



关于我

我是**骆孟**，书名**骆臣哲**，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（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**李韬教授**），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

2015.11-2016.12

- ✓ Onsite: "[GWAS Workshop \(2016 Wuhan, China\)](#)" instructed by [Prof.Zhiwu Zhang](#)
- ✓ 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。