



个人微信

杨恒 PhD

+86-19842750173 | +447878711663 | yangheng2021@gmail.com
个人主页 | LinkedIn | GitHub | Hugging Face | 谷歌学术
Department of Computer, University of Exeter, EX4 4RN, United Kingdom
时区: UTC+1 (较中国晚 7 小时, 例如中国 19:00 对应英国 12:00)。



最新版本

研究摘要

- 大语言模型 (LLM):** 提出 **InstOptima**, 首创以 LLM 为算子的多目标 Prompt 优化框架; 提升性能 (最大 **16.8%**)、复杂度 (困惑度平均减少 **0.07**) 与简洁性 (Prompt 平均减少 **200 tokens**) 等指标; 提出基于 GRPO 的 RNA 序列设计框架; 熟悉 LLM 技术体系。
- 预训练语言模型 (PLM):** 7 年 PLM 架构与微调经验; 主导研发 DeBERTa-v3-base-ABSA-v1.1 (下载量 > **150 万**) 及多款预训练模型; 技术栈覆盖预训练、数据增强 / 合成、Code PLM、文本语义攻击 / 防御, 以及对抗鲁棒性与公平性等。
- 基因组基础模型 (GFM):** 主导研发 OmniGenome 系列模型 (SOTA); 独立开发模块化 GFM 框架 OmniGenBench, 支持低代码, 自动化模型评估和部署; 通过抽象接口可无缝支持绝大多数 Transformer、Mamba、Hyena 架构的模型, 包括 MoE 模型。
- 情感分析 (ABSA):** 主流开源情感分析框架 **PyABSA** (GitHub 1k+ stars) 的创建者与维护者; 集成原创 LCF、LSA 系列 ABSA 模型, 该系列模型连续三年 SOTA; PyABSA 是 ChatGPT 与 DeepSeek 等 AI 助手广泛推荐的首选新手友好型开源框架。

教育与荣誉

- University of Exeter**, 计算机科学博士
预训练模型、大语言模型与基因组模型等
全额博士奖学金; **PhD Research Grant**
UK; 2021 年 9 月 – 2025 年 10 月
- 华南师范大学**, 计算机科学硕士
预训练模型、情感分析等
研究生国家奖学金 (**1%**); 三次一等学业奖学金 (**20%**)
中国; 2018 年 9 月 – 2021 年 6 月
- 长江大学**, 计算机科学学士
自然语言处理、时空轨迹聚类算法等
优秀本科生毕业设计 (**10%**); 优秀本科毕业生 (**20%**)
中国; 2014 年 9 月 – 2018 年 6 月

开源项目

- 发布 18 个原创 GitHub 仓库 · > 500k LOC · > 1.6k Stars · 195 Followers · 创建和维护 8 个 PyPI Wheels · PyPI > 100 万次下载
- RNA Design-GRPO** (2025 年 8 月 3 日发布)
首个将 **强化学习** 与 **基因组模型** 相结合, 用于指导 RNA 序列设计的开源框架。基于 **GRPO** 算法, 构建训练一个 **Seq2Seq** 智能体进行序列的逐步生成与优化。提出一种复合奖励函数, 融合了一个基于基因组序列-结构对齐模型的 **语义一致性评分器 (LMScorer)** 与预测有效性、相似性等。框架在环境、模型到训练均实现了 **向量化** 和 **混合精度训练**。
- OmniGenBench** (pip 安装量: **53k · 20 stars**)
首个 **基因组基础模型** 基准测试与应用统一平台: 单行代码完成 **123** 项下游任务的训练与评估; 提供模型、数据与指标的模块化模板, 所有模块均可轻松扩展, 无需修改源代码; 原生支持 **LoRA**、**MoE** 与 **FlashAttention**。首个将常用基因组任务封装为 pipeline 的框架, 使用户无需深入学习即可一键将 GFM 应用于实际任务, 如降解率、翻译效率预测, RNA 分子结构预测与序列设计优化。
- PyABSA** (pip 安装量: > **500k · 1,048 stars**)
广泛使用的开源情感分析工具: 支持 **31+** 个模型与 **30+** 个开源 ABSA 基准数据集; 支持一键微调、部署与推理。可将情感分析系统的原型搭建与验证时间预计缩短 > **80%**。采用模块化与统一封装, 提供易用 API, 内置自动增强等特性 (自研 BoostAug 数据增强技术), 便于上手。PyABSA 是 ChatGPT 与 DeepSeek 等主流 AI 助手推荐 (无上下文提问) 的新手友好型开源框架。
- BoostAug** (pip 安装量: > **180k · 15 stars**)
基于 BoostAug 的 PyPI 文本数据自动化增强工具。方法利用 **全局特征分布 (偏度)**, 并结合 **困惑度**、**置信度** 与 **硬标签** 等指标筛选合成样本。在 **8** 个公开数据集上的实验验证该技术具有普适性, 可在 **全部实验** 中为传统文本分类与情感分析带来 **1%–2%** 的性能提升。

