

生醫及金融數據分析實驗室

Biomedical and Financial  
Data Analysis Lab

電機系控制組  
吳謂勝老師實驗室

# Outlines

---

- 1. 介紹老師
- 2. 介紹實驗室

# 吳謂勝老師 (學歷)

2001-2007	清華大學電機工程研究所 (計算系統生物學)	博士	平凡土博 身體出毛病讓我放棄去美國加州柏克萊大學電機系念博士
1998-2000	清華大學電機工程研究所 (錯誤更正碼)	碩士	全所第一名畢業 (斐陶斐榮譽會員)
1994-1998	清華大學電機工程學系	學士	全系第三名畢業 (數次書卷獎)
1991-1994	台北市立建國高級中學		全班第三名畢業 (數次段考全班第一)

• 座右銘：勤能補拙、天道酬勤、功不唐捐

# 如果讓我重過一次大學生活...

---

- 不要一味追求書卷獎
- 有興趣的課要修高分，沒興趣的課低空飛過就好
- 該參加社團、系學會、系隊
- 多修實做的課，不要只懂理論不懂實做應用
- 修課目標導向
- 早點進實驗室，投入戰場做研究或研發（大一找興趣，大二見習，大三做專題，大四預研進實驗室做研究）
- 身體健康要顧好

# 為什麼要念碩士？

---

- 進好公司門檻，進去當研發團隊小螺絲釘
- 完成碩士論文的訓練
- 將指導教授給定的題目 (a thesis project) 完成，所需知識和技能從做中學
- 完成後必須要能有組織有系統地寫出一本**碩論**
- 完成後必須要能有組織有系統地寫出**口試投影片**並通過Oral defense
- 做什麼題目不重要，重要的是學到**解決問題及與人協作的**能力

# 為什麼要念博士？

---

- 不甘只當小螺絲釘，想當leader
- 對做尖端研究或研發有熱忱
- 熟悉某一研究領域的理論、技術並能找到還未解決的問題
- 要能對某一研究領域提出創新的成果，發表論文，研發產品
- 要有用英文寫作及present的能力
- 寫計畫提案，練習define research questions and provide possible solutions
- 帶領碩士班學弟妹解問題，練習當project leader

# 國外or國內念博士?

---

- 最好到國外名校念博士(可遇到全世界的高手)
- 國內念博士也不錯
- 碩博一貫,資格考簡單,學費生活費便宜,沒生活及文化適應問題
- 博士班千里馬計畫,博士後千里馬計畫

# About Me (學歷)

2001-2007	清華大學電機工程研究所 (計算系統生物學)	博士	平凡土博
1998-2000	清華大學電機工程研究所 (錯誤更正碼)	碩士	全所第一名畢業 (斐陶斐榮譽會員)
1994-1998	清華大學電機工程學系	學士	全系第三名畢業 (數次書卷獎)



# 芝加哥大學博士後(1y4m)

---

- 博士後千里馬計畫(1年130萬台幣獎學金)
- 名校(芝加哥大學)
- 大師實驗室(李文雄院士)

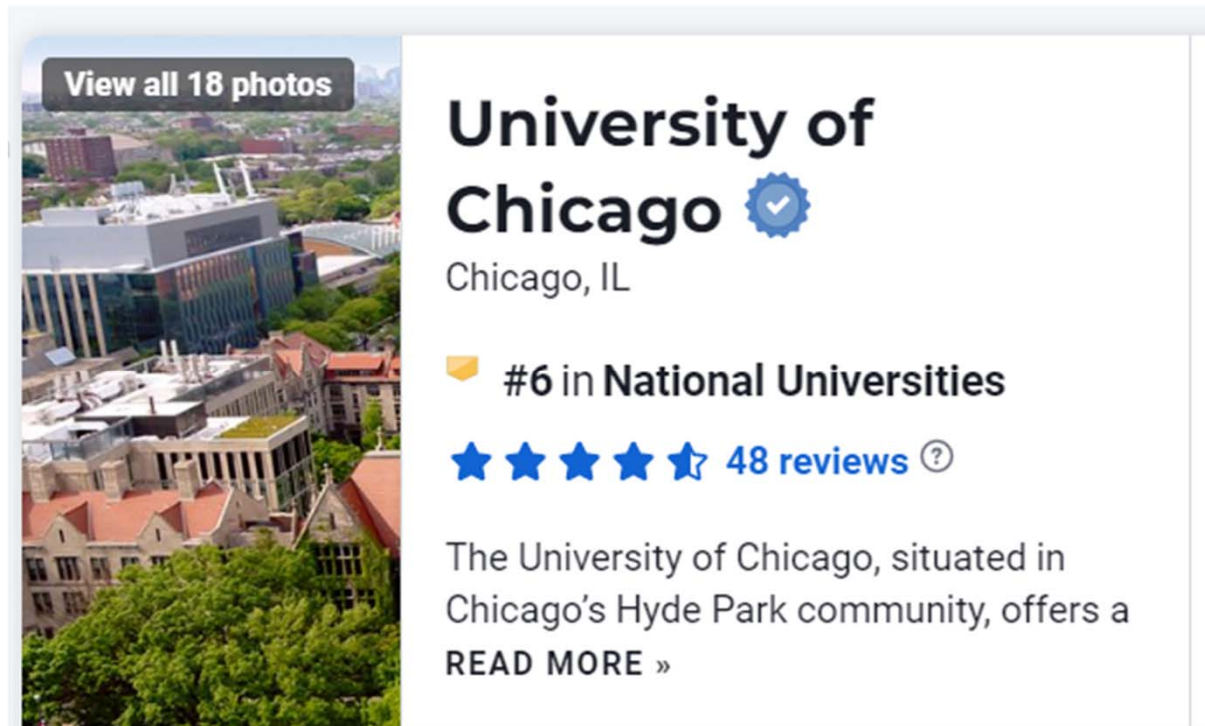
# Where is Chicago located?



<https://www.whereig.com/usa/states/illinois/chicago-location-map.html>

# 全美大學排名

- 芝加哥大學全美排名第6



The screenshot shows a ranking card for the University of Chicago. On the left is a photo of the campus with a 'View all 18 photos' button. The main text reads 'University of Chicago' with a verified badge, 'Chicago, IL', and '#6 in National Universities'. It also features a 4.5-star rating from 48 reviews and a 'READ MORE' link.

View all 18 photos

## University of Chicago

Chicago, IL

#6 in National Universities

★ ★ ★ ★ ☆ 48 reviews ?

The University of Chicago, situated in Chicago's Hyde Park community, offers a  
[READ MORE »](#)

<https://www.usnews.com/best-colleges/rankings/national-universities>

# 李文雄院士

- 李院士身為世界首屈一指的**分子演化學家**，也是經典教科書的作者，學分子演化的人肯定讀過他的書或論文。



- 巴仁獎從1978年以來獎勵人文、哲學、物理科學、生物科學，或促進和平的傑出人士或組織，獎金折合台幣約3000萬元。
- 李文雄是史上第三位得獎的遺傳與演化學家，也是第一位亞洲出身的巴仁獎得主。
- 對演化學家來說，巴仁獎就是遺傳與演化學的最高榮譽。
- <https://www.balzan.org/en/prizewinners/wen-hsiung-li/>
- <https://research.sinica.edu.tw/molecular-evolution-wen-hsiung-li/>

# 2007 芝加哥大學

---



# 芝加哥downtown



# Lake Michigan

---





# 第一次剷雪

---



# 名校博士生觀察

---

- 這邊的學生大學畢業不急著唸研究所，先當研究助理，確定自己真的想做研究後才申請研究所。
- 這邊的學生很有想法，要自己提出研究計畫，老師只是站在指導的角色，學生並不是老師想法的執行者。
- 這邊的學生對唸的領域很有興趣，研究動力十分強，將來也想從事相關的工作，絕對不是來混學位的。

- 這邊學生和老師的關係比較像同事或朋友，學生並不害怕老師，直接叫老師名字，也敢跟老師爭論研究觀點！
- 這邊找工作不簡單，學生及Postdoc對於如何培養自己的能力及出版論文都十分在意，每個人都是該領域的佼佼者。
- 這邊的學生是來自世界各地的菁英，可以接觸不同文化背景的人，能更加瞭解世界各國的異同之處。
- 這邊養學生及Postdoc很貴，能力不夠好就會請你走路，老師不會操心學生畢業問題。

# About Me (經歷)

---

2017-now	成功大學電機系控制組	教授
2013-2017	成功大學電機系控制組	副教授
2009-2013	成功大學電機系控制組	助理教授
2007-2009	芝加哥大學生態與演化學系	博士後

<http://cosbi2.ee.ncku.edu.tw/wessonwu>

---

Any Questions?

生醫及金融數據分析實驗室

Biomedical and Financial  
Data Analysis Lab

電機系控制組  
吳謂勝老師實驗室

# 生醫 / 金融數據分析處理

---

- 本實驗室培養數據科學家 (data scientists) 來做生醫 / 金融數據分析處理
- 數據科學家：運用數據、科學和程式，創造新知識的人
- Ex1. 從生醫大數據mining出有用的生物知識 (癌症的致病基因, 癌症診斷生物標誌, ...)
- Ex2. 從金融大數據mining出可投資的標的 (選股Tool, 財經資料庫)

# 50 Best Jobs in America for 2022

Best Jobs 2022 United States

Share    

Job Title	Median Base Salary	Job Satisfaction	Job Openings	
#1 Enterprise Architect	\$144,997	4.1/5	14,021	<a href="#">View Jobs</a>
#2 Full Stack Engineer	\$101,794	4.3/5	11,252	<a href="#">View Jobs</a>
#3 Data Scientist	\$120,000	4.1/5	10,071	<a href="#">View Jobs</a>
#4 Devops Engineer	\$120,095	4.2/5	8,548	<a href="#">View Jobs</a>
#5 Strategy Manager	\$140,000	4.2/5	6,977	<a href="#">View Jobs</a>
#6 Machine Learning Engineer	\$130,489	4.3/5	6,801	<a href="#">View Jobs</a>
#7 Data Engineer	\$113,960	4.0/5	11,821	<a href="#">View Jobs</a>
#8 Software Engineer	\$116,638	3.9/5	64,155	<a href="#">View Jobs</a>

360萬

#31 Electrical Engineer	\$86,545	4.0/5	10,489	<a href="#">View Jobs</a>
-------------------------	----------	-------	--------	---------------------------

258萬

[https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST\\_KQ0,20.htm](https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST_KQ0,20.htm)



# 50 Best Jobs in America for 2021

Best Jobs

2021

United States

Job Title	Median Base Salary	Job Satisfaction	Job Openings
#1 Java Developer	\$90,830	4.2/5	10,103
#2 Data Scientist	\$113,736 <b>339萬</b>	4.1/5	5,971
#3 Product Manager	\$121,107	3.9/5	14,515
#4 Enterprise Architect	\$131,361	4.0/5	10,069
#5 Devops Engineer	\$110,003	4.0/5	6,904
#37 Electrical Engineer	\$80,033 <b>240萬</b>	3.9/5	6,255

[https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST\\_KQ0,20.htm](https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST_KQ0,20.htm)

# 50 Best Jobs in America for 2020

Best Jobs 2020 United States

Share    

Job Title	Median Base Salary	Job Satisfaction	Job Openings	
#1 Front End Engineer	\$105,240	3.9/5	13,122	<a href="#">View Jobs</a>
#2 Java Developer	\$83,589	3.9/5	16,136	<a href="#">View Jobs</a>
#3 Data Scientist	\$107,801	4.0/5	6,542	<a href="#">View Jobs</a>
#4 Product Manager	\$117,713	3.8/5	12,173	<a href="#">View Jobs</a>
#5 DevOps Engineer	\$107,310	3.9/5	6,603	<a href="#">View Jobs</a>
#6 Data Engineer	\$102,472	3.9/5	6,941	<a href="#">View Jobs</a>
#7 Software Engineer	\$105,563	3.6/5	50,438	<a href="#">View Jobs</a>
#22 Electrical Engineer	\$77,035	3.7/5	7,756	<a href="#">View Jobs</a>

**321萬**

**231萬**

[https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST\\_KQ0,20.htm](https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST_KQ0,20.htm)

# 50 Best Jobs in America for 2019

Best Jobs | 2019 | United States

Share |    

Job Title	Median Base Salary	Job Satisfaction	Job Openings	
#1 Data Scientist	\$108,000	4.3/5	6,510	<a href="#">View Jobs</a>

324萬

#24 Electrical Engineer	\$77,000	3.7/5	7,191	<a href="#">View Jobs</a>
-------------------------	----------	-------	-------	---------------------------

231萬

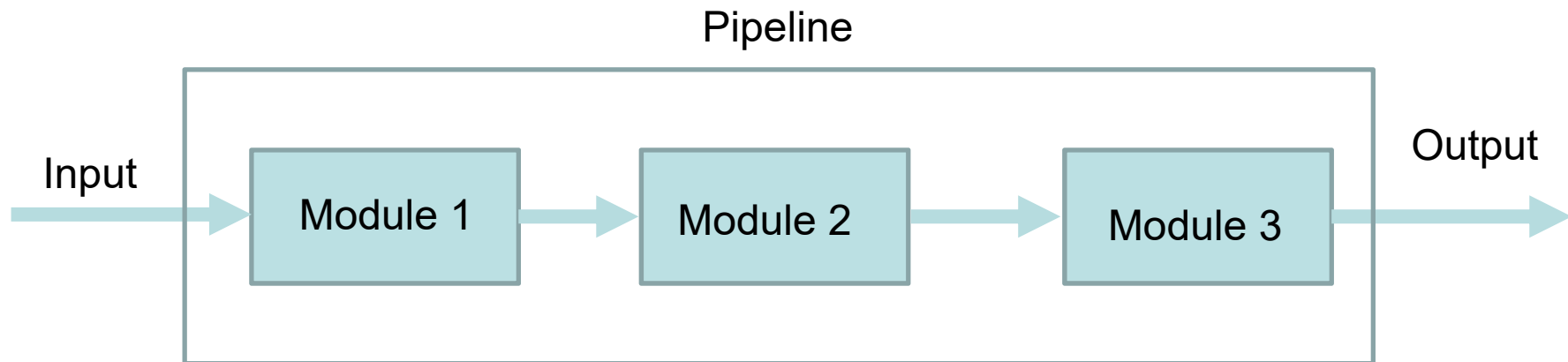


Data scientist is the top job in America for the fourth year in a row, according to Glassdoor's "50 Best

[https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST\\_KQ0,20.htm](https://www.glassdoor.com/List/Best-Jobs-in-America-LST_KQ0,20.htm)

# 數據科學家的技能

- 熟悉統計及資訊科學，寫程式建立pipeline來處理數據(data)以得到有用的知識(knowledge)
- 利用現有程式套件+自己寫的程式兜出pipeline









# 本實驗室訓練之程式技能

---

- Linux操作
- 熟悉各種生醫/金融數據處理程式
- 用Python抓取及處理生醫/金融數據
- 用Django / Node.js架設網站
- 用Javascript在網頁裡做表格和畫圖
- **新進學生享有完整訓練課程, 手把手帶你入門**
- 每年July: Linux, Python教學
- 每年Aug: 網站製作教學

# 本實驗室訓練課程網址

- [https://ryanccj.github.io/2022\\_Lab\\_Training/](https://ryanccj.github.io/2022_Lab_Training/)

 <b>Lesson1. Linux</b> 課程會議連結 Webex  7/4 (一) Terminal、Tools、Firewall、Virtual Env、IDE  7/5 (二) 期末 Project 說明 (13:30 開始)	 <b>Lesson2. Python</b> 自行觀看教學影片：  7/7 (四) Python Basic1 (2021/07/06)  7/11 (一) Python Basic2 (2021/07/09)  7/14 (四) Numpy & Pandas (2021/07/13)
 <b>Lesson3. Web</b>  7/18 (一) HTML、CSS、JavaScript  7/21 (四) Bootstrap、jQuery、Web Crawler  7/25 (一) Homework review	 <b>Lesson4. Django</b>  7/28 (四) MTV Structure、Templates  8/1 (一) Database、Models  8/4 (四) Form、Ajax
 <b>Lesson5. Data Visualization (Advanced)</b>	 <b>Lesson6. Front-end Framework (Advanced)</b>

# 本實驗室(2009/2~2023/5/24)成員

---

- 已畢業博士2人
- 已畢業碩士40人
- 博士班2人
- 碩二10人
- 碩一6人
- 新生8人(2023/7/1報到)

# 本實驗室管理

---

- 一人一個座位一台電腦
- 一到五 14:00~17:00要待在實驗室,我要詢問每天的研究進度
- 一周一次正式報告進度



# 畢業學長姐出路

---

- 成大醫工系助理教授
- 康健基因科技 Senior Bioinformatics Scientist
- 台積電, 聯發科, Nvidia, 群聯, 聯詠, 美光, 趨勢科技, ...

