

刘国庆



刘国庆，男，博士，教授，硕士生导师，任职于内蒙古科技大学生命科学与技术学院生物信息学系，内蒙古自治区“草原英才”，内蒙古自治区“321 人才工程”二层次人选，包头市“鹿城英才”，内蒙古生物工程学会常务理事（生物信息学专业委员会主任），从事生物信息学，表观遗传学领域教学和研究。

E-mail: gqliu1010@163.com

● 学习工作经历

- 2016.3-至今 内蒙古科技大学，生命科学与技术学院，教师
- 2019.9-2020.7 北京大学，生命科学学院，访学
- 2015.3-2016.3 The University of Georgia, Department of Biochemistry and Molecular Biology, Computational System Biology Lab, visiting scholar
- 2009.7-2016.3 内蒙古科技大学，数理与生物工程学院，教师
- 2004.9-2009.7 内蒙古大学，物理科学与技术学院，生物物理专业，硕士/博士
- 2000.9-2004.7 内蒙古师范大学，物理系，本科
- 1997.9-2000.7 内蒙通辽市蒙古族中学，高中
- 1994.9-1997.7 内蒙通辽市保康镇蒙实验学校，初中

● 研究方向

1. 减数分裂重组的分子机制

减数分裂重组是指真核细胞减数分裂过程中同源染色体之间遗传物质的交换，它是遗传多样性的重要源泉，是有性生殖生物适应性进化的原动力，也是直接关系染色体非整倍体遗传疾病的过程。减数分裂重组是 DNA 序列、染色质结构、组蛋白修饰、多种重组相关酶共同作用的复杂生物学过程。课题组关注重组发生的分子机理：关注 DNA 序列信息、DNA 甲基化、核小体定位、组蛋白修饰、染色质可及性等表观遗传信息对重组过程的调控，关注：（1）重组过程中染色质结构、表观遗传信号、三维基因组的动态变化规律；（2）重组过程中基因表达调控网路；（3）重组冷热点的机器学习预测模型；（4）重组作用下的基因组进化规律。

2. 肿瘤代谢重编程

肿瘤的发生与发展与多种因素有关，在分子水平上，除了基因突变、染色质表观修饰和结构变化等因素外，肿瘤的代谢异常被认为是肿瘤发生和发展的重要推动力。肿瘤的糖代谢、脂质代谢和氨基酸代谢与癌旁组织差异迥然。课题组关注肿瘤代谢相关基因的表达（转录组数据分析），关注肿瘤代谢异质性，关注肿瘤发生发展过程中代谢途径的动态变化规律。

3. 染色质结构建模

真核生物的染色质有多层次结构：DNA 双螺旋缠绕组蛋白八聚体形成核小体结构单元，核小体串珠进一步堆叠成直径约 30nm 的结构，在进一步折叠成环结构，细胞分裂中期形成最致密结构。染色质的包装规律或原则调控基因转录、染色体复制、染色体重组等重要生物学过程，从而影响细胞分化与个体发育过程。课题组关注核小体定位和滑动规则、30nm 结构的数理建模、基于 Hi-C 图谱的染色质高级结构建模。

● 教学

讲授课程：结构生物学、生物信息学、生物统计学、肿瘤信息学、机器学习、表观遗传学

● 科研项目

1. 国家自然科学基金，减数分裂过程中染色体重组的分子机理（31660322），2017.01-2020.12(主持人)
2. 内蒙古自然科学基金，酵母减数分裂过程中染色质结构的变化(2018LH03023)，2018.01-2020.12(主持人)
3. 内蒙古科技大学优秀青年基金，减数分裂重组的表观遗传调控网络(2016YQL06)，2016.07-2018.06(主持人)
4. 国家自然科学基金，减数分裂重组的位置偏好性及其相关问题的理论研究（61102162），2012.1-2014.12(主持人)
5. 国家自然科学基金，动植物基因组可变剪接调控机制差异的多维度剖析（61662055），2017.1-2020.12(参加人)
6. 内蒙古自治区高等学校科学研究项目，减数分裂重组与 DNA 回文结构的内在联系（NJ10098），2010.6-2012.6(主持人)
7. 内蒙古科技大学创新基金，染色体重组与基因组进化的相关性（2009NC005），2010.3-2013.3(主持人)
8. 内蒙古大学创新基金，染色体重组对基因组进化的影响，2008.7-2009.7(主持人)
9. 国家自然科学基金，基于基因组序列和结构的核小体定位的理论和实验研究（61072129），2011.1-2013.12（参加人）
10. 国家自然科学基金，RNA 序列物理特性和表观遗传信息对 pre-mRNA 选择性剪切位点识别的调控（11547150），2016.1-2016.12(参加人)
11. 内蒙古科技大学创新基金，酵母组蛋白组合修饰的贝叶斯网络分析(2009NC064)，2010.3-2012.3(参加人)
12. 校级教改项目，应用物理专业《理论力学》教学改革（JY2011065），2012-2013(主持人)

