

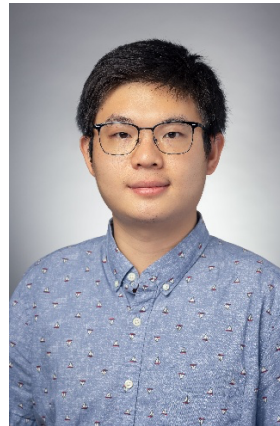
个人简历

孙黄青渤 (Huangqingbo Sun)

斯坦福大学 生物工程系 博士后研究员

一、基本信息

姓名	孙黄青渤
性别	男
国籍	中国
出生年月	1997年5月29日
现居住地	美国加利福尼亚州斯坦福市
联系邮箱	sunh@stanford.edu
通讯地址	443 Via Ortega, Stanford, CA 94305



二、教育背景

2015.09~2019.06	华中科技大学 光学与电子信息学院 光学与电子信息工程, 本科 学位: 理学学士
2019.08~2021.05	卡内基梅隆大学 (Carnegie Mellon University) 计算机学院 自动化科学, 硕士研究生 学位: 理学硕士
2021.05~2024.05	卡内基梅隆大学 (Carnegie Mellon University) 计算机学院 计算生物学, 博士研究生; 辅修: 机器学习 学位: 博士 (Ph.D.) 导师: Robert F. Murphy 教授

三、工作经历

博士后研究员 斯坦福大学 生物工程系 (Stanford University, Department of Bioengineering), 2024年至今
合作导师: Emma Lundberg 教授

研究方向: 1. 基于人类蛋白质图谱 (Human Protein Atlas) 数据, 构建可在全蛋白质组尺度生成空间分辨免疫荧光图像的深度学习模型; 2. 面向药物发现的多模态生成式人工智能驱动高多重表型分析系统; 3. 多组学整合分析解析细胞空间组织在肿瘤发生发展中的作用机制。

四、科研成果

* 通讯作者 † 共同作者

(一) 预印本

1. Sun, H., Kahnert, K., Hansen, J. N., Leineweber, W., Li, M., Feng, W., ... & Lundberg, E.* (2026). Generative machine learning unlocks the first proteome-wide image of human cells. (submitted to *Science*) *bioRxiv*.

(二) 期刊与全文会议论文

2. Stemm-Wolf, A. J., Soh, A. W., Mitchell, L. E., Sun, H., Collet, E., Dholakia, G. L., ... & Pearson, C. G.* (2026). Big1 is a cell-cycle regulator linking cell size to basal body number in *Tetrahymena thermophila*. *Current Biology*, 36(7), 1882–1891.
3. Hansen, J. N., Sun, H.†, Kahnert, K.†, Westenius, E., Johannesson, A., Villegas, C., ... & Lundberg, E.* (2025). Intrinsic heterogeneity of primary cilia revealed through spatial proteomics. *Cell*, 188(24), 6804–6824.
4. Sun, H., Yu, S., Casals, A. M., Bäckström, A., Lu, Y., Lindskog, C., ... & Murphy, R. F.* (2025). Flexible and robust cell-type annotation for highly multiplexed tissue images. *Cell Systems*, 16(9).
5. Sun, H., Li, J., & Murphy, R. F.* (2024). Expanding the coverage of spatial proteomics: a machine learning approach. *Bioinformatics*, 40(2), btae062.
6. Sun, H., Soh, A. W., Mitchell, L. E., Pearson, C. G., & Murphy, R. F.* (2023). Basal body organization and cell geometry during the cell cycle in *Tetrahymena thermophila*. *Molecular Biology of the Cell*, 34(6), ar53.
7. Sun, H.†, Fu, X.†, Abraham, S., Jin, S., & Murphy, R. F.* (2022). Improving and evaluating deep learning models of cellular organization. *Bioinformatics*, 38(23), 5299–5306.
8. Sun, H., & Murphy, R. F.* (2021). Evaluation of categorical matrix completion algorithms: toward improved active learning for drug discovery. *Bioinformatics*, 37(20), 3538–3545.
9. Sun, H., Zhou, W., Zhang, Z., & Wan, Z.* (2018). A MEMS variable optical attenuator with ultra-low wavelength-dependent loss and polarization-dependent loss. *Micromachines*, 9(12), 632.

(三) 短篇会议与研讨会论文

1. Sun, H., & Murphy, R. F.* (2020). An improved matrix completion algorithm for categorical variables: application to active learning of drug responses. In *ICML 2020 Workshop on Real World Experiment Design and Active Learning*.

(四) 书籍章节

1. Sun, H., & Murphy, R. F. (2024). Learning Morphological, Spatial, and Dynamic Models of Cellular Components. In *Imaging Cell Signaling* (pp. 231–244). New York, NY: Springer US.

五、学术报告与会议演讲

- Generative Modeling of proteome-wide image of human cells with *ProtiCelli*. Stanford HAI Hoffman-Yee Virtual Cell Modeling Project Lunch Talk, Apr 2026 (Stanford, US) and Biohub SF Inter-lab Confab, May 2026 (San Francisco, US).
- Student talk: Image-based generative modeling of spatial patterns of protein expression. *The 22nd edition: Frontiers of Biophysics*, Jul 2025 (Erice, Italy).
- In silico labeling of multiplexed imaging.

Spatial Omics and AI: Bridging Discovery and Translational Medicine, Mar 2025 (Lisbon, Portugal).

- Common cell type annotation in highly multiplexed tissue imaging atlas.
Spatial Biology Summit, Sep 2024 (Stanford, US).
- Data-driven Optimization of Biomarker panels in Highly Multiplexed Imaging.
The QBI Multiplex Image Analysis 2023 workshop, Oct 2023 (San Diego, US).
- CellOrganizer: Learning Morphological, Spatial, and Dynamic Models for Cellular and Subcellular Component.
BIRS Workshop on Mathematical Methods for Exploring and Analyzing Morphological Shapes across Biological Scales, Sep 2023 (Banff, Canada).
- Active Machine Learning for Biological Discovery.
European Society of Medicine General Assembly, July 2022 (virtual).

六、荣誉与奖励

- 优秀奖学金 (Merit Fellowship) ——卡内基梅隆大学计算生物学系, 2019–2021 年。

七、教学与人才培养

(一) 指导学生

- Jiayi Li (硕士研究生, 2022 年春季 – 2023 年秋季)
- Shiqiu Yu (硕士研究生, 2023 年夏季 – 2024 年夏季)
- CMU 本科生人工智能导师计划 (2023 年秋季、2024 年春季)

(二) 助教经历

- 02-680 基础数学与统计——卡内基梅隆大学, 2021 年秋季 (助教)
- 02-750 科学研究自动化——卡内基梅隆大学, 2022 年春季 (助教)

八、学术服务

同行评审:

Bioinformatics, *Cell Reports Methods*, *ICLR 2024 & 2025 Workshop*, *Cell Systems*, *Journal of Scientific Computing*.