



刘辉

博士、副教授

常州大学 阿里云大数据学院

江苏常州 213164

联系电话: 15295081769

E-MAIL:hliu@cczu.edu.cn

个人网页:

教育背景

- 2006.9 - 2010.1 复旦大学 博士 计算机软件与理论 导师: 周水庚
2002.9 - 2004.7 南京大学 硕士 软件工程 导师: 陈家骏
1998.9 - 2002.7 东北石油大学 学士 应用数学

工作履历

- 2014.7 - 现在 副教授 常州大学
2014.6 - 2016.1 博士后 南洋理工大学(新加坡)
2010.1 - 2014.7 讲师 常州大学
2004.8 - 2006.7 软件工程师 中兴通讯南京研发中心

主要研究领域

机器学习 生物医药大数据

教研成果

1. 常州大学青年教师教学技艺大赛三等奖, 2013 年
2. 江苏省本科优秀毕业设计三等奖指导教师, 2010 年

科研成果

论文 (按发表时间排序, 仅列出近五年第一/通信作者论文, 分区按中科院分区小类)

- [1] **Hui Liu**, Wenhao Zhang, Yinglong Song, Lei Deng*, Shuigeng Zhou*. HNet-DNN: inferring new drug-disease associations with deep neural network based on heterogeneous network features. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 2020 (in press). (IF=3.996, SCI 一区)
- [2] **Hui Liu**, Wenhao Zhang, Bo Zou, Jinxian Wang, Yuanyuan Deng, Lei Deng. DrugCombDB: a comprehensive database of drug combinations toward the discovery of combinatorial therapy. *Nucleic Acids Research*, D1:D871-D881, 2020. (影响因子:11.147, SCI 一区)
- [3] **Hui Liu**, Wenhao Zhang, Lixia Nie, Xiancheng Ding, Judong Luo, Ling Zou . Predicting effective drug combinations using gradient tree boosting based on features extracted from drug-protein heterogeneous network. *BMC Bioinformatics*, 2019, 20:645. (影响因

子:2.511, SCI 二区)

- [4] Lei Deng, Guolun Zhong, Chenzhe Liu, Judong Luo, **Hui Liu***. MADOKA: an ultrafast approach for large-scale protein structure similarity searching. *BMC Bioinformatics*, 2019, 20(Suppl 19):662. (影响因子:2.511, SCI 二区)
- [5] Lei Deng, Wenyi Yang, **Hui Liu***. PredPRBA: Prediction of Protein-RNA BindingAffiffiffinity Using Gradient Boosted Regression Trees. *Frontiers in Genetics* 2019, 10:637. (影响因子:3.517, SCI 二区)
- [6] Lei Deng, Youzhi Liu, Yechuan Shi, **Hui Liu***. A deep neural network approach using distributed representations of RNA sequence and structure for identifying binding site of RNA-binding proteins. Proceeding of the IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine ,10.1109/BIBM47256.2019.8983345, 2019. (CCF-B 类)
- [7] Lei Deng, Hui Wu, **Hui Liu***. D2VCB: A Hybrid Deep Neural Network for the Prediction of in-vivo Protein-DNA Binding from Combined DNA Sequence. Proceeding of the IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 10.1109/BIBM47256. 2019.8983051, 2019. (CCF-B 类)
- [8] Lei Deng, Juan Pan, Xiaojie Xu, Wenyi Yang, Chuyao Liu and **Hui Liu***. PDRLGB: precise DNA-binding residue prediction using a light gradient boosting machine. *BMC Bioinformatics*, 2018, 19 (Suppl 19) :522. (影响因子:2.213, SCI 二区)
- [9] Lei Deng, Junqiang Wang, Yun Xiao, Zixiang Wang, **Liu Hui***. Accurate prediction of protein-lncRNA interactions by diffffusion and HeteSim features across heterogeneous network. *BMC Bioinformatics*, 2018, 19:370. (影响因子:2.213, SCI 二区)
- [10] Lei Deng, Xiaojie Xu, **Liu Hui***. PredCSO: an ensemble method for prediction of S-sulfenylation sites in proteins, *Molecular BioSystems*, 2018, 14:257-265. (影响因子:2.781, SCI 三区)
- [11] **Hui Liu**, Zhanzhan Cheng, Jianjiang Sun, Jihong Guan, Jie Zheng, Shuigeng Zhou. Sparse linear modeling kinase inhibition network for predicting combinatorial drug sensitivity in cancer cells. *Current Bioinformatics*, 2018, 13(5):437-443(7). (影响因子:0.6 , SCI 四区)
- [12] **Hui Liu**, Wai Lam, Jihong Guan, Shuigeng Zhou. A New Hybrid Method for Learning Bayesian Networks: Separation and Reunion. *Knowledge-Based Systems*, 2017, 121:185-197. (影响因子:4.529, SCI 二区)
- [13] **Hui Liu**, Fan Zhang, Shital Kumar Mishra, Shuigeng Zhou and Jie Zheng. Knowledgeguided fuzzy logic modeling to infer cellular signaling networks from proteomic data. *Scientific Reports*, 2016, 6: 35652. (影响因子:4.259, SCI 二区)
- [14] **Hui Liu**, Mengmeng Guo, Ting Xue, Jihong Guan, Libo Luo, Ziheng Zhuang. Screening lifespan-extending drugs in *Caenorhabditis elegans* via label propagation on drugprotein networks. *BMC System Biology*, 2016, 10(Suppl 4):131. (影响因子:2.303, SCI 三区)
- [15] **Hui Liu**, Yinglong Song, Jihong Guan, Libo Luo, Ziheng Zhuang. Inferring new indications for approved drugs via random walk on drug-disease heterogenous networks. *BMC Bioinformatics*, 2016,17(Suppl 17):539. (影响因子:2.448, SCI 二区)
- [16] Guo Jing, **Liu Hui***, Zheng Jie. SynLethDB: synthetic lethality database towards discovery of selective and sensitive anticancer drug targets. *Nucleic Acids Research*, 2016, 44(D1):D1011-7. (影响因子:10.162, SCI 一区)

