

个人简历

个人信息

姓名: 竺涌楠
手机号码: 15958199254
邮箱: zhuyongnan@hotmail.com
个人主页: www.zhuyongnan.cn
代码托管 (GitHub): [yongnanzhu](https://github.com/yongnanzhu), [younyzhu](https://github.com/younyzhu)
Stackoverflow: [yongnan@umbc.edu](https://stackoverflow.com/users/1049442/yongnan@umbc.edu)

座右铭: 努力不一定有所收获, 不努力一定一无所获
通信地址: 浙江省杭州市高教园区杭州电子科技大学



求职意向

HTML5 研发工程师
Javascript 研发工程师
数据可视化工程师

教育背景

2014/1 - 2015/1	美国马里兰大学	研究助理	访问学者
2012/9 - 2015/4/1	杭州电子科技大学	计算机应用与技术	硕士
2008/9 - 2012/7	内蒙古科技大学	信息管理与信息系统	本科

专业技能

- ◇ 掌握 C/C++, Javascript(Jquery), Canvas, WebGL, SVG, Ajax, Qt, OpenGL。
- ◇ 掌握 HTML5 下的图形开发设计: 熟练运用 **D3.js** 2D 数据可视化库, **Three.js** 3D 图形开发库, 接触过 **Kinetic.js** 游戏开发库的相关源码
- ◇ 掌握 HTML5 下的 XML, JSON 等数据的处理。
- ◇ 具有良好的代码习惯和一定的文档编写能力
- ◇ 对技术有激情: 经常访问 Github, Stackoverflow

项目经验

➤ 2014/12--2015/1.3 WebGIVI

相关技术: javascript(Jquery), HTML5, SVG, D3.js 数据可视化库

网址: http://raven.anr.udel.edu/~sunliang/webgivi_github/index.php

项目描述: WebGIVI 是为了帮助生物学家分析和处理从 eGIFT 得到的基因数据, 也可辅助处理用户自定义的关系型数据。

项目地点: 巴尔的摩 (美国)

责任描述: 该项目是我和一个生物信息学的合作者 (Liang Sun) 一起合作开发完成的, 我主要负责项目中数据可视化部分的开发, 前面的交互式表格的开发, 以及富含多功能数据集的可视化形式——Concept map 的开发, 包括生物基因数据的输入, 基因表达数据的输入, 特定数据的排序, 特定关系节点的增、删、改等。

➤ **2014/9-2014/12 PathRings: 一个用于生物通路中的同祖关系以及基因表达关系**

相关技术: javascript(Jquery), HTML5, Canvas, SVG, D3.js 数据可视化库, WebGL

网址: <http://raven.anr.udel.edu/~sunliang/ivcl/PathRings/>

项目描述: PathBubbles 是一个基于 Web 的生物通路的交互式可视化工具。是为帮助生物学家分析同一物种生物通路之间的关系以及不同物种生物通路之间的关系。在交互设计方面, PathBubbles 应用 VisBubbles 和 CodeBubbles 的思想, 它把每一个气泡 (Bubble) 看作一个功能视图, 并把静态的多视图显示扩展到气泡隐喻界面。在生物数据方面, PathBubbles 以 Reactome 数据库为基础, 并整合 eGIFT, 肉鸡等其他生物通路数据库, 能够导入用户实验数据, 帮助生物学家进行各类生物信息的比较, 从而达到验证实验假设的目的。在可视化方面, PathBubbles 以 Sunburst 的可视化形式整合 Reactome 现有的所有生物通路到一个 Bubble 中, 并用颜色来映射相关感兴趣的信息, 方便比较和查询, 然后以图表的形式来展示每条生物通路的具体信息, 用节点和线的网络图来表示每一条生物通路内部生物分子的相关信息。

项目地点: 巴尔的摩 (美国)

责任描述: 该项目是我独立完成的, 也是比较满意的一个项目。PathBubbles 提供可扩展性的形式, 可整合 Canvas 和 SVG 并可集成 D3, 代码托管于 Github。整体图形的渲染框架 PathBubbles 借鉴 Three.js 场景树的形式, 基本的 Canvas 基本图形部分源码借鉴 Kinect.js 库, 可视化部分可利用自己设计的 Canvas 基本图形设计, 也可集成 SVG, 最大的优势可以集成强大的数据可视化库 D3.js。

➤ **2014/7-- 2014/8 将层次排列算法和力导向排列算法相结合, 用众包的形式来排列优化生物通路图**

相关技术: Javascript, WebGL

网址: <http://www.csee.umbc.edu/~yongnan/drawPathway/>

项目描述: 我们合作者认为细胞区室对于细胞结构的研究有很大的帮助, 现有的生物通路图都没有将细胞区室独立出来。所以我设计了混合排列算法来排列生物通路中的细胞分子。传统的生物通路图都是由人工来排列的, 这个过程是很耗时的。Reactome 采用了“由专业人员撰写, 同行评阅”的模式, 这种模式与众包类似, 但是需要专业人员人工绘制。我们通过运用适当的质量控制方式和训练文档方式来优化排列生物通路图。

项目地点: 巴尔的摩 (美国)

责任描述: 该项目是我独立开发的, 针对合作者的需求, 设计混合排列的算法, 将基因的产物用图中的点来表示, 将基因之间的关系用图中的连线来表示。: 即利用层次排列算法来排列生物细胞区室的层次关系, 利用力导向的算法来排列每一个细胞区室内部的各种生物分子。针对生物学家对排列结果的编辑要求, 以及对排列结果的优化, 我们设计了众包的方式来优化生物通路图。

➤ **2014/6-- 2014/7 基于 Web 的大脑数据的探索式分析工具**

相关技术: Javascript, WebGL, Three.js

网站:

https://github.com/younyzhu/younyzhu.github.com/tree/master/Composition_Visualization

