

个人简历

黎梦菲 | Mengfei Li

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 · 有机化学实验 · 物理化学实验

科研经历

独立研究项目

1. 胰腺癌 (PDAC) 巨噬细胞特征与基因表达差异研究

2024.01 - 至今 | 导师: 耶鲁大学张教授

- 研究内容: 跨平台整合PDAC组织/外周血单细胞数据, 挖掘早期诊断标志物
- 技术方法:
 - ▶ 开发R语言工作流 (SeuratV5+Harmony+SingleR) 实现细胞亚型注
 - ▶ 构建交互式分析平台 (Plumber API+Vue3 WebUI), Docker容器化部署
- 技术栈: R (SeuratV5/Harmony)、Plumber API、Vue3

- **核心成果：**

- ▶完成12,345个单细胞数据整合，识别2个新型巨噬细胞标志物（SLC11A1+CD163+）
- ▶研究成果发表于EI期刊《XXX》（DOI:XXX）
- ▶相关代码开源至GitHub [仓库链接\(https://github.com/lmf04/PDAC-Macrophage-Analysis\)](https://github.com/lmf04/PDAC-Macrophage-Analysis)

2. 基于图神经网络的蛋白质互作预测研究

2025.02 - 至今 | 导师： 山东大学陈教授

- **研究内容：**多模态图网络建模蛋白质互作，开发药物靶点预测工具
- **技术方法：**
 - ▶设计PyTorch模型架构（GCN+GAT），整合STRING/PDB数据特征
 - ▶构建肺癌相关蛋白互作网络分析 pipeline
- **技术栈：**PyTorch Geometric、D3.js、Docker
- **核心成果：**
 - ▶模型AUC-ROC达0.89，发现3个潜在药物重定位靶点
 - ▶研究成果提交至arXiv预印本（DOI:XXX）
 - ▶相关代码开源至GitHub [仓库链接\(https://github.com/lmf04/PPI-GNN-Prediction\)](https://github.com/lmf04/PPI-GNN-Prediction)

3. YOLOv8生物医学影像分析平台开发

2024.02 - 2024.03 | 导师： 山东大学陈教授

- **研究内容：**开发多任务目标检测模型，实现细胞计数与肿瘤判别
- **技术方法：**
 - ▶级联YOLOv8架构（EfficientNetV2+CBAM注意力机制）
 - ▶构建DICOM/NIfTI格式预处理流水线
 - ▶构建交互式识别平台（FastAPI+Vue3 WebUI），Docker容器化部署
- **技术栈：**YOLOv8、OpenCV、FastAPI
- **核心成果：**
 - ▶细胞计数准确率95.2%，CT肿瘤判别AUC 0.92
 - ▶完成300例临床样本验证，检测效率提升400%
 - ▶相关代码开源至GitHub [仓库链接\(https://github.com/lmf04/YOLOv8-BioMed\)](https://github.com/lmf04/YOLOv8-BioMed)
 - ▶研究成果提交至arXiv预印本（DOI:XXX）

团队合作项目

1. 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

- **个人角色**: 主要贡献者 (团队3人)
- **具体贡献**:
 - ▶完成500ns Gromacs动力学模拟, 揭示糖基化位点对氢键网络的影响
 - ▶开发糖基化位点预测工具 (结合AlphaFold3与DeepGlycan), 预测准确率
 - ▶设计3种突变体质粒, 验证羟化酶催化效率差异

2. 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

- **个人角色**: 主要执行者 (团队2人)
- **具体贡献**:
 - ▶开发爬虫采集NCBI数据库2,347条HMTp210序列, 构建28维特征矩阵
 - ▶开发XGBoost-GRU混合模型, 准确率91%
 - ▶完成SHAP值可视化分析, 揭示关键决定因子
 - ▶相关代码开源至GitHub [仓库链接](https://github.com/lmf04/HMTp210-Serotyping)(https://github.com/lmf04/HMTp210-Serotyping).

3. 海洋微生物对海洋环境的影响

2023.06 - 2024.04 | 导师: 山东大学董教授

- **个人角色**: 主要执行者
- **具体贡献**:
 - ▶完成200+份海水样本碳含量测定
 - ▶主导R语言随机森林分析, 发现微生物丰度与碳含量强相关
 - ▶研究成果获国家级三等奖

论文发表

1. Single-cell transcriptomic profiling identifies novel biomarkers in colorectal cancer
 - **期刊**: EI收录 (已发表)
 - **作者**: 黎梦菲(独立作者), 陈教授 (通讯作者, 耶鲁大学)
 - DOI: XXX
2. 基于图神经网络的蛋白质相互作用预测及药物靶点
 - **期刊**: arXiv预印本
 - **作者**: 黎梦菲(独立作者)
 - DOI: XXX
3. 基于YOLOv8的计算机视觉在生物医学领域的应用
 - **期刊**: arXiv预印本
 - **作者**: 黎梦菲(独立作者)

DOI: XXX

技能矩阵

技能维度	具体能力
湿实验技能	蛋白质纯化 · 细胞培养 (G115/大肠杆菌) · Western blot · SDS-PAGE
编程语言	Python (精通) · R (熟练) · MATLAB (熟练) · C/C++ (基础)
生物信息学	Seurat/Scanpy · AlphaFold2 · AutoDock
算法开发	Pandas · NumPy · GCN/GAT · YOLO · scikit-learn · Pytorch
工程化能力	Docker容器化 · FastAPI微服务 · 交互式Web平台开发 (Vue3)
可视化	ggplot2 · Seaborn · Plotly · PyMOL · UMAP

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)

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, 山东大学海洋微生物实验室, 邮箱: dong@sdu.edu.edu
- 张教授 - 耶鲁大学, 耶鲁大学肿瘤生物学系, 邮箱: zhang@yale.edu
- 陈教授 - 山东大学, 山东大学微生物技术国家重点实验室, 邮箱: chen@sdu.edu.edu