HuggingFace

- 发布 10 个原创开源模型 · 10 个 Spaces · 25 Followers · 模型月下载量 > 30 万次 · 模型 / Space 收藏次数 > 220
- yangheng/deberta-v3-base-absa-v1.1**
开源 **Top-1 ABSA** 模型 (基于 PyABSA); 月下载量约 **30 万** 次; 被斯坦福大学 **2022 年度 AI 指数报告** (p.83) 收录
2022 年 3 月
下载量: **150 万**
- yangheng/OmniGenome-186M**
首个 **RNA** 结构-序列对齐模型; 支持 **RNA** 结构预测与序列设计; 提升 **RNA** 序列设计求解成功率从 **3%** 至 **84%**
2024 年 4 月
下载量: **6.7 万**
- Gradio-Blocks/PyABSA Space**
全面的 **ABSA** 交互式演示中心; 为新手提供多任务快速演示; 受邀收录为 **Gradio-Blocks** 官方推荐演示
2022 年 5 月
访问量: **14.2 万**

代表论文

- 发表 11 篇一作论文 · 3×CCF A · 4×CCF B · 1×CCF C · 1×Nature Machine Intelligence (Nature 子刊) · Citation: 625
- Bridging Sequence-Structure Alignment in RNA Foundation Models**
Heng Yang, Ke Li
CCF A
AAAI 2025
- MPRNA: Unleashing Multi-species RNA Foundation Model via Calibrated Secondary Structure Prediction**
Heng Yang, Ke Li
CCF B
EMNLP 2024
- The Best Defense is Attack: Repairing Semantics in Textual Adversarial Examples**
Heng Yang, Ke Li
CCF B
EMNLP 2024
- InstOptima: Evolutionary Multi-objective Instruction Optimization via LLM-based Instruction Operators**
Heng Yang, Ke Li
CCF B
EMNLP 2023
- BoostAug: Boosting Text Augmentation via Hybrid Instance Filtering Framework**
Heng Yang, Ke Li
CCF A
ACL 2023