# 研究方向

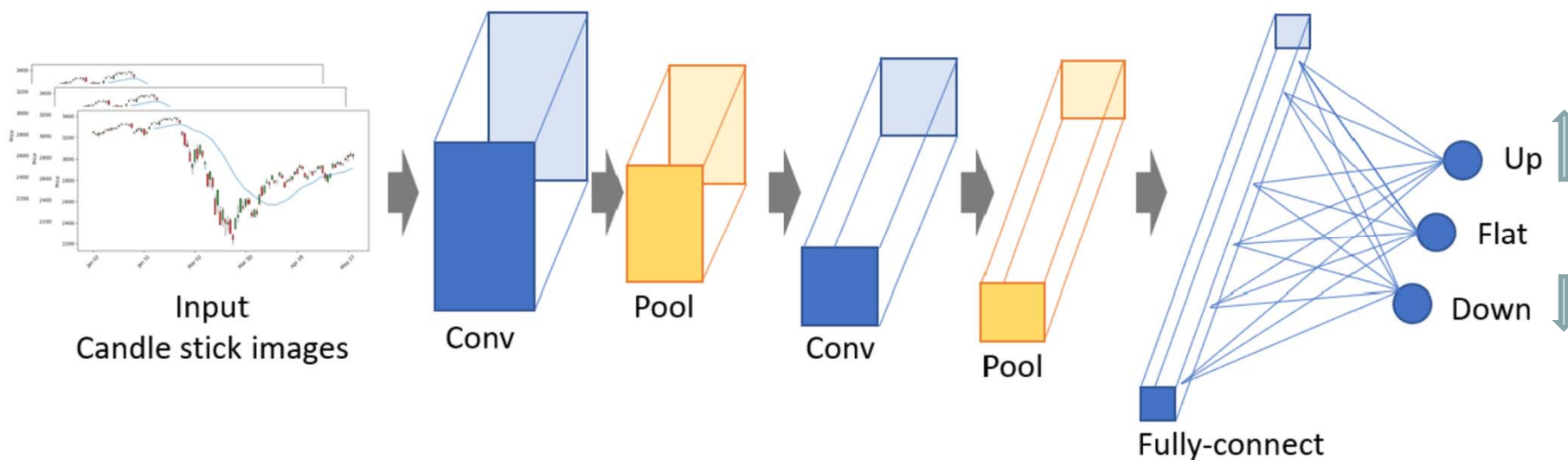
---

- 生醫/金融**演算法開發** (deep learning)
- 生醫/金融**網頁工具開發** (web tool)
- 生醫/金融**資料庫建立** (database)

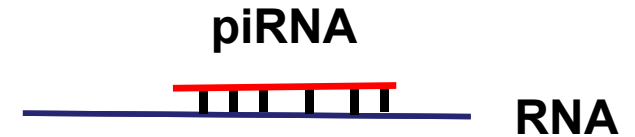
# 開發演算法來預測股票漲跌

- 用 Deep learning 演算法來做分類問題

Ex. 預測股票漲跌(漲 vs. 跌)

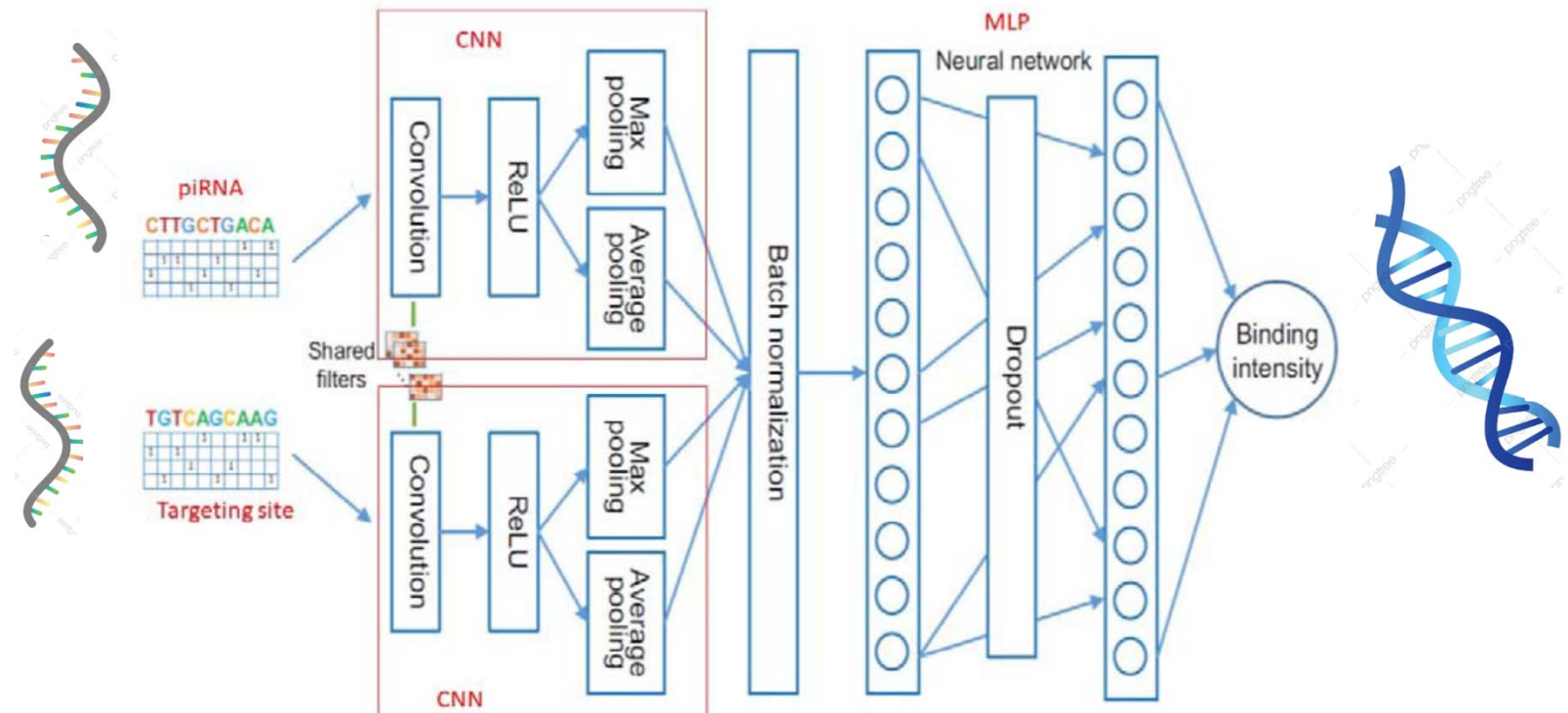


# 開發演算法來解答生物問題



- 用 Deep learning 演算法來做分類問題

Ex. 預測 piRNA targets (結合 vs. 不會結合)



# 跨國合作

合作單位	合作學者	合作發表論文
美國西北大學醫學院	Prof. Liming Li	一篇 in revision
美國科羅拉多州立大學生化及細胞生物學系	Prof. Laurie Stargell	研究進行中
美國史蒂文生大學生物科學系	Prof. Rebecca Burgess	研究進行中
美國韋恩州立大學醫學院	Prof. Yan-Yuan Tseng	已發表5篇論文
美國芝加哥大學生物學系	Prof. Heng-Chi Lee	已發表3篇論文
美國普林斯頓大學生物學系	Prof. Ned S. Wingreen	研究進行中

- 我們和芝加哥大學李亨啟教授合作，開發演算法偵測piRNA targets，在2018年2月刊登在Science期刊上，成為成大電資學院創院以來第一篇能榮登Science的研究！

AAAS ANNUAL MEETING Feb 15-19 2018 ★ Austin, TX REGISTER NOW >

Institution: NATL CHENG KUNG UNIVERSITY  
Log in | My account | Contact Us  
NATL CHENG KUNG UNIVERSITY



SHARE

REPORT



0



0

## The piRNA targeting rules and the resistance to piRNA silencing in endogenous genes

Donglei Zhang<sup>1,2,\*</sup>, Shikui Tu<sup>3,4,\*</sup>, Michael Stubna<sup>1</sup>, Wei-Sheng Wu<sup>5</sup>, Wei-Che Huang<sup>5</sup>, Zhiping Weng<sup>3</sup>, Heng-Chi Lee<sup>1,†</sup>

+ See all authors and affiliations

Science 02 Feb 2018:  
Vol. 359, Issue 6375, pp. 587-592  
DOI: 10.1126/science.aao2840



### Science

Vol 359, Issue 6375  
02 February 2018

[Table of Contents](#)

[Print Table of Contents](#)

[Advertising \(PDF\)](#)

[Classified \(PDF\)](#)

[Masthead \(PDF\)](#)

# 新聞報導

成大電機系教授吳謂勝開發利器 助線蟲研究大突破榮登《Science》

捷報！電機系吳謂勝教授與芝加哥大學國際合作團隊 研究成果躍登**Science**期刊

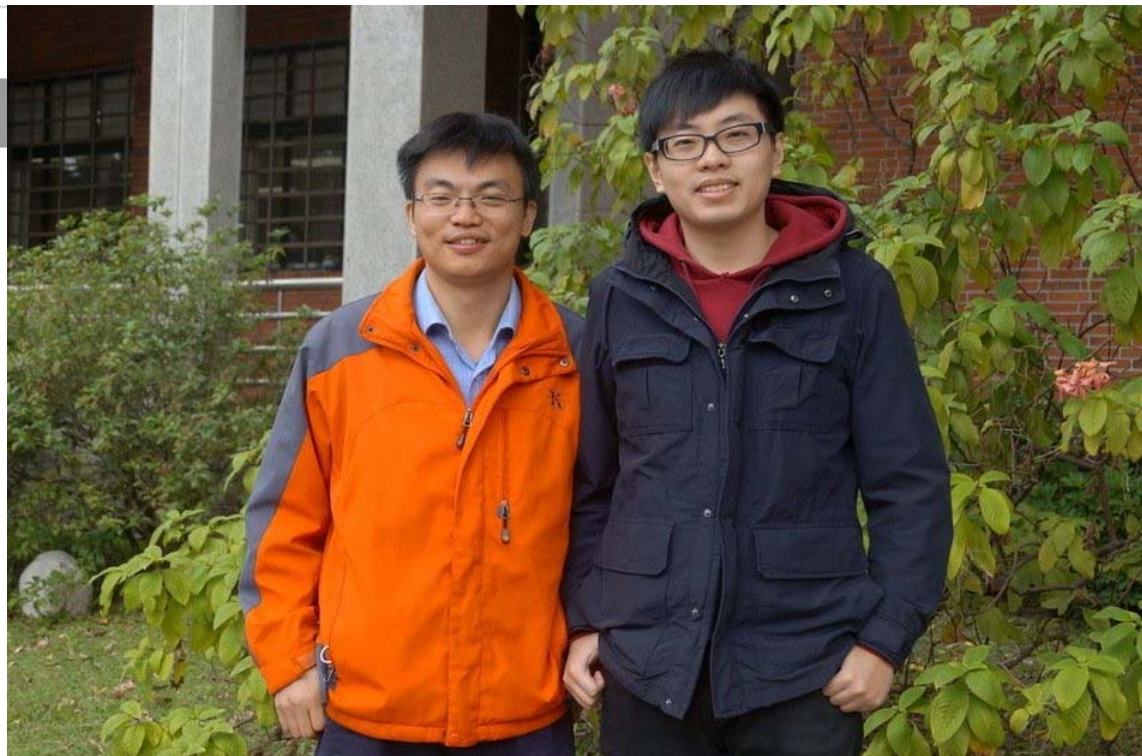
別小看線蟲 戲稱為「諾貝爾獎得主大恩人」

f 分享

LINE 分享

留言

列印



# 校長頒獎





# 生醫/金融 **web tool and database 開發**

---

- 後端程式pipeline建立,資料庫建立
- 前端網站建置
  
- Web tool: 輸出入介面是網頁,但內部就是一支資料處理的pipeline程式
- <http://cosbi2.ee.ncku.edu.tw/YQFC/Tool/>
  
- Database: 輸出入介面是網頁,但內部就是一個資料庫(MySQL,PostgreSQL,...)

