Jiashun(家顺) Xiao(肖)

DATA SCIENTIST(数据科学) · BIOSTATISTICS(生物统计)

□ (+86) 18503019080 | ■ xiaojiashun@sribd.cn | 希 jiashun-xiao.qithub.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、生物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。此外,我以共同第一或通讯在顶级期刊(Nature Communications,The American Journal of Human Genetics,Briefings in Bioinformatics等)上发表了多篇高影响力的论文。例如,我开发的层次线性模型(IBSEP)通过整合组织 RNA 测序和单细胞 RNA 测序数据,显著提升了细胞类型特异基因表达数量性状位点(eQTL)的识别能力;混合线性模型(LOG-TRAM)用于整合多人群 GWAS 数据,通过利用不同人群遗传结构的局部相似性,增强了遗传变异与复杂疾病关联分析的统计功效;XPA 通过对基因数据进行布尔表示和哈希编码,有效解决了大规模线性系统求解的计算瓶颈,优化了多基因风险评分模型构建,使得在东亚人群中的疾病风险预测能力得到了显著提升;在空间转录组数据分析方面,通过结合深度生成模型和多模态数据,开发了适用于多平台的空间转录组分析工具(SpatialScope),极大地提高了空间转录组数据的分辨率和转录组覆盖率,该工具为高精度空间转录组学研究提供了强有力的支持,已在多个项目中得到广泛应用。

教育背景______

香港科技大学 (HKUST) 中国、香港

数学博士,累计 CGA: 3.94/4.3 2018.09 - 2022.08

南方科技大学 (SUSTech)

中国,深圳

生物信息学学士, 累计 GPA: 3.68/4.0, 排名: 1/12

2013.09 - 2017.07

工作经历____

深圳市大数据研究院(SRIBD)

中国,深圳

研究科学家

2022.09 - 至今

深圳市早知道科技有限公司 (WeGene)

中国,深圳

生物信息工程师

2017.01 - 2018.08

项目资助______

国家自然科学基金青年项目,30万

中国,深圳

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

2025-2027

广东省自然科学基金面上项目,10万

中国,深圳

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

2025-2027

深圳市科技创新局博士基础研究启动项目,30万

中国,深圳

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

2024-2026

深圳市大数据研究院内部项目,10万

中国,深圳

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

2023-2024

代表论文_____

2025 年 1 月 8 日 Jiashun. Xiao · Résumé

Xinyi Yu, Xianghong Hu, Xiaomeng Wan, Zhiyong Zhang, Xiang Wan, Mingxuan Cai, Tianwei Yu*, <u>Jiashun Xiao*</u> (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

Yuheng Chen, Xin Xu, Xiaomeng Wan, <u>Jiashun Xiao*</u>, 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

• 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

• Lingui Gu, Hualin Chen, Ruxu Geng, Tingyu Liang, Yihao Chen, Zhuo Wang, Liguo Ye, 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

Nature Communications, 五年影响因子 16.1, 中科院一区 Top 期刊

• Xiaomeng Wan[#], <u>Jiashun Xiao[#]</u>, 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 33 次

Mingxuan Cai, Zhiwei Wang, <u>Jiashun Xiao</u>, Xianghong Hu, Gang Chen, Can Yang* (2023)
XMAP: Cross-population fine-mapping by leveraging genetic diversity and accounting for confounding bias.

• 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

• <u>Jiashun Xiao</u>[#], 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

• <u>Jiashun Xiao</u>*, 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

Mingxuan Cai#, <u>Jiashun Xiao</u>#, 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 91 次

共一, * 通讯

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, 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 || (Calculus ||), 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.