

张幼麟

微生物学硕士 · 生物研发与科研数字化

1997 年出生

聚焦生物研发、单细胞组学与生物医学图像分析。结合微生物学背景与数字化工具实践，开展科研分析方案设计 & 工具开发，探索人工智能在科研场景中的应用。

工作与教育

上海迈惠生物科技有限公司 研发 | 2023 - 至今

江苏大学 微生物学 硕士 | 2020 - 2023

项目经历

Atlas 科研数据分析平台建设

围绕单细胞研究需求开展平台规划与开发，整合数据导入、质控、聚类、基因表达查询及可视化功能。

结合 Scanpy 与 AnnData 组织分析流程，支持细胞标注、研究子集管理和 H5AD 结果导出，形成可交互的科研工作台。

骨骼肌单核转录组研究与数据整合

围绕代谢与运动干预研究，开展多样本单核转录组数据整理，保留供者配对关系及分组信息。

使用 R / DropletUtils 进行细胞核调用，整合原始计数与样本信息，核对数据结构及样本对应关系。

增生性瘢痕与成纤维细胞异质性分析

基于 Seurat、scDblFinder 与 Harmony 完成多样本质控、双细胞识别、整合及细胞注释，进一步开展成纤维细胞亚群分析。

通过供者级 pseudobulk / DESeq2、GO 富集及敏感性分析，评估胶原合成与细胞外基质重塑相关信号。

张幼麟 项目经历

乳腺癌单细胞分析流程验证

选取 ER 阳性与三阴性乳腺癌公开样本，开展聚类、标记基因展示及候选细胞类型复核，串联细胞亚群分析与可视化操作。

实践 pseudobulk 差异分析、GSEA 与细胞通讯等探索性流程，核对样本分组及输入条件。

COPD 跨队列转录组与药物再定位评估

整合多个公开 COPD 转录组队列，构建药物响应与疾病表达特征的比较流程，评估候选药物的表达逆转信号。

采用跨队列一致性与留一队列敏感性分析，检验表达逆转信号的稳健性。

生物医学图像与空间定量分析

基于 QuPath 与 Cellpose-SAM 构建多重免疫荧光分析流程，完成组织图像分割、荧光强度测量及空间分布可视化。

围绕不同标志物的测量区域与信号特征开展定量整理，输出逐对象数据、质控图和可复查项目，支持组织微环境研究。

专业技能

组学与数据分析 R / Python 分析实践；Seurat、Scanpy、Harmony、pseudobulk / DESeq2 及通路富集；多样本整合与研究设计核对。

生物医学图像 多重荧光图像分析、智能分割、空间定量及科研可视化表达。

科研工具研发 结合 AI 辅助编程开展分析工具与交互平台开发，推动科研需求向工具实现转化。

科研方案与交付 研究需求梳理、技术方案组织、分析流程规范化及科研成果呈现。