# 何奇軒

手機:0921-029-417

電子信箱: jeff665547@gmail.com

地址:台北市萬華區寶興街 140 巷 52 號 8 樓之 2

生日:1994.06.10



## 教育背景

國立台灣大學

台灣,台北

2016.9 - 2018.6

流行病學與預防醫學研究所 碩士

- 主修為生物統計組,主要研究領域為基因統計。
- 做事細膩認真、擔任兩年研究助理。
- 畢業論文:以非常態情境評估基因集合分析方法在真實基因資料下之表現研究 | Statistical Evaluation for Methods of Gene-set Analysis with Multivariate Non-normal Scenarios · 並於 2018 年研究生研究成果海報展獲得傑出海報獎 (第一名、共 43 位參賽者)。
- 主要課程:計算生物學原理與應用、遺傳資料統計分析、高等生物統計學方法(廣義線性模型、 存活分析)、臨床試驗。

國立成功大學

台灣,台南

數學系 學士

2012.9 - 2016.7

- 成功大學 103 學年度統計競試 第三名 (共 425 名參賽者)。
- 主要課程:微積分、高等微積分、機率論、統計學、生物統計學、數理統計、應用數學方法。

# 經歷

# Centrillion Technologies 美商生捷科技

台灣,新竹

生資工程師、軟體研發工程師

2019.2 - 2022.11

• 系統開發與維護:

#### 晶片掃描儀自動對焦演算法

git · GitLab CI/CD (CentOS7, WIN) · CMake · Hunter · Modern C++ (C++17) · OpenCV · Eigen · Image Processing · Autofocus

專案主要開發者。

獨立研究開發並且改良 Brenner 銳利度對焦演算法(Yazdanfar et al. 2008)。

開發二階段對焦技術加速單張影像對焦速度。

開發自動晶片影像降噪技術提升影像對焦準確度。

評估各式演算法實際運行之對焦速度以及準確度。

利用 OpenCV 以及 Eigen 實作該對焦演算法。

利用 Doxygen 撰寫軟體開發技術文件。

軟體實際上線在維持相同影像清晰度之下,對焦速度提升 6 倍多(9.3 sec / frame  $\rightarrow$  1.5 sec / frame)。

### 晶片影像定位及探針訊號擷取系統

git · GitLab CI/CD (CentOS7, WIN) · CMake · Hunter · Modern C++ (C++17) · OpenCV · boost · Range-v3 · Image Processing · Computer Vision

專案主要開發者與協助開發者。

以良好的溝通能力理解、分析及預測晶片研發部門以及客戶需求、並開發符合需求之演算法以及函式庫。導入統計演算法標定螢光晶片標記影像位置、並且提升螢光晶片影像定位成功率。

