



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 为算子的多目标优化框架, 协同优化 Prompt 多样性; 提升性能 (最大 16.8%)、复杂度 (困惑度减少 0.07) 与简洁性 (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): 6 年 PLM 架构与微调经验; 主导研发 DeBERTa-v3-base-ABSA-v1.1 (下载量 >128 万) 及多款预训练模型; 技术栈覆盖预训练、数据增强/合成 (BoostAug)、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 (Genome) 基础模型 (GFM): 主导提出 OmniGenome-186M / 2B 与 OmniGenBench; 将 EternaV2 RNA 设计成功率由 3% 提升至 84%; 框架无需修改即可支持绝大多数 Transformer 与 MoE 模型, 并集成 LoRA 与 FlashAttention 以支撑高效微调与应用。
- 情感分析 (ABSA): PyABSA (GitHub 1k+ stars) 创建者与维护者, 可一键调用 31+ 个 ABSA 模型与 30+ 个数据集; 提出的 LSA 模型连续三年 SOTA; 是 ChatGPT 与 DeepSeek 等 AI 助手广泛推荐的首选新手友好型开源框架 (通过无上下文提问)。

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
Exeter, 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%)
广州, 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%)
荆州, 中国; 2014 年 9 月 - 2018 年 6 月

开源项目

- 发布 18 个 GitHub 仓库 · 500k+ LOC · 1.5k+ Stars · 194 Followers · 维护 8 个 PyPI 包 · >100 万次下载
- RNA Design-GRPO
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 · 351 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 · 1,041 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 为 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。

HuggingFace

- 发布 9 个开源模型 · 单一模型 >128 万下载量 · 10 个 HF Spaces · >150 收藏 · 23 Followers
- yangheng/deberta-v3-base-absa-v1.1
开源 Top-1 ABSA 模型 (基于 PyABSA), 月下载约 4-7 万; 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: 128 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; 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 · 1×Nature Machine Intelligence (Nature 子刊) · 3×CCF A · 4×CCF B · 1×CCF C · Citation: 610
- 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

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。

- **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，首次投稿即被 **EMNLP 2023** 接收；下游任务上提升性能 (最大 **16.8%**)、复杂度 (困惑度减少 **0.07**) 与简洁性 (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。
- **基因组基础模型 (GFM)**。主导 **AI4Science** 方向预训练研究，聚焦基因组基础模型与遗传密码表示；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，其中三篇已见刊于 *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 应用于基因组序列处理的模块化评测生态。
- **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。
- **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 (偏差) 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。
- **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)**。
- **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 **15 对** 注入翻译模型共享语义，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×**，显著优于 SQLMap 与单任务基线。
- **开源框架开发与项目维护**。在开源项目管理与科学软件架构方面具备完整实践经验，主导多个项目从架构设计、软件实现到长期维护与社区运维的全生命周期。
 - **框架设计**：坚持模块化、可扩展与接口抽象的设计哲学。例如在 **OmniGenBench** 中，核心功能模块化、扩展插件化，使研究者可无需改动核心代码即无缝集成自定义模型、数据与评测指标；在 **PyABSA** 中，以高度封装的 API 将复杂调用简化为单行指令，显著降低使用门槛。
 - **实现与项目管理**：具备自上而下推动复杂项目落地的能力。担任 **ECML-PKDD 2025 基因组基础模型挑战赛主席**，统筹竞赛策划与管理、跨方协作、自动评测流水线设计及赞助对接。各项目均重视持续集成、完备文档 (如 *ReadTheDocs*) 与积极社区支持，以确保长期可用性与健壮性。

📄 完整论文列表

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

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	