# YQFC (Web tool 範例)

---

- Yeast Quantitative Feature Comparator
- <http://cosbi2.ee.ncku.edu.tw/YQFC/Tool/>

# Cancer DEiso (生物資料庫範例)

---

- A Database for Differentially Expressed Isoforms and Genes in Human Cancer
- <http://cosbi4.ee.ncku.edu.tw/DEiso/>

# Stock Database (股票資料庫範例)

## 個股研究報告資料庫查詢

股票代號&名稱:

開始日期:

結束日期:

券商名稱:

投資建議:

## 新聞資料庫查詢

搜尋欄位:

新聞類別:

開始日期:

結束日期:

## 法說會資料庫查詢

股票代號&名稱:

開始日期:

結束日期:

# FinLab (我們要效法的標竿企業)

<https://www.finlab.tw/>

---

- FinLab，利用Python來做量化投資
- FinLab致力於推廣他們在量化投資上的知識與實作經驗，並且教導大家如何運用Python創造屬於自己的策略，靠自己的能力為自己創造被動收入。
- 獲利模式：月繳VIP方案 NT\$749/月（已1364人訂閱，月收100萬）
- <https://ai.finlab.tw/pricing>



# 生物網頁工具及生物資料庫

---

## 生物網頁工具

- **pirScan**
- <http://cosbi4.ee.ncku.edu.tw/pirScan/>

## 生物資料庫

- **pirTarBase**
- <http://cosbi6.ee.ncku.edu.tw/piRTarBase/>

# 生物網頁工具

## Input page of pirScan

pirScan: a web server to predict piRNA targeting sites and to avoid transgene silencing

[Scan](#) [Tutorial](#) [Contact](#)

Scan  piRNA target sites in your sequence

### Input

Input your DNA (without introns) or spliced RNA sequence:

```
agttttacttttcgcttttcgATGGCACCTCCACAAGTAAGAAGTCCGCTAGGTTAAGCAAGAGA
TGCCAAGAAGAAAAGGTTAAGCTTCAGAAGAAAATGTCGGATTTAAGGCAAAATCTAA
GTCGGCTAAAAAGTAATAAGAAATTAAGAAAAGCTGCCGCTCAAAGACAAAGCCCAA
TTGACATCGTCCCAACACACGTGTGCTGTGACACAGACGTTTGCAAGGCTGATGCCTTGA
ACATTGACTACAAATCAGGTGACTGTGCGATGTCCTGTCTCCGAAGGAGGTTTCCTTGT
GAATGTCAAGAGAAAATTGTGGCACATTCTTACCGCCAACCATTTACCATCATCAAAATC
GCGTTGGCTCAGTTCATGCTCATTGGGGAAGCAACTCGAAAGAAGGATCCGAGCACTTT
TTGGACGGAAAACAACCTAGCGGAGAGGTTCACTTTGTATTCTGGAACACCAGCTATGAG
TCGTTAATGTGGCACTCAGCAAGCCCGATGGATTGGCGGTTGTGGAGTCTTCTGAAGG
AAGCAAAATGCAATGCAATTAGCATCCCTGATGGGACAGACTGCCCAAAAGCCAGCCCA
```

Specify your sequence name:

Specify coding sequence (CDS) region:  
 Whole input sequence  23 - 865  None

### piRNA targeting rules

Default Setting

Number of mismatches allowed at seed region:

- number of non-GU pairs  $\leq$
- number of GU pairs  $\leq$

Number of mismatches allowed at non-seed region:

- number of non-GU pairs  $\leq$
- number of GU pairs  $\leq$

Total number of mismatches at seed & non-seed regions  $\leq$

piRNA targeting score  $\geq$

5'  3'

3'  5'      3'  5'

seed      non-seed

5'  3'

1 2      7 8      21



# Output page of pirScan

## 8 Identified piRNA target sites (Graphical View)



## 8 Identified piRNA target sites (Table View) [Download table](#)

Show 10 entries

Legend: non-GU mismatch (yellow), GU mismatch (blue), mismatch at the 1st position of piRNA (green), seed region (red)

piRNA	piRNA targeting score	targeted region in input sequence	# mismatches	position in piRNA	# non-GU mismatches in seed region	# GU mismatches in seed region	# non-GU mismatches in non-seed region	# GU mismatches in non-seed region	pairing (top:Input sequence, bottom:piRNA)
21ur-11812	3	141-161	5	1,5,14,15,20	0	1	2	1	5' GUAAUAAGAAAUUC AAGAAA G 3' 3' CGUUAUAAUUUAAG UUUUUU U 5'

## 8 Identified piRNA target sites (Sequence View) [Download seqView](#)

Lowercase/Uppercase text indicates UTRs/CDS

Legend: non-GU mismatch (yellow), GU mismatch (blue), mismatch at the 1st position of piRNA (green), seed region (red), Codon (green)

1 aguuuuacuuuuucgcuuuucgAUGGCACCUCCACAAGUAAGAAGGUCCGCUAGGUUAAGCAAGAGAUGCCAAGAAGAAAGGUUAAGCUUCAGAAAGAA 100  
 S K R C Q E E K K L Q K K  
 UUCA CUAUGGUUUUUUUU CGAAUUUUAUUUU

# 生物網頁資料庫

## Input page of piRTarBase

piRTarBase: a database of piRNA targeting sites and their roles in gene regulation

SEARCH

BROWSE

TUTORIAL

DOWNLOAD

CONTACT

Search predicted piRNA-target pairs in worms

Select a Species :

C. elegans

C. briggsae

Choose piRNA targeting rules :

stringent ⓘ

relaxed ⓘ

Search by :

gene/transcript

piRNA

Input a gene or a transcript

(e.g. [Y40B10A.2a](#), [xol-1](#), [WBGene00006962](#))

WBGene00006962

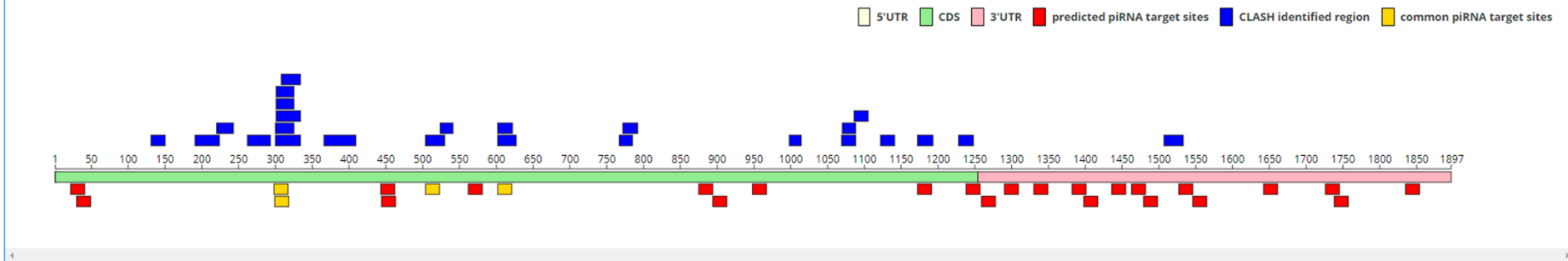
Search

# Output page of piRTarBase

For the transcript **C18A11.5b**

- # of predicted piRNA target sites ■ = 28
- # of CLASH identified piRNA target sites ■ = 25
- # of common piRNA target sites ■ = 4

## piRNA target sites (Graphical View)



## common piRNA target sites (Table View)

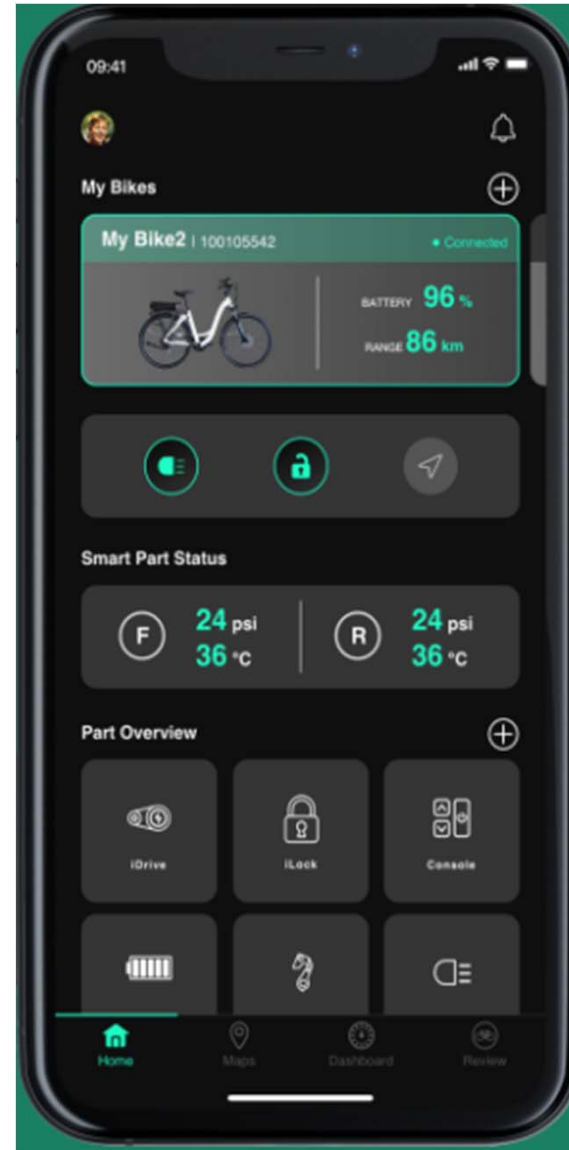
Show  entries Search:

piRNA	piRNA abundance <sup>Ⓞ</sup> <sub>⚡</sub>	hybrid count <sup>Ⓞ</sup> <sub>⚡</sub>	CLASH identified region <sup>Ⓞ</sup> <sub>⚡</sub>	Predicted piRNA target sites from CLASH <sup>Ⓞ</sup> <sub>⚡</sub>	piRNA targeting score <sup>Ⓞ</sup> <sub>⚡</sub>	position in piRNA	pairing (top:C18A11.5b , bottom:piRNA)
21ur-4863	13.8422	6	300-335	299-319	3	<span style="color: green;">1</span> , <span style="color: yellow;">13</span> , <span style="color: blue;">19</span> , <span style="color: red;">20</span> , <span style="color: red;">21</span>	5' AUUUAUCGAUCA[CUGAAA]C 3' 3' AGUAGUAGUAGUU[GACUUU]U 5'
21ur-4863	13.8422	5	300-326	299-319	3	<span style="color: green;">1</span> , <span style="color: yellow;">13</span> , <span style="color: blue;">19</span> , <span style="color: red;">20</span> , <span style="color: red;">21</span>	5' AUUUAUCGAUCA[CUGAAA]C 3' 3' AGUAGUAGUAGUU[GACUUU]U 5'

Legend: ■ non-GU mismatch ■ GU mismatch ■ mismatch at the 1st position of piRNA | ■ seed region

# 產學合作 (finished)

- 開發e-bike APP



# 產學合作 (finished)

- 比特幣交易平台



知乎 @飞天守愚  
<https://blog.csdn.net/hypnet>

# 我的金融資料分析經驗

(3教學經驗 + 3指導學生碩論)

電機系 吳謂勝教授

<http://cosbi2.ee.ncku.edu.tw/wessonwu/>

金融與生物大數據分析實驗室

# 課程內容

# 1. 撰寫個股進出場心法回測程式

---

- 用 `Yahoo Finance` API 抓個股的開高低收量資料
- 用 `python TA-Lib` 套件算各種技術指標
- 用網路爬蟲到 [`Goodinfo!` 台灣股市資訊網] 爬各種股票基本面資料
- 用 `python backtrader` 回測套件撰寫個股進出場心法(黃金交叉, 死亡交叉) 回測程式
- 用 `python pyfolio` 計算各種風險指標 (Sharpe ratio, Max drawdown, ...)



# Backtesting - Performance

Strategy: MACD

Args:

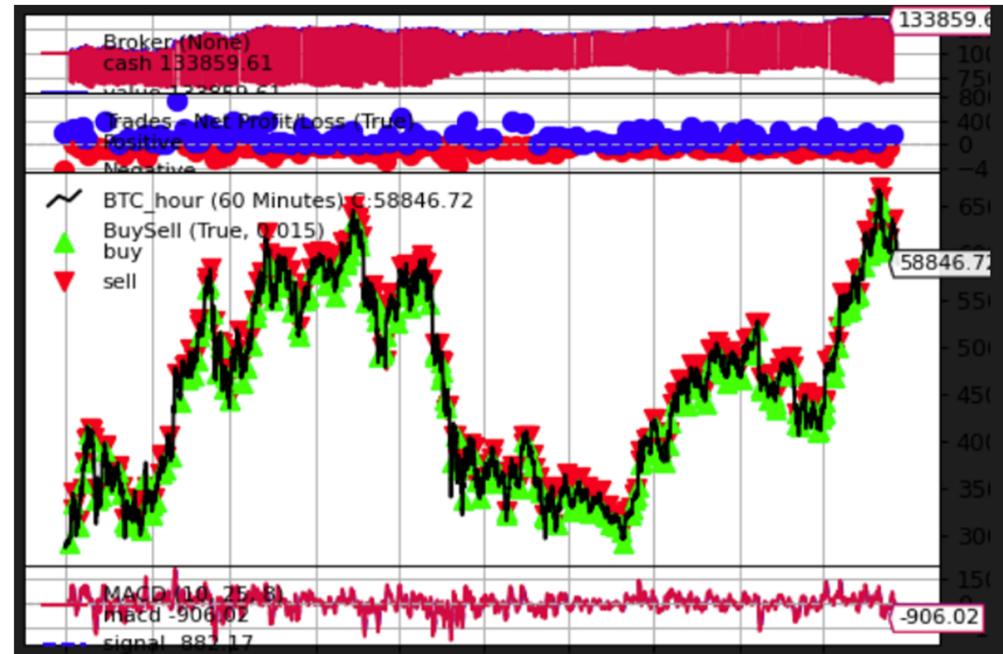
fast\_period (int): fast ema period.  
slow\_period (int): slow ema period.  
signal\_period (int): macd signal period.

default

DIF:  $\text{ema}(12) - \text{ema}(26)$  (fast)  
MACD :  $\text{ema}(\text{DIF}, 9)$  (slow)

Rule:

DIF > MACD: buy. Cross up  
DIF < MACD: sell. Cross down



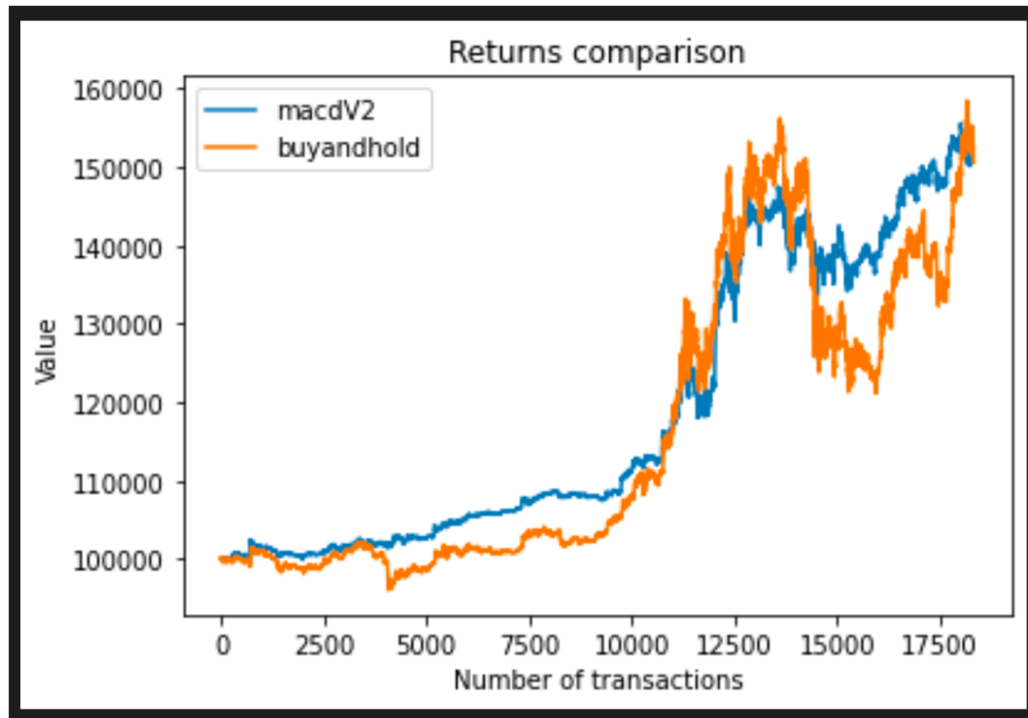
Data : 2021-01-01 ~ 2021-10-28

# Risk indicator

Start date	2021-01-01
End date	2021-10-28
Total months	14
	<b>Backtest</b>
Annual return	27.653%
Cumulative returns	33.86%
Annual volatility	17.04%
Sharpe ratio	1.52
Calmar ratio	2.60
Stability	0.62
Max drawdown	-10.618%
Omega ratio	1.31
Sortino ratio	2.49
Skew	0.36
Kurtosis	3.15
Tail ratio	1.35
Daily value at risk	-2.044%

