

# 个人简历

姓 名	王莹	出生年月	1999.01
民 族	汉	英 语	CET-4/6
邮 箱	2511110092@bjmu.edu.cn	政治面貌	共青团员



## 教育背景

2025.09-至今	北京大学	医学生物信息学	博士在读
主修课程：癌症生物信息学、组学大数据分析利用、分子药理学等			
2022.09-2025.06	哈尔滨医科大学	生物医学工程	理学硕士
主修课程：计算网络药理学、生物信息学软件技术、新一代测序数据分析等			
2017.09-2022.06	哈尔滨医科大学	生物技术	理学学士
主修课程：生物信息学、系统生物学、R 语言程序与设计、优化算法、模式识别等			

## 研究方向

**AI 辅助蛋白质设计及药物开发：**通过开发新方法，新工具，精准设计蛋白质结构与功能，结合前沿技术加速药物发现与优化，为药物开发提供高效靶点发现和精准作用机制解析。

**大数据驱动的药物预测和临床个性化治疗：**包括通过筛选和整合在多种癌症中的核心治疗靶点挖掘潜在的靶向治疗药物以及基于临床治疗数据整合局部-全局特征构建深度学习药物筛选框架。

**癌症生物信息学与精准医疗：**整合多源数据揭示特定生物过程相关的癌症异质性并构建患者个性化医疗模型。

## 学术成果

- Ying Wang**, Yangguang Su, Kairui Zhao, Diwei Huo, Zhenshun Du, Zhiju Wang, Hongbo Xie, Lei Liu , Qing Jin, Xuekun Ren , Xiujie Chen and Denan Zhang. **A deep learning drug screening framework for integrating local-global characteristics: a novel attempt for limited data.** doi: 10.1016/j.heliyon.2024.e34244. **IF=3.4, JCR Q1**
  - 涉及方法：深度学习算法、卷积神经网络、药物虚拟筛选、分子对接。
- Yangguang Su, **Ying Wang**, Zhuo Qu, Jiaxin Liu, Xuekun Ren, Denan Zhang and Xiujie Chen. **Multi-level characteristics recognition of cancer core therapeutic targets and drug screening for a broader patient population.** doi: 10.3389/fphar.2023.1280099. **IF=5.6, JCR Q1 (共同一作)**
  - 涉及方法：随机森林、WGCNA、网络药理学分析、功能富集分析。

## 个人技能

**英语：**大学英语四/六级（CET-4/6），具备快速浏览英语文献的能力。

**系统：**熟悉 Linux 系统的使用。

**方法：**掌握卷积神经网络、深度残差收缩网络等深度学习算法，掌握 WGCNA、Lasso-Cox 回归分析、RF、SVM 等机器学习算法，掌握 scRNA-seq 数据的基础分析流程、了解 NGS 上游分析软件及分析流程。

**编程语言：**掌握 R 语言、Python 基础、Matlab 基础，了解 HTML 语言、XML 以及 MySQL。

**数据库：**熟悉 GEO、TCGA、Pubchem、Drugbank、PDB、STRING 等公共数据库的使用。