



符源

Yuan Fu

复旦大学·生物信息学博士在读·预计 2027 年毕业

单细胞多组学 | AI for Science | 虚拟细胞 | 抗体设计

198 2122 1698

yfu_fudan@163.com

个人主页: yuanfu-bio.github.io



扫码浏览个人主页

围绕自身免疫性疾病、肝脏衰老与炎症、B 细胞发育等领域展开多组学研究，主导了细胞表面蛋白邻近网络的算法开发与分析体系构建，并具备抗体设计、分子动力学模拟及结构分析经验。在AI4S方向，主导了面向单细胞配对多组学数据的 AI Agent 开发与落地，并参与双模态高掩码对比学习方案的设计及单细胞多组学基础模型的构建。

教育经历

复旦大学生物医学研究院	生物信息学博士（卓博计划）	2023.09-2027.06（预计）
复旦大学药学院	药学本科	2019.09-2023.06
复旦大学经济学院	经济学第二专业	2020.09-2023.06

荣誉奖励

DeeCamp 总冠军（2026）；上海市优秀毕业生（2023）；复旦大学泛海学者（2022）；复旦大学优秀学生（2020/2025）；优秀学生干部（2022）；优秀共青团员（2022）；复旦大学卓博奖学金（25 万元，2022-2027）；沈自尹院士医学奖学金（2022）；复旦大学金龙鱼冠名奖学金（2022）；陈锦聪冠名奖学金（2021）。

代表研究与项目

单细胞数据策展与虚拟细胞 | CellLore/CellEclipse · DeeCamp 总冠军（2026）项目地址: github.com/yuanfu-bio/CellLore

- 主导 CellLore 数据策展 Agent 开发，将分散的公开数据转化为可追溯的 RNA-ATAC 配对语料，构建 HuPMO 配对数据集：113 项研究、1,028 个配对单元、约 898 万落盘细胞、60 类组织；
- 参与 CellEclipse 双模态高掩码对比学习方案设计与基础模型构建。

单细胞多组学新技术与蛋白邻近网络 | PI-seq 核心算法与统计建模

- 参与单细胞多组学新技术开发，主导蛋白邻近网络算法与分析体系，将蛋白共捕获信息转化为邻近评分及差异网络。
- 以随机置换零模型与标签置换检验评估背景共捕获及组间随机差异；联合效应量、显著性与跨供体支持筛选候选蛋白对，避免仅凭统计显著性判断。
- 联合 RNA、蛋白丰度与邻近网络，核查丰度效应与供体间一致性，评估候选关系的生物学合理性。

免疫调控与疾病机制研究 自身免疫·衰老·发育

- 自身免疫性疾病：整合 SLE 相关 B 细胞的多组学证据，研究细胞表面分子组织变化及疾病关联。
- 肝脏衰老与炎症：整合单细胞转录组与细胞通讯证据，研究胆管细胞的炎症响应与免疫调节作用，结合通路活性与多方法交叉验证，提出微环境变化的候选机制。
- 代谢物调控 B 细胞发育：整合单细胞时间序列与转录调控网络，关联候选转录因子、靶基因功能与分化过程，提出代谢调控免疫发育的机制假设。

条码测序分析与分子定量 | TagForge · 自主开发工具 项目地址: github.com/yuanfu-bio/TagForge

- 自主开发条码测序分析与分子定量工具，支持不同文库结构，将复杂读段转化为可追溯的分子证据与稀疏计数。
- 结合 Parquet、DuckDB、分组并行与断点恢复，构建可复用的批次分析流程，自动生成质控与计数报告。

抗体设计与结构计算 抗体设计·结构与模拟

- 结合抗体语言模型微调、BCR/SHM 分析与轻重链配对学习开展候选设计；整合 AlphaFold3 复合物预测、界面评分与序列聚类，建立候选表位的计算筛选流程。
- 开展 EGFR、XPA 的结构与分子动力学分析，结合构象与相互作用能解释分子特征，为后续实验提供计算依据。

专业能力

生物学基础：具备扎实的细胞生物学、分子生物学与免疫学基础，能结合疾病背景理解组学结果。

数据理解：对细胞状态、样本差异及异常信号敏感，能结合生物学知识识别偏差、交叉核验并解释结果。

组学分析：scRNA-seq、scATAC-seq、CITE-seq、ChIP-seq、CUT&Tag；多模态整合、差异与转录调控分析。

AI 与结构计算：PyTorch、Agent 开发、模型微调、多模态学习；AlphaFold3、GROMACS、表位筛选与分子模拟。

数据与工程：Python、R、Parquet、DuckDB、Docker、Slurm；分组并行、断点恢复及自动报告。

实习经历

罗氏（中国）Roche CE Oncology · 医药信息顾问 2023.09-2024.09

负责复旦肿瘤、中山、瑞金三家医院近 200 名患者的医药信息沟通，协助慈善援助申请及赠药服务。