Worst drawdown periods	Net drawdown in %	Peak date	Valley date	Recovery date	Duration
0	10.62	2021-04-13	2021-05-23	2021-08-20	94
1	6.36	2021-02-22	2021-02-28	2021-03-07	10
2	6.23	2021-01-14	2021-01-31	2021-02-08	18
3	4.54	2021-03-14	2021-03-25	2021-04-13	22
4	3.53	2021-01-08	2021-01-13	2021-01-14	5

# Backtesting – Compare with benchmark



**Returns** (initial funding : 100000)

- macd:133859.61
- buy and hold:130242.25

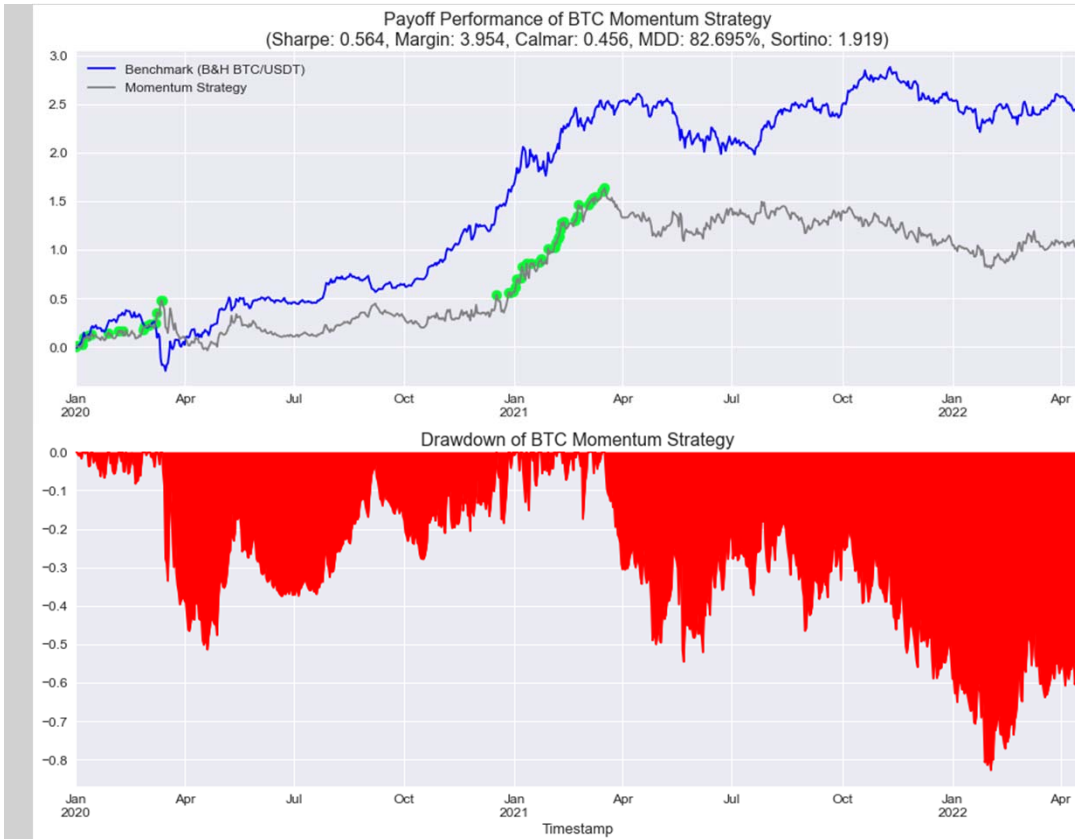
**Sharpe**

- macd:1.52
- buy and hold:0.93

## 2. 撰寫比特幣進出場心法回測程式 及程式交易

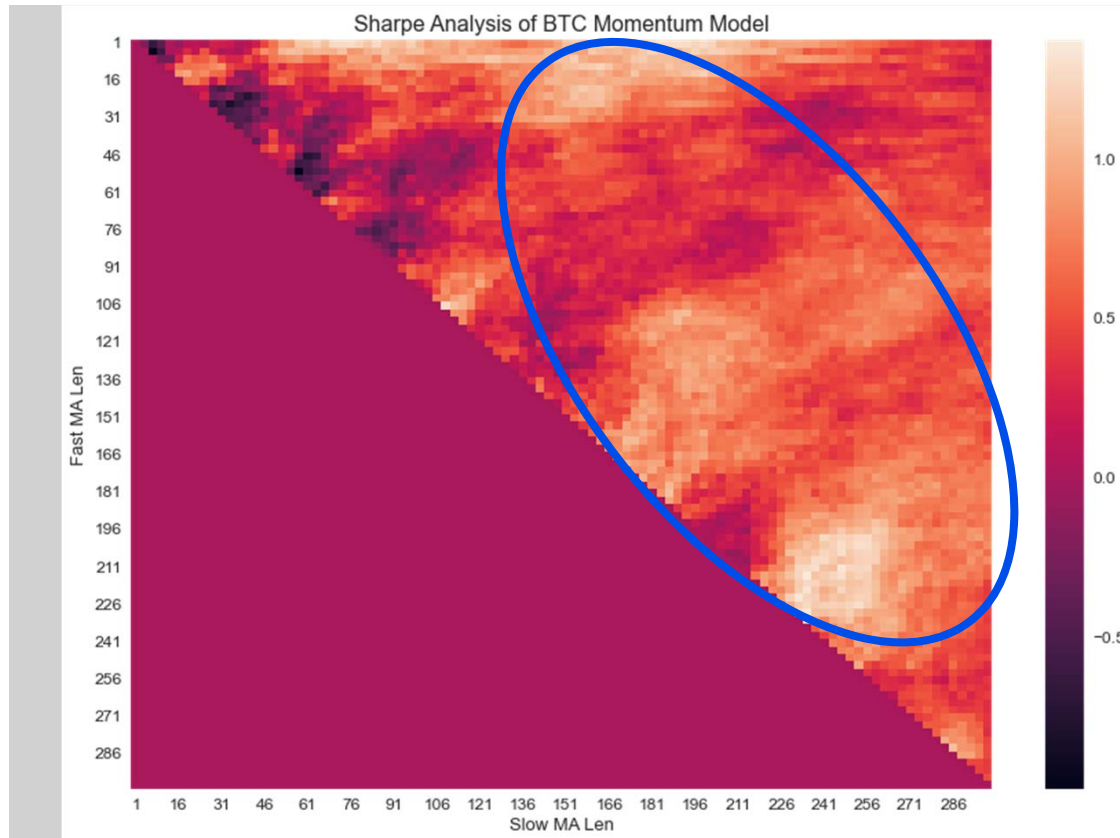
- ACE王牌虛擬貨幣交易所(昶裕公司產學合作)  
<https://ace.io/>
- 培養學生成為虛擬貨幣trader人才
- 用Binance API抓比特幣的開高低收量資料
- 用python TA-Lib套件算各種技術指標
- 用python backtrader回測套件撰寫個股進出場心法回測程式
- 用python pyfolio計算各種風險指標(Sharpe ratio, Max drawdown,...)
- 實做程式交易程式(使用幣安API及websocket), 能穩定執行數日

# Backtesting- Performance



Type	Benchmark	Momentum
<b>Contract</b>	<b>BTC/USDT</b>	<b>BTC/USDT</b>
<b>Total Profit</b>	<b>243.98%</b>	<b>105.32%</b>
<b>Sharpe Ratio</b>	<b>1.3</b>	<b>0.564</b>
<b>Sortino Ratio</b>	<b>4.94</b>	<b>1.919</b>
<b>Margin(bps)</b>	<b>-</b>	<b>3.954</b>
<b>Calmar Ratio</b>	<b>0.985</b>	<b>0.456</b>
<b>Max Drawdown</b>	<b>88.66%</b>	<b>82.695%</b>
<b>Win/Loss Ratio</b>	<b>-</b>	<b>48.8%</b>
<b>Turnover Times</b>	<b>-</b>	<b>2664</b>

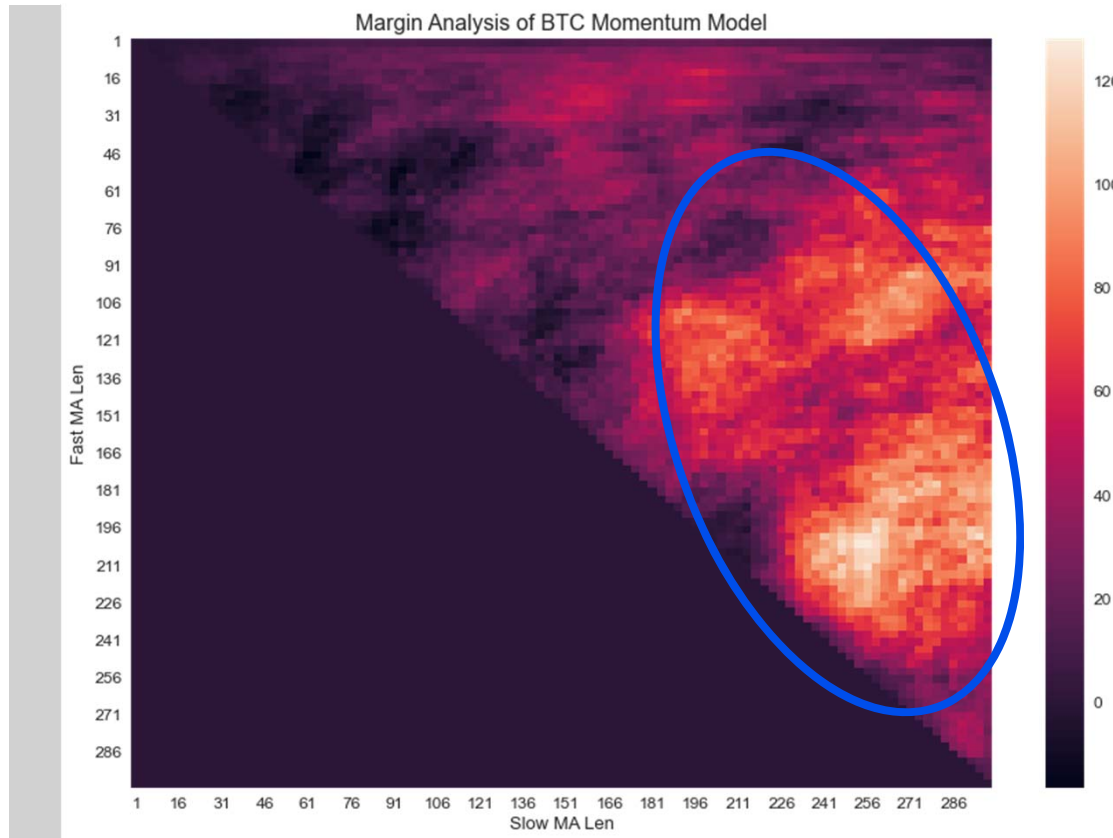
# Parameter Selecting - Sharpe Analysis



●  $Sharpe\ Ratio = \frac{E[R_a - R_b]}{\sigma_a}$

- (1) Choose pairs parameters that Sharpe Ratio over **0.8 is better**.
- (2) Overall, the parameters **are not sensitive** to the Sharpe Analysis of the strategy.
- (3) We can random choose the parameters in the **Blue Circle** framed area.

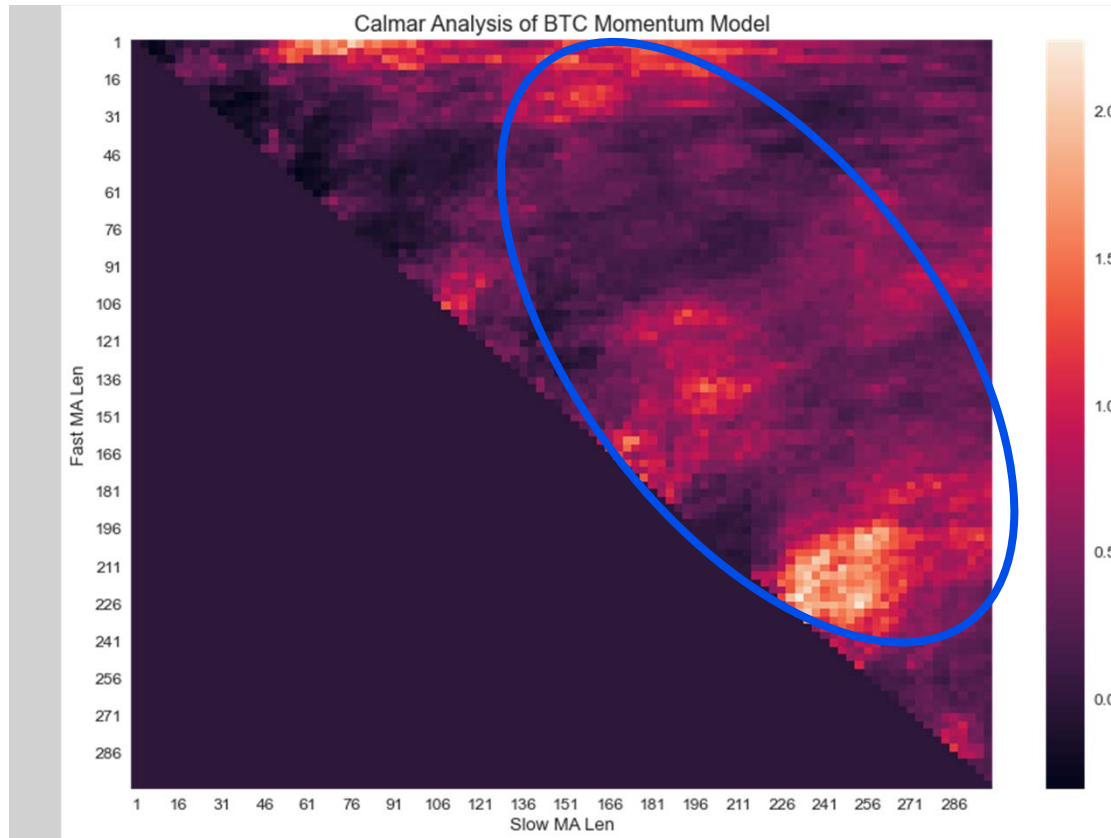
## Parameter Selecting - Margin Analysis



- $Margin(bps) = \frac{\sum_{i=1}^n Ra}{Turnover\ Times} * 10000$

- (1) Choose pairs parameters that Margin over 20bps is better for CTA Model.
- (2) Overall, momentum strategy performance is better in regions with larger MA parameters.
- (3) We can random choose the parameters in the Blue Circle framed area.

# Parameter Selecting - Calmar Analysis



$$\bullet \text{ Calmar Ratio} = \frac{E[R_a - R_b]}{\text{Maximum Drawdown}}$$

- (1) Choose pairs parameters that Calmar Ratio over **0.8 is better**.
- (2) Overall, the parameters **are not sensitive** to the Calmar Analysis of the strategy.
- (3) We can random choose the parameters in the **Blue Circle** framed area.



# Crypto trading system

---

- Data (各個交易商品即時報價、歷史收盤價資訊)
- Account Information (接收各種帳戶事件、訂單更新事件)
- Strategy (產生下單訊號)
- Order handler (下單、取消訂單、重新掛單)
- Connection Keeper (確保連線、收發各種資料)
- 實做程式交易程式(使用幣安API及websocket), 能穩定執行數日

# 3. 用深度學習網路預測NASDAQ 100股價

---

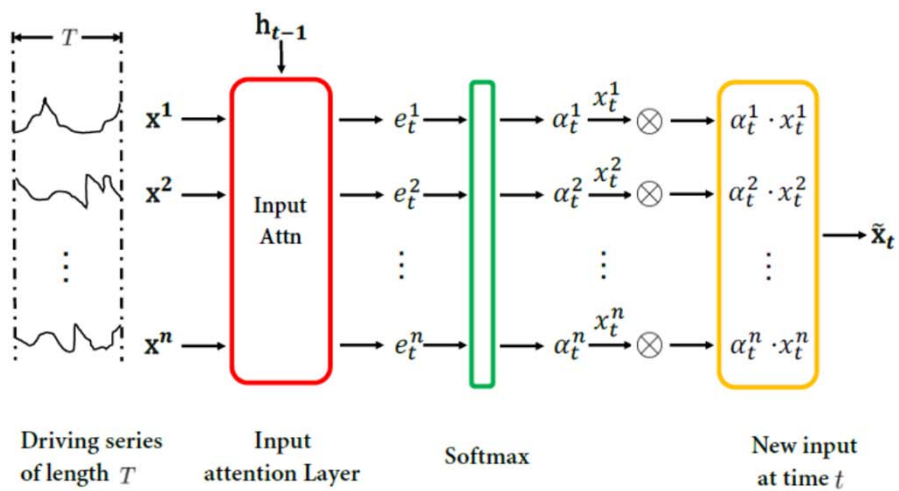
$$\hat{y}_T = F(y_1, \dots, y_{T-1}, \mathbf{X}_1, \dots, \mathbf{X}_T)$$

$$\mathbf{x}_t = (x_t^1, x_t^2, \dots, x_t^n)^\top$$

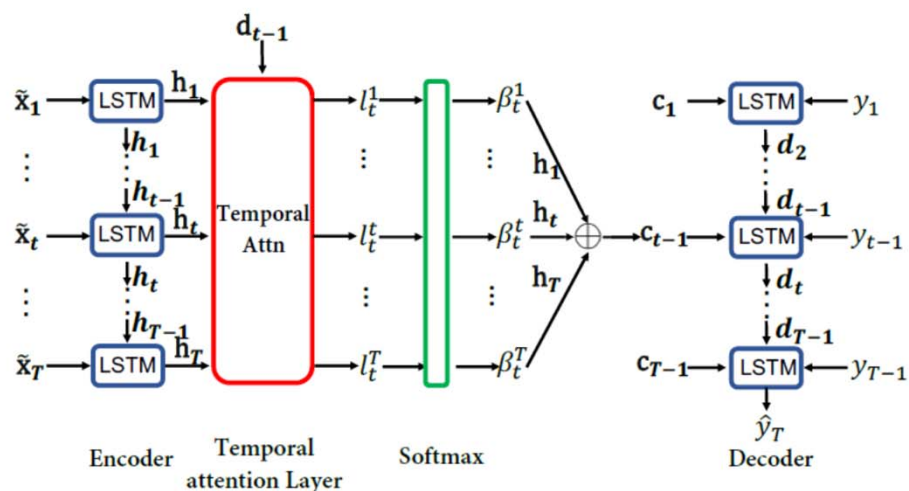
- 用81 major corporations under NASDAQ 100 as the driving time series

**A Dual-Stage Attention-Based Recurrent Neural Network  
for Time Series Prediction**

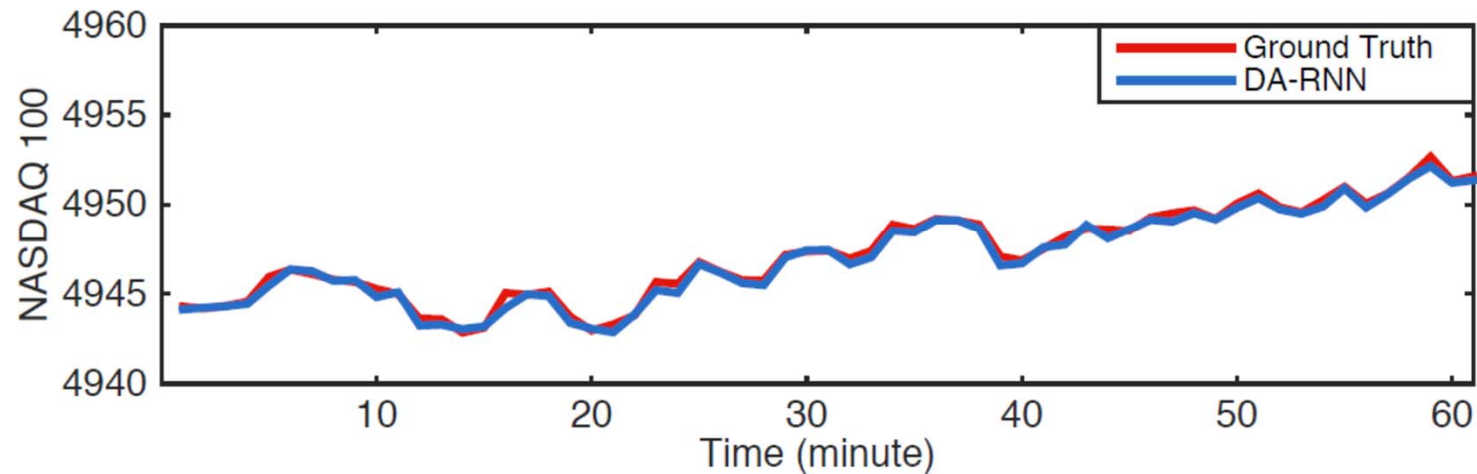
Yao Qin<sup>1\*</sup>, Dongjin Song<sup>2</sup>, Haifeng Chen<sup>2</sup>, Wei Cheng<sup>2</sup>, Guofei Jiang<sup>2</sup>, Garrison W. Cottrell<sup>1</sup>



(a) Input Attention Mechanism



(b) Temporal Attention Mechanism



- 深度學習預測股價的準確率比不上直接令

$$Y_T = Y_{T-1}$$

- 深度學習預測股票漲或跌或許還比較有機會成功

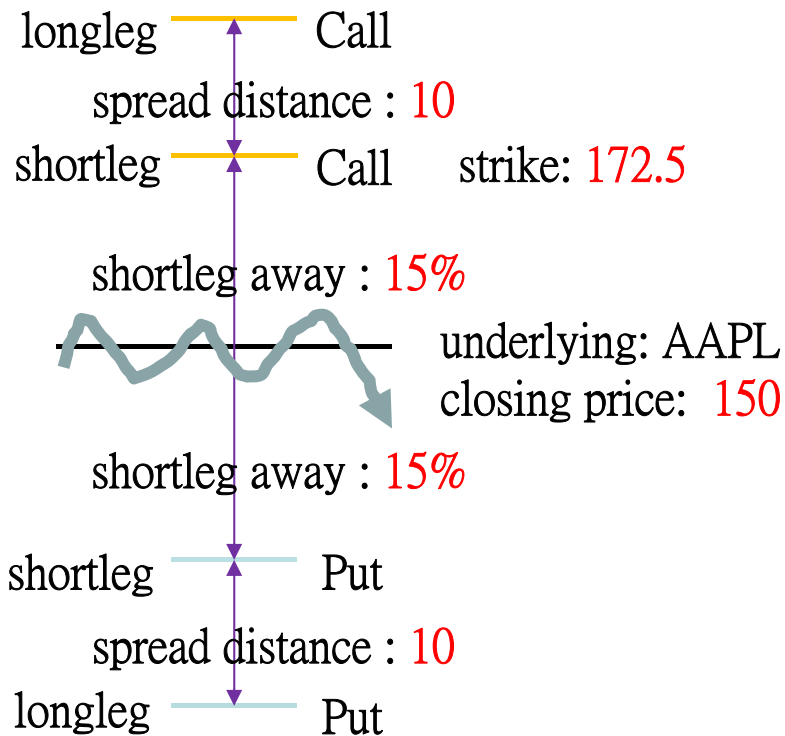
# 三位學生碩論

# 1. 開發畫壓力/支撐線, 大量, 跳空區 間之網頁工具

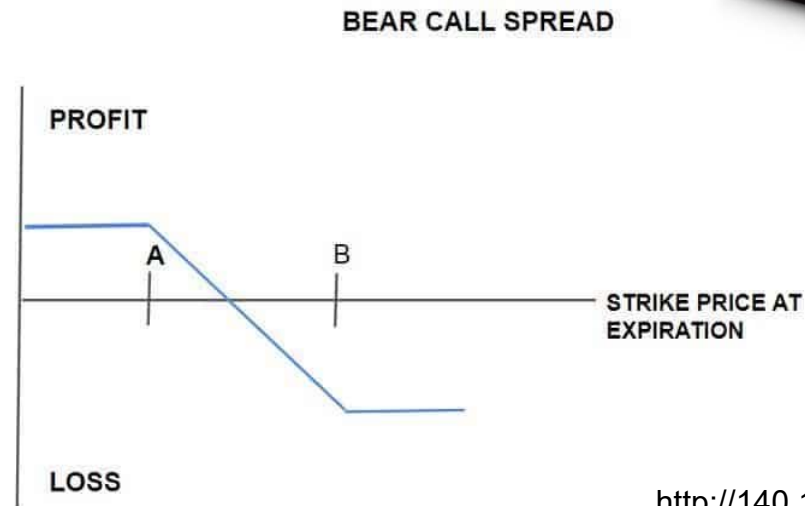
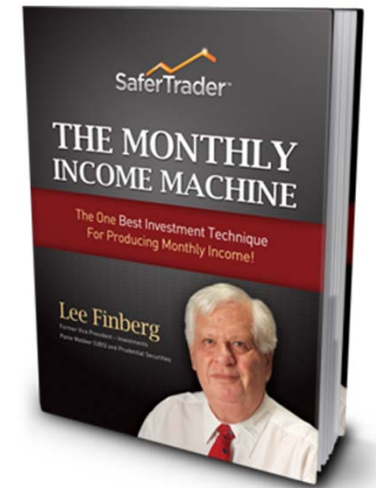
---

- 用 Yahoo Finance API 抓個股的開高低收量資料
- 自己寫python程式算出 peak, valley, 壓力/支撐線, 大量區間, 跳空區間
- 用 Highcharts Stock 網頁前端做圖
- 包成網頁工具讓人使用

# 2. 使用 Credit Spread 期權策略打 造被動收入



- 實做本書的 option credit spread screener 網頁工具



<http://140.116.214.156:8000/cosbi111>  
cosbi222

### 3. 開發個股資料庫及個股分析工具

---

- 由合作夥伴寄來的個股分析報告E-mail創建**個股分析報告資料庫**
- 去公開資訊觀測站爬法說會資料回來製作**個股法說會資料庫**
- 去台灣證券交易所爬個股買賣日報表回來計算各家券商每日的個股買賣張數可製作**券商個股持有張數和成本資料庫**(尚未進行)
- 個股定價策略(仿艾蜜莉選股)
- 個股地板天花板反轉價位策略(仿權證小哥)
- 個股監控警示系統



# 股票定價工具

## 股票定價

股票代號&名稱:

2330 台積電

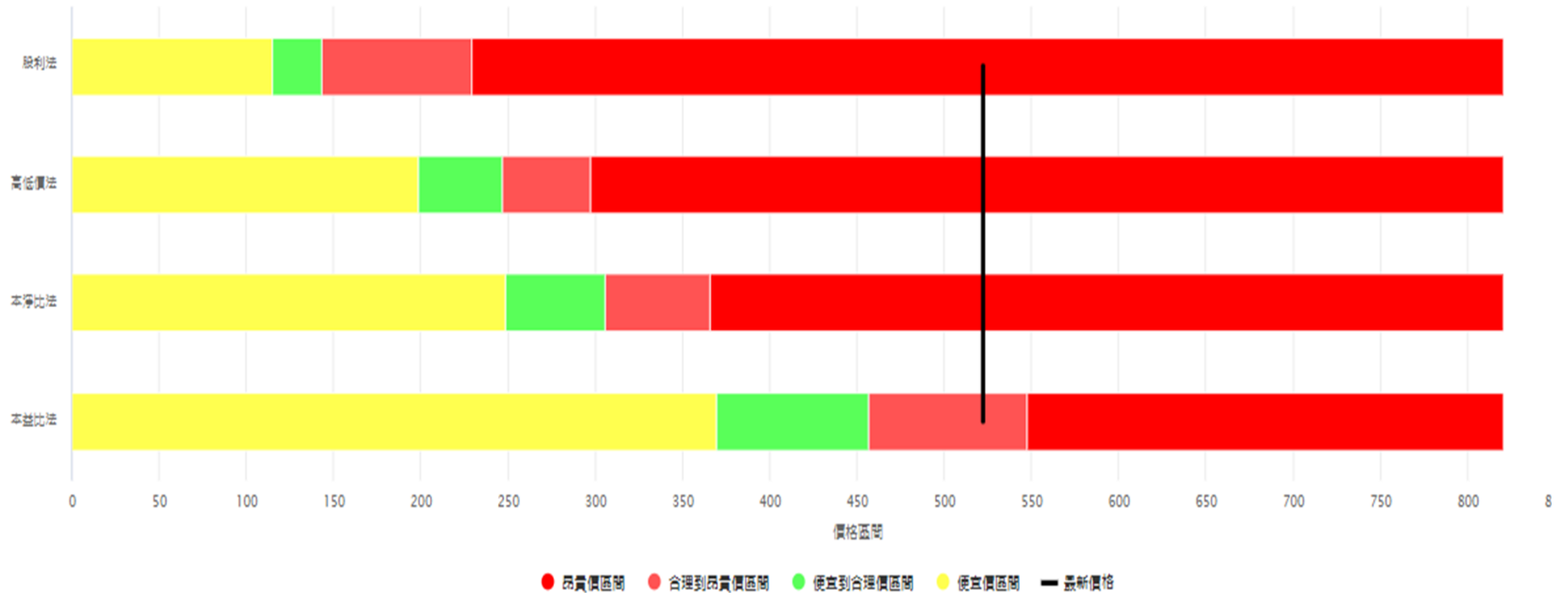
歷史幾年資料:

