

钟巧勇

上海市岳阳路 320 号
200031

☎ 150 2132 9454

✉ solary.sh@gmail.com

🌐 xiaoyong.org

1988 年 1 月 26 日出生于浙江金华



教育背景

2009 年 9 月 – 硕博连读研究生，中国科学院上海生命科学研究院计算生物研究所，上海
现在 计算生物学专业，生物学中的模式识别研究组，生物医学图像处理方向

2012 年 12 月 – 联合培养博士生，波鸿鲁尔大学，德国波鸿

2013 年 9 月 生物物理系生物信息学研究组

2011 年 6 月 – 访问学生，波鸿鲁尔大学，德国波鸿

2011 年 7 月 生物物理系生物信息学研究组

2005 年 9 月 – 理学学士，南京大学生命科学学院，南京

2009 年 6 月 生物技术专业

研究经历

在德国 “通过 FT-IR 光谱显微成像技术检测人体尿液中的癌变细胞” 首先对同一个样本的 H&E 染色图和 FT-IR 光谱图进行配准（刚性加相似变换）。然后用图像分割方法（阈值法加分水岭算法）识别出细胞。接着请病理学家根据 H&E 染色图注释细胞类型，产生训练集。最后用随机森林分类器根据红外光谱特征预测未知的细胞类型。课题的最终目标是病变细胞，特别是癌细胞的机器诊断。我的贡献：1) 图像处理算法的研发和改进 2) 写了一个整合所有功能的图形界面软件。

“为振动显微光谱图像分析选择最小冗余的波数” 对于高光谱图像这类高维数据，以无监督的方式进行特征选择。选择的标准是使得特征之间的相关性（用互信息衡量）最小。此方法基于著名的 mRMR 算法。mRMR 适用于有监督学习，我把它修改成了无监督学习。在模拟数据和真实数据上的实验表明，在降低数据维度的同时，不会影响甚至可以提高后续分类的准确率。

在上海 “人体结肠 FT-IR 显微光谱图像的分割，注释和分类” 首先对光谱图像的像素点进行层次聚类，得到聚类树。通过砍树分割图像，然后对分割出的图像区域进行人工注释。得到训练集后，可用分类器识别未知图像中的组织构成。同时，还用了一种新的 Tree Assignment 方法来计算树的最优分割方案。基于 Tree Assignment，系统而定量地验证了不同聚类方法的效果。研究成果已发表 [2]。

编程项目

- 竞赛 † 2012 年“有道难题”网易手机软件创新大赛, *Candy* 队队员, 作品“一日三省”(Android 平台, Java 开发), 获东部赛区三等奖
† RubyVSPython Planet Conquer 2012 April Contest, 用 Ruby 编程, 获得冠军

获奖情况

- 2013 年 中科院上海生命科学研究院三好学生
2007 年 南京大学优秀学生
2006 年 南京大学人民奖学金二等奖

语言技能

英语 大学英语六级水平, 熟悉并适应英语工作环境

专业技能

学术

研究方向是生物医学图像处理, 掌握数字图像处理、模式识别、机器学习、统计学等方面的知识和技术。熟悉数据结构、算法设计与分析。

编程

Matlab	精通	C/C++	精通
Python	熟练	OpenCV	熟练

计算机技能

通过江苏省高等学校计算机二级, 熟悉 Windows、Mac OS X 和 Linux 操作系统, 能熟练使用微软 Office 和 L^AT_EX 排版软件。

兴趣爱好

- | | |
|------|------|
| - 篮球 | - 电影 |
| - 钓鱼 | - 阅读 |

发表论文

- [1] Q. Zhong, D. Niedecker, D. Petersen, K. Gerwert, and A. Mosig. Identifying minimally redundant wavenumbers for vibrational microspectroscopic image analysis. In preparation, 2013.
- [2] Q. Zhong, C. Yang, F. Großerüschkamp, A. Kallenbach-Thieltges, P. Serocka, K. Gerwert, and A. Mosig. Similarity maps and hierarchical clustering for annotating FT-IR spectral images. *BMC Bioinformatics*, 14(1):333, 2013.