

## 王诗翔

- 地址：上海市浦东新区上海科技大学生命学院 L 楼 A406
- 工作邮箱： [wangshx@shanghaitech.edu.cn](mailto:wangshx@shanghaitech.edu.cn)
- 个人邮箱： [w\\_shixiang@163.com](mailto:w_shixiang@163.com) 或 [shixiang1994wang@gmail.com](mailto:shixiang1994wang@gmail.com)
- 个人网站： <https://shixiangwang.github.io>

## 教育经历

- 2016.09 ~ 现在  
上海科技大学，生物学专业，肿瘤信息学方向博士在读
- 2012.09 ~ 2016.07  
电子科技大学，生物医学工程专业，工学学士

## 教学经历

助教：

- 细胞生物学 II 课程（研究生，一学期）

教学：

- 贵州支教（小学生，半个月）

## 专业技能

- 编程水平：
  - R ★★★★★
  - Shell ★★★
  - Python ★★★
  - Golang ★★

- 数据分析。我有使用 R 和 Shell 进行数据预处理、数据清洗和数据解释相关的丰富经验。
- 统计。我对于使用 R 进行统计建模和可视化也相当有经验。
- 软件包与流程开发。我精通纯 R 包的开发，也有一些 Python 包和 Shiny 开发经验。我能够组合多种不同的编程语言或技能创建分析流程。
- 基因组学分析。我有能力处理原始基因组学数据并进行分析。在体细胞变异检测（包括 SNV、INDEL 和 CNV）、差异表达分析、富集分析方面有一些实际经验。使用过像 samtools、fastqc、bwa、VEP、bedtools、limma 等一些组学工具。
- 临床分析。我了解领域文献常见的临床指标，知道如何构建生存分析模型并解释结果。
- 机器学习。我了解机器学习（包括深度学习），掌握一些基本技术，像聚类、回归预测、分类预测，有将机器学习应用到项目中的能力。
- 写作。我喜欢用 Markdown 和 R Markdown 等现代书写工具写作，并通过很多方式分享我的知识（如 [GitHub Issue](#)、[简书](#)和[微信公众号](#)）

## 开发

- **sigminer** (<https://cran.r-project.org/package=sigminer>): mutational signature analysis and visualization in R.
- **ezcox** (<https://cran.r-project.org/package=ezcox>): operate a batch of univariate or multivariate Cox models and return tidy result.
- **DoAbsolute** (<https://github.com/ShixiangWang/DoAbsolute>): automate ABSOLUTE calling for multiple samples in parallel way.
- **metawho** (<https://cran.r-project.org/package=metawho>): simple R implementation of “Meta-analytical method to Identify Who Benefits Most from Treatments”.
- **UCSCXenaTools** (<https://cran.r-project.org/package=UCSCXenaTools>): an R package for downloading and exploring data from [UCSC Xena data hubs](#).
- **UCSCXenaShiny** (<https://cran.r-project.org/package=UCSCXenaShiny>): a Shiny based on UCSCXenaTools.
- **contribution** (<https://cran.r-project.org/package=contribution>): generate contribution table for credit assignment in a project.
- **loon** (<https://pypi.org/project/loon/>): a Python toolkit for operating remote host based on

SSH.

- **sync-deploy** (<https://github.com/ShixiangWang/sync-deploy>): a Shell toolkit for deploying script/command task on a remote host, including up/download files, run script and more.

关于我更多的开发活动和贡献也在 [github.com/ShixiangWang](https://github.com/ShixiangWang) 上查看。

## 出版物

总引用: 73 (数据源: [谷歌学术](#), 更新时间: 2020-05-28)

- **Wang, S.**, He, Z., Wang, X., Li, H., & Liu, X. S. (2019). Antigen presentation and tumor immunogenicity in cancer immunotherapy response prediction. *eLife*, 8, e49020. <https://doi.org/10.7554/eLife.49020> (PDF)
- **Wang, S.**, He, Z., Wang, X., Li, H., Wu, T., Sun, X., ... & Liu, X. S. (2019). Can tumor mutational burden determine the most effective treatment for lung cancer patients?. *Lung Cancer Management*. <https://doi.org/10.2217/lmt-2019-0013> (PDF)
- **Wang, S.**, Cowley, L. A., & Liu, X. S. (2019). Sex differences in Cancer immunotherapy efficacy, biomarkers, and therapeutic strategy. *Molecules*, 24(18), 3214. (PDF)
- **Wang, S.** & Liu, X. S. (2019). The UCSCXenaTools R package: a toolkit for accessing genomics data from UCSC Xena platform, from cancer multi-omics to single-cell RNA-seq. *Journal of Open Source Software*, 4(40), 1627, <https://doi.org/10.21105/joss.01627> (PDF)
- He, Z., **Wang, S.**, Shao, Y., Zhang, J., Wu, X., Chen, Y., ... & Liu, X. S. (2019). Ras downstream effector GGCT alleviates oncogenic stress. *iScience*. (PDF)
- **Wang, S.**, Zhang, J., He, Z., Wu, K., & Liu, X. S. (2019). The predictive power of tumor mutational burden in lung cancer immunotherapy response is influenced by patients' sex. *International journal of cancer*, 145(10), 2840-2849. (PDF)
- **Wang, S.**, Jia, M., He, Z., & Liu, X. S. (2018). APOBEC3B and APOBEC mutational signature as potential predictive markers for immunotherapy response in non-small cell lung cancer. *Oncogene*, 37(29), 3924-3936. (PDF)