


# 个人简历

基本信息						
姓名	刘名扬	出生日期	1997.11.21	籍贯	济南	
性别	男	政治面貌	预备党员			
民族	汉	身份证号	370104199711210019			
通讯地址		山东省济南市槐荫区报业文苑 B 区 9-2-801				
联系电话		18340096835		邮箱	635727025@qq.com	
申请专业、导师				英语	CET-6, IELTS-6.0	
教育背景						
硕士	2021.9-2024.7 广西大学 计算机科学与技术专业					
本科	2016.9-2020.7 山东师范大学 计算机科学与技术专业					
研究方向		生物信息学、机器学习				
学术成果						
1. JLONMFSC: Clustering scRNA-seq data based on joint learning of non-negative m						
-atrix factorization and subspace clustering, method, 学生一作						
2. Deep imputation bi-stochastic graph regularized matrix factorization for single-cell						
RNA-sequencing data clustering, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology a						
nd Bioinformatics 发表, 学生二作						
3. PFD-DPC: Efficient Density Peak Clustering Algorithm based on Improved Farthest						
Point Sampling and Cluster Density Measurement, 待发表, 学生一作						
3. CCP-PFD-MVC: Multi-view density peak clustering algorithm based on core project						
-ion and density measurement, 待发表, 学生一作						
科研工作 (部分)						
硕士	2022-2023 参与科研项目: 基于多组学生物医学数据的肿瘤预测 本人工作: 生物医学大数据融合分析。采用局部离群因子检测技术和皮尔逊相关系数进行多模态生物医学大数据的去噪处理; 采用聚类方法进行多组学生物数据之间的关联分析; 采用约束非负矩阵分解的方法对多个视图聚类实现多视角融合建模。					
	2023 至今 参与科研项目: 基于多源数据融合的环状 RNA 与癌症关系预测研究 本人工作: 负责数据预处理阶段, 采用插补方法解决类别失衡问题, 此外还建立非编码 RNA 差异矩阵, 减少可能的批次效应的影响。					
	2022 至今 参与书籍编写: 关联分析技术及其在生物信息学中的应用 本人工作: 负责基因序列组装和应用章节, 介绍了贪婪算法、OLC 图算法、德布鲁因图算法、字符串图算法在序列组装中的应用, 举例说明了基因组配对与组装的过程。					

	<b>2023 至今 参与书籍编写：图神经网络算法介绍和应用</b> 本人工作：负责图神经网络在计算机视觉领域的应用章节，介绍和实现了使用图神经网络进行图像分类、目标检测和图像生成的算法项目。	
本科	<b>2017-2018：大学生创新创业项目 基于 Wi-Fi 的医院导航与反馈系统</b> 成员，负责项目的功能设计和具体实现。	
	<b>2016-2017：参加“智慧山师”软件研发工作</b> 成员，使用 swift 语言负责“智慧山师”软件 ios 前端实现。	
社会工作		
硕士	2021.12-2023.3 担任广西大学 研究生会 <b>文体部骨干</b> ； 描述：分管文体部工作；组织校气排球赛、青春歌会等。 2023.6 至今 担任广西大学计算机与电子信息学院 党建委员会 <b>副秘书长</b> ； 描述：负责组织开展党会、积极分子及入党申请人接收、预备党员转正工作等。	
获奖情况		
硕士	奖学金	2022 年获 2022 年硕士研究生学业三等奖学金；
本科	奖学金	2017 年获三等优秀学生奖学金； 2018 年获三等优秀学生奖学金；
	称号类	2017 年获第八届蓝桥杯省赛二等奖； 2017 年获第十五届山东省大学生软件设计大赛完成奖； 2017 年获山东师范大学优秀共青团员； 2018 年获“创青春”山东师大大学生创业大赛 二等奖； 2018 年获山东师范大学优秀学生；
硕士论文题目及主要内容		
<b>题目：基于多视图聚类的单细胞 RNA-seq 和 ATAC-seq 数据的细胞异质性检测算法研究</b> 1.使用锚点技术加快聚类速度，同时针对锚点的选择算法进行创新，使用 DBSCAN 算法以适应单细胞测序数据存在的高维问题，同时改进 DBSCAN 算法以提高计算效率，减少构建锚点-样本网络所消耗的时间。通过适当地选取锚点，还能减少多视图数据中的噪声，获得更好的聚类效果。 2.考虑到单细胞测序样本不同模态间可能存在的数据缺失，可以利用其他模态的数据进行填补，这就要求建立可靠且具有生物学意义的跨模态链接，从而在对存在缺失样本的多模态数据进行聚类时仍能获得较好的效果，经过调整的合理的多模态填补可以获得接近样本未缺失时的聚类效果。		