- **大语言模型 (LLM)**。开创性地将遗传算法用于 LLM 的多目标指令进化 (**InstOptima**)，提出指令交叉与变异算子。该工作为最早系统化解解决指令清晰度、简洁度与模型性能等竞争性目标优化的研究之一；下游任务上提升性能（最大提升 **16.8%**）、复杂度（平均 Prompt 困惑度减少 **0.07**）与简洁性（Prompt 长度平均减少 **200 tokens**）等指标；后续可在三方面深化：优化遗传算子（如借助另一 LLM 的语义能力实现上下文敏感的交叉/变异）、提升可扩展性（降低指令适应度评估成本）、扩展目标维度（如奖励、公平性、创造力及对抗鲁棒性）。首创基于 GRPO 的 RNA 序列设计框架，提出一种复合奖励函数，融合了一个基于基因组序列-结构对齐模型的语义一致性评分器 (LMScorer) 与预测有效性，相似性等。框架在环境、模型到训练均实现了向量化和混合精度训练；首次投稿即被 EMNLP 2023 接收。
- **基因组基础模型 (GFM)**。主导 AI4Science 预训练研究，聚焦基因组基础模型；针对基因组数据序列稀疏性与单核苷酸变异 (SNP/SNV) 等挑战，提出以单碱基为基本语义单元的建模方案，开展 RNA 结构预训练与序列-结构对齐预训练，显著提升 **RNA 结构预测 (>20%)** 与 **序列设计 (>80%)** 等任务表现；独立完成从**数据收集与处理**、模型架构设计到**训练脚本与基准测试**构建的端到端流程；产出系列论文，其中三篇发表于 Nature Machine Intelligence、AAAI 2025、EMNLP 2024。基于自研模型与代码，设计开发首个完整开源框架 **OmniGenBench**；抽象模型、分词器、数据集与指标模块，配套接口、教程与**文档**，支持快速将 GFM 到下游任务。
- **情感分析 (ABSA)**。独立开展**细粒度、面向方面的情感分析**研究，覆盖情感三元组/四元组提取等任务；开源多款模型，在 Hugging Face 获得较高关注，成为平台应用最广的 ABSA 模型之一。全部工作已整合至 **PyABSA** 工具包，并被 ChatGPT、Gemini、Claude 与 DeepSeek 等 AI 助手广泛推荐。发表于 CIKM 2023 和 EACL 2024。
- **文本增强 (Text Data Augmentation)**。独立研发面向多类文本建模任务的新型文本增强技术 (**BoostAug**)，通过全局特征分布（偏度）与困惑度、置信度、硬标签等指标筛选合成样本。作为独立 **PyPI** 工具发布后已获 **18 万次** 安装；在 **8 个** 公开数据集的全部实验中实现 **1%-2%** 性能增益，相较 EDA、NLPAug 等方法稳定性与有效性更优；发表于 ACL 2023。
- **对抗攻击与防御 (Text Adversarial Attack & Defense)**。面向缺乏对抗训练的预训练模型，系统研究文本对抗攻击与防御策略；基于常见对抗模式提出融合对抗样本检测与文本修复的 SOTA 防御技术 (**Rapid**)；发表于 EMNLP 2024。
- **软件缺陷预测 (Code Defect Prediction)**。提出 **LMDP** 框架，首次将预训练语言模型用于跨项目与项目内缺陷预测，并引入“**Corrupted Code Detection**”等多任务目标以缓解特征稀疏与定位粒度不足。覆盖 **10×CPDP** 与 **13×WPDP** 基准，平均 **AUC 提升 4.6%**、**F1 提升 5.3%**，支持行级定位缺陷源，显著优于 AST/GNN 类方法；框架无需 AST、即插即用，适配 CodeT5、CodeBERT 等多款 PLM。
- **鲁棒性 & 公平性协同**。首次系统性探索公平性无关对抗攻击对 PLM 偏差的影响 (**AdvFairness**)，构建三阶段评估流水线 (**Benign→Attack→Defend**) 并在 3 个真实数据集上验证：攻击虽降低准确率，却**稳定削弱群体差异 (SPD 降 0.07-0.14)**；进一步对抗训练可在恢复最高 **40% 准确率**的同时继续改善公平性，揭示鲁棒性与公平性的潜在“**帕累托前沿**”。
- **网络防火墙 (WAF) 注入安全测试**。提出 **DaNuoYi**，首个支持**多任务、多语言注入**的自动化 WAF 测试框架：利用 **Injection 翻译模型** 共享语义，并以多任务进化算法（共享支配池+6 种语义保持变异算子）协同生成 **SQLi/XMLi/PHPi/OSi/XSSi/HTMli** 六类注入用例。在 **ModSecurity、Ngx-Lua-WAF、Lua-Resty-WAF** 三款真实 WAF 上，平均绕过用例数提升 **3.8×-5.78×**；发表于 IEEE TSE 2024。