開發自動救援機制提升晶片影像定位成功率。

利用 OpenCV 中之物件偵測統計演算法(模式匹配技術)辨識晶片標記影像位置。

利用 OpenCV 中之相機校正以及幾何圖像轉換演算法取得每個探針(probe)影像的位置資訊。

利用統計指標擷取每個探針中具有代表性的訊號資訊,並且產生 heatmap。

利用 CMake 編譯,並且編寫修改 GitLab 上的 CI/CD Runner 執行打包發布以及自動測試流程。

利用 Doxygen 撰寫軟體開發技術文件。

軟體實際上線晶片標記辨識準確度達 99%以上,

相較於前一代演算法,整體探針訊號準確度提升(平均 0.14%↑),

程式穩定性提升(客訴率:1~2件/月 → < 0.1 件/月)。

### 自動化晶片影像品質分析軟體

☑ C++ · OpenCV · PyQt5 · Matplotlib · PyInstaller · Windows Batch

專案主要開發者。

以良好的溝通能力理解、彙整、分析廠務產線單位需求,並設計符合需求之軟體。

利用 C++與 OpenCV 設計自動辨識演算法。

自學並獨立研究 PyQt5 技術,設計互動式 GUI 提供自動辨識之結果檢視與修正,以利正確產出後續報表分析。

撰寫說明文件,並將軟體打包部署至工廠產線,進行相關之教育訓練,以減少時間、人力與硬體成本。 軟體實際上線辨識準確度達 99%以上。

### 奈米孔洞測序訊號分析程式

SciPy · Plotly · Windows Batch

專案主要開發者。

利用 SciPy 函式庫進行訊號分析。

利用 Python 以及互動式視覺化套件 Plotly 提供工程師即時取得分析資訊。

撰寫說明文件,並將軟體技術移轉給別的部門,進行教育訓練,以減少時間與人力成本。

#### 晶片雜訊檢測程式

Python Matplotlib

專案協助開發者。

依照廠務產線單位需求設計演算法及程式,並利用Matplotlib呈現分析資訊的結果。

撰寫說明文件,並進行教育訓練,以減少時間與人力成本。

#### 測試相關輔助軟體

Python \ Git \ Windows Batch

專案主要開發者。

輔助生成測試影像資料,確保機台產出的數值能正常地被後續系統使用,維持整個系統正常運作。

建立各專案的變更紀錄格式,利用 git 版本控管技術,在 CI 上利用程式自動爬取各專案的紀錄並將資訊整合。

#### • 演算法評估及設計:

#### 提升晶片合成準確率

Machine Learning SciPy R Plotly Windows Batch

專案主要開發者。

評估各式機器學習分類方法,並且協助開發提升晶片合成準確率之演算法。

利用探針數值的統計性質,並且使用 R 語言校正隨機誤差並還原晶片應有的訊號值。

• 技術支援、演講分享、教育訓練:撰寫及維護軟體技術文件、定期到交大實驗室進行 AI 研究技術分享、教學演講與現場展示。(tSNE、UMAP、SCVIS、MOFA、Normal Gamma)。

製作 CMake 教學計畫(手把手實作教學系列),並且教育訓練協助其他軟體開發者與研究生。

製作 vcpkg 套件管理器教學計畫(手把手實作教學系列),並且教育訓練協助其他軟體開發者與研究生。

- 協作溝通:擔任跨團隊的溝通窗口,協助硬體部門 FAE 回覆問題,並提供軟體技術支援。
- 系統測試:計畫領導者、撰寫測試計畫、測試時程管控、建立軟體測試及發布流程、訂定測項、協調調度助理工程師、撰寫測試報告書,使軟體品質穩定度提升30%。

### 台灣大學 蕭朱杏教授實驗室

*研究助理* 2016.9 – 2018.6

- 碩士論文:以非常態情境評估基因集合分析方法在真實基因資料下之表現研究。
- 資料處理:使用R軟體從 NCBI GEO、TCGA 以及 KEGG 資料庫中挑選 mRNA 基因表現量資料並且蒐集癌症相關 pathway 資訊。
- 資料分析:使用 R 軟體對基因資料進行高維度常態性檢定分析。
- **演算法評估及設計**:利用 R 軟體並使用多維度混合分布模擬資料,並評估現有的基因統計方法以及演算法在非常態情境下的表現。
- 資料視覺化:利用 Plotly 呈現互動式分析結果,並且開發雷達圖及其他互動式視覺化技術,將 所有資訊整合更加一目了然。

# 第一屆 科技大擂台 – 與 AI 對話

台灣,台北

計畫助理

2017.7

- 協助設計比賽的題目。
- 使用 Python 軟體清理比賽時使用的公共電視節目語料庫資料。

# 第五屆 數學營 成功大學

台灣,台南

活動組成員

2013.1 - 2013.2

• 與其他組員合作設計出給高中生參加的營隊活動。

### 證照和專業技能

- 2017 台灣大學資訊系統訓練班: Python, Linux, MySQL, C++。
- 軟體與程式語言: R (精通), SAS (熟悉), Python (熟悉~精通), C/C++(熟悉~精通), Linux (略懂), MySQL (略懂), SPSS (略懂), SAS EG (略懂)。
- 語言:中文 (母語),英文:中等。
- 技能:資料視覺化、網路爬蟲、系統程式開發以及機器學習。