田德朝

电话 (1) 412-583-6800

dechaotian@gmail.com

https://tian-dechao.github.io

统计学和数据科学热爱者、统计学博士、有丰富的统计模型和机器学习算法的开发和应用经验

工作经历

美国疾病控制与预防中心

数理统计师, 2019年4月至今

- 开发机器学习模型从大维基因数据和临床数据中检测异常类
- 开发开源互动 Web 应用用于大数据可视化
- 教授 R 统计编程语言

卡内基梅隆大学

博士后研究员, 2015年4月至2019年3月

- 开发基于图模型和图论的高维机器学习算法
- 开发基于大维随机矩阵的统计假设检验方法鉴别有显著区别的空间结构
- 样本量计算和功效分析

新加坡国立大学

研究助理, 2014年9月-2015年4月

• 开发基于图模型子图的排序方法并应用到生物网络中鉴别核心基因

新加坡眼科研究所

兼职统计师, 2011年2月-2015年4月

- 应用多种统计模型分析临床数据
- 提供统计咨询

教育背景

2010年8月-2015年4月	新加坡国立大学	统计系	博士
2009年9月-2011年6月	东北师范大学	统计系	硕士
2005年9月-2009年6月	东北师范大学	数学系	学士

技能

• 编程语言: Python, Bash, Matlab

• 数据分析: R, Python scikit-learn, SAS

• 数据可视化: Shiny

语言

• 英语: 熟练

获得证书

• SAS Base 认证

发表论文

- 12. MOCHI enables discovery of heterogeneous interactome modules in 3D nucleome. bioRxiv, doi: https://doi.org/10.1101/542092..
- 11. Diffdomains: model-based identification of significantly reshaped chromatin domains from Hi-C contact matrices between normal and disease conditions. In Preparation.
- 10. Exploiting the interplay between chromatin interactome and transcriptional regulatory network. In Preparation.
- 9. Identifying gene regulatory network rewiring using latent differential graphical models. Nucleic Acids Research.
- 8. Retinal vein occlusion in a multi-ethnic asian population: the singapore epidemiology of eye disease study. Ophthalmic Epidemiology.
- 7. Plasma metabonomic profiling of diabetic retinopathy. Diabetes.
- 6. Ex vivo propagation of human corneal stromal "activated keratocytes" for tissue engineering. Cell Transplantation.
- 5. Global metabonomic and proteomic analysis of human conjunctival epithelial cells (IOBA-NHC) in response to hyperosmotic stress. Journal of Proteome Research.
- 4. Quantitation of 47 human tear proteins using high resolution multiple reaction monitoring (HR-MRM) based-mass spectrometry. Journal of Proteomics.
- 3. Profiling human cell-type specific transcription factor regulatory networks. Nucleic Acids Research.
- 2. Involvement of GABA transporters in atropine-treated myopic retina as revealed by iTRAQ quantitative proteomics. Journal of Proteome Research.
- 1. Sharp bounds and normalization of wiener-type indices. PLOS ONE.