

个人信息

姓名：杨亚东

性别：男

年龄：37

联系电话：13810991303

邮箱：yangyadong86@gmail.com

教育背景

2015.7——2018.7

中国科学院北京基因组研究所

专业：基因组学

博士

2008.7——2011.7

中国科学院北京基因组研究所

专业：基因组学

硕士

2004.9——2008.7

北京工商大学

专业：生物工程

学士

语言及计算机能力

语言：熟练英语（CET-6）

计算机：awk/shell/R/perl/python/机器学习

工作经验

2011.7——2013.12

中国科学院北京基因组研究所

担任职务：研究实习员

汇报上级：教授

下属人数：0

职责与业绩：

- ✓ 协助指导硕士研究生，撰写项目申请书；
- ✓ 二代测序数据分析流程开发；
- ✓ 基因表达调控研究 (*Genomics*, 2013)；
- ✓ 肿瘤标志物筛选(*Cell Death Dis* 2013)；
- ✓ 国家生物信息中心数据库建设 (GSA)；

中国科学院北京基因组研究所

担任职务：助理研究员

汇报上级：教授

下属人数：0

职责与业绩：

2013.12——2015.7

- ✓ 协助指导硕士研究生，撰写项目申请书；
- ✓ 基因表达调控 (*Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2014)；
- ✓ 肿瘤标志物筛选(*PLoS One*. 2015)；
- ✓ 机器学习算法设计开发；
- ✓ 国家生物信息中心数据库建设；

上海仁东医学检验所有限公司

担任职务：高级生物信息经理

汇报上级：CTO

下属人数：5

职责与业绩：

2018.7——2021.1

- ✓ 建立数据挖掘团队 (5 人)
- ✓ 建立团队共享平台
- ✓ 建立肿瘤免疫数据库 (IO-Portal, 投稿中)
 - a) 完成公司和公共发布的免疫治疗数据集规范化,系统管理超过 3000 例多癌种多组学数据
 - b) 完成多层次数据分析的在线运行和结果展示
- ✓ 建立肿瘤基因组、转录组数据挖掘体系 (30+ 流程)
 - a) 基因组水平：肿瘤纯度、染色体不稳定性、亚克隆结构、肿瘤异质性、低深度全基因组、双等位基因突变等
 - b) 转录组水平：分子分型、免疫细胞浸润、表达特征等
- ✓ 医学项目支持
 - a) 项目设计和评估

- b) 常规项目分析和进度跟踪
- c) 文章撰写、投稿返修处理
- ✓ 数据挖掘文章
 - a) 整合 TMB 和肿瘤异质性鉴定黑色素瘤免疫亚型并预测疗效（已发表）
 - b) 多维变量预测非小细胞肺癌免疫疗效（已发表）
 - c) 基于表达秩序的膀胱癌免疫疗效预测（进行中）
- ✓ 其他成果
 - a) 协助发表文章 5 篇
 - b) 参与发表 16 篇 ASCO 摘要，2 项 poster，其中生信团队完成 5 篇摘要，1 篇 poster

博尔诚（北京）科技有限公司

担任职务：生物信息总监

汇报上级：研究院院长

下属人数：7

职责与业绩：

- ✓ 建立生物信息团队（共 8 人）
- ✓ 2022 年获得公司优秀团队荣誉称号
- ✓ 带领团队申请 40 余项发明专利，合作发表一篇 SCI 论文
- ✓ 建立甲基化测序数据自动化分析系统，较传统方法效率提升数十倍
- ✓ 建立传统机器学习和智能 AI 工具箱，算子库超 30 种
- ✓ 带领团队完成 3 个癌种 IVD 甲基化试剂盒标志物研发，一个进入注册检，两个完成定型
- ✓ 完成六癌二分类和组织溯源的标志物筛选和模型建立，协助推出多癌甲基化检测服务
- ✓ 完成 ChatGPT 本地化，落地代码生成等应用

2021.2——至今

发表论文

#（共同）第一作者，*通讯作者，共 12 篇

- 1 Gao Y, Yang C, He N, Wang J, **Yang Y***. Integration of TMB and tumor heterogeneity identify an immunologic subtype of melanoma with favorable survival. Oct 2020, *Frontiers in Oncology* (IF: 4.84)

- 2 Zhou X[#], **Yang Y[#]**, Ma P, Wang Na, Yang D, Tu Q, Sun B, Xiang T, Zhao X, Hou Z*, Fang X*. TRIM44 is indispensable for glioma cell proliferation and cell cycle progression through AKT/p21/p27 signaling pathway. *Journal of Neuro-Oncology*, November 2019, 145(2), pp 211–222 (IF: 3.129)
- 3 **Yang Y[#]**, Zhang T[#], Qu H, Xie B, Fang X*. Platform-independent approach for cancer detection from gene expression profiles of peripheral blood cells. *Brief Bioinform*. 2019 Mar 20. pii: bbz027. doi: 10.1093/bib/bbz027. [Epub ahead of print] (IF: 9.5)
- 4 **Yang Y**, Sui Y, Xie B, Qu H, Fang X*. GliomaDB: a Database of Integrating Glioma Precision Medicine Data. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. 2018. [Epub ahead of print] (IF: 6.597)
- 5 Wang Y[#], Song F[#], Zhu J[#], Zhang S[#], **Yang Y[#]**, Chen T, Tang B, Dong L, Ding N, Zhang Q, Bai Z, Dong X, Chen H, Sun M, Zhai S, Sun Y, Yu L, Lan L, Xiao J, Fang X, Lei H, Zhang Z, Zhao W (2017) GSA: Genome Sequence Archive. *Genomics Proteomics Bioinformatics* 15 (1):14-18. doi:10.1016/j.gpb.2017.01.001 (IF: 6.597)
- 6 **Yang Y**, Ding N, Dong X, Fang X. miRNome Analysis of CML Cells. *Methods Mol Biol*. 2016;1465:207-17. doi: 10.1007/978-1-4939-4011-0_17. (Springer book)
- 7 Dong C[#], **Yang Y[#]**, Li S, Yang Y, Zhang X, Fang X, Yan J, Cong B. Whole genome nucleosome sequencing identifies novel types of forensic markers in degraded DNA samples. *Sci Rep*. 2016 May 18;6:26101. (IF: 4.011)
- 8 **Yang Y**, Dong X, Xie B, Ding N, Chen J, Li Y, Zhang Q, Qu H, Fang X*. Databases and Web Tools for Cancer Genomics Study. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. 2015 Feb;13(1):46-50. (IF: 6.597)
- 9 Zhao M[#], Lei C[#], **Yang Y[#]**, Bu X, Ma H, Gong H, Liu J, Fang X, Hu Z, Fang Q. Abraxane, the Nanoparticle Formulation of Paclitaxel Can Induce Drug Resistance by Up-Regulation of P-gp. *PLoS One*. 2015 Jul 16;10(7):e0131429. (IF: 2.776)
- 10 Xiong Q[#], **Yang Y[#]**, Wang H, Li J, Wang S, Li Y, Yang Y, Cai K, Ruan X, Yan J, Hu S*, Fang X*. Characterization of miRNomes in acute and chronic myeloid leukemia cell lines. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. 2014 Apr;12(2):79-91. (IF: 6.597)
- 11 **Yang Y[#]**, Wang H[#], Chang KH[#], Qu H, Zhang Z, Xiong Q, Qi H, Cui P, Lin Q, Ruan X, Yang Y, Li Y, Shu C, Li Q, Wakeland EK, Yan J, Hu S*, Fang X*. Transcriptome Dynamics during Human Erythroid Differentiation and Development. *Genomics*. 2013;102(5-6):431-41. (IF: 3.16)
- 12 Su RJ[#], **Yang Y[#]**, Neises A, Payne KJ, Wang J, Viswanathan K, Wakeland EK, Fang X*, Zhang XB*. Few single nucleotide variations in exomes of human cord blood induced pluripotent stem cells. *PLoS One* 2013; 8: e59908. (IF: 2.776)

