

Jiashun(家顺) Xiao(肖)

DATA SCIENCE(数据科学) · APPLIED STATISTICS(应用统计)

☎(+86) 18503019080 | ✉jxiaoe@connect.ust.hk | 🏠jiashun-xiao.github.io | 出生年月: December 7, 1995

个人介绍

我于 2017 年在南方科技大学获得生物信息学学士学位，随后于 2022 年在香港科技大学获得数学博士学位，专注于数据科学、应用统计与生物信息学领域。2022 年起，我加入深圳市大数据研究院担任研究科学家，致力于将统计学、机器学习与人工智能方法应用于高维生物大数据分析，开发新的统计与计算工具，推动数据驱动的生物学发现。

我主持多个科研项目，如国家自然科学基金青年项目、广东省自然科学基金面上项目，以及深圳市科技创新局博士基础研究启动项目等，并以第一或通讯作者（含共同）在顶级期刊（*Nature Communications*, *The American Journal of Human Genetics* 等）上发表了多篇高影响力的论文。我目前的研究方向包括：

- AI for Science：致力于利用人工智能和深度学习方法解决生命科学中的关键问题，推动 AI 技术在生物学中的创新应用，尤其是在生物大数据分析领域；
- 多组学数据整合与分析：开发先进的统计与计算工具，推动不同类型生物数据（如基因组、转录组、表观组学等）的深度融合，以揭示疾病的致病机理；
- 精准医学与个性化疾病预测：利用大规模基因组数据探索复杂疾病的遗传机制，并开发精准的疾病风险预测模型，推动个性化医疗的发展。

教育背景

香港科技大学 (HKUST)

数学博士，累计 CGA: 3.94/4.3

中国，香港

2018.09 - 2022.08

南方科技大学 (SUSTech)

生物信息学学士，累计 GPA: 3.68/4.0, 排名: 1/12

中国，深圳

2013.09 - 2017.07

工作经历

深圳市大数据研究院 (SRIBD)

研究科学家

中国，深圳

2022.09 - 至今

深圳市早知道科技有限公司 (WeGene)

