

盛胡丹筠

邮箱: hudanyun.sheng@outlook.com | 电话 13683132915 | 个人网站 <https://danniesheng.github.io/>

教育背景

| | |
|--|-------------------|
| 佛罗里达大学 | 美国, 佛罗里达 |
| 电子与计算机工程硕士 | 2018.01 - 2019.12 |
| 硕士论文: 基于高光谱图像的柳枝草基因型分类 (Switchgrass Genotype Classification using Hyperspectral Imagery) | |
| 佛罗里达大学 | 美国, 佛罗里达 |
| 工业系统工程硕士 | 2016.01 - 2017.12 |
| 同济大学 | 中国, 上海 |
| 物理学学士 | 2011.09 - 2015.06 |
| 毕业论文: X射线多层膜KB成像的强度均匀性校正 | |

专业技能

- 具备扎实的数学原理、概率论和统计学基础, 并将这些概念应用于实际情境
- 熟悉包括机器学习、深度学习和计算机视觉在内的人工智能的各个方面, 熟练使用PyTorch、HuggingFace、TensorFlow和Keras等深度学习框架和工具; 开发和部署复杂的深度学习和机器学习模型; 熟悉Linux开发环境
- 擅长使用Python (NumPy、Pandas、Scikit-learn、SciPy、ggplot2、Seaborn、OpenCV、Streamlit和plotly等库) 和MATLAB等编程语言
- 熟练使用云技术 (Google Cloud工具) 进行数据科学解决方案的开发和部署, 熟练使用Git进行版本控制, 熟练使用Docker进行容器化
- 熟练使用MySQL进行数据存储和检索, 确保数据的安全性和一致性; 在云环境 (Cloud SQL) 下部署和维护数据库
- 熟练运用BigQuery数据库进行大规模数据的存储、查询和分析;
- 熟悉Web开发技术, 包括Flask框架、FastAPI框架、HTML、CSS、Ajax和JavaScript
- 熟悉电子健康档案 (EHR) 数据分析
- 熟练使用SQL、MS Office、Tableau等数据分析工具

工作经历

| | |
|---|-------------------|
| Zenni Optical | 中国, 北京 |
| 数据科学家 | 2023.06 - 2024.01 |
| 调研用于自动化解释和解析眼镜处方的先进光学字符识别 (OCR) 技术, 开发、部署及持续优化端到端Rx提取API服务 | |
| 在Google Cloud平台 (GCP) 上成功推出并维护Rx提取的FastAPI服务的多个迭代; 并提供专门针对日本市场语言差异和处方风格变化的定制版本 | |
| 为API引入了能够接收不同国家/地区和语言输入的功能, 确保这些信息能够被正确记录到CloudSQL的数据库中, 以满足用户的个性化需求 | |
| 为处方提取框架的图像质量评估模块引入处方模糊检测功能, 包含数据采集、数据标注和多任务模型训练, 以提高处方数据处理的准确性和效率 | |
| 利用BigQuery数据库对处方提取API的使用数据进行深入分析, 促进决策和服务的进一步优化 | |
| 维护实时完备的技术文档以及软件发布变更日志 | |
| 设计并制作多个 Streamlit 可视化应用, 以辅助跨部门高效沟通 | |
| 德克萨斯西南医学中心 定量生物医学研究中心 | 美国, 德克萨斯州, 达拉斯 |
| 数据科学家 | 2021.09 - 2023.05 |
| 开发基于Python的面向对象的CyTOF图像处理分析工具包, 实现空间信息和单细胞基因信息的数据融合; 利用并行运算提升10倍处理速度; 独立设计并制作基于Flask框架的图形用户界面; 实现Docker容器化 | |
| 搭建基于PyTorch框架的 Mask R-CNN 模型, 实现H&E染色的癌症病理组织影像的细胞检测、分类以及掩码分割 (检测率: 82.5%, 6分类准确率: 82.0%) | |
| 通过重新定义Mask R-CNN 模型的损失函数, 避免由于非完善数据标签造成的20%数据的损失 | |
| 设计分层分类损失函数, 实现多种肿瘤病理组织影像的数据融合, 辅助泛癌分析 | |
| 唐纳德丹福思植物科学中心 (Donald Danforth Plant Science Center) | 美国, 密苏里州, 圣路易斯 |
| 数据科学研究员 | 2020.02 - 2021.09 |
| 建立并完善包括预处理、处理、后期处理、统计分析及可视化等在内的自动化处理RGB、热成像、以及高光谱图像的算法 | |
| 利用 Mask R-CNN 预训练模型对植物叶子进行实例分割; 通过研发追踪算法来理解植物的生命周期 | |
| 参与开源软件包PlantCV (Plant phenotyping using Computer Vision) 的开发: 优化及添加新的图像分析、图像分割、目标检测、特征提取等算法及相应单元测试; 撰写软件文档; 版本控制; 参与组织PlantCV教学输出以及相关教学材料准备 | |
| 为整个科研团队提供数据处理、可视化以及统计结果分析 | |
| 作为科学培训和指导委员会联合主席, 组织学术讲座 | |
| 佛罗里达大学医疗中心 精密医学智能合作部 | 美国, 佛罗里达州, 盖恩斯维尔 |

数据科学实习生

2019.05-2019.08

- 预处理原始数据, 包括数据清洗、异常检测、批次合并、可视化等, 并确定研究队列
- 从病人的主要生命体征数据中提取时间序列特征; 调研处理不规则时序特征的文獻, 复現包括插值网络在內的算法, 并通过对比分析临床数据来比较时序数据聚类结果

学术研究经历

佛罗里达大学 机器学习及感知实验室 (Machine Learning and Sensing Lab)

美国, 佛罗里达州, 盖恩斯维尔

机器学习研究助理

2017.05-2019.12

- 研发基于多实例学习的图像分割的机器学习算法, 用于从植物微根管图片中自动检测植物根
- 搭建并完善自动分析处理植物高光谱图片及热成像图片的架构
- 利用基于纯正端元提取的高光谱解混合的算法, 实现高光谱图像的目标检测和图像分割; 研发基于孪生神经网络的分类友好型降维算法, 实现相同植物种不同基因型的分类

出版文章

-
- Sheng, H., Wang S., et al. "MTIA: An open-source python package for systematic multiplexed tissue image analysis" (in preparation)
MTIA: 一个基于Python的用于多重组织图像系统性分析的开源软件包
 - Rong, R., Sheng, H., Jin, K.W., Wu, F., Luo, D., Wen, Z., Tang, C., Yang, D.M., Jia, L., Amgad, M. and Cooper, L.A., 2022. A Deep Learning Approach for Histology-Based Nuclei Segmentation and Tumor Microenvironment Characterization. bioRxiv, pp.2022-12.
基于深度学习的用于组织学细胞核分割和肿瘤微环境表征的深度学习方法
 - Yu, G., Zare, A., Sheng, H., Matamala, R., Reyes-Cabrera, J., Fritschi, F.B. and Juenger, T.E., 2020. Root identification in minirhizotron imagery with multiple instance learning. Machine Vision and Applications, 31, pp.1-13.
利用多实例学习技术实现微根管图像中植物根的识别

综合能力

-
- 流利的英文口语及书面沟通能力
 - 较强的独立思考、工作能力, 以及较强的学习能力, 能够快速理解新知识、掌握新技术
 - 较强的沟通交流和团队协作能力, 可以同时与技术人員和非技术人員沟通技术工作

奖项与证书

-
- 西门子2023可持续技术大赛(国际黑客松比赛)“电网数据的人群使用行为”组第一名(团队)
 - 谷歌数据分析证书