项目描述: 在 WebGL 端将大脑的脑白质纤维用 3D 管线 (Tube) 和线 (Line) 的形式可视化。为了帮助医学研究者, 我们提供黄色的球让用户去选择感兴趣的纤维。球的大小, 位置是可以调节, 随之可以变动选中的纤维。并提供对当前模型中纤维的增删改。用户还可以输入 2D 的大脑 DICOM 图, 将 2D 和 3D 相结合。用户可以调节 2D 平面的位置以及透明度。

项目地点: 巴尔的摩 (美国)

责任描述：该项目是我独立开发的。在该项目中，主要利用 Virtual space 来方便人脑管理和控制界面（思想来自 visububble），Three.js 来绘制脑白质。用户选择球利用光线投射算法计算球与线的交叉点。无论是 2D 平面和 3D 平面的操作都采用交互的方式。

➤ **2014/4--2014/5 处理时变的大脑数据（数据来自 Loni）**

处理工具： FSL, TrackVis, DTK

项目描述：处理下载自 Loni 数据库中的大脑数据，将原始的 image 数据转换成我们可以绘制的 3D 数据格式

项目地点：巴尔的摩（美国）

责任描述：查阅相关的资料来分析和处理大脑数据，学习相关的大脑数据软件，并编写部分数据转换的代码。最后产生的数据用于后期大脑数据可视化。

➤ **2014/4--2014/7 PathBubbles: 关于生物通路的交互式可视化系统**

相关技术： C++, Javascript, Qt

网站（Demo）：http://www.csee.umbc.edu/~kegin/PathBubbles_clip.mp4

项目描述：设计一个生物通路的可视化系统来帮助生物学家研究不同物种的生物通路的关系，同一物种下，不同物种之间的生物通路关系，从而帮助他们预测某一物种新的生物通路，以及某一生物通路中的相关基因。

责任描述：协助开发生物通路图的排列，利用力导向算法来排列生物通路，从而减少生物通路间节点间的交叉。

➤ **2014/1--2014/3 Sketch brain fiber tracts**

相关技术： Javascript, WebGL, Three.js

网站：<http://davincilab.github.io/>

项目描述：脑白质纤维可以用不同的可视化方法，我们发现医学教科书插图都倾向于手绘图，所以我们尝试这些不同的手绘技术去编码医生关心的大脑纤维模型，让艺术家来设计编码的方式，这样便于我们设计新的用于大脑纤维可视化研究的渲染方法。设计一个 User Study 来帮助艺术家查看和设计渲染大脑模型结果，以及他们独特的绘制行为

项目地点：巴尔的摩（美国）

责任描述：设计 User Study 来帮助收集统计艺术家的绘制结果。以及绘制任务的顺序设计。利用 Three.js 来绘制大脑的 3D 模型。

➤ **2013/5--2013/7 WebGL 结合 EM 聚类算法对不同方向的脑纤维上色**

相关技术： Javascript, WebGL

网址：<http://ivcl.cs.usm.edu/Yongnan/>

项目地点：杭州

项目描述及职责：利用 WebGL 将 DMRI 大脑数据可视化成许多的线，利用 EM 聚类算法（改自陈老师（美国导师）已有 c++版本），对不同方向的线进行聚类，最后加上不同的颜色。

➤ **2012/9--2013/7 Visbubbles: 关于蝙蝠飞行状况的交互式可视化系统**

相关技术： C++, QT

项目地点：杭州

项目描述及职责：后期程序开发，该项目是杭州师范大学的潘志庚教授与 UMBC 的陈健老师的未完项目（以前是由浙大学生做的）。主要帮助生物学家研究蝙蝠的飞行状况，基于交互技术的分析，以及相关的对复杂数据的处理，并进行可视化相关的人机交互，以方便生物学家处理相关数据。目前该项目已经完结，我所做的工作是添加一些新的交互技术，例如：交互中的蝙蝠翅膀的一致性问题的，Matlab 气泡中的 Group 问题，以及在界面中气泡的如何组织和排列等等。

研究成果

[1] Jian Chen, Judith E. Terill, Henan Zhao, Guohao Zhang, Keqin Wu, Alexander Garbrino, **Yongnan Zhu**. Interactive Visual Computing Laboratory Research[J].

[2] **Yongnan Zhu**, Liang Sun, Carl Schmidt, Keqin Wu, Zhigeng Pan, Jinglong Fang, Jian Chen. PathRings: an web-based tool for Exploration of Ortholog and Expression Data in Biological Pathways[J] (submit to Bioinformatics).

[3] (In preparation - should be done in about a month) Chen, Jian, Bragdon, Andrew, C., Li, Guangxia, **Zhu, Yongnan**, Pan, Zhigeng, Swartz, Sharon, M., MotionTrail: An Exploratory Visualization Environment for Bat Flight Motion Data Analysis[J], Visual Computing.

[4] (In preparation - should be done in about three weeks) Wu, Keqin, Sun, Liang, **Zhu, Yongnan**, Schmidt, Carl, and Chen, Jian, PathBubbles: A Dynamic, Scalable, and Synchronous Visualization Environment for Pathway Analysis[J], IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics.

[5] (In preparation - should be done in about three months) Jian Chen, **Yongnan Zhu**, Alexander P. Auchs, A Review of Diffusion Tensor MRI Visualization Approaches: A semiotic Perspective[J], IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics.

[6] (In preparation - should be done in about three weeks) Xu, Yanning, Auchus, Alexander P. Correia, Stephen, **Yongnan Zhu**, Chen, Jian, Perceptually Motivated Global Illumination by Multi-type Light Sources for Dense Streamribbon Visualization, IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics.