

# 王悦

📞 188-9697-7776    @ Yue.Wang@liverpool.ac.uk    github.com/yue-wang-biomath  
🏛️ 利物浦大学    🎓 计算机科学 • 生物信息方向    📅 1997-04-25

直博计算机科学（生物信息方向）博士生，数学和应用数学本科，有扎实的数学，统计学，机器学习和深度学习基础，擅长生物信息方向的数据挖掘。在《Bioinformatics》和《Briefings in Bioinformatics》等国际知名期刊以独立第一作者及独立通讯作者身份发表 SCI 收录论文。博士阶段的主要研究课题包括在转录本异构体异质性和模糊性的情况下，针对表观转录组学数据的统计学和深度学习方法，包含转录组特征的共定位分析、分布可视化和位点预测。完成了相关统计模型、软件工具和标准化分析流程的搭建，以提高高通量测序数据的分析质量。更多关于我的技能和研究项目的信息请参见我的网站 [GitHub](#)。

## 🎓 教育背景

2023.06	利物浦大学 • 博士
2019.10	计算机科学 • 在读
2019.06	西交利物浦大学 • 本科
2015.09	数学与应用数学 • 一等学位 (First class degree)

## 📁 期刊论文

2023	RgnTX: colocalization analysis of transcriptome elements in the presence of isoform heterogeneity and ambiguity. ‣ <b>Yue Wang</b> , Zhen Wei, Jionglong Su, Frans Coenen and Jia Meng* ‣ 文章审稿中，软件已被Bioconductor接收
2023.03 独立通讯作者	Multi-task adaptive pooling enabled synergetic learning of RNA modification across tissue, type and species from low-resolution epitranscriptomes. ‣ Yiyu Song, <b>Yue Wang*</b> , Xuan Wang, Daiyun Huang, Anh Nguyen, Jia Meng ‣ <b>Briefings in Bioinformatics</b> , bbad105 ‣ IF 13.99, JCR 1 区, 数学与计算生物学领域排名第 1
2023.03 独立第一作者	Self-attention enabled deep learning of dihydrouridine (D) modification on mRNAs unveiled a distinct sequence signature from tRNAs. ‣ <b>Yue Wang</b> , Xuan Wang, Xiaodong Cui, Jia Meng, Rong Rong* ‣ <b>Molecular Therapy - Nucleic Acids</b> , 31:411-420 ‣ IF 10.18, JCR 1 区, TOP
2023.01	DirectRMDb: a database of post-transcriptional RNA modifications unveiled from direct RNA sequencing technology. ‣ Yuxin Zhang, Jie Jiang, Jiongming Ma, Zhen Wei*, <b>Yue Wang</b> , Bowen Song, Jia Meng; Guifang Jia, Joao Pedro de Magalhaes, Daniel J Rigden, Daiyun Hang*, Kunqi Chen* ‣ <b>Nucleic Acids Research</b> , 51(D1):D106–D116 ‣ IF 19.16, JCR 1 区
2022.09	DirectRMDb: a database of post-transcriptional RNA modifications unveiled from direct RNA sequencing technology. ‣ Bowen Song, Xuan Wang, Zhanmin Liang, Jiongming Ma, Daiyun Huang, <b>Yue Wang</b> , João Pedro de Magalhães, Daniel J Rigden, Jia Meng, Gang Liu*, Kunqi Chen*, Zhen Wei* ‣ <b>Nucleic Acids Research</b> , 51(D1):D1388–D1396 ‣ IF 19.16, JCR 1 区

2021.05	MetaTX: deciphering the distribution of mRNA-related features in the presence of isoform ambiguity, with applications in epitranscriptome analysis.
独立第一作者	<ul style="list-style-type: none"> <li>‣ <b>Yue Wang</b>, Kunqi Chen, Zhen Wei, Frans Coenen, Jionglong Su, Jia Meng*</li> <li>‣ <b>Bioinformatics</b>, 37(9):1285–1291</li> <li>‣ IF 6.931, JCR 1 区</li> </ul>

## 会议论文

2020.07	An Improved Algorithm for Estimating the Distribution of RNA-related Genomic Features.
独立通讯作者	<ul style="list-style-type: none"> <li>‣ Jing Wu, Lihan Zhang, Yuanzhe Wang, Jia Meng, Jionglong Su, <b>Yue Wang*</b></li> <li>‣ Proceedings of the Biological Information and Biomedical Engineering, (<b>BIBE</b>), 2020.</li> </ul>

## 开源项目

- **AdaptRM**: (Website, Tensorflow), 表转录组综合学习的多任务深度学习模型与网站
- **RgnTX**: (R, Bioconductor), 实现转录组区域置换检验的共定位分析软件
- **AdaptRM**: (DPred), 基于卷积神经网络和自注意力结构, 预测信使核糖核酸序列二氢尿苷 (D) 位点的计算工具
- **MetaTX**: (R package), 校正 mRNA 异构体模糊性, 在 mRNA 水平上可视化相关基因组特征分布的 R 包

## 个人经历

- 获全额奖学金攻读利物浦大学博士
- 完成了麻省理工学院的在线硕士相关课程-统计学和数据科学
- 《Computational and Structural Biotechnology Journal》领域内重点期刊邀请审稿人
- 读博期间担任多门本科课程助教: 概率论, 数值分析, 统计分布理论 (纯英文授课)
- 获应用数学系最佳本科毕业论文 (1/54)

## 技能

编程和工具	Python, R, Matlab, Java, SSH, Git
数据分析	Pandas; Matplotlib, ggplot2; scikit-learn; tensorflow; pytorch
生物信息	高通量测序, 表观转录组, 异构体转录本, 差异甲基化分析, 高、低精度位点预测
统计学习	生成模型, EM 算法, 概率论, 推断统计, 贝叶斯统计, 数据可视化、聚类和降维等
深度学习	监督学习, 多任务学习, 弱监督学习