



郭兰停

☎ 170-5136-3256

🌐 hellogideon.com

🐙 github.com/zhmz90

✉ zhmz90@gmail.com

## 🎓 教育

中南财经政法大学

本科 信息管理与信息系统

2009.9 – 2013.6

## ⚙️ 技能

- 开发环境: Ubuntu, Git, Emacs, Docker, Spark
- 典型库: Pandas, Numpy, Matplotlib, Sklearn, XGBoost, Pytorch, Tensorflow
- 编程语言: Julia, Python, C++, C, R, CUDA, SQL, Matlib, Java, html5, CSS3, L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X

## 👤 工作经验

深圳海普洛斯生物科技有限责任公司

2014.9 – 2016.9

机器学习工程师 主要负责科研项目中的机器学习部分和 DNA 二代测序数据分析流程的搭建与开发

浙江核新同花顺网络信息股份有限公司

2014.5 – 2014.8

数据录入 负责 A 股和新三板资产交易数据的录入与使用 SQL 语句进行数据校验

## 👤 代表性项目

CVPR 无人驾驶图片中的对象分类

2018CVPR 竞赛

2018.4 – 至今

2018 CVPR 无人驾驶图片中的对象分类竞赛。数据集是由百度提供的图片。目标是使模型能够识别出图像中的汽车，行人等十个类别。目前使用 Fully Convolutional Neural Network 做的基础模型。项目还在继续进行中。

常见癌症的分类

海普洛斯

2015.11 – 2016.3

利用 COSMIC 癌症数据库中癌症的数据，去除个样本数太少的癌种，将剩余的样本按癌症种类分类。目标是如何使用最少的基因达到满意的分类效果。项目中模型用到了 SVM, Neural Network, KNN, Random Forest, Gradient Boosting Decision Tree。按照平均 F1-score, 当时 state-of-art 的结果是 63%, 项目的模型达到了 74%。

DNA 测序数据分析流程的搭建与完善

海普洛斯

2014.9 – 2016.9

血液或者细胞里面的 DNA 经过生物部门的处理，使用测序仪来产生 DNA 序列相关的数据。整个流程主要包括数据的预处理，比对，癌症突变判定，突变对癌症的影响及是否有对应的靶向药。项目中使用了 C, C++, Java, Python, R。

开源活动

海普洛斯

2015.2 – 2016.9

- 编程语言 Julia 及常用的库：其中为 Julia 提交了 18 个 commit。
- 开发的 Julia 生物信息工具包: HTSLIB.jl, BHTSNE.jl, MINE.jl

## 👤 培训

深度学习

Coursera deeplearning.ai

2017.11 – 2018.5

机器学习在生物医疗大数据的应用 深圳 中科院深圳先进技术研究院

2014.10 – 2015.1

机器学习

Coursera Stanford University

2013.9 – 2014.4

## 📌 其他

- 英语六级, 证券从业资格证, 海普洛斯希望之星