非第一作者，共 21 篇

- 1 Xu Z, Cheng S, Qiu X, Wang X, Hu Q, Shi Y, Liu Y, Lin J, Tian J, Peng Y, Jiang Y, **Yang Y**, Ye J, Wang Y, Meng X, Li Z, Li H, Wang Y. A Pipeline for Sample Tagging of Whole Genome Bisulfite Sequencing Data Using Genotypes of Whole Genome Sequencing. Jun 2023, *BMC Genomics* (IF: 4.4)
- 2 Jiang J, Jin Z, Zhang Y, Peng L, Zhang Y, Zhu Z, Wang Y, Tong D, **Yang Y**, Wang J, Yang Y, Xiao K. Robust prediction of immune checkpoint inhibition therapy for non-small cell lung cancer. Apr 2021, *Frontiers in Immunology* (IF: 8.78)
- 3 Xie B, Yuan Z, **Yang Y**, Sun Z, Zhou S, Fang X. MOBCdb: a comprehensive database integrating multi-omics data on breast cancer for precision medicine. *Breast Cancer Res Treat* 2018. [Epub ahead of print]
- 4 Li Y, Zhang Q, Du Z, Lu Z, Liu S, Zhang L, Ding N, Bao B, **Yang Y**, Xiong Q, Wang H, Zhang Z, Qu H, Jia H, Fang X. MicroRNA 200a inhibits erythroid differentiation by targeting

PDCD4 and THRB. *Br J Haematol*. 2017 Jan;176(1):50-64. doi: 10.1111/bjh.14377. Epub 2016 Oct 13.

