

# 毛茁卓

+81-070-4202-6006 | z.mao@ruri.waseda.jp | zhzhmao.github.io

## 教育经历

早稻田大学 | 情报生产系统研究科 | 工学硕士 2022.09 — 2024.09 (预计)

主要研究方向为生物信息学，在神经网络和进化计算领域方面有一定的研究和工程经验。具备扎实的肿瘤组学数据分析与建模经验，熟练运用机器学习算法和统计方法，致力于挖掘肿瘤生物学信息。

四川大学 | 网络空间安全学院 | 工学学士 2018.09 — 2022.06

课程：离散数学，概率论与数理统计，网络安全数据挖掘技术，大数据分析 with 隐私保护，应用密码学，人工智能导论。获得国家信息安全水平证书（一级）。

## 项目/研究经历

从 BulkRNA-seq 和 ScRNA-seq 数据中解析各种细胞成分 | 模型分析和基准测试 2023.10 — 至今

- 职责包括：数据集收集和质量控制，生成用于反卷积的参考基因表达矩阵，模拟 BulkRNA 数据集的生成，并评估不同反卷积方法的性能。

基因组 DNA 定量 PCR 分析以评估肿瘤异种移植中人和小鼠组织的数量 | 引物设计 2023.09 — 至今

- 基因筛选：识别在人类疾病中不常见的染色体区域，仅选择编码蛋白质的基因，过滤互补基因，并确保所选基因具有高度特异性。
- 引物设计：考虑到外显子相对于内含子不容易发生突变，将引物序列放置在基因的一个外显子内，以提高结果的可靠性。

网络虚拟资源描述与发现研究 | 模型开发 2021.12 — 2022.04

- 数据采集：实现了一个能够全面高效采集数据的网络爬虫，并提出了用户特征判别标准进行手动标注，以改善数据集质量。
- 特征提取：提出了四大类共计二十种特征，包括基本特征、行为特征、内容特征和时间特征，能够更好地描述和区分正常用户和异常用户。
- 方法论：设计了一种新的深度神经网络模型，结合了稠密连接网络 (DenseNet)、双向长短时记忆神经网络 (BiLSTM) 和注意力机制，实现了对异常用户的有效发现。该模型在不同规模和平衡性的数据集下均表现出色，能够精确、有效地用于虚拟用户的发现。

基于运动模式的移动对象空间轨迹预测模型的开发 | 模型开发 2020.09 — 2020.12

- 方法论：提出了一种基于双向长短时记忆神经网络 (BiLSTM) 与马尔可夫混合模型的移动对象位置预测问题解决方法。
- 优化：采用基于梯度的优化算法，Adam 算法，其整体性能相对较好。马尔可夫模型主要用于修正 BiLSTM 预测结果，使用了一阶马尔可夫模型。
- 结果：实验结果表明，BiLSTM 能够提高移动路径预测的准确性，在应用马尔可夫模型修正后进一步提高，误差仅为原始误差的一半。这显著提高了预测精度和可靠性。

## 工作经历

成都国信安信息产业基地有限公司 | 实习生 2021.06 — 2021.07

- 职责包括：使用 SpringBoot 框架实现 WEB 模块开发，为基线验证构建服务器平台。使用 Python 完成基线配置验证系统的开发，实现 Windows 系统不安全配置的自动检测。

## 技术能力

- 语言：熟练掌握 Python、R，熟悉 C、Java。
- 操作系统：熟练掌握 Windows 和 Linux 环境。
- 软件：熟练掌握 Microsoft Office、Markdown，熟悉 LaTeX、Git。
- 机器学习：具有丰富的机器学习算法和深度学习框架经验。
- 优化：具有丰富的元启发式算法经验，包括 GA、ACO 和 PSO 等。

## 课外经历

医疗器械工程课程 | 助教 2023.09 — 至今

- 职责包括：协助教授完成教学任务，包括课堂准备、考勤记录、解答问题和检查作业等工作。

疫情防控数据分析 | 志愿者 2020.02 — 2020.03

- 职责包括：负责仔细核实信息一致性，执行数据分析，发布到相关系统中并推送给其他部门。