📖 扩展论文列表

- **PlantRNA-FM: An Interpretable RNA Foundation Model for Exploration Functional RNA Motifs in Plants** *Nature 子刊*
Haopeng Yu#, Heng Yang#, et al. (共一) **Nat. Mach. Intell.**
- **DaNuoYi: Evolutionary Multi-Task Injection Testing on Web Application Firewalls** *CCF A*
Ke Li#, Heng Yang#, Willem Visser (技术负责人) **IEEE Transactions on Software Engineering**
- **Modeling Aspect Sentiment Coherency via Local Sentiment Aggregation** *CORE A*
Heng Yang, Ke Li **EACL 2024**
- **PyABSA: A Modularized Framework for Reproducible Aspect-based Sentiment Analysis** *CCF B*
Heng Yang, Chen Zhang, Ke Li **CIKM 2023**
- **A Multi-task Learning Model for Chinese-oriented Aspect Polarity Classification and Aspect Term Extraction** *CCF C*
Heng Yang, Biqing Zeng, Jianhao Yang, Youwei Song, Ruyang Xu **Neurocomputing**
- **OmniGenBench: A Modular Platform for Reproducible Genomic Foundation Models Benchmarking** *Preprint*
Heng Yang, Jack Cole, Ke Li **arXiv Preprint**
- **Robustness Meets Fairness: Investigating Adversarial Attack Effects on Alleviating Model Bias** *Preprint*
Heng Yang, Geyong Min, Ke Li **OpenReview Preprint**
- **Tokenization or Featurization? Leveraging Language Models for Code Defect Prediction** *Preprint*
Heng Yang, Ke Li **Preprint**

👤 学术报告

- Google Health, 基因组学团队: **OmniGenome** 2025 年 9 月
- Mila 研究所 (魁北克人工智能研究所), 多组学团队: **OmniGenBench** 2024 年 12 月

🏆 组织竞赛

- 举办 **ECML-PKDD 基因组基础模型探索挑战赛 (2025)**。担任竞赛 Chair，与 ECML-PKDD 2025 联动，协调 Co-chairs 完成评审与赞助对接；主持建立首个多物种、多模态 GFM 基准 **OmniGenomic Benchmark (OGB)**，涵盖 7 项任务 (RNA 序列预测、结构建模、功能推断与 DNA 功能预测等)；编写代码并设计全自动评测流水线与 CodaBench 排行榜。共 20 人参赛，累计有效提交 227 份。

★ 个人总结

- **技术与研究专长**：LLM / PLM / GFM 全链路研发，涵盖预训练、数据增强、对抗攻防、代码智能、基因组序列-结构对齐与设计。
- **科研与项目领导**：主导 ECML-PKDD 基因组挑战赛，构建 OGB 基准与自动评测系统，统筹评审与跨方协作。
- **开源与社区影响**：18 个 GitHub 仓库 (1.6k+ Stars)，PyPI 下载 > 100 万，Hugging Face 月下载 > 30 万。
- **工程化与可复现**：框架模块化设计、接口抽象、一键训练与部署，支持 LoRA、MoE、FlashAttention 等前沿技术。
- **沟通与学术协作**：多次受邀报告 (Google Health、Mila)，跨 NLP、基因组学与软件工程开展合作。

附录：原创开源项目与模型

以下内容如无兴趣，您不必浏览

本附录系统梳理本人在科研期间独立或主导的原创开源项目、公开发布的预训练模型与相关软件工具。内容覆盖从应用框架设计、算法实现到交互式演示多个层面，并标注相应的发表情况或当前状态。部分附录内容或与正文重复，敬请忽略。

📁 GitHub 开源项目 (<https://github.com/yangheng95>)