● 代表性论著

(1) 期刊论文

1. **Guoqing Liu***, Guo-Jun Liu, Xiangjun Cui, Ying Xu*. Transcriptomic data analyses reveal a reprogrammed lipid metabolism in HCV-derived hepatocellular cancer. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 2020, accepted (SCI)
2. Xing Y, Yang W, **Liu G**, Cui X, Meng H, Zhao H, Zhao X, Li J, Liu Z, Zhang MQ, Cai L. Dynamic Alternative Splicing During Mouse Preimplantation Embryo Development. *Front Bioeng Biotechnol*, 2020, 8:35.doi: 10.3389/fbioe.2020.00035
3. Chen Z, Liu G, Hossain A, Danilova IG, Bolkov MA, **Liu G**, Tuzankina IA, Tan W. A co-expression network for differentially expressed genes in bladder cancer and a risk score model for predicting survival. *Hereditas*, 2019, 156:24. doi:10.1186/s41065-019-0100-1 (SCI)

4. **Guoqing Liu***, Guo-Jun Liu, Jiu-Xin Tan, Hao Lin*. DNA physical properties outperform sequence compositional information in classifying nucleosome-enriched and -depleted regions. *Genomics*, 2019, 111: 1167-1175 (SCI)
5. Guojun Liu, Zihao Chen, Irina G. Danilova, Mikhail A. Bolkov, Irina A. Tuzankina, **Guoqing Liu***. Identification of miR-200c and miR141-mediated lncRNA-mRNA crosstalks in muscle-invasive bladder cancer subtypes. *Front Genet*, 2018, 9:422, doi: 10.3389/fgene.2018.00422 (SCI)
6. Hongyu Zhao, Fenghui Zhang, Mingxing Guo, Yongqiang Xing, **Guoqing Liu**, Xiujuan Zhao, Lu Cai*. The affinity of DNA sequences containing R5Y5 motif and TA repeats with 10.5-bp periodicity to histone octamer in vitro. *J Biomol Struct Dyn*, 2018, doi: 10.1080/07391102.2018.1477621(SCI)
7. **Guoqing Liu***, Yongqiang Xing, Hongyu Zhao, Lu Cai, Jianying Wang. The implication of DNA bending energy for nucleosome positioning and sliding. *Scientific Reports*, 2018, 8(1):8853 (SCI)
8. **Guoqing Liu***, Qin Ma, Ying Xu*. Physical properties of DNA may direct the binding of nucleoid-associated proteins along the E. coli genome. *Mathematical Biosciences*, 2018, 301:50-58 (SCI)
9. Hui Yang, Wang-Ren Qiu, **Guoqing Liu**, Feng-Biao Guo, Wei Chen, Kuo-Chen Chou, Hao Lin. iRSpot-Pse6NC: Identifying recombination spots in *Saccharomyces cerevisiae* by incorporating hexamer composition into general PseKNC. *International Journal of Biological Sciences*, 2018, 14:883-891 (SCI)
10. **Guoqing Liu***, Xiangjun Cui, Hong Li, Lu Cai. Evolutionary direction of processed pseudogenes. *Science China Life Sciences*, 2016, 59(8), 839–849. (SCI)
11. **Guoqing Liu***, Yongqiang Xing, Hongyu Zhao, Jianying Wang, Yu Shang and Lu Cai*, A deformation energy-based model for predicting nucleosome dyads and occupancy. *Scientific Reports*, 2016, 6:24133(SCI)
12. Yongqiang Xing, Xiujuan Zhao, Tao Yu, Dong Liang, Jun Li, Guanyun Wei, **Guoqing Liu**, Xiangjun Cui, Hongyu Zhao, Lu Cai*, MiasDB: A Database of Molecular Interactions Associated with Alternative Splicing of Human Pre-mRNAs. *Plos One*, 2016, 11(5): e0155443. (SCI)
13. **Guoqing Liu***, Fen Feng, Xiujuan Zhao, Lu Cai*. Nucleosome organization around pseudogenes in the human genome. *BioMed Research International*, 2015:821596(SCI)
14. Hongyu Zhao, Yongqiang Xing, **Guoqing Liu**, Ping Chen, Xiujuan Zhao, Guohong Li, Lu Cai*. GAA triplet-repeats cause nucleosome depletion in the human genome. *Genomics*. 2015, 106(2):88-95. (SCI)
15. **Guoqing Liu***, Yongqiang Xing, Lu Cai*. Using weighted features to predict recombination hotspots in *Saccharomyces cerevisiae*. *Journal of Theoretical Biology*, 2015: 382:15–22(SCI)
16. Bingjie Zhang, **Guoqing Liu***. Predicting recombination hotspots in yeast based on DNA sequence and chromatin structure. *Curr Bioinformatics*, 2014, 9(1):28-33 (SCI)
17. **Guoqing Liu**, Jia Liu, Bingjie Zhang. Compositional bias is a major determinant of the distribution pattern and abundance of palindromes in *Drosophila melanogaster*. *J Mol Evol*, 2012, 72:130-140 (SCI)
18. Jian-Ying Wang, Jingyan Wang, **Guoqing Liu***. Calculation of nucleosomal DNA deformation energy: its implication for nucleosome positioning. *Chromosome Research*, 2012, 20(7): 889-902 (SCI)
19. **Guoqing Liu***, Jia Liu, Xiangjun Cui, Lu Cai. Sequence-dependent prediction of recombination hotspots in *Saccharomyces cerevisiae*. *J Theor Biol*, 2012, 293: 49-54 (SCI)
20. **Guoqing Liu***, Hong Li, Lu Cai. Processed pseudogenes are located preferentially in regions of low recombination rates in the human genome. *J Evol Biol*, 2010, 23(5):1107-1115 (SCI)
21. **Guoqing Liu**, Hong Li*. The correlation between recombination rate and dinucleotide bias in *Drosophila melanogaster*. *Journal of Molecular Evolution*, 2008, 67(4): 358-367 (SCI)
22. 刘国庆, 白音宝力高, 邢永强. 假基因研究进展. *生物化学与生物物理进展*, 2010, 37(11):1165-1174 (SCI)
23. 刘国庆, 罗辽复. 人类基因组信息量的扩增速率受重组的影响. *生物化学与生物物理进展*, 2012, 39: 368-377 (SCI)
24. Yong-qiang Xing, **Guo-qing Liu**, Xiu-juan Zhao, et al. Genome-wide characterization and prediction of *Arabidopsis thaliana* replication origins. *BioSystems* 124 (2014) 1–6. (SCI)
25. Hong Li, **Guoqing Liu**, Xuhua Xia. Correlations between recombination rate and intron distributions along chromosomes of *C. elegans*. *Progress in Natural Science*, 2009, 19(4): 517-522. (SCI)
26. Jia Liu, **Guo-Qing Liu**, Xiao-Hong Du. The effect of impurities in a three-qubit Ising spin Model. *International Journal of Theoretical Physics*, 2012,51(4):1509-1517 (SCI)
27. Xing Yong-qiang, **Liu Guo-qing**, Zhao Xiu-juan, Cai Lu*. An analysis and prediction of nucleosome

