

# 杨 恒



个人主页

+44-7878711663 | [hy345@exeter.ac.uk](mailto:hy345@exeter.ac.uk) | +44-7878711663  
主页 | [GitHub](#) | [Huggingface](#) | [Google Scholar](#)  
University of Exeter, Exeter, EX4 4RN, United Kingdom



最新版本

[ [English Version](#) ]

## 求职意向

寻求一个机会，将我的基因组建模/语言模型/大模型的专业知识应用于有影响力的研究，推动 AI4Science 的广泛突破。

## 研究经历

- 预训练模型/大语言模型: 独立完成预训练项目，从头训练基因组语言模型，涉及概念验证，数据收集和处理，模型和训练目标设计等。独自编写基因组模型基准测试框架。
- 情感分析/对抗攻击: 独立完成一系列情感分析研究，基于发表的研究构建情感分析工具，集成自研数据增强，成为最受欢迎的开源情感分析框架。

## 教育背景

- University of Exeter 2021 年 9 月 - 2025 年 9 月  
自然语言处理/基因组语言模型 Exeter, UK
- 华南师范大学 2018 年 9 月 - 2021 年 6 月  
自然语言处理/情感分析硕士 中国广州
- 长江大学 2014 年 9 月 - 2018 年 6 月  
计算机科学学士 中国荆州

## 主要发表论文

- OmniGenBench: Automating Large-scale Benchmarking for Genomic Foundation Models**  
*Heng Yang, Jack Cole, Ke Li* *ArXiv Preprint*
- Bridging Sequence-Structure Alignment in RNA Foundation Models**  
*Heng Yang, Ke Li* *AAAI 2025*
- MPRNA: Unleashing Multi-species RNA Foundation Model via Calibrated Secondary Structure Prediction**  
*Heng Yang, Ke Li* *EMNLP 2024*
- The Best Defense is Attack: Repairing Semantics in Textual Adversarial Examples**  
*Heng Yang, Ke Li* *EMNLP 2024*
- PlantRNAFM: An Interpretable RNA Foundation Model for Exploration Functional RNA Motifs in Plants**  
*Haopeng Yu#, Heng Yang#, et al. (Co-first Author)* *Nature Machine Intelligence 2024*
- Modeling Aspect Sentiment Coherency via Local Sentiment Aggregation**  
*Heng Yang, Ke Li* *EACL 2024*
- PyABSA: A Modularized Framework for Reproducible Aspect-based Sentiment Analysis**  
*Heng Yang, Chen Zhang, Ke Li* *CIKM 2023*
- InstOptima: Evolutionary Multi-objective Instruction Optimization via LLM-based Instruction Operators**  
*Heng Yang, Ke Li* *EMNLP 2023*
- BoostAug: Boosting Text Augmentation via Hybrid Instance Filtering Framework**  
*Heng Yang, Ke Li* *ACL 2023*
- DaNuoYi: Evolutionary Multi-Task Injection Testing on Web Application Firewalls**  
*Ke Li, Heng Yang, Willem Visser* *IEEE Trans. on Software Engineering 2023*

## 个人开源项目

- OmniGenBench** – 5.6k 次安装 2024 年 9 月 - 至今  
首个大规模的基因组基础模型基准测试框架 [GitHub](#)
- PyABSA** – 35 万次安装, 1k GitHub 星标 2020 年 6 月 - 至今  
基于方面的情感分析框架，服务于商业、开发者和学者 [GitHub](#)

## 社区贡献统计

- GitHub:** 1.5k 星标, 约 160 次提交和每年 60 个 Pull Requests。自研究开始以来，我一直热爱开源。感谢那些帮助我的项目开发者。因此，我致力于在 GitHub 上以友好的 MIT 许可共享所有开源项目。
- Huggingface:** 8 个 Model 和 10 个 Space, 分别约有 1,000 次下载和 10k 次访问。感谢 Huggingface 平台，我很高兴分享所有预训练和微调的最先进情感分析和基因组基础模型。例如，[deberta-v3-base-absa-v1.1](#) 和 [OmniGenome-186M](#)。此外，我还发布了低资源研究主题的演示，如 RNA 二级结构预测和 RNA 设计。
- PyPi:** 8 个 Python wheel, 约 80 万次下载。我通过打包和发布开源 Python wheel，简化了工作流程和管道。这些 wheel 在社区中被广泛使用。可以通过 PyPi 轻松分发并通过 pip 工具安装。

## 奖项

- 埃克塞特大学博士奖学金, 研究资助 University of Exeter, 英国, 2021-2025
- 中国研究生国家奖学金, 一等学术奖学金三次 华南师范大学, 中国, 2018-2020
- 优秀学士毕业生, 湖北省优秀本科生毕业设计 — 杨 恒 — 长江大学, 中国, 2018