生物信息工程师

中国，深圳

2017.01 - 2018.08

项目资助

国家自然科学基金青年项目, 30 万

基于多层面数据整合的细胞类型特异 EQTLs 定位统计与计算方法研究，主持

中国，深圳

2025-2027

广东省自然科学基金面上项目, 10 万

基于多人群基因组大数据的精细定位统计与计算方法研究，主持

中国，深圳

2025-2027

深圳市科技创新局博士基础研究启动项目, 30 万

基于多平台空间转录组数据的细胞壁龛识别模型与算法研究，主持

中国，深圳

2024-2026

深圳市大数据研究院内部项目, 10 万

基于多模态数据的空间转录组细胞类型注释模型与算法研究，主持

中国，深圳

2023-2024

1. Xinyi Yu, Xianghong Hu, Xiaomeng Wan, Zhiyong Zhang, Xiang Wan, Mingxuan Cai, Tianwei Yu*, **Jiashun Xiao*** (2025)
A unified framework for cell-type-specific eQTLs prioritization by integrating bulk and scRNA-seq data.
The American Journal of Human Genetics (AJHG), 五年影响因子 9.7, 中科院一区 Top 期刊
2. Yuheng Chen, Xin Xu, Xiaomeng Wan, **Jiashun Xiao***, Can Yang* (2025)
UCS: A Unified Approach to Cell Segmentation for Subcellular Spatial Transcriptomics
Small Methods, 五年影响因子 12.1, JCR 分区 Q1 期刊
3. Leqi Tian, **Jiashun Xiao***, Tianwei Yu* (2024)
A Robust Statistical Approach for Finding Informative Spatially Associated Pathways.
Briefings in Bioinformatics, 五年影响因子 7.9, 中科院二区 Top 期刊
4. Lingui Gu, Hualin Chen, Ruxu Geng, Tingyu Liang, Yihao Chen, Zhuo Wang, Liguoye, Mingjiang Sun, Qinglei Shi, Gui Wan, Jianbo Chang, Junji Wei, Wenbin Ma, **Jiashun Xiao***, Xinjie Bao*, Renzhi Wang* (2024)
Endothelial pyroptosis-driven microglial activation in choroid plexus mediates neuronal apoptosis in hemorrhagic stroke rats.
Neurobiology of Disease, 五年影响因子 5.6, 中科院一区 Top 期刊
5. Xiaomeng Wan[#], **Jiashun Xiao[#]**, Sindy Sing Ting Tam, Mingxuan Cai, Ryohichi Sugimura, Yang Wang, Xiang Wan, Zhixiang Lin, Angela Ruohao Wu, Can Yang* (2023)
Integrating spatial and single-cell transcriptomics data using deep generative models with SpatialScope.
Nature Communications, 五年影响因子 16.1, 中科院一区 Top 期刊, 引用量 43 次
6. Mingxuan Cai, Zhiwei Wang, **Jiashun Xiao**, Xianghong Hu, Gang Chen, Can Yang* (2023)
XMAP: Cross-population fine-mapping by leveraging genetic diversity and accounting for confounding bias.
Nature Communications, 五年影响因子 16.1, 中科院一区 Top 期刊
7. Yiming Chao, Yang Xiang, **Jiashun Xiao**, Weizhong Zheng, Mo R Ebrahimkhani, Can Yang, Angela Ruohao Wu, Pentao Liu, Yuanhua Huang, Ryohichi Sugimura* (2023)
Organoid-based single-cell spatiotemporal gene expression landscape of human embryonic development and hematopoiesis.
Signal transduction and targeted therapy, 五年影响因子 40.5, 中科院一区 Top 期刊
8. **Jiashun Xiao[#]**, Mingxuan Cai[#], Xinyi Yu, Xianghong Hu, Gang Chen, Xiang Wan, Can Yang* (2022)
Leveraging the local genetic structure for trans-ancestry association mapping.
The American Journal of Human Genetics (AJHG), 五年影响因子 9.7, 中科院一区 Top 期刊
9. **Jiashun Xiao[#]**, Mingxuan Cai[#], Xianghong Hu, Xiang Wan, Gang Chen, Can Yang* (2022)
XPXP: Improving polygenic prediction by cross-population and cross-phenotype analysis.
Bioinformatics, 五年影响因子 7.6, JCR 分区 Q1 期刊
10. Mingxuan Cai[#], **Jiashun Xiao[#]**, Shunkang Zhang[#], Xiang Wan, Hongyu Zhao, Gang Chen, Can Yang* (2021)
A unified framework for cross-population trait prediction by leveraging the genetic correlation of polygenic traits.
The American Journal of Human Genetics (AJHG), 五年影响因子 9.7, 中科院一区 Top 期刊, 引用量 93 次

[#] 共一, * 通讯

发明专利

- **肖家顺**, 余心仪, “基因遗传位点定位方法、装置、电子设备、存储介质” (已授权), 编号 CN202411556260.7, 公开日 2025.01.10
- **肖家顺**, 万晓萌, 万翔, 杨灿, “注释模型的训练方法、细胞类型注释方法以及相关设备”, 编号 CN202411165685.5, 公开日 2024.12.10
- 宋洁, **肖家顺**, 王理中, 唐森威, 杨灿, 陈钢, “一种基于多人群多表型数据整合的多基因风险评分模型构建方法及系统”, 编号 CN202510083029.9, 公开日 2025.02.28

获奖经历

2022	Final list , 香港科技大学红鸟学术卓越奖	中国, 香港
2020	Special prize , 香港科技大学 Info Challenge	中国, 香港
2017	Final list , 南方科技大学年度优秀毕业生	中国, 深圳
2017	Final list , 南方科技大学年度优秀毕业论文	中国, 深圳
2016	Silver prize , 国际基因工程机器大赛全球总决赛	美国, 波士顿
2016	First place , 南方科技大学生物系年度最佳学术海报	中国, 深圳

教学经历

- 高等数学 (Calculus), 助教, 香港科技大学, 2019 年秋季学期.
- 高等数学 II (Calculus II), 助教, 香港科技大学, 2019、2020、2021 年春季学期.
- 线性代数 (Matrix Algebra and Applications), 助教, 香港科技大学, 2020、2021 年秋季学期.