

钟巧勇

上海市岳阳路320号

200031

☎ 150 2132 9454

☎ 021 5492 0235

✉ solary.sh@gmail.com

🌐 xiaoyong.org

1988年1月26日出生于浙江



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 计算生物专业, 生物中的模式识别研究组, 生物医学图像处理方向
- 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

学习和工作经历

留学经历

- 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
研究课题:
“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HE染色图和FT-IR光谱图进行自动匹配, 然后请病理学家注释图像中的细胞, 产生训练集。根据训练集, 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。此方法被用于CARS光谱图像, 一方面可以减少实验中需要测量的光谱数量, 另一方面可以提高分类的准确率。
- 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

学术研究

- 博士研究课题 “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, 得到树状图。通过砍树分割图像, 对分割出的图像区域进行人工注释。得到训练集后, 可用机器学习方法识别未知图像中的组织构成。同时, 我们还用了一种新的Tree Assignment方法来计算树的最优分割方案。基于Tree Assignment, 我们系统而定量地验证了不同聚类方法的效果。
- 学士论文 “人类转录因子结合位点的预测” 首先通过WordSpy算法找到启动子序列中可能的转录因子结合位点, 然后与TRANSFAC数据库中的模体作序列匹配, 以此找到可靠的转录因子结合位点。

编程

- 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”, 东部赛区三等奖
† RubyVSPython Planet Conquer 2012 April Contest, 用Ruby获得冠军
† Morgan Stanley Code Storm 2011, Blue Moon队队员, 排名11/20 (上海交大赛区)
- 开源软件项目 **Voodoo: PICB文件搜索网站** : 网站用Sinatra Web框架搭建, 搜索后端基于mlocate程序。
查看更多: <https://github.com/xiaoyong>

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

职业技能

学术

简介

研究方向是生物医学图像处理，熟悉数字图象处理、模式识别、机器学习、统计学等方面的知识和技术。

编程

Matlab	精通	C/C++	熟练
Ruby	精通	Shell (Bash)	熟练
网页开发	熟悉HTML，CSS和JavaScript；了解基于Ruby的Web框架（Ruby on Rails和Sinatra）		

计算机

操作系统	精通Windows, Mac OS X和Linux的使用	办公和排版	熟练使用微软Office和 \LaTeX
------	------------------------------	-------	-------------------------------

兴趣爱好

- 篮球

- 电影