# 附录

## ♥ 研究经验

- **情感分析**。我的自然语言处理研究始于情感分析，尤其是基于方面的细粒度情感分析，涵盖情感三元组和四元组等多种任务。我在情感分析领域的研究多次刷新了 SOTA 记录，并积极进行代码和模型的开源。相关模型已成为 HuggingFace 上最常用情感分析模型之一，并保持 SOTA 地位长达三年。我还将所有已发布的模型以及整理的数据集，集成到我个人开发的情感分析工具 PyABSA 中，使其成为情感分析领域最常用的开源工具之一，总计下载安装量超过 50 万次，存储库克隆数达 1.4 万次。目前，该工具已成为 ChatGPT、DeepSeek 等大模型的首选推荐框架。
- **文本增强**。我同样研究了文本增强技术，适用于众多文本建模任务。该文本增强方法基于对数据集全局特征分布（偏度）进行增强样本的生成与筛选（包括困惑度、置信度、硬标签），与当下大模型训练时的数据筛选策略在概念上有所交叉。同时，该文本增强方法已被开发为一个独立工具，发布在 PyPi 并开源，下载安装量超过 15 万次。在实验中，该方法可在文本分类和情感分析两个任务的 8 个数据集上，使监督学习普遍取得 1%-2% 的性能提升。
- **对抗攻击/防御**。我还研究过预训练模型的文本对抗攻击及防御方法。由于预训练模型通常缺乏专门的对抗性训练，容易受到对抗攻击，导致预测结果不可信，尤其在迁移到新领域时更易出现这一问题。我深入分析了流行的对抗性攻击方法，总结现有方法的共性，并提出了一个基于再扰动的对抗性方法。该方法涵盖从对抗性样本检测到文本修复的一整套流程，取得了 SOTA 效果，并一直保持至今。相关研究的代码与演示（demo）也已开源至 HuggingFace。
- **预训练与基础模型**。我目前主要从事预训练研究，面向 AI4Science 领域，尤其关注基因组预训练模型和遗传密码的建模。当前对 RNA 和 DNA 的研究仍面临诸多未解难题，落后于大模型的发展，也与大模型的建模方式有所不同。比如，基因组语言仅由 ATGC 或 AUGC 等四个碱基构成，其序列信息极为稀疏，哪怕数百万个碱基中仅有一个发生变化，都可能导致严重的遗传疾病（如 SNP 和 SNV），使得上下文学习极具挑战。此外，基因组模型无法直接采用类似 BPE 或 BBPE 的方法，将碱基合并为 token 来提升模型表达能力。基因组语言中单个碱基需要作为基本语义单位，因为粗粒度的碱基建模无法体现碱基在序列中的重要作用。例如在 RNA 结构预测等序列理解任务中，耦合碱基会造成显著的性能下降。  
在基因组模型的预训练中，与以往的研究一样，我独立完成了数据集的收集、处理、过滤，模型的设计、验证与调试，训练脚本的编写与完善，模型基准测试的整理与评估，以及论文的撰写等工作。目前，已发表 3 篇相关论文，提出的模型在基因组理解上取得了 SOTA 效果并得出了有意义的结论。同时，我整理了所有常用的模型与基准测试套件，开发了一个专门面向基因组模型的应用与基准测试框架，包含排行榜、模型及数据集在线 Hub，模型应用教程以及可扩展的软件架构。总体而言，PyABSA 更注重封装与开箱即用，避免用户直接接触底层代码；而 OmniGenomeBench 更注重结构与可扩展性，支持对新模型、数据集及任务的扩展。该框架类似于 Transformers，可在无需升级的情况下提供新的数据集、模型、基准测试和评估指标。
- **大模型（LLM）**。我也始终保持对大模型技术的关注和研究。去年我发表了一篇关于面向多目标的 prompt/instruction 进化搜索的论文，利用基于大模型的遗传算法操作（如 prompt 交叉、编译等）。这是最早将指令多目标搜索（例如指令理解性、长度、性能提升等目标）纳入考虑的工作之一。由于代码实现和论文撰写时间十分紧张，因此以短文形式投稿 EMNLP2023 并被收录。除此之外，我也积极阅读大模型相关的技术博客，主动了解最新进展，积累了必要的大模型技术储备，为后续研究做好准备。

