

# 杨屹

Department of Biostatistics  
Columbia University  
722 W 168th St, New York, NY 10032

电话: +1 (612) 594-0835  
邮箱: yy3136@cumc.columbia.edu  
个人主页: yiyangphd.github.io/cn

## 教育经历

博士, 生物统计学, 明尼苏达大学	2020 年 6 月
硕士, 生物统计学, 明尼苏达大学	2017 年 8 月
硕士, 社会工作, 纽约大学	2013 年 5 月
学士, 信息管理与信息系统, 竺可桢荣誉学院, 浙江大学	2011 年 6 月

## 研究经历

**博士后, 生物统计系, 哥伦比亚大学** 2020 年 7 月 – 至今  
导师: Iuliana Ionita-Laza 博士  
课题: 基于仿制变量模型的变量选择及其在全基因组关联分析中的应用

**研究助理, 生物统计系, 明尼苏达大学** 2016 年 5 月 – 2020 年 6 月  
导师: Lin Zhang 博士和 Saonli Basu 博士  
课题: 基于贝叶斯层次模型的变量选择及其在全基因组关联分析中的应用

导师: James Hodges 博士  
课题: 统计学方法在前瞻性胰腺炎和头颈癌观察研究中的应用

## 教学经历

**教学助理, 生物统计系, 明尼苏达大学** 2015 年 9 月 – 2016 年 5 月  
教学对象: 研究生  
课程: PubH 6450 Biostatistics 1 和 PubH 6414 Biostatistics Literacy

**讲师, 经济管理系, 福州大学至诚学院** 2013 年 8 月 – 2015 年 7 月  
教学对象: 二、三年级本科生  
课程: 统计学、数据库原理、计算机网络、管理信息系统

## 论文

1. **Yang, Y.\***, Basu, S., & Zhang, L. (2021). A Bayesian hierarchically structured prior for gene-based association test with multiple traits in genome-wide association studies. *Genetic Epidemiology*, <https://doi.org/10.1002/gepi.22437>.
2. **Yang, Y.\***, Basu, S., & Zhang, L. (2021). A Bayesian hierarchically structured prior for rare-variant association testing. *Genetic Epidemiology*, 45(4), 413-424.
3. **Yang, Y.**, Basu, S., & Zhang, L. (2020). A Bayesian hierarchical variable selection prior for pathway-based GWAS using summary statistics. *Statistics in Medicine*, 39, 724-739.
4. **Yang, Y.**, Basu, S., Mirabello, L., Spector, L., & Zhang, L. (2018). A Bayesian gene-based genome-wide association study analysis of osteosarcoma trio data using a hierarchically structured prior. *Cancer Informatics*, 17, 1176935118775103.

5. Harindhanavudhi, T., **Yang, Y.**, Hodges, J., Pruett, T., Kirchner, V., Beilman, G., & Bellin, M. (2021). Body weight and body composition in patients with chronic pancreatitis are associated with islet function after total pancreatectomy and islet cell transplantation. *Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 106(2), e496–e506.
6. Nathan, J., **Yang, Y.**, Witkowski, P., ..., Hodges, J., & Bellin, M. (2021). Surgical approach and short-term outcomes in adults and children undergoing total pancreatectomy with islet autotransplantation: A report from the Prospective Observational Study of TPIAT. *Pancreatology*, <https://doi.org/10.1016/j.pan.2021.09.011>.
7. McEachron, K. R., **Yang, Y.**, Hodges, J. S., Beilman, G., Kirchner, V. A., Pruett, T. L., Chinnakotla, S., Hering, B. J., & Bellin, M. D. (2021). Performance of modified IGLS criteria to evaluate islet autograft function after total pancreatectomy with islet autotransplantation. *Transplant International*, 34(1), 87-96.
8. McEachron, K., **Yang, Y.**, Hodges, J., Beilman, G., Pruett, T., Kirchner, V., Freeman, M., Trikudanathan, G., Mulier, K., Ptacek, P., & Bellin, M. (2020). Alterations in enteroendocrine hormones after total pancreatectomy with islet autotransplantation. *Pancreas*, 49(6), 806-811.
9. Gutama, B., **Yang, Y.**, Beilman, G., Freeman, M., Kirchner, V., Pruett, T., Chinnakotla, S., Downs, E., Trikudanathan, G., Schwarzenberg, S., Hodges, J., Bellin, M. (2019). Risk factors associated with progression towards endocrine insufficiency in chronic pancreatitis. *Pancreas*, 48(9), 1160-1166.
10. Trikudanathan, G., Elmunzer, B. J., **Yang, Y.**, Abu-El-Haija, M., Adams, D., Ahmad, S., ... & Freeman, M. L. (2021). Preoperative ERCP has no impact on islet yield following total pancreatectomy and islet autotransplantation (TPIAT): Results from the Prospective Observational Study of TPIAT (POST) cohort. *Pancreatology*, 21(1), 275-281.
11. McEachron, K., Skube, M., **Yang, Y.**, Hodges, J., Wilhelm, J., Beilman, G., Chinnakotla, S., Schwarzenberg, S., & Bellin, M. (2019). Utility of arginine stimulation testing in preoperative assessment of children undergoing total pancreatectomy with islet autotransplantation. *Clinical Transplantation*, e13647.
12. Brennan, M., Treister, N., Sollecito, T., Schmidt, B., Patton, L., **Yang, Y.**, Lin, A., Elting, L., Hodges, J., & Lalla, R. (2021). Epidemiologic Factors in Patients with Advanced Head and Neck Cancer Treated with Radiation Therapy. *Head & Neck*, 43(1), 164-172.
13. Chinnakotla, S., Verghese, P., Chavers, B., Rheault, M. N., Kirchner, V., Dunn, T., Kashtan, C., Nevins, T., Mauer, M., Pruett, T., Kim, Y., Najera, L., Hanna, C., Kizilbash, S., Cook, M., Cisek, L., Gillingham, K., **Yang, Y.**, Matas, A., & Najarian, J. (2017). Outcomes and risk factors for graft loss: lessons learned from 1,056 pediatric kidney transplants at the University of Minnesota. *Journal of the American College of Surgeons*, 224(4), 473-486.
14. Wang, Q., **Yang, Y.**, Wang, Q., & Ma, Q. (2014). The effect of human image in B2C website design: an eye-tracking study. *Enterprise Information Systems*, 8(5), 582-605.

#### 即将发表

15. **Yang, Y.**, Wang, C., Liu, L., Buxbaum, J., He, Z., & Ionita-Laza, I. (2021+). KnockoffTrio: A knockoff framework for the identification of putative causal variants in genetic association studies with trio design.

\* 通讯作者

学术报告
------

1. 北京师范大学京师青年学者论坛，《Bayesian hierarchical models and knockoff statistics for variable selection》，2021年12月于中国北京市。
2. 哥伦比亚大学医学院统计遗传学期刊研讨会，《Knockoff statistics and applications to genome-

wide association studies》，2021 年 5 月于美国纽约市。

3. 2019 年联合统计会议（JSM），《A Bayesian hierarchical variable selection prior for pathway-based GWAS using summary statistics》，2019 年 7 月于美国丹佛市。
4. 2019 年美国统计协会（ASA）双城分会春季会议，《A Bayesian hierarchical variable selection prior for pathway-based GWAS using summary statistics》，2019 年 4 月于美国明尼阿波利斯市。
5. 2018 年联合统计会议（JSM），《A Bayesian gene-based GWAS analysis of osteosarcoma trio data using a hierarchically structured prior》，2018 年 7 月于加拿大温哥华市。

#### 荣誉奖项

Jacob E. Bearman 学生成就奖，明尼苏达大学	2020 年
最佳学生研究成果展示奖，明尼苏达大学	2019 年
学生会专业发展奖，明尼苏达大学	2019 年
院长博士学者奖，明尼苏达大学	2017 年
杰出研究助理奖，明尼苏达大学	2017 年
生物统计学夏令营奖学金，华盛顿大学	2017 年
John E. Connett 一年级学生奖，明尼苏达大学	2016 年
Shirley M. Ehrenkranz 奖学金，纽约大学	2012 年
浙江大学本科生百优论文奖，浙江大学	2011 年
全国信息学奥林匹克竞赛一等奖	2002-2004 及 2006 年

#### 软件开发

1. KnockoffTrio: R 程序包，用于在以家庭为单位的全基因组测序数据中发掘致病基因点位，同时具备元分析功能。
2. HSVS-M: R 程序包，仅需概括统计量便可同时检测多个遗传变异点位和多个性状的关联性。
3. HSVS-A: R 程序包，用于检测罕见遗传变异点位和单性状的关联性。

#### 学术事务

同行评审: Cell Genomics