

个人简历

个人信息

- 姓名：黎梦菲
- 邮箱：2935580139@qq.com
- 电话：+86 XXX XXX XXXX
- 个人学术网站: <https://lmf04.github.io>
- GitHub: <https://github.com/lmf04>

教育背景

山东大学 | 生物科学学士 | 2022.09-2026.06

- GPA: 88/100 (专业前 8%)
- 核心课程:
 - 数学与统计: 线性代数、微积分、生物统计学、Matlab数学建模
 - 计算生物学: 计算思维 (C语言及算法)、生物信息学、人工智能基础、实验数据分析 (Python/R)
 - 生物科学: 分子生物学、结构生物学、遗传学、细胞生物学、微生物学、免疫生物学、发育生物学
 - 化学与物理: 生物化学、有机化学、物理化学、无机及分析化学、大学物理
 - 实验技能课: 分子生物学实验、生物化学实验、遗传学实验、微生物学实验、细胞生物学实验、无机及分析化学实验、有机化学实验、物理实验、物理化学实验

研究经历

1. 胰腺癌 (PDAC) 组织及外周血中巨噬细胞特征与基因表达差异研究 (独立完成) (2024.01 - 至今)

- 导师: 耶鲁大学陈教授
- 研究背景与目标: 胰腺癌 (PDAC) 致死率高且早期诊断难、治疗效果差。本研究运用先进生物信息学技术, 对比健康与 PDAC 组织及外周血中巨噬细胞和基因表达差异, 挖掘可用于 PDAC 早期诊断的生物标志物。
- 研究进展: 开发整合分析流程: 运用R语言生态 (Seurat/Harmony/SingleR) 与Python工具 (Scanpy) 完成跨样本单细胞数据整合, 提出基于Harmony的批次校正策略, 实现PBMC与组织样本的跨平台细胞注释。

- **研究成果：**主导 R 语言代码开发（运用 SeuratV5、ggplot2、jalviewg 等），并将代码开源至 GitHub；负责实验设计、数据整合及论文撰写。

2. 基于图神经网络的蛋白质相互作用预测及药物靶点研究（独立完成）（2025.02 - 至今）

- **导师：**山东大学张教授
- **研究背景与目标：**蛋白质相互作用（PPI）预测对理解生物功能和开发新药意义重大。本研究将蛋白质互作网络抽象为图结构，利用图卷积网络（GCN）和图注意力网络（GAT）等技术预测蛋白质相互作用及药物靶点。
- **研究进展：**构建多模态蛋白质互作网络，模型 AUC - ROC 达 0.89。
- **研究成果：**设计 PyTorch 模型架构，实现端到端训练与评估流程；整合 STRING 数据库和 PDB 结构数据，优化特征工程。该研究成果已形成完整的 PPI 预测解决方案，计划开展基于肺癌相关蛋白质互作网络的药物重定位研究。相关代码已开源至 GitHub。

3. 副鸡禽杆菌 HMTp210 血清型预测研究（2024.05 - 2025.12）

- **导师：**山东大学张教授
- **研究背景与目标：**副鸡禽杆菌的准确分型鉴定和疫苗开发对禽类健康养殖至关重要。本研究聚焦副鸡禽杆菌关键毒力因子 HMTp210，通过生物信息学方法分析其血清型差异，为疫苗研发和疾病防控提供理论支持。
- **研究成果：**开发基于 XGBoost 的血清型预测模型，准确率达 91%；揭示副鸡禽杆菌基因组保守性与血清型无显著进化关联。
- **个人贡献：**编写爬虫采集 NCBI 数据库中所有 HMTp210 序列，建立标注数据集；主导模型开发与部署，代码可在 GitHub 仓库查看。

4. 糖基化修饰对三型胶原蛋白热稳定性和疏水性影响的分子机制研究（2024.12 - 至今）

- **导师：**山东大学张教授
- **研究背景与目标：**三型胶原蛋白在美容领域潜力大，但热稳定性差和疏水性强限制其应用。本研究探究糖基化修饰对三型胶原蛋白热稳定性和疏水性的影响，为其在美容美白领域的应用提供理论依据。
- **研究进展：**完成 AutoDock 分子对接模拟，揭示羟化酶催化效率差异。
- **个人贡献：**独立完成分子对接与 Gromacs 动力学模拟全流程；alphafold预测蛋白质结构；质粒设计；分析糖基化对蛋白结构热力学稳定性的影响机制。

