履歷

一、研究領域

本名吳承翰，現今從國立高雄應用科技大學電子工程系碩士班休學中，主要研究生物資訊、Data mining、最佳化演算法之相關問題，研究問題以單核苷酸多態性 (Single Nucleotide Polymorphism, SNP) 作為標誌基因 (gene marker)，並利用最佳化演算法進行SNP多因子疾病關聯性分析研究找尋致病基因位置，進而提供學者調控資訊，為遺傳性疾病、複雜型疾病 (complex disorder) 實行藥物設計。

二、經歷 - 論文發表

研究成果自大學至碩士班迄今，擁有一篇期刊、三篇國際研討會、二篇國內研討會。在碩士班期間，提出使用一種混沌粒子族群最佳演算法，搭配各種SNP組合特徵，並計算與乳癌疾病之關聯性程度，取得關聯性高之保護因子，並在The 4TH International Conference on Engineering and Applied Sciences (ICEAS 2014)發表第一篇國外研討會，而後大會建議發表於期刊上，結果受Asian Journal of Engineering and Technology期刊肯定，並發表於其中。

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 國內/國外 | 時間 | 參與研討會 | 期刊 | 發表方式 | 論文名稱 |
| 國外 | Jan. 07 -09, 2014 | 47th Annual Hawaii International Conference on System Sciences |  | 無發表  (進行英文報告及  見習) | SNP-SNP Interaction using Gauss Chaotic Map Particle Swarm Optimization to Detect Susceptibility of Breast Cancer. |
| 國外 | Jul. 22 - 24, 2014 | The 4TH International Conference on Engineering and Applied Sciences (ICEAS 2014) | Asian Journal of Engineering and Technology. | Oral | Sinusoidal Map Based Particle Swarm Optimization Detect the SNP Barcode in Breast Cancer to Disease Susceptibility. |
| 國外 | May. 25 - 28, 2015 | The annual IEEE Congress on Evolutionary Computation (IEEE CEC) |  | Oral | Centripetal accelerated particle swarm optimization  for generating SNP barcode in breast cancer.\*附件1(pdf檔) |
| 國內 | Dec. 7, 2013 | The 19th conference on information management & practice (第十九屆資訊管理暨實務研討會) |  | Oral | 教與學演算法預測鼠類基因組中之CpG島位置 |
| 國內 | Mar. 22, - 23, 2015 | 2015 Conference on Information Technology and Application in Outlying Islands (第十四屆離島資訊技術與應用研討會) |  | 已錄取，因颱風天未前往進行報告 | 改良式精英型教學演算法於檢測乳癌疾病保護因子\*附件2(pdf檔) |
| 國外 | June 25-27, 2016 | 2016 5th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Science  (ICBBS 2016) |  | Oral | Identification of SNP-SNP interaction using Entropy-based multifactor dimensionality reduction in Case-Control studies |

三、經歷 - 計畫參與

曾協助三份大專生研究計畫(科技部通過)、執行一份大專生研究計畫(結案報告)、並協助科技部專案計畫，計畫名稱如下表所示。

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 時間/年份 | 類別 | 負責部分 | 計畫名稱 |
| 104 | 大專學生研究計畫 | 協助執行計畫 | 田口基因演算法選取SNP位點於疾病預測 |
| 103 | 大專學生研究計畫 | 協助執行計畫 | 改良基因演算法預測蛋白質結構 |
| 103 | 大專學生研究計畫 | 協助執行計畫 | 差分演算法於Case-Control study分析SNP-SNP interaction |
| 102 | 大專學生研究計畫 | 執行計畫 | 尋找最佳生物特性參數於CpG islands之預測提供可靠的參數以提升PSO演算法預測能力\*附件3 (pdf檔) |
| 103-104(協助年份) | 一般型研究計畫 | 協助撰寫計畫、協助執行計畫 | 建構藥物-基因分析平台植基於疾病關聯性基因之SNP相互作用網路 |

四、進行中與未來規劃

目前已成功結合Interaction Gain多因子降維法(Multifactor Dimensionality Reduction, MDR)方法解決SNP問題的研究，希望未來融入deep learning (RNN)的技術於建立分類器以預測各領域預測模型。

有興趣的題目包含巨量資料分析 (Hadoop、Spark)、機器學習 (Deep learning- ANN、CNN、RNN)、資料探勘 (分類器MDR、SVM…等)，目前以Java及Python進行程式設計，並希望有機會能有空間進修、學習更多關於其他程式語言、統計module與演算法結合的資料分析設計。