

张敬玮

☎ 13161693356 ✉ jingweizhang@cs.stonybrook.edu 🏠 <http://www.jingweizhang.xyz>

🎓 教育经历

Stony Brook University	2018.09 – 2026.05
Computer Science 博士	Stony Brook, NY, USA
<ul style="list-style-type: none">• 导师: Dimitris Samaras• 研究方向: 计算机视觉、高效模型、高效训练策略、Mamba、GPU算法、多模态模型、自监督学习• GPA: 4.0/100	
中科院计算所	2015.09 – 2018.06
计算机软件与理论 硕士	北京
<ul style="list-style-type: none">• 导师: 孙世伟、卜东波• 研究方向: 生物信息学算法• GPA: 3.73/4.0	
山东大学	2010.09 – 2015.06
计算机科学与技术 本科	山东
<ul style="list-style-type: none">• GPA: 90.27/100	

💼 工作经历

Insitro	2025.06 – 2025.08
Science and Machine Learning Intern	South San Francisco, CA, USA
<ul style="list-style-type: none">• 探索了细胞图像与其对应处理描述文本 (treatment text) 之间的CLIP对齐技术; 提出了一种结合Mixup策略的“多对一” CLIP方法, 实现了多张图像与文本描述的高效对齐, 显著提升了模型性能。• 针对多通道图像提出了一种通道无关 (Channel-Agnostic) 的自注意力机制, 该方法在性能上超越当前SOTA模型 7%, 同时运算速度提升了3倍。	

🔧 项目经历

ChannelSFormer: 用于多通道细胞图像的通道无关的Transformer网络	2024.09 – 2026.01
<ul style="list-style-type: none">• 针对多通道图像提出一种通道无关的注意力机制, 通过将传统的全局注意力机制解耦为通道维度与空间维度注意力, 显著提升了模型的推理速度与预测精度。• 提出了一种通道类别令牌 (Channel Class Token) 机制, 消除了对固定通道嵌入 (Channel Embedding) 的依赖, 使模型能够无缝适配不同数量的输入通道, 极大地增强了实际应用中的部署灵活性。	
LBMamba: 局部双向Mamba模型	2024.12 – 2025.05
<ul style="list-style-type: none">• 提出了一种采用局部双向扫描机制的Mamba架构及其硬件感知 (线程级双向) 选择性扫描CUDA算子。该算子比原始Mamba的FLOPS增加27%, 但速度仅慢2%。• 结合序列反向操作, 我们的模型每层仅需一次扫描操作, 相比基线方法实现了更好的精度-吞吐量权衡。	
2DMamba: 用于图像表示的高效状态空间模型	2024.06 – 2024.11
<ul style="list-style-type: none">• 提出了一种二维选择性状态空间模型架构, 该架构直接扫描二维图像, 而无需先将其展平为一维序列, 从而避免了二维空间相关性的丢失。• 提出了一种新颖的硬件感知二维选择性扫描CUDA算子, 采用特殊设计的缓存机制, 将一维Mamba的并行性扩展到二维。• 在病理学分类/生存分析任务以及自然图像分类/分割任务上, 验证了我们的方法相较于SOTA方法的有效性。	
面向组织病理学的生物实体感知自监督学习	2023.09 – 2024.05

- 创新性地提出了细胞实体感知SSL框架：利用图神经网络 (GNN) 将像素级形态与拓扑细胞图对齐，实现了对组织微环境中复杂生物交互的深度建模。
- 在 TCGA 和 BRIGHT 等数据集上证明了经GNN增强的“图像-图”融合特征在下游任务中显著优于传统单一模态方法。

面向数字病理学语义分割的Segment Anything模型

2023.05 – 2023.08

- 提出了SAM-Path模型，通过引入可训练的类别提示，使Segment Anything Model能够适应病理学的语义分割任务。
- 通过融入一个病理学基础模型，进一步提升了SAM在病理学任务中的适用性。
- 通过在公共病理数据集上的大量实验，证明了SAM-Path在无需人工输入提示的情况下，在数字病理学中进行语义分割的有效性。

通过prompt提示调优提升多示例学习

2023.01 – 2023.04

- 提出了Prompt-MIL，一个用于计算病理学中WSI分类的新型多示例学习(MIL)框架。
- 为MIL引入了一种prompt调优机制，通过微调一小部分参数，将任务特定知识注入到自监督特征中。
- 在三个WSI数据集上进行了大量实验，证明了Prompt-MIL相较于传统MIL方法具有更高的准确性。与传统的全参数微调方法相比，我们的方法更准确、更快速且更节省GPU内存。

精确位置匹配改进密集对比学习

2022.08 – 2022.12

- 提出了一种基于精确位置的匹配机制，以提升数字病理学中密集预测任务的对比学习效果。
- 利用几何变换间的重叠信息来精确匹配两种数据增强中的区域。
- 在两个预训练数据集和三个下游数据集上的实验表明，所提方法在语义分割和实例分割任务中具有优越性。