5. 基于 YOLOv8 的计算机人工智能视觉在生物医学领域的应用研究（独立完成）（2024.02 - 2025.06）

- **导师：**山东大学张教授

- **研究背景与目标：** 生物医学影像分析在疾病诊断与科学研究中具有重要价值，但传统人工分析存在效率低、主观性强等局限。本研究聚焦计算机视觉技术在生物医学领域的跨场景应用，基于YOLOv8 目标检测框架开发多任务模型，旨在实现高精度、自动化的生物医学影像分析，提升临床诊断与科研效率。
- **研究成果：** 细胞识别计数模型：实现显微镜图像中细胞的精准检测与计数，准确率达 95.2%；CT 癌症识别模型：针对肺部 CT 影像，完成肿瘤区域定位与良恶性判别，相比传统方法提升23% ($p<0.01$)。设计并实现全流程可视化分析平台，集成影像预处理、模型推理、结果标注与报告生成功能；采用 Docker 容器化技术，支持快速部署至服务器或本地工作站，实现跨设备兼容;该项目已开源到github。

6. 海洋微生物与海洋环境互作机制研究 (2023.06 - 2024.04)

- **导师：** 山东大学董教授
- **研究背景与目标：** 海洋生态系统稳定性与微生物群落及环境因子密切相关。本研究探究海水中微生物与盐度、碳含量的内在联系，为海洋生态环境的保护与修复提供科学依据。
- **研究成果：** 发现微生物丰度与碳含量稳定性强相关，应用随机森林算法揭示了微生物丰度与碳含量的非线性关系，研究成果获国家级三等奖。
- **个人贡献：** 负责湿实验碳含量测定，主导 R 语言随机森林算法数据分析与可视化。

论文发表

- **《Single-cell transcriptomic profiling identifies novel biomarkers in colorectal cancer》**
 - **期刊：** (EI 收录)
 - **作者：** XXX (独立作者) , Yale University 教授 (通讯作者)
 - **DOI:** XXX
- **《基于图神经网络的蛋白质相互作用预测及药物靶点》**
 - **期刊：** 预印版 (arXiv)
 - **作者：** XXX (独立作者) , 山东大学 张教授 (通讯作者)
 - **DOI:** XXX
- **《基于 YOLOv8 的计算机人工智能视觉在生物医学领域的应用》**
 - **期刊：** 预印版 (arXiv)
 - **作者：** XXX (独立作者) , 山东大学 张教授 (通讯作者)
 - **DOI:** XXX

技能

- **湿实验：** 蛋白质提取、DNA提取、DNA测序、构建基因表达载体、微生物培养（赤酶酵母G115、大肠杆菌）、SDS-PAGE、蛋白质纯化、常用实验仪器使用。
- **编程语言：** Python (精通)、R (熟练)、MATLAB (熟练)

- **工具与框架：**

- **数值计算：** NumPy、Pandas
- **数学建模：** MATLAB、R（统计分析）
- **生物数据解析：** Biopython、Scanpy、Monocle3
- **序列与结构分析：** BLAST、STRING、MAFFT、IQ-TREE
- **组学分析工具链：** TBtools-II、SeuratV5
- **IDE：** VS Code、RStudio、PyCharm
- **生物信息学：** Seurat、Scanpy、PyTorch Geometric、DeepRank
- **分子模拟：** AutoDock、Gromacs
- **机器学习：** PyTorch、XGBoost、scikit-learn
- **数据可视化：** Seaborn、Plotly、ggplot2、Matplotlib、Jalview

奖项与荣誉

- 山东大学一等奖学金（2024 | 前5%）
- 全国大学生生物竞赛三等奖（2023 | 全国性竞赛）
- 山东大学三等奖学金（2023 | 前10%）

标准化考试

TOEFL: 102 (R:28, L:26, S:24, W:24)

推荐人

- **董教授** - 山东大学，研究方向：海洋微生物生态，邮箱：dong@山大.edu
- **陈教授** - 耶鲁大学，研究方向：肿瘤单细胞生物学，邮箱：chen@yale.edu
- **张教授** - 山东大学，研究方向：微生物生物学，邮箱：chen@yale.edu