10

搜尋

最新價格: 522

## 股票定價結果





- 系統生物學是要**定量**研究**整個生物系統**的特性，而不是像傳統生物學家只研究生物系統裡面的某個部分，導致研究落入見樹不見林的窘境。

Ex. 藥物副作用

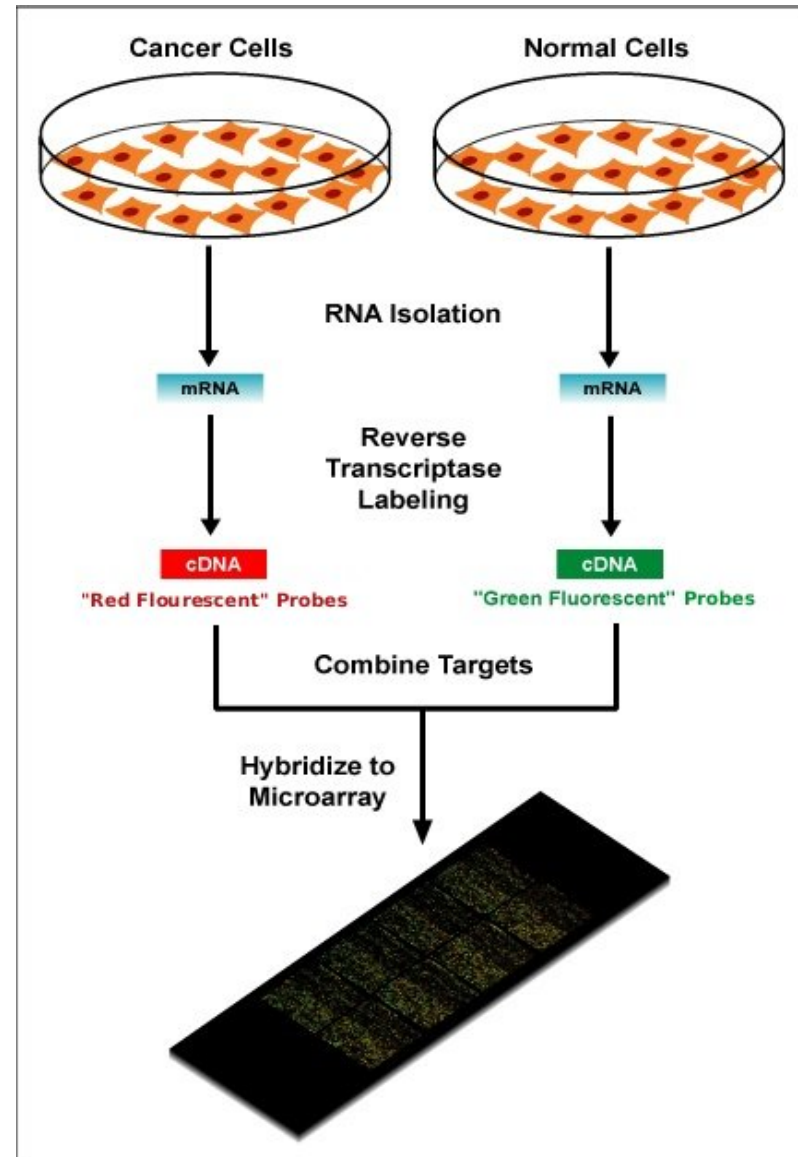
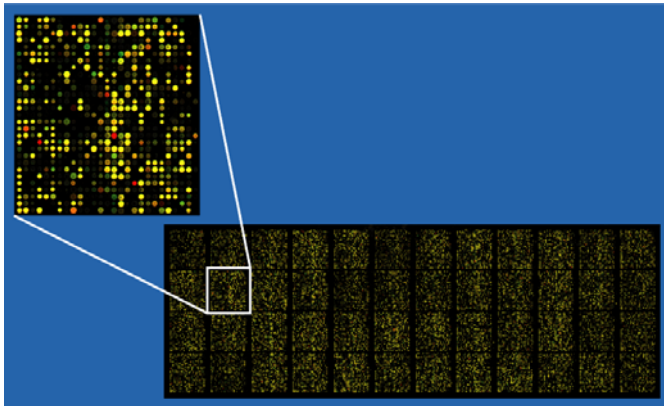
- 計算系統生物學的目標是要對生物系統建立數學模型，讓我們可以**解釋及預測生物系統的行為**。這個數學模型還必須通過生物實驗的驗證，才算是一個有實用價值的模型。

- 生物系統是一個非常複雜的**非線性系統**，因此唯有透過研究系統裡面的組成份子之間複雜的**交互作用**，才能瞭解為什麼生物系統**有能力執行各種不同的功能**。
- 各種**高通量生物實驗技術**所產生的數據（如基因體序列資料、基因表現之mRNA資料、蛋白質交互作用資料），都是**對於生物系統的量測結果**，可以當成我們建立數學模型所需的資料。

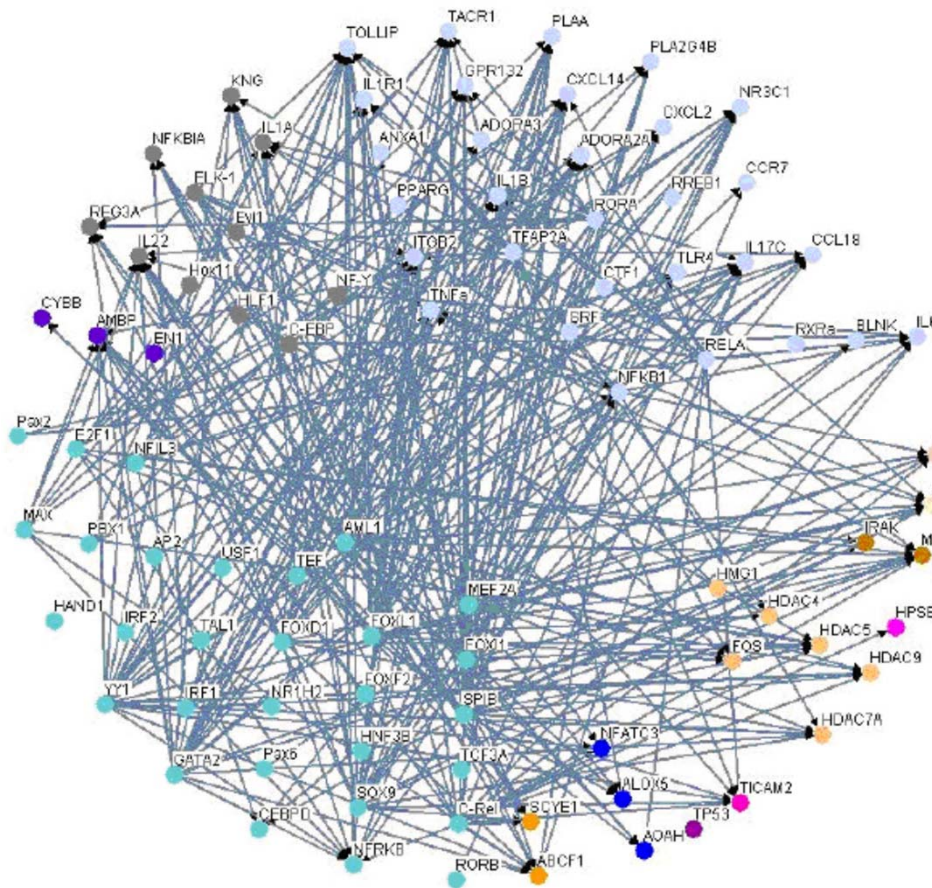
- 電機系控制組所學的非線性系統理論正是最適合用來建立複雜生物系統數學模型的工具。
- 藉由系統理論，我們可以分析生物系統的諸多系統特性（如穩定性、強健性）。當我們可以成功分析生物系統特性之後，再來就是要去控制生物系統，使生物系統能夠擁有我們想要的特性，變成有醫療或是經濟上的價值。
- 希望有學習動機的學生可以加入我們的行列，共同來解開生物系統的運作之謎。

# Example 1:

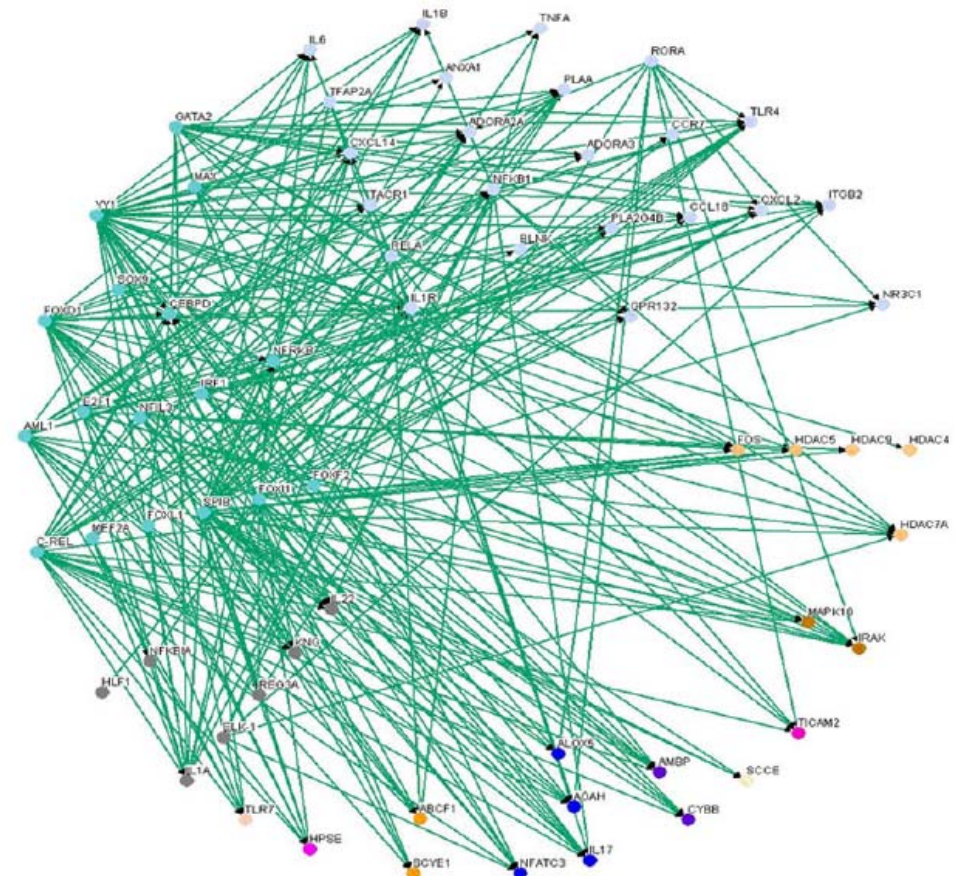
## Using microarray to study cancer



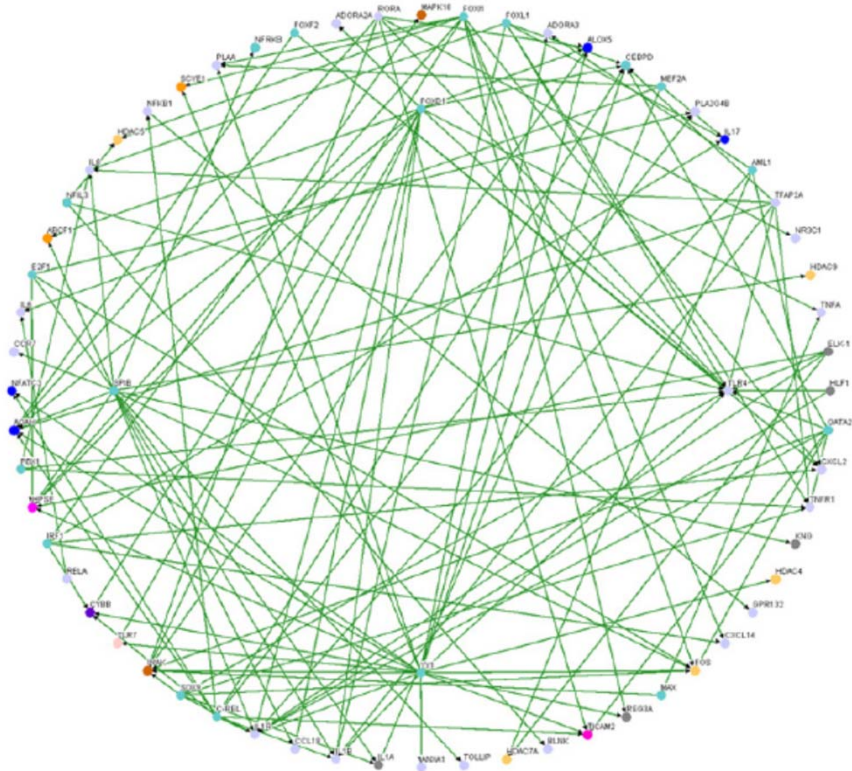
# Using mathematical models to reconstruct gene regulatory networks in **normal cell**



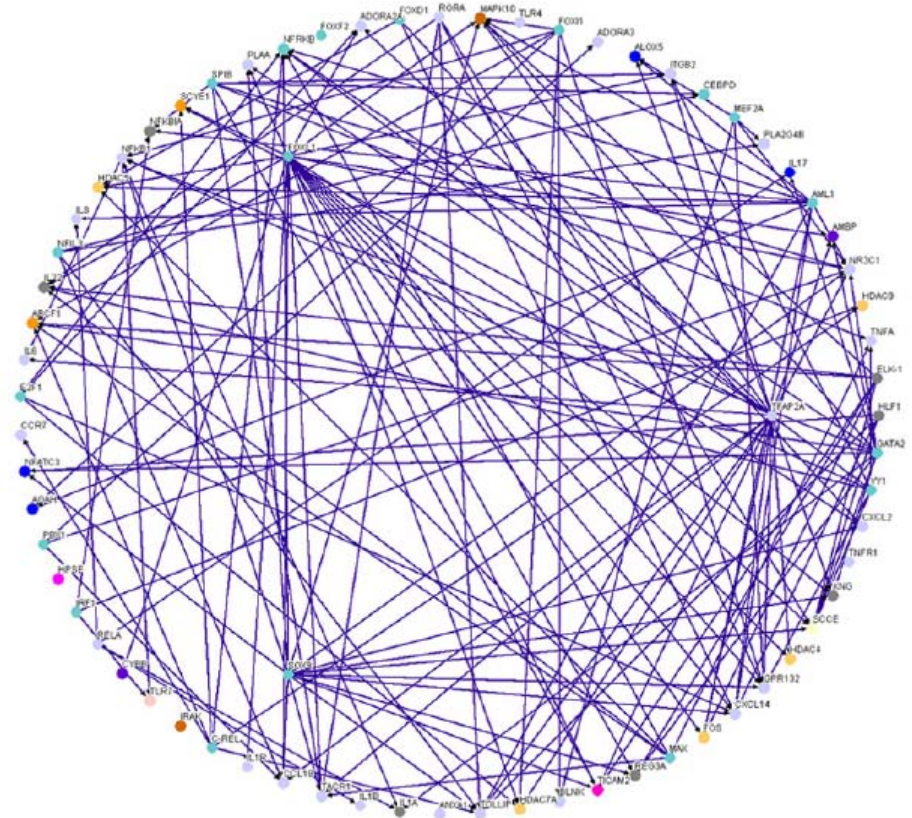
# Using mathematical models to reconstruct gene regulatory networks in **cancer cell**



