

钟巧勇

■ 教育背景

2009/09 - 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学研究所,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

2012/12 - 联合培养博士生,波鸿鲁尔大学,德国波鸿

2013/09 生物物理系生物信息学研究组

2011/06 - 访问学生,波鸿鲁尔大学,德国波鸿

2011/07 生物物理系生物信息学研究组

2005/09 - 理学学士,南京大学生命科学学院,南京

2009/06 生物技术专业

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

开源软件 **2048-Qt** 2048 数字游戏的桌面版,使用了 C++, JavaScript, Qt 混合编程。可跨平台运行 (Windows, Linux 和 Mac OS X)。

Voodoo: PICB 文件搜索网站 采用 Sinatra Web 框架搭建,搜索后端基于 mlocate 程序。

查看更多: xiaoyong@GitHub

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" 根据细胞的 FT-IR 光谱特征, 用随机森林分类器预测未知的细胞类型。可用于癌细胞的机器诊断。

"为振动显微光谱图像分析选择最小冗余的波数" 对于高维数据,根据特征之间的冗余性,以非监督的方式作特征选择。[1]

在上海 "人体结肠 FT-IR 显微光谱图像的分割,注释和分类" 首先对图像的像素点进行层次聚类,得到聚类树。然后用一种新的 Tree Assignment 方法来计算树的最优分割方案。研究成果已发表 [2]。

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,熟悉并适应英语工作环境

专业技能

- 课程 数据结构、算法设计与分析、数字图像处理、模式识别、机器学习、生物统计学、生物 化学、分子生物学、细胞生物学等。
- 算法 线性规划,聚类分析 (k-means、Fuzzy c-means、层次聚类),分类器 (决策树、随机森林、支持向量机、神经网络),图像分割 (阈值法、分水岭算法)。
- 编程 精通 Matlab、C/C++, 熟悉 Python、Ruby、Shell。
- 系统 OpenCV、Qt、Cplex、Lpsolve。
- 网页开发 熟悉前端开发 (HTML, CSS, JavaScript 和 jQuery 等); 了解基于 Ruby 的 Web 框架 (Ruby on Rails 和 Sinatra), 以及 MySQL 服务器的配置和使用。

发表论文

- [1] **Qiaoyong Zhong**, Daniel Niedieker, Dennis Petersen, Klaus Gerwert, and Axel Mosig. Identifying minimally redundant wavenumbers for vibrational microspectroscopic image analysis. In *10th International Conference on Natural Computation*, 2014. Accepted.
- [2] **Qiaoyong Zhong**, Chen Yang, Frederik Großerüschkamp, Angela Kallenbach-Thieltges, Peter Serocka, Klaus Gerwert, and Axel Mosig. Similarity maps and hierarchical clustering for annotating FT-IR spectral images. *BMC Bioinformatics*, 14(1):333, 2013.