- **PyABSA**: 细粒度情感分析旗舰框架，支持 30+ 数据集与 31+ 预训练模型一键调用。[CIKM 2023, PyPI Index]
- **ABSADatasets**: ABSA 与文本分类公共数据集仓库。[CIKM 2023]
- **OmniGenBench**: RNA/DNA 基础模型应用，自动化基准与评测流水线。[arXiv 2024, PyPI Index]
- **AdvFairness**: 对抗鲁棒性与模型公平性综合评测框架。[OpenReview 2024]
- **OmniGenome-Demo**: OmniGenome 在线演示与教程脚本。[AAAI 2025]
- **Rapid**: 文本对抗性攻击与防御实验集合。[EMNLP 2024]
- **PlantRNA-FM**: 植物 RNA 基础模型相关代码。[Nat. Mach. Intell. 2024]
- **MP-RNA**: 多物种 RNA 基础模型训练脚本。[EMNLP 2024]
- **InstOptima**: 指令多目标进化算法实现。[EMNLP 2023]
- **BoostAug**: 文本增强方法实现与数据生成包。[ACL 2023, PyPI Index]
- **LCF-ATEPC**: 面向中文 ABSA 的多任务学习模型。[EACL 2024]
- **CodeT5DefectDetection**: 代码缺陷检测数据与模型实验。[TSE 2025, in press]
- **DaNuoYi**: 面向 WAF 的多任务演化注入测试工具。[IEEE TSE, PyPI Index]
- **EMOO**: 演化多目标优化基础代码框架。[PyPI Index]
- **findfile**: 关键词级文件/目录快速检索工具。[PyPI Index]
- **autocuda**: CUDA 设备自动选择与管理脚本。[PyPI Index]
- **metric-visualizer**: 研究指标可视化与日志统一接口。[PyPI Index]
- **RNADesign-GRPO**: 基于 GRPO 的 RNA 序列设计方法。[Pending]

📁 Hugging Face Models (<https://huggingface.co/yangheng>)

- **deberta-v3-base-absa-v1.1**: 186M 参数；轻量级细粒度情感分析模型。[ACL 2023, EACL 2024]
- **deberta-v3-large-absa-v1.1**: 418M 参数；大规模 ABSA 分类器。[ACL 2023, EACL 2024]
- **OmniGenome-186M**: 186M 参数；RNA 二级结构预测与设计基础模型。[AAAI 2025]
- **OmniGenome-52M**: 52M 参数；快速推理版基因组语言模型。[AAAI 2025]
- **OmniGenome-v1.5**: 186M 参数；通用基因组基础模型 v1.5。[Pending]
- **MoEOmniGenomeV2**: 577M/2B 参数；MoE 架构基因组大模型。[Pending]
- **MP-RNA**: 186M 参数；多物种 RNA 预测模型。[EMNLP 2024]
- **PlantRNA-FM**: 35M 参数；面向植物功能位点挖掘的 RNA 基础模型。[Nat. Mach. Intell. 2024]

📁 Hugging Face Spaces

- **PyABSA Space**: ABSA 模型交互式演示中心，受邀收录为 Gradio-Blocks 官方演示项目。[CIKM 2023]
- **OmniGenBench**: 官方在线排行榜，便于研究者试用基准测试框架。[arXiv 2024]
- **Text-Adversarial-Attack-Defense (Rapid)**: 文本对抗攻击与防御交互式演示。[EMNLP 2024]

📁 PyPI 发布与维护 (<https://pypi.org/user/yangheng>)

- **omnigenbench**: 多任务、多物种的 GFM 自动化基准与排行榜。[arXiv 2024]
- **pyabsa**: 细粒度情感分析框架 (31 模型 × 30 数据集)。[CIKM 2023]
- **boostaug**: 基于实例过滤的文本增强工具。[ACL 2023]
- **DaNuoYi**: 多任务演化注入测试框架，支持 6 类 WAF 注入。[TSE 2024]
- 此处省略四个上文已提到的 PyPI 项目，以降低阅读负担

数据截至 2025 年 8 月 11 日