**Edges appear in the normal cell but not in the cancer cell**



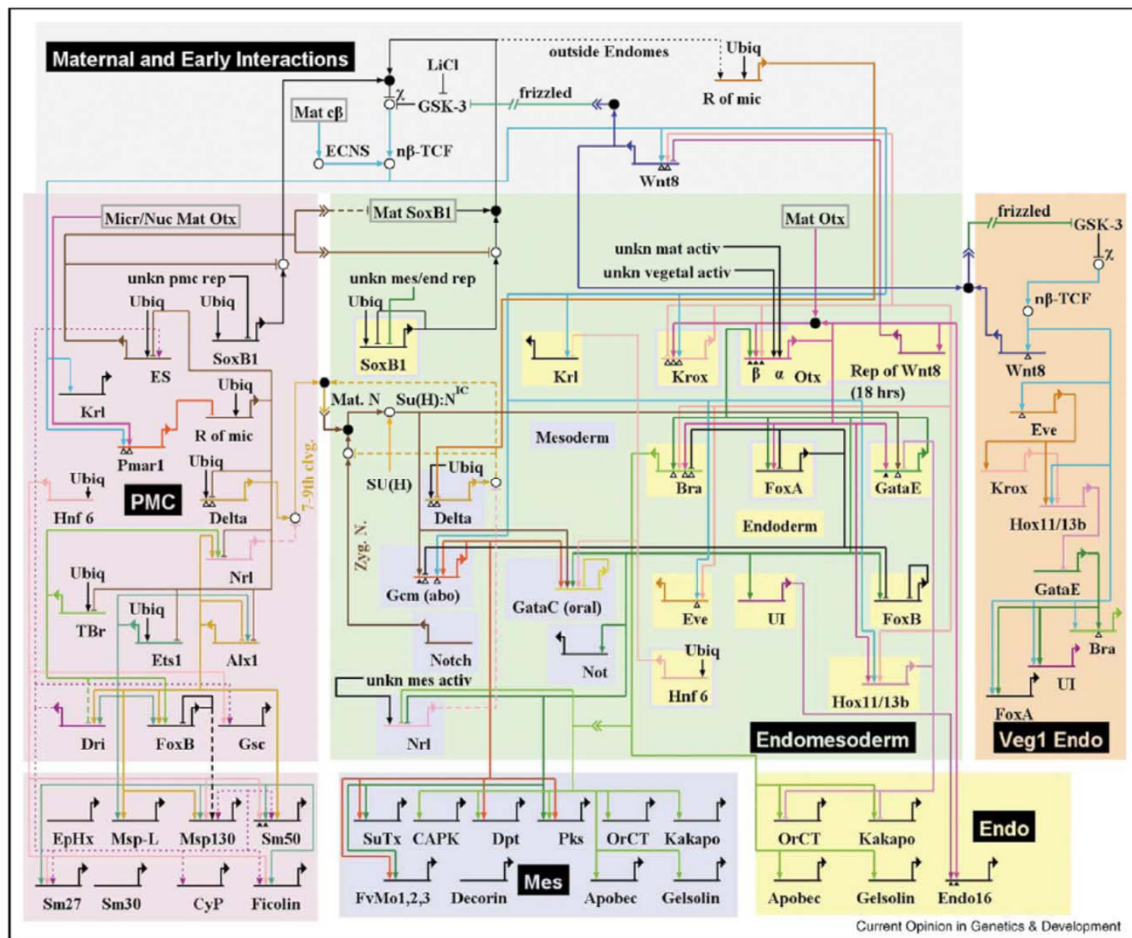
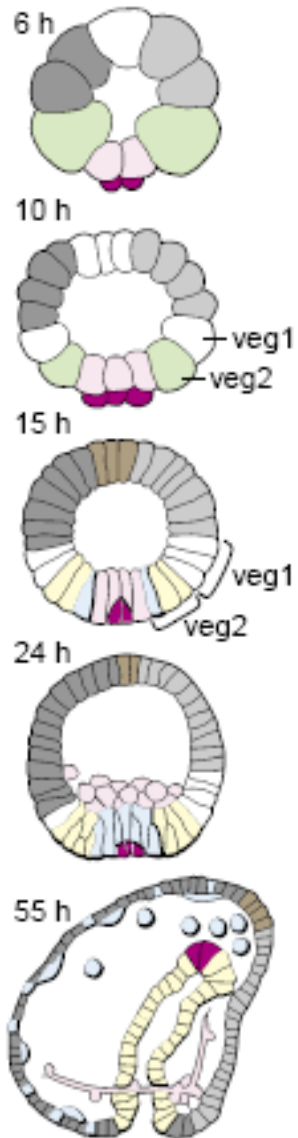
**Edges appear in the cancer cell but not in the normal cell**



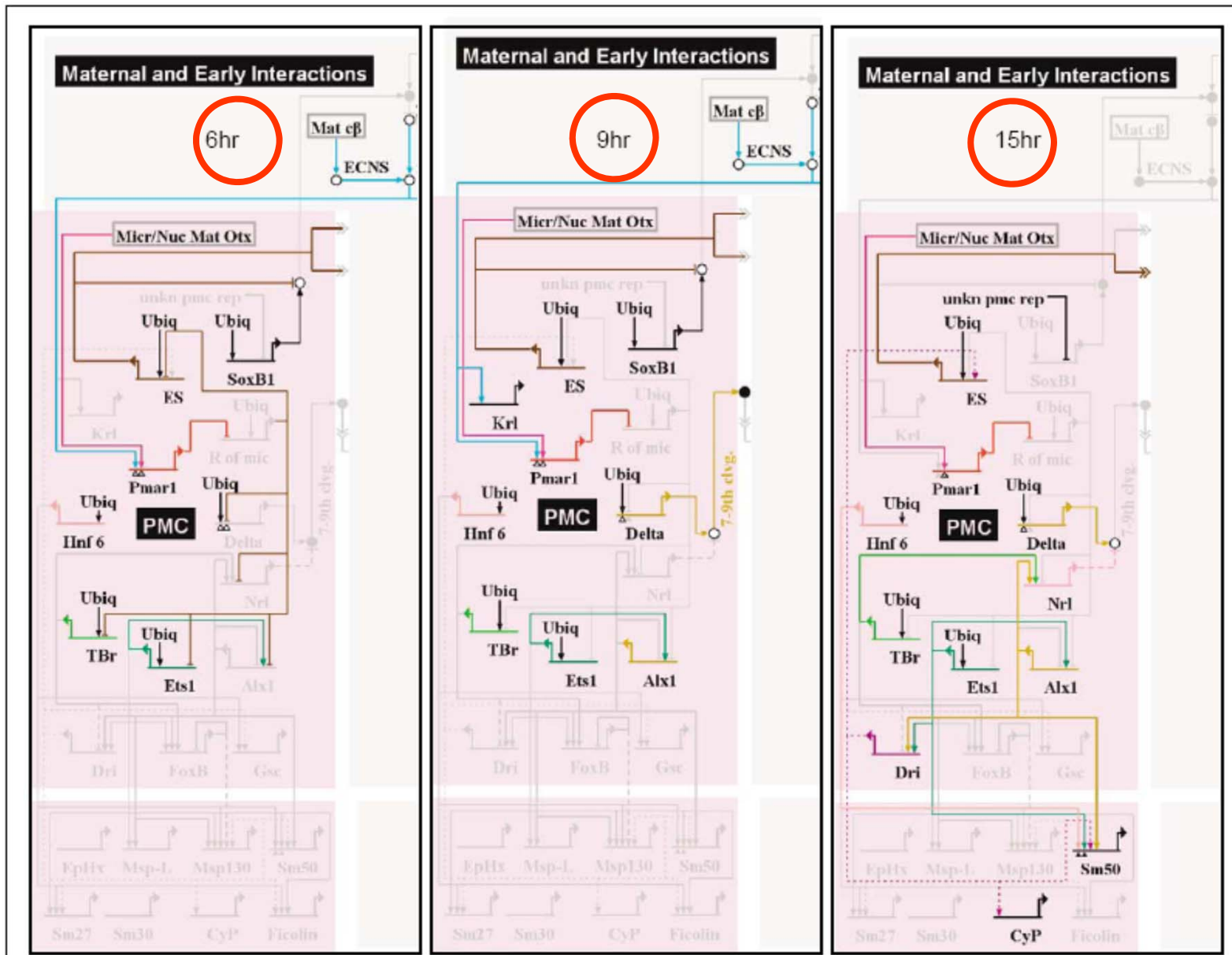
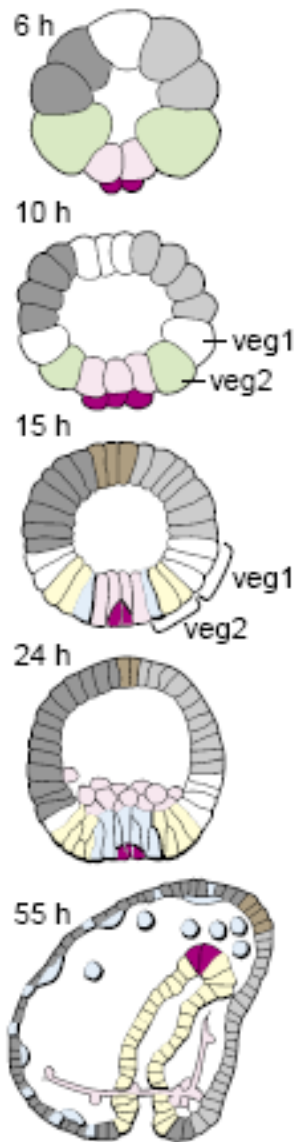
**These edges suggest candidate **gene-gene interactions** which may be related to cancer formation**



# Example 2: Gene regulatory networks in Sea Urchin embryo early development

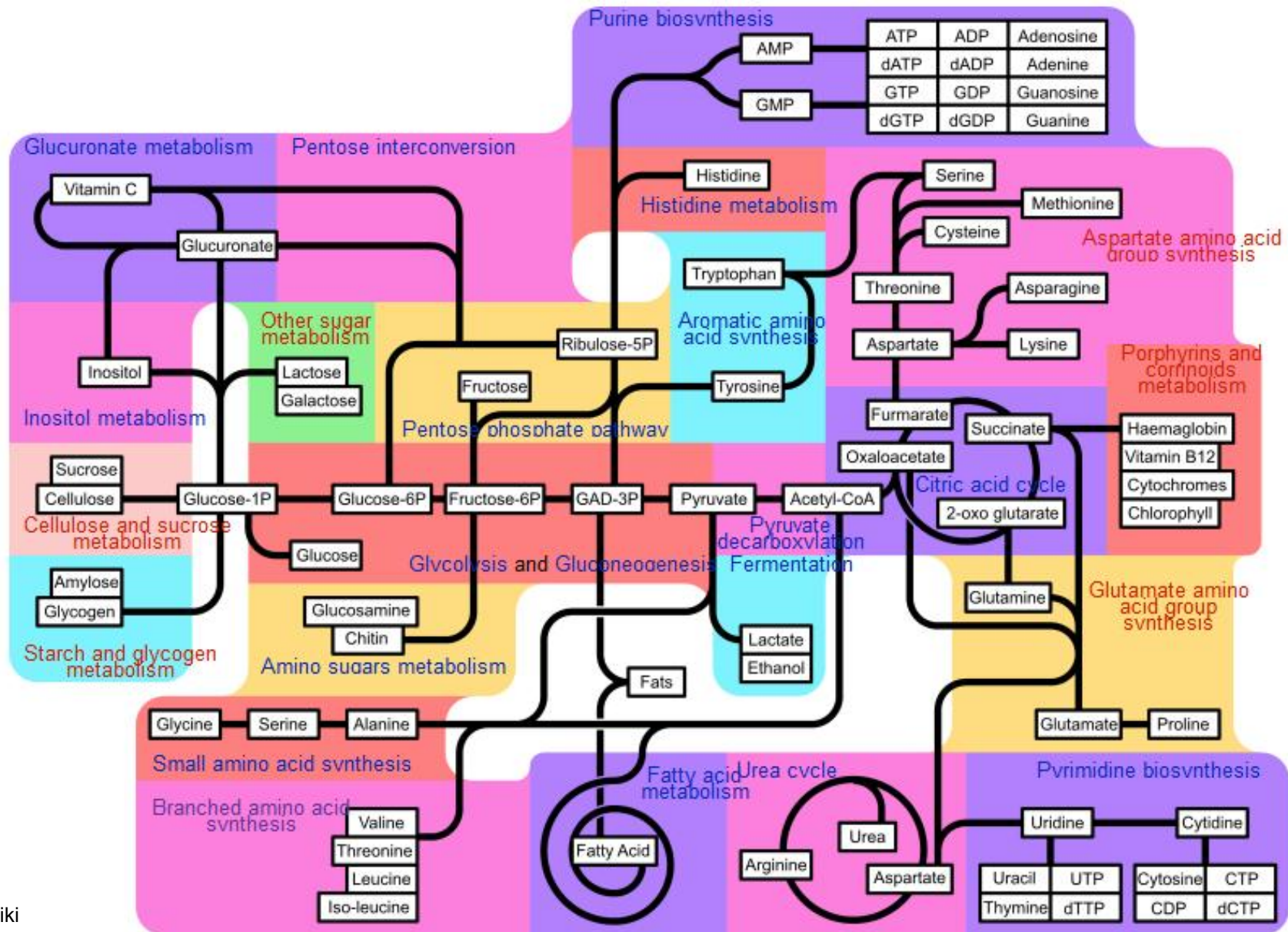


from Current Opinion in Genetics and Development 2004, 14: 351-360



from Current Opinion in Genetics and Development 2004, 14: 351-360

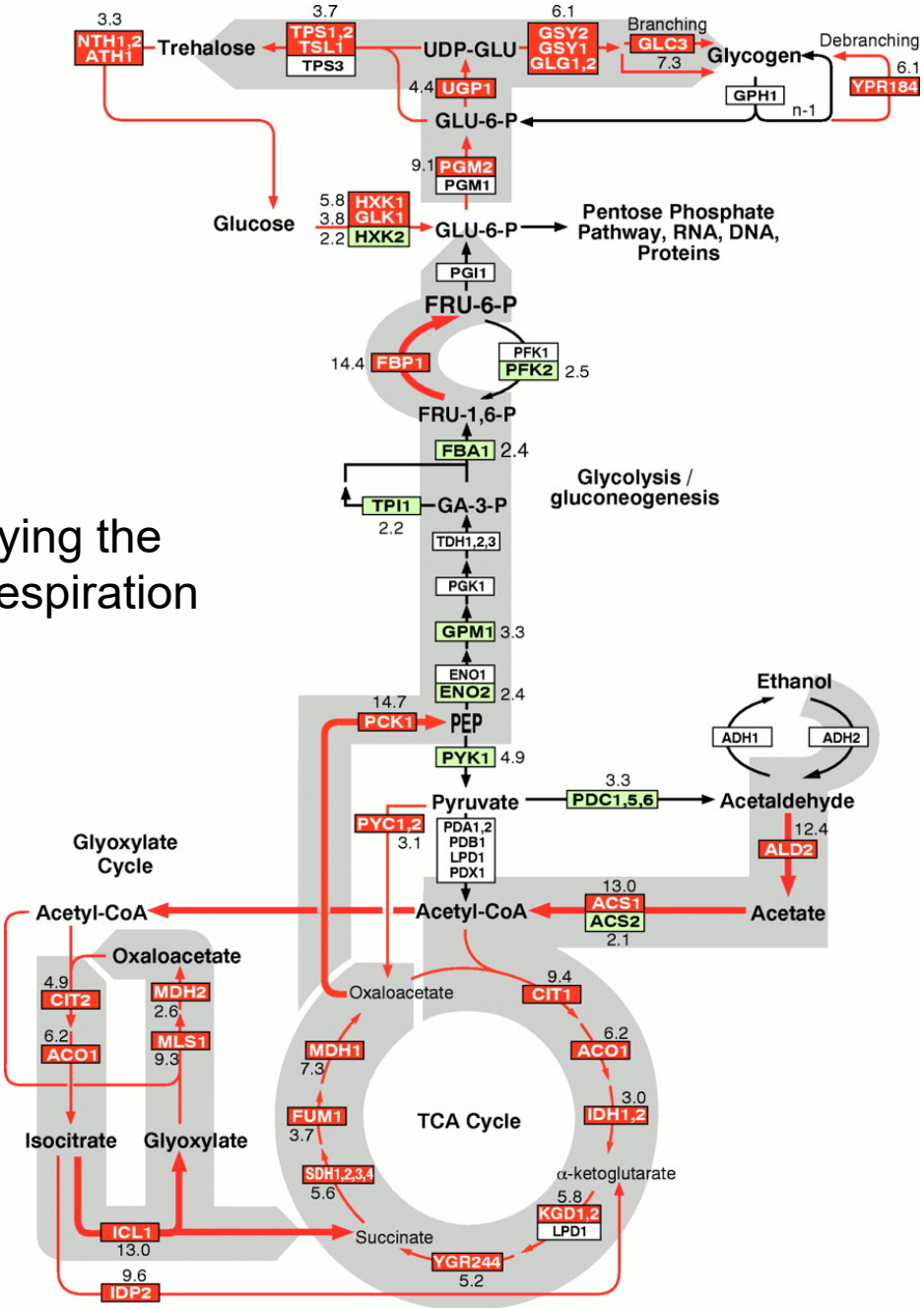
# Example 3: Metabolic networks



from Wiki

# Carbohydrate Metabolism

gene expression changes accompanying the metabolic shift from fermentation to respiration



from Science 1997, 278: 680-686

# Example 4: Bio-database construction

YPA

Home Search Help Statistics About us Contact

**YPA** (Yeast Promoter Atlas) is a repository of promoter features in *Saccharomyces cerevisiae*. It integrates various resources (including promoter sequences, TSSs, TATA boxes, TFBSs, nucleosome occupancy, DNA bendability, TF-TF interaction, and gene expression data) and provides a comprehensive view of the promoter regions. Please [check the settings](#) before using YPA.