使用局部监督学习对十亿像素图像进行分类

2021.09 – 2022.03

- 提出了一个用于十亿像素图像分类的局部监督学习框架，通过将网络划分为模块并利用一些辅助模型进行局部优化来训练网络。
- 引入了一种新颖的随机特征重建单元，以增强训练过程中区分性特征的保留，将性能提升了1%到3%。
- 实现了显著的计算效率，比传统方法快7到10倍，并且与端到端训练方法相比，仅需要20%的总GPU内存。

基于空间与放大倍率的联合注意力框架

2020.09 – 2021.04

- 提出了一种新型注意力抽样(attention sampling)策略，实现了空间定位与倍率选择的联合优化，从而高效处理吉像素级医学全视野数字切片 (WSI)。
- 构建了一套端到端框架，利用下采样的全局上下文生成空间-倍率概率分布图，指导高分辨率关键区域的精准提取与特征学习。
- 在两个病理数据集上验证了该方法的有效性；在保持 SOTA 性能的同时，相比于全切片推理和自动倍率选择，显著降低了计算开销。

发表论文

- [1] Zhang Jingwei, et al. “ChannelSFormer: A Channel Agnostic Vision Transformer for Multi-Channel Cell Painting Images,” (Accepted to Imagemics@NeurIPS 2025, ready to submit to ICML)
- [2] Zhang Jingwei, et al. “LBMamba: Locally Bi-directional Mamba,” Transactions on Machine Learning Research (TMLR), 2025
- [3] Han Xi, Zhang Jingwei, et al. “GeoMaNO: Geometric Mamba Neural Operator for Partial Differential Equations,” (co-first author, ready to resubmit)
- [4] Zhang Jingwei, et al. “2DMamba: Efficient State Space Model for Image Representation with Applications on Giga-Pixel Whole Slide Image Classification,” CVPR, 2025, 3583-3592.
- [5] Kapse Saarthak, Pati Pushpak, Das Srijan, Zhang Jingwei, et al. “SI-MIL: Taming Deep MIL for Self-Interpretability in Gigapixel Histopathology,” CVPR, 2024.

- [6] Miao Qiaomu, Graikos Alexandros, **Zhang Jingwei**, et al. "Diffusion-Refined VQA Annotations for Semi-Supervised Gaze Following," ECCV, 2024.
- [7] Shi zhan, **Zhang Jingwei**, et al. "Integrative Graph-Transformer Framework for Histopathology Whole Slide Image Representation and Classification, " MICCAI, 2024, 341-350
- [8] Kapse Saarthak, Das Srijan, **Zhang Jingwei**, et al. "Attention De-sparsification Matters: Inducing diversity in digital pathology representation learning," Medical Image Analysis, 2024
- [9] **Zhang Jingwei**, et al. "Prompt-MIL: Boosting Multi-instance Learning Schemes via Task-Specific Prompt Tuning," MICCAI, 2023, 624-634. (Oral)
- [10] **Zhang Jingwei**, et al. "SAM-Path: A Segment Anything Model for Semantic Segmentation in Digital Pathology," MICCAI Workshops, 2023, 161-170. (Oral)
- [11] **Zhang Jingwei**, et al. "Precise Location Matching Improves Dense Contrastive Learning in Digital Pathology," IPMI, 2023, 783-794.
- [12] **Zhang Jingwei**, et al. "Gigapixel Whole-Slide Images Classification Using Locally Supervised Learning," MICCAI, 2022, 192-201. (Oral)
- [13] **Zhang Jingwei**, et al. "A Joint Spatial and Magnification Based Attention Framework for Large Scale Histopathology Classification," CVMI at CVPR, 2021, 3776-3784. (Oral, Best paper award)
- [14] Wang Hui, **Zhang Jingwei**, et al., " Identification of Glycan Branching Patterns Using Multistage Mass Spectrometry with Spectra Tree Analysis," Computational Journal of Proteomics, 2020, 217: 103649.
- [15] Ju Fusong, **Zhang Jingwei**, et al., "A De-novo Approach to Identify Glycan Branching Patterns by Multistage Mass Spectrometry," Computational Biology and Chemistry, 2019, 80: 217-224.

♥ 获奖与专利

U.S. Patent No. 63/912,208 (related to ChannelSFormer, in application)	2025.11
Best Paper Award, in CVMI 2021 at CVPR 2021	2021.06
Best Poster Award, in CCF Bioinformatics Conference 2016	2016.11
2011 ACM-ICPC亚洲区域赛铜牌	2011.11
山东大学三好学生与奖学金	2011 – 2015

⚙ 专业技能

- 编程语言: Python, Pytorch, Java, C/C++, MATLAB