- 5 Zhang Q, Ding N, Zhang L, Zhao X, **Yang Y**, Qu H, Fang X. Biological Databases for Hematology Research. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. 2016 Dec;14(6):333-337. doi: 10.1016/j.gpb.2016.10.004. Epub 2016 Dec 11.
- 6 张韬, **杨亚东**, 方向东*. 应用于精准医学研究的转录组可变剪接分析. *发育医学电子杂志*, 2016; 4(2): 83-89
- 7 谢兵兵, **杨亚东**, 方向东*. 整合分析多组学数据筛选疾病靶点的精准医学策略. *遗传*, 2015; 37(7): 655-663
- 8 李艳明, **杨亚东**, 张昭军, 方向东*. 精准医学大数据的分析与共享. *中国医学前沿杂志*, 2015; 7(6): 4-10
- 9 Li Y, Liu S, Sun H, **Yang Y**, Qi H, Ding N, Zheng J, Dong X, Qu H, Zhang Z, Fang X. MiR-218 Inhibits Erythroid Differentiation and Alters Iron Metabolism by Targeting ALAS2 in K562 Cells. *Int J Mol Sci*. 2015 Nov 26;16(12):28156-68.
- 10 Ding N, Wang S, Yang Q, Li Y, Cheng H, Wang J, Wang D, Deng Y, **Yang Y**, Hu S, Zhao H, Fang X. Deep sequencing analysis of microRNA expression in human melanocyte and melanoma cell lines. *Gene*. 2015 Nov 1;572(1):135-45.
- 11 Liang F, Qu H, Lin Q, **Yang Y**, Ruan X, Zhang B, Liu Y, Yu C, Zhang H, Fang X, Hao X. Molecular biomarkers screened by next-generation RNA sequencing for non-sentinel lymph node status prediction in breast cancer patients with metastatic sentinel lymph nodes. *World J Surg Oncol*. 2015 Aug 28;13:258.
- 12 Hu Y, Xiong Q, **Yang Y**, Wang H, Shu C, Xu W, Fang X, Hu S. Integrated analysis of gene expression and microRNA regulation in three leukemia-related lymphoblastic cell lines. *Gene*. 2015 Jun 10;564(1):39-52.
- 13 Wang H, Li Y, Wang S, Zhang Q, Zheng J, **Yang Y**, Qi H, Qu H, Zhang Z, Liu F, Fang X. Knockdown of transcription factor forkhead box O3 (FOXO3) suppresses erythroid differentiation in human cells and zebrafish. *Biochem Biophys Res Commun*. 2015 May 15;460(4):923-30.
- 14 Dong C, **Yang Y**, Yan J, et al. Evaluation of the protective capabilities of nucleosome STRs obtained by large-scale sequencing. *Electrophoresis*. 2015;36(14):1640-1650. doi:10.1002/elps.201400537
- 15 Zhao H#, Li Y#, Wang S#, **Yang Y**, Wang J, Ruan X, Yang Y, Cai K, Zhang B, Cui P, Yan J, Zhao Y, Wakeland EK3, Li Q, Hu S*, Fang X*. Whole Transcriptome RNA-seq Analysis: Tumorigenesis and Metastasis of Melanoma. *Gene*. 2014 Sep 15;548(2):234-43.
- 16 Wang Y#, Zhang Z#, Chi Y, Zhang Q, Xu F, Yang Z, Meng L, Yang S, Yan S, Mao A, Zhang J, **Yang Y**, Wang S, Cui J, Liang L, Ji Y, Han ZB, Fang X*, Han ZC*. Long-term cultured mesenchymal stem cells frequently develop genomic mutations but do not undergo malignant transformation. *Cell Death Dis* 2013; 4: e950
- 17 Xiong Q#, Zhang Z#, Chang KH#, Qu H, Wang H, Qi H, Li Y, Ruan X, Yang Y, **Yang Y**, Li Y, Sandstrom R, Sabo PJ, Li Q, Stamatoyannopoulos G, Stamatoyannopoulos JA, Fang X*. Comprehensive characterization of erythroid-specific enhancers in the genomic regions of human Kruppel-like factors. *BMC Genomics*. 2013 Aug 28;14:587.
- 18 Wang H#, Hu H#, Zhang Q, **Yang Y**, Li Y, Hu Y, Ruan X, Yang Y, Zhang Z, Shu C, Yan J, Wakeland EK, Li Q, Hu S*, Fang X*. Dynamic transcriptomes of human myeloid leukemia cells. *Genomics* 2013; 102: 250-6
- 19 Chang KH#, Fang X#, Wang H, Huang A, Cao H, **Yang Y**, Bonig H, Stamatoyannopoulos JA, Papayannopoulou T*. Epigenetic Modifications and Chromosome Conformations of the Beta Globin Locus throughout Development. *Stem Cell Rev*. 2013; 9(4):397-407.
- 20 Ma L, Nie L, Liu J, Zhang B, Song S, Sun M, Yang J, **Yang Y**, Fang X, Hu S, Zhao Y*, Yu J*. An RNA-seq-based Gene Expression Profiling of Radiation-induced Tumorigenic Mammary Epithelial Cells. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. 2012; 10(6): 326-35.

- 21 Li Y[#], Wang H[#], Yang B[#], Yang J, Ruan X, **Yang Y**, Wakeland EK, Li Q, Fang X*. Influence of Carbon Monoxide on Growth and Apoptosis of Human Umbilical Artery Smooth Muscle Cells and Vein Endothelial Cells. *Int J Biol Sci.* 2012; 8(10): 1431 – 1446.

其他已发表（授权）成果

- 1 参与编写《转录组学与精准医学》 上海交通大学出版社. 方向东 等
- 2 已授权发明专利：一种获取外周血基因模型训练数据的方法及装置。专利号：201710986349.0
- 3 已授权发明专利：一种复杂疾病相关 SNP 位点引物组合物及应用。专利号：CN113403380A
- 4 软件著作权：基于个体突变信息的靶向用药指导系统 1.0, 2018SR112483