

Update: june,15 2018

关于我.

我是<u>骆孟</u>,书名<u>骆臣哲</u>,来自 扬州大学,骆孟是我身份证上的名字。最近,五月三十号硕士论文答辩圆满结束。六月二十一将授予硕士学位,导师顾世梁教授,长期从事统计遗传研究(生物信息)和算法优化的研发。有幸成为顾老师的最后一位弟子,和他学到了很多关于数据分析和优化的问题,特别是优化算法。我的研究兴趣主要是利用大数据(基因组测序)来解析有关生物(人,植物)疾病变异的缘由,同时开发相应的软件工具。

联系方式



+8618252710272



czheluo@gmail.com



江苏省扬州市扬州大学文汇路校区农学院,225009

社交媒体-









个人兴趣













个人报告





注:可以随机点击图标上的超链接了解更多相关信息(最好能上 Google)。谢谢理解!

❖ 简历是我自己完成设计

教育背景 -

农学学士,专业农学,扬州大学(2011.09—2015.06) 理学硕士,专业数量遗传,扬州大学(2015.09—2018.06)

工作经历 -



科创

2012.05-2013.12

大一期间(暑期期间)主要是在进行室内试验及田间相关数据记录。本科期间大二下学期开始参与科技创新项目(导师是李绍教授),经过了一年的实验及数据记载,同时李老师还给了我另两年的数据(总的三年),余下的时间是数据分析和书写文章整理。数据处理方面,刚开始用的是 SPSS,而后来 SPSS(一些缺陷)就不能很好的满足多元统计分析,经顾老师的推荐,第一次接触到 SAS,通过自学及听顾老师的研究生课程。但由于SAS 图形分辨率太低和一些其他缺陷,有些结果总是让人不予信服(曲线曲面拟合)。所以辗转使用 MATLAB(其在生物上的多功能高效运用,第一感觉是不会再爱其他的了)。花了近一年的时间写好论文(总六章),相关研究已经发表。

实习

2014.03-2015.03

导师顾世梁教授,主要研究优化算法方面的问题,其就是曲线与曲面拟合优化问题(请看我的报告(请确保你可以上 Google)),根据提出的缩张算法,同时完成了相关的合作论文,该论文在老师的指导下,自己完成所有相关模型的分析。另一方面的任务是参与小麦赤霉病的田间鉴定工作。后来随着生物测序技术的发展,自己开始接触到了与生物信息相关的领域。此后全基因组关联分析(GWAS)也变成了我研究的一部分内容,不断的查询和阅读文献最终书写完成了研究(结果已发表,也是自己的第一篇 SCI 文章)。

出席的 Workshop

✓ Onsite: "GWAS Workshop (2016 Wuhan, China)" instructed by Prof.Zhiwu Zhang

2015.11-2016.12

- ✓ Onsite: "GS Workshop (2017 Harbin, China)" instructed by Prof.Zhiwu Zhang
- ✓ Onsite: Bioinformatics Workshop (2016 Yangzhou University, China) "instructed by Prof.Yunchen Gong

科研成果 (研究生论文)

2015.11-2018.04

请参照我的个人网站及博客(这里不一一列出)。

个人能力·

程序语言: SAS、MATLAB、R、Python、Perl 和 JavaScript (C++)。

网站设计 (Logo 设计): JavaScript、 Node.js、HTML5、 CSS、 jQuery、 Jekyll 和 Grunt + Gulp。

工具(当前): Adobe Illustrator CC 2018; Adobe Photoshop CC 2018。

语言: 外语(六级已过,今年二月的第一次雅思总分 5.5,第二次在五月低考,成绩刚刚出来 6.5);布依语(本地语言);普通话(80)。

操作系统(常用): Win10 和 Linux Mint (CentOS 7)。

研究意向

医学相关(大)数据分析(生物信息)和挖掘及算法研发,同时开发相关软件工具。也就是利用数学模型和统计学方法,对和医疗与健康有关的性状进行遗传学大数据分析。通过更大规模的遗传学和基因组学的大数据分析,建立一个相对准确的基因预测模型,能够预测一个健康个体将来得病的概率。另一方面涉及算法优化(使用机械学习和深度学习)。(希望能够加入一个很好的研究团队)

个人评价

努力认真,自学能力强,善于交流,喜欢做自己喜欢及有意义的事。