## Query YPA

[Go](#) (ex: YBL087C, RPL23A, or RPL\*)  
[Advanced search](#)

## Browse YPA

### By genomic coordinate

[Go](#) (ex: II:60k, II:60000, 2:60000, YBL087C or RPL23A)

### By chromosome

[I](#) [II](#) [III](#) [IV](#) [V](#) [VI](#) [VII](#) [VIII](#) [IX](#) [X](#) [XI](#) [XII](#) [XIII](#) [XIV](#) [XV](#) [XVI](#)

### By regulatory element

[TFBS \(transcription factor binding site\)](#)

## Download YPA

[Go](#) (ex: II:60k~II:61k or YBL087C or RPL23A)

## How to cite YPA

[Darby Tien-Hao Chang](#), [Cheng-Yi Huang](#), [Chi-Yeh Wu](#), and [Wei-Sheng Wu](#), "YPA: an integrated repository of promoter features in *Saccharomyces cerevisiae*", *Nucleic Acids Res.* 2011 39: D647-D652.

YPA is selected as a **featured article**—the **top 5%** of papers in terms of originality, significance and scientific excellence—of [NAR](#).

## News

### YPA version 1.5 is released

This release recovered 485 TATA boxes hidden in the revision of [YPA 1.1](#) and updated interaction data. [more...](#)

### YPA version 1.4 is released

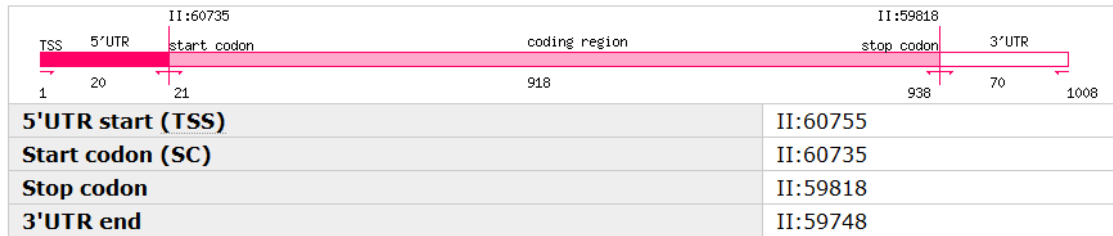
This release updated interaction data and provided information of TFs without TFBS information. [more...](#)

### YPA version 1.3 is released

This release updated interaction data. [more...](#)

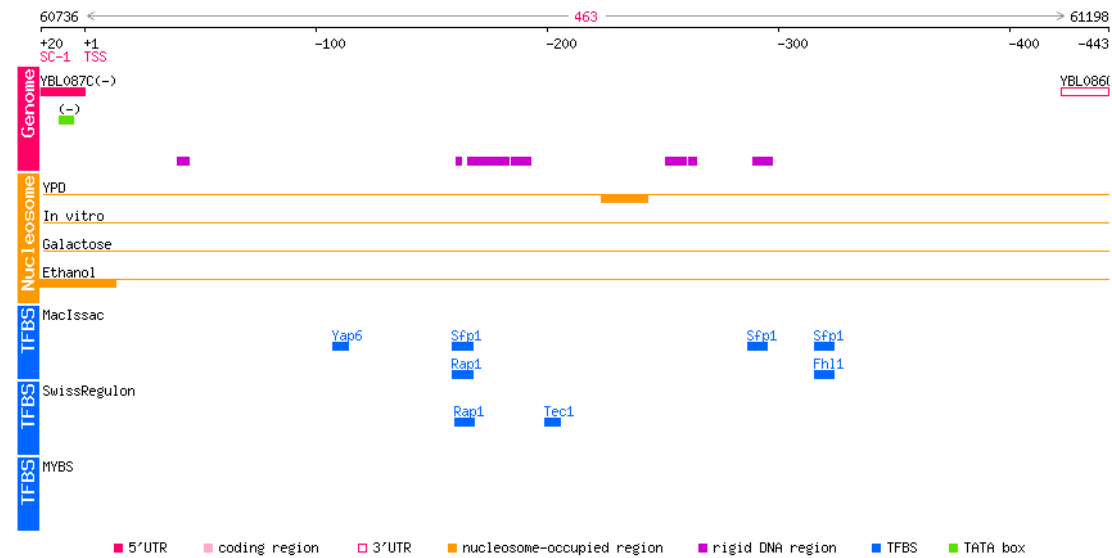
[previous news...](#)

## ORF organization



[Back to top](#)

## Promoter map



## Sequence map

```

-443 AATATTTGTA TTGTTTTATG TAATTATAAT CTTAAGCTTG CAATACCAAT CACTATTACC ATGTTAATGA TCCCCAGAT AAAAAGACAA GACAGAGCAT -344
-343 ATATCAGACT ACATTAAACAT CTGTACACCC CCAACTGCTT TGA AAAAACCC CATGCAGTTA TTATTTTCAA CAGACCAAGT TTTTTCATCG CTTATCCGGC -244
      Sfp1 MI
      Phl1 MI
-243 TCACAGAACG AGCCGTACAA CCGTCATCAG ACTTGCAATG AAATGTTGAA AAAGAGGTAA AAAAGAAAAT ATCAAAACCA AACACGCTCG GGCTGAAAA -144
      Tec1 SR
      Rap1 SR
      Sfp1 MI
      Rap1 MI
-143 TTAATATGCG AGGAACGAA CTGTAGCCAT AATGTACCTG TTCCCGCTAA TAGTAATACC ATCGTATTGC TAAGGTTAGT AGCTAAAAT CTCTTACTTT -44
      Yap6 MI
-43 CTTTATTTTG ACTCTTAGGT CTTACAAGCA ATACAAAACC AACACACCTA TATATACTA ATA start codon 20
    TSS
  
```

# Example 5: Bio-server construction

## Gene sets for comparison

### Gene set I

```
YPR189W YPR048W YPL263C YPL160W  
YPL064C YOR224C YNR027W YMR049C  
YML074C YLR244C YHR207C YER163C  
YER018C YDR197W YDR196C YDR031W  
YDL101C YDL074C YCR079W YCR072C
```

### Miscellaneous

- FDR
- GO term
- [Load sample gene sets to analyze](#)
- [See the result of iESR genes vs. rESR genes](#)

### Gene set II

- None
- User specified

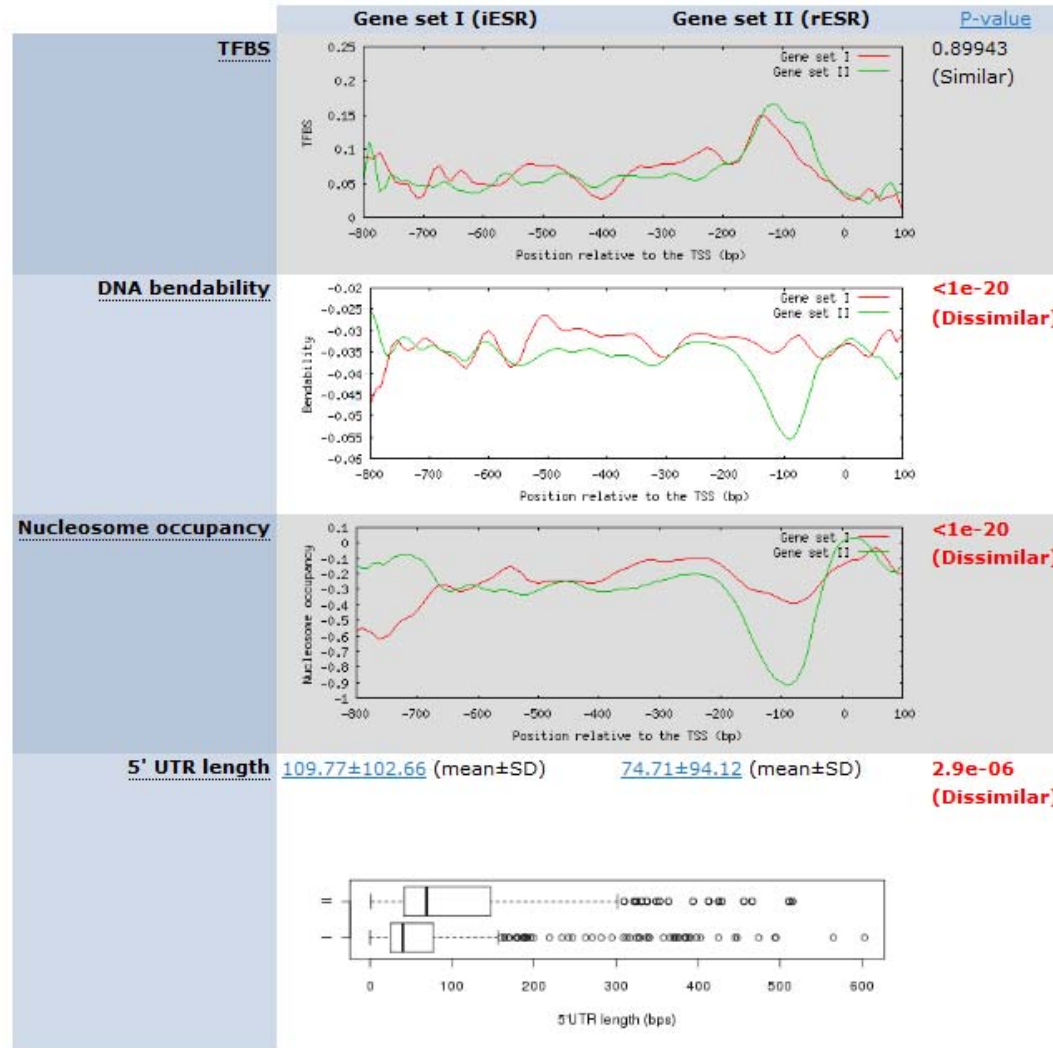
```
YKL121W YLR001C YNL183C YNL241C  
YCR004C YML004C YKL065C YLR290C  
YKL067W YGR209C YDR453C YML131W  
YNL134C YOL151W YOL150C YKR011C  
YKL103C YDL124W YMR173W-A YMR173W
```

- TATA ([Basehoar et al. 2004](#))
- TATA-less ([Basehoar et al. 2004](#))
- cell cycle ([Spellman et al. 1998](#))
- essential ([Yeast Genome Deletion Project](#))
- iESR ([Gasch et al. 2000](#))
- rESR ([Gasch et al. 2000](#))
- OPN ([Genome Res. 2008](#))
- DPN ([Genome Res. 2008](#))

Reset

▶ Analyze

**Analysis summary**



	Gene set I (iESR)	Gene set II (rESR)	Commom	P-value
<b>TFB</b>	<u>16</u>	<u>7</u>	<u>0</u>	<b>4.1e-06</b>
<b>TFR</b>	<u>78</u>	<u>15</u>	<u>10</u>	<b>0.00010</b>
<b>PPI</b>	<u>8</u>	<u>556</u>	<u>1</u>	<b>2.3e-15</b>
<b>Pathway</b>	<u>15</u>	<u>7</u>	<u>0</u>	<b>5.9e-06</b>
<b>Functional group</b>	<u>4</u>	<u>4</u>	<u>0</u>	0.02857
<b>Gene ontology</b>				
<b>BP</b>	<u>55</u>	<u>102</u>	<u>0</u>	<b>1.0e-43</b>
<b>CC</b>	<u>17</u>	<u>43</u>	<u>0</u>	<b>2.6e-15</b>
<b>MF</b>	<u>20</u>	<u>33</u>	<u>0</u>	<b>4.9e-15</b>



# Summary

- 本實驗室兩大研究方向
  1. 系統生物學演算法開發：可學到生物知識，系統模型建立，演算法設計，程式寫作 (Python, node.js)
  2. 網頁資料庫或網頁伺服器開發：可學到生物知識，演算法實現，程式寫作 (Python, GD library, Java script, R, Html, ...)

# 可獲得之能力

- 生物知識
- 演算法
- 程式語言能力
- 口頭報告技巧
- 英文論文寫作

# 研究成果

- 本實驗室專精生物網頁資料庫及生物資訊網頁工具開發，每個碩士畢業生皆有能用Python程式語言做出一個專業的網站。本實驗室研究成果豐碩，每年皆可發表三篇以上領域排名前20%的SCI papers。本實驗室的代表作為跟芝加哥大學老師合作的研究，在2018年2月刊登在Science期刊上，成為成大電資學院創院以來第一篇能榮登Science的研究！



AAAS ANNUAL MEETING  
Feb 15-19 2018 ★ Austin, TX

REGISTER NOW >

Institution: NATL CHENG KUNG UNIVERSITY  
Log in | My account | Contact Us

NATL CHENG KUNG UNIVERSITY



SHARE

REPORT



0



0

The piRNA targeting rules and the resistance to piRNA silencing in endogenous genes

Donglei Zhang<sup>1,2,\*</sup>, Shikui Tu<sup>3,4,\*</sup>, Michael Stubna<sup>1</sup>, Wei-Sheng Wu<sup>5</sup>, Wei-Che Huang<sup>5</sup>, Zhiping Weng<sup>3</sup>, Heng-Chi Lee<sup>1,†</sup>

+ See all authors and affiliations

Science 02 Feb 2018:  
Vol. 359, Issue 6375, pp. 587-592  
DOI: 10.1126/science.aao2840



Science

Vol 359, Issue 6375  
02 February 2018

Table of Contents  
Print Table of Contents  
Advertising (PDF)  
Classified (PDF)  
Masthead (PDF)