[17] **Hui Liu**, Jianjiang Sun, Jihong Guan, Jie Zheng and Shuigeng Zhou. Improving compound protein interaction prediction by building up highly credible negative samples. *Bioinformatics (ISMB/ECCB 2015)*, 2015, 31(12):i221-i229. (影响因子:7.307,SCI一区)

研究项目

1. 国家自然科学基金面上项目，基于癌细胞分子网络的组合药物筛选研究（项目编号：61672113），2017/01-2020/12，62 万元，在研，主持；
2. 国家自然科学基金青年基金项目，核小体定位在基因表达调控中的功能预测（项目编号：31100954），2012/01-2014/12，23 万元，已结题，主持；
3. 国家自然科学基金重大研究计划，城市洪涝灾害预警与全景式决策云平台（项编号：91846203），2019/01-2022/12，60 万元，在研，参与；
4. 国家自然科学基金面上项目，基于单细胞多层次组学数据的肿瘤异质性及其调控机制研究（项目编号：61772128），2018/01-2021/12，59 万元，在研，合作主持 (2/7)；
5. 国家自然科学青年基金项目，通过全基因组 RNAi 方法筛选果蝇 Toll 信号通路新成员(项目编号：31300707)，2014/01 — 2016/12，23 万元，已结题，参与 (2/6)；
6. 上海市智能信息处理重点实验室开放课题，基于生物信息计算的核小体定位预测方法研究（项目编号：iipl-2010-011），2011/01 — 2012/12，2 万元，已结题，主持；
7. 常州大学人才引进科研启动基金，基于概率图模型的基因调控网络建模研究（项目编号：ZMF11020011），2010/9 — 2012/12，10 万元，已结题，主持；
8. 国家重点基础研究发展计划项 (973 项目) 子课题，重要热带作物木薯品种改良的基础研究（项目编号：2010CB126600），2010/01 — 2014/12，167 万元，已结题，参与；
9. 国家高技术研究发展计划 (863 项目)，XML 数据组织与检索在地理信息中的应用（项目编号：2009AA01Z135），2009/10 — 2010/12，68 万元，已结题，参与；
10. 常州市科技支撑计划项目，针对超级细菌的抗菌中药组分筛选及临床前研究(项目编号：20110997)，2012/05 — 2014/05，5 万元，已结题，参与；
11. MOE(Ministry of Education), Academic Research Fund (AcRF) Tier 2, ComputationalSystems Biology of Synthetic Lethality towards New Cancer Medicine, (ARC 39/13), 2014/2 — 2017/1, S\$514,665, 已结题，参与；

获奖

1. 教育部高校科学研究优秀成果奖自然科学奖二等奖，面向生物组学数据的计算预测方法，排名第六
2. 常州市自然科学优秀科技论文三等奖，2013 年，排名第一

专利/软件著作权

1. 高通量基因测序大数据云平台系统，发明专利 (20180228004.3, 公开实审)，独立发明人
2. 面向基因测序大数据的云存储方法，发明专利 (20180314885.0, 公开实审)，独立发明人
3. 生物医药大数据管理与分析云服务系统 V1.0，软件著作权 (2017SR494088)，全部权利
4. 基于微信小程序的生物医学大数据云计算移动端 App 软件，软件著作权

(2018R11L344852), 全部权利