huang, T.**, Guo, M., and Wang, S.M. (2022). Distinct landscapes of deleterious variants in DNA damage repair system in ethnic human populations. *Life Sci Alliance* 5.
6. Li, J., Zhao, B., **Huang, T.**, Qin, Z., and Wang, S.M. (2022). Human BRCA pathogenic variants were originated during recent human history. *Life Sci Alliance* 5.

7. Mao, Z., **Huang, T.**, Yuan, Q., and Ma, H. (2021). Construction and analysis of an integrated biological network of *Escherichia coli*. *Systems Microbiology and Biomanufacturing*, 1-12.
8. Bhaskaran, S.P., **Huang, T.**, Rajendran, B.K., Guo, M., Luo, J., Qin, Z., Zhao, B., Chian, J., Li, S., and Wang, S.M. (2021). Ethnic-specific BRCA1/2 variation within Asia population: evidence from over 78 000 cancer and 40 000 non-cancer cases of Indian, Chinese, Korean and Japanese populations. *J Med Genet* 58, 752-759.
9. Zhang, L., Qin, Z., **Huang, T.**, Tam, B., Ruan, Y., Guo, M., Wu, X., Li, J., Zhao, B., Chian, J.S., Wang, X., Wang, L., and Wang, S.M. (2021). Prevalence and spectrum of DNA mismatch repair gene variation in the general Chinese population. *J Med Genet*.
10. Gupta, H., Chandratre, K., Sinha, S., **Huang, T.**, Wu, X., Cui, J., Zhang, M.Q., and Wang, S.M. (2020). Highly diversified core promoters in the human genome and their effects on gene expression and disease predisposition. *BMC Genomics* 21, 842.
11. Zhang, L., Bhaskaran, S.P., **Huang, T.**, Dong, H., Chandratre, K., Wu, X., Qin, Z., Wang, X., Cao, W., Chen, T., Lynch, H., and Wang, S.M. (2020). Variants of DNA mismatch repair genes derived from 33,998 Chinese individuals with and without cancer reveal their highly ethnic-specific nature. *Eur J Cancer* 125, 12-21.
12. Bhaskaran, S.P., Chandratre, K., Gupta, H., Zhang, L., Wang, X., Cui, J., Kim, Y.C., Sinha, S., Jiang, L., Lu, B., Wu, X., Qin, Z., **Huang, T.**, and Wang, S.M. (2019). Germline variation in BRCA1/2 is highly ethnic-specific: Evidence from over 30,000 Chinese hereditary breast and ovarian cancer patients. *International journal of cancer* 145, 962-973.
13. Wang, Y., Liu, Y., Li, J., Yang, Y., Ni, X., Cheng, H., **Huang, T.**, Guo, Y., Ma, H., Zheng, P., Wang, M., Sun, J., and Ma, Y. (2019). Expanding targeting scope, editing window, and base transition capability of base editing in *Corynebacterium glutamicum*. *Biotechnol Bioeng* 116, 3016-3029.
14. Yuan, Q., **Huang, T.**, Li, P., Hao, T., Li, F., Ma, H., Wang, Z., Zhao, X., Chen, T., and Goryanin, I. (2017). Pathway-Consensus Approach to Metabolic Network Reconstruction for *Pseudomonas putida* KT2440 by Systematic Comparison of Published Models. *PLoS One* 12, e0169437.
15. Xiao, Y., Fan, H., Zhang, Y., Xing, W., Ping, Y., Zhao, H., Xu, C., Li, Y., Wang, L., Li, F., Hu, J., **Huang, T.**, Lv, Y., Ren, H., and Li, X. (2013). Systematic identification of core transcription factors mediating dysregulated links bridging inflammatory bowel diseases and colorectal cancer. *PLoS One* 8, e83495.
16. Wang, P., Ning, S., Wang, Q., Li, R., Ye, J., Zhao, Z., Li, Y., **Huang, T.**, and Li, X. (2013). mirTarPri: improved prioritization of microRNA targets through incorporation of functional genomics data. *PLoS One* 8, e53685.
17. Li, Y., **Huang, T.**, Xiao, Y., Ning, S., Wang, P., Wang, Q., Chen, X., Chaohan, X., Sun, D., Li, X., and Li, Y. (2013). Prioritising risk pathways of complex human diseases based on functional profiling. *Eur J Hum Genet* 21, 666-672.
18. Xiao, Y., Guan, J., Ping, Y., Xu, C., **Huang, T.**, Zhao, H., Fan, H., Li, Y., Lv, Y., Zhao, T., Dong, Y., Ren, H., and Li, X. (2012). Prioritizing cancer-related key miRNA-target interactions by integrative genomics. *Nucleic Acids Res* 40, 7653-7665.
19. Wang, Q., Liu, W., Ning, S., Ye, J., **Huang, T.**, Li, Y., Wang, P., Shi, H., and Li, X. (2012). Community of protein complexes impacts disease association. *Eur J Hum Genet* 20, 1162-1167.

20. Lv, S., Li, Y., Wang, Q., Ning, S., **Huang, T.**, Wang, P., Sun, J., Zheng, Y., Liu, W., Ai, J., and Li, X. (2012). A novel method to quantify gene set functional association based on gene ontology. *J R Soc Interface* 9, 1063-1072.
21. Chen, X., Jiang, W., Wang, Q., **Huang, T.**, Wang, P., Li, Y., Chen, X., Lv, Y., and Li, X. (2012). Systematically characterizing and prioritizing chemosensitivity related gene based on Gene Ontology and protein interaction network. *BMC Med Genomics* 5, 43.
22. Li, X., Wang, Q., Zheng, Y., Lv, S., Ning, S., Sun, J., **Huang, T.**, Zheng, Q., Ren, H., Xu, J., Wang, X., and Li, Y. (2011). Prioritizing human cancer microRNAs based on genes' functional consistency between microRNA and cancer. *Nucleic Acids Res* 39, e153.
23. 郑莹, **黄腾**, 吕丹, 郑伟, 王准, 贺永进. (2018). 脊髓电刺激术的研究现状及其在难治性疼痛中的临床应用. *国际麻醉学与复苏杂志* 39(9):888-891.
24. 宋婧婧, **黄腾**, 刘锐. (2026). 媒体高频词语历时变化模式的模糊 C 均值聚类分析. *厦门理工学院学报* 34(2):39-46.