

钟巧勇

━ 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、生理学方向

■ 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++ 熟悉

Python 精通

Shell (Bash) 熟悉

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。

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 LAT_EX 排版软件。

兴趣爱好

- 篮球

- 电影

- 钓鱼

- 阅读

发表论文

- Q. Zhong, D. Niedieker, 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. $BMC\ Bioinformatics,\ 14(1):333,\ 2013.$