您好,我是宋捷。IT和生信相关五年工作经验,期间我在多个创业团队就职,技能树相对全面,有管 理和部门间协调以及完整的产品开发经验。有多个项目主导和参与经验,发表SCI论文6篇。 同时**在区块链行业有多年的开发和交易经验**,开发过量化交易工具并开源,使用Solidity及相关工具开 发过以太坊智能合约,同时也对 Defi 以及 NFT 有较深的研究以及实战经验。

倉 教育经历

2016

2016

2019

2019

2020

2020

2021

2022

2023

西北农林科技大学(本科) 2012

生命科学学院 生物技术

♥ 陕西

西北农林科技大学 (硕士)

旱区作物逆境生物学国家重点实验室(马闯实验室) 生物信息学

♥ 陕西

·机器/深度学习在RNA甲基化预测上的应用 ·主导发表SCi论文2篇(1作1篇,2作1篇),

·生信分析管线构建及可视化

参与发表SCi论文3篇。

□ 工作经历及职能

算法工程师 (深度学习算法开发)

深圳碳云智能科技有限公司 (iCarbonX)

♀ 深圳

实习研究员 (算法及运维)

大数据中心 深圳市中山大学第七附属医院

♀ 深圳

算法及IT主管

深圳寻竹生物科技有限公司 (Ailurus Ltd.)

♀深圳

- ·负责处理芯片数据,上下游分析和可视化工作,期间撰写SCi论文1篇(CA),专利1份。
- · 负责相关数据库的管理和维护,开发了自有元件库和可移植通路库。
- ·大模型部署,微调相关开发,langchains应用等·管理IT及生信团队,负责公司硬件资源的调 配和工具软件的使用,确保团队高效运作。

WEB3相关技能

开发和算法能力

- ·擅长使用智能合约编程语言(如Solidity)开发智能合约,实现去中心化应用 (DApp) 的核心逻辑。
- ·熟悉以太坊或其他区块链平台的开发工具和环境,如Truffle、Remix等,能够通过智能 合约与区块链网络进行交互,并实现业务逻辑的链上执行。
- · 熟练掌握常见的数据结构和算法, 能够灵活运用于解决各种实际问题, 注重算法的时间 复杂度和空间复杂度优化,能够设计和实现与加密货币、智能合约等相关的算法,确保 系统的安全性和性能。



CONTACT INFO

2516581@126.com

lovisongjie.top

songjie9075 🗬

3 1994.10.24

SKILLS

项目技能: 常规/特殊信息流程 构建,自动化处理,大模型应 用开发,网站/网页开发。

运维及管理: 算法, IT团队的管 理, 软硬件以及云服务的运行 维护,资源调配等。

技术栈:后

端:python,R,shell,Snakemake 等; 前端:

shiny,latex,flask,bootstrap 等;数据库: mongodb及 mysql.

Web3栈:

常用框架:Solidity, Web3.js

Defi相关: Pancakeswap DEX.Uniswap DEX等;

NFT相关: ERC721,

ERC1155:

常用公链: OKX,Ethereum.

9.

架构能力

- · 熟悉常用消息队列系统如RabbitMQ、Kafka等,能够设计和实现消息队列,提高系统的可伸缩性和性能。
- · 具备设计和开发高可用系统的经验,能够通过负载均衡、容错机制等手段提高系统稳定性,确保系统始终保持高可用性。
- ·熟悉常见的异步编程模型和框架,如异步IO、事件驱动等,在高负载场景下,能够通过异步架构提高系统的并发处理能力和性能,确保系统稳定可靠地运行。

♣ 管理经验

2022

2023

部门和权限管理

·在任职期间,管理数据中心完整的数据权限和人员权限。

· Ailurus任职期间,管理生信/IT部门。负责任务规划及分配,系统资源调配,技能培训,与其他部门和业务公司沟通等职能。

♥ 深圳 Ailurus

2021

● Chia数据中心的组建及管理

21 年 6 月完成区块链chia项目调研并运行。快速组建创业团队并在 15 天内完成全项目调研、硬件测试、采购、项目选址、电路改造、管理软件编撰等,快速部署了两处数据中心。该项目由于政策风险快速终止。

♥ 深圳 洛未信息

■ 学术文章

 Transcriptome-Wide Annotation of m5C RNA Modifications Using Machine Learning.

Frontiers in Plant Science. Song J(1st)

 Predicting early-onset COPD risk in adults aged 20-50 using electronic health records and machine learning

PeerJ. Song J(CA).

PEA: an integrated R toolkit for plant epitranscriptome analysis

Bioinformatics. Song J(2nd).

 deepEA: a containerized web server for interactive analysis of epitranscriptome sequencing data

Plant Physiology. Song J(2nd).

 Evolution of the RNA N6-methyladenosine methylome mediated by genomic duplication

Plant Physiology. Song J(4th)

A Deep Convolutional Neural Network Approach for Predicting Phenotypes from Genotypes

Planta. Song J(3rd).

miRLocator: A python package and web server for predicting miRNAs from pre-miRNA sequences

Methods in Molecular Biology. Song J(4th).