## 🔗 个人项目

- **PyABSA** 安装量: 35 万 / GitHub 星标: 1k  
**摘要:** PyABSA 是一个基于 PyTorch 构建的模块化框架，旨在普及基于方面的情感分析（ABSA）研究。它支持超过 31 个模型和 30 个数据集，涵盖各种 ABSA 子任务，包括方面术语提取、情感分类和端到端 ABSA。PyABSA 融入了最先进的 ABSA 模型，如 LSA，后者在 [斯坦福大学 2022 AI 指数报告](#)（第 83 页）中有所介绍。作为最受欢迎的 ABSA 框架之一，它服务于学术和商业用户，是 ChatGPT 首选推荐的 ABSA 工具。  
**Key Concepts:** Data Augmentation, Embedding, Self-attention, Transformer, BERT, Pretraining, Fine-tuning, Online Hub, Huggingface Demonstrations, Software Design
- **OmniGenBench** 安装量: 5k  
**摘要:** OmniGenBench 是第一个开源基准测试框架，旨在解决基因组基础模型（GFM）中的挑战。它支持多种 GFM 架构，并整合了 4200 万个基因组序列，覆盖 75 个数据集，用于评估各种基因组任务，包括 RNA 结构预测和表型分类。通过提供用户友好的微调和部署工具，OmniGenBench 促进了 GFM 应用的普及。  
**Key Concepts:** GFM Architectures, Pretraining Objective Design, Data Curation/Augmentation, Mixture-of-Experts, Scalable Software Design, AMP, Task Formulation and Implementation, LLM Concepts

## 📖 主要出版物

---

- [OmniGenBench: Automating Large-scale Benchmarking for Genomic Foundation Models](#)  
**Heng Yang**, Jack Cole, Ke Li (ArXiv Preprint)  
**TLDR:** 介绍了 OmniGenBench, 一个开源框架, 可自动化基因组基础模型的大规模基准测试, 整合了数百万个基因组序列, 覆盖众多任务, 以标准化和普及基因组模型评估。
- [Bridging Sequence-Structure Alignment in RNA Foundation Models](#)  
**Heng Yang**, Ke Li (AAAI 2025)  
**TLDR:** 提出了 OmniGenome, 一个 RNA 基础模型, 能够将 RNA 序列与二级结构对齐, 实现双向映射, 并在 RNA 设计和结构预测任务中达到最先进的性能。
- [MPRNA: Unleashing Multi-species RNA Foundation Model via Calibrated Secondary Structure Prediction](#)  
**Heng Yang**, Ke Li (EMNLP 2024)  
**TLDR:** 开发了 MP-RNA, 一个多物种 RNA 基础模型, 结合了校准的二级结构预测, 提升了跨物种基因组任务的性能。
- [The Best Defense is Attack: Repairing Semantics in Textual Adversarial Examples](#)  
**Heng Yang**, Ke Li (EMNLP 2024)  
**TLDR:** 引入了 Rapid, 这是一种采用对抗检测和攻击策略的创新方法, 用于修复文本对抗样本中的语义, 从而增强 NLP 模型的鲁棒性。
- [PlantRNAFM: An Interpretable RNA Foundation Model for Exploring Functional RNA Motifs in Plants](#)  
Haopeng Yu#, **Heng Yang**#, 等人 (Nature Machine Intelligence 2024)  
**TLDR:** 提出了 PlantRNA-FM, 一个可解释的 RNA 基础模型, 专为植物基因组设计, 促进了植物功能 RNA 模体和调控元素的发现。
- [Modeling Aspect Sentiment Coherency via Local Sentiment Aggregation](#)  
**Heng Yang**, Ke Li (EACL 2024)  
**TLDR:** 提出了一种新的局部情感聚合范式, 用于建模方面情感的一致性, 在基于方面的情感分类中实现了最先进的性能。
- [PyABSA: A Modularized Framework for Reproducible Aspect-based Sentiment Analysis](#)  
**Heng Yang**, Chen Zhang, Ke Li (CIKM 2023)  
**TLDR:** 介绍了 PyABSA, 一个基于 PyTorch 的模块化框架, 用于基于方面的情感分析, 支持超过 31 个模型和 30 个数据集, 增强了情感研究的可复现性。
- [InstOptima: Evolutionary Multi-objective Instruction Optimization via LLM-based Instruction Operators](#)  
**Heng Yang**, Ke Li (EMNLP 2023)  
**TLDR:** 提出了 InstOptima, 一个利用进化算法和基于大语言模型的指令操作符来优化多目标指令的框架, 提升了指令的清晰度和任务性能。
- [BoostAug: Boosting Text Augmentation via Hybrid Instance Filtering Framework](#)  
**Heng Yang**, Ke Li (ACL 2023)  
**TLDR:** 开发了 BoostAug, 一个混合实例过滤框架, 通过保持与自然数据集的特征空间相似性, 增强了文本增强技术, 提升了 NLP 任务的性能。
- [DaNuoYi: Evolutionary Multi-Task Injection Testing on Web Application Firewalls](#)  
Ke Li, **Heng Yang**, Willem Visser (IEEE Trans. on Software Engineering 2023)  
**TLDR:** 引入了 DaNuoYi, 一个用于 Web 应用防火墙的进化多任务注入测试工具, 通过模拟多样化的攻击向量, 提升了防火墙的安全性测试。