

# 汪子涵

✉ wzh41807@gmail.com | 15201319521 | 北京市石景山区远洋山水9-3-2501

## 教育经历

清华大学

2015/8 - 2019/7

数理基础科学，本科

伊利诺伊大学厄巴纳-香槟分校 (UIUC)

2019/8 - (预计) 2025/8

物理学博士在读 (GPA 3.85/4)

\*2022/3休学至今; 预计2023/6返校

## 研究经历

基于个体 (agent-based) 的黏菌群的仿真 (暑期科研@UCB)

2018/7 - 2018/9

- 根据合作者建立的黏菌细胞自发运动的力学模型，使用 LAMMPS 软件对黏菌的运动进行了基于个体的仿真。结果显示大量黏菌的运动定性地表现出活性液晶的行为。此外，还显示所使用的力学模型足以解释实验中观察到两个黏菌细胞相撞时的吸附现象。

利用机器学习由微生物组预测代谢物组

2021/7 - 2022/2

- 使用随机森林的方法，在人肠道菌群的 PRISM 数据集上由微生物组预测代谢物组。对预测效果最佳的前50个分子，预测值与真实值的 Spearman 相关系数的均值达到0.6，与目前最好的结果相当。
- 参与提出了使用 NeuralODE 结构提升预测效果的方法。在 PRISM 等多个数据集上，预测效果（以预测效果最佳的前50个分子的 Spearman 相关系数度量）均好于其他主流方法。

分期生长 (diauxic) 的微生物群落在周期性环境条件下的演化

2020/2 - 2022/2

建立了分析框架，预测群落演化的稳态(Wang et al., 2021)。

- 建立了模型以分析这类生态系统。从中得出结论：系统中各物种第一阶段的生长速率和营养偏好很大程度上决定了整个群落的演化，而后续各阶段的生长速率和营养偏好对演化影响较低。特别的，群落中各物种第一阶段的生长速率和营养偏好几乎完全决定了演化最终所达到的稳态。
- 使用 Python 写了仿真程序，模拟  $10^4$  个随机群落的演化。仿真的结果验证了上述结论。又通过一些已知的分期生长菌种的数据，对于它们所组成的群落在实验条件下的稳态作出了可验证的预测。

证明了这类系统中同一物种的不同菌株可以稳定共存(Wang et al., 2022)。

- 共同在数学上证明了，在这类系统中，对任意菌株而言，至少存在与其属同一物种（采取相同的营养偏好）的另一菌株（不同的生长速率和营养利用率）可以与其稳定共存。
- 使用 Python 模拟了数千个随机群落的演化，得到最终稳态时同一个菌种的共存菌株数目分布，其结果与实验所得到的分布类似。

## 发表文章

Wang, Zihan, Akshit Goyal, et al. (2021). "Complementary resource preferences spontaneously emerge in diauxic microbial communities". In: *Nature communications* 12.1, pp. 1-12.

Wang, Zihan, Yulia Fridman, et al. (2022). "Fine-scale diversity of microbial communities due to satellite niches in boom-and-bust environments". In: *bioRxiv*.

## 其他

熟悉 Python, PyTorch, C++

接触过 Julia, MATLAB, LAMMPS, Mathematica, R