- positioning based on information content. *Chromosome Res*, 2013, 21(1):63-74 (SCI)
28. Xiang-Jun Cui, Hong Li, **Guo-Qing Liu**. Combinatorial patterns of histone modifications in *Saccharomyces.cerevisiae*, *Yeast*, 2011, 28: 683-691 (SCI)
 29. Tonglaga Bao, Hong Li, Xiaoqing Zhao, **Guoqing Liu**. Predicting nucleosome binding motif set and analyzing their distributions flanking functional sites of human genes. *Chromosome Research*, 2012, 20: 685-698 (SCI)
 30. 邢永强, **刘国庆**, 蔡禄. Pre-mRNA 选择性剪接的调控及选择性剪接数据库. *中国生物化学与分子生物学报*, 2016, 01
 31. 邢永强, 王延新, 何泽学, 崔向军, **刘国庆**, 孟虎, 赵宏宇, 赵秀娟, 蔡禄. 拟南芥种子萌发过程中差异表达基因的识别和 pre-mRNA 可变剪接图谱的构建. *科学通报*, 2019, 36
 32. 邢永强, 何泽学, **刘国庆**, 蔡禄. 拟南芥不同组织基因表达及可变剪接差异分析. *生物化学与生物物理进展*, 2019, 11: 1118-1129
 33. 刘国庆. 基于 DNA 变形能的核小体定位预测方法研究进展. *生物信息学*, 2019, 17(2):67-75
 34. 冯芬, 刘国庆. 秀丽线虫基因组中的回文序列分布. *内蒙古科技大学学报*, 2017, 36:73-79
 35. **刘国庆**. 果蝇基因组中回文结构的非均匀分布. *内蒙古大学学报 (自然科学版)*, 2013, 44(2):165-170
 36. 刘红梅, **刘国庆***. 基于 k-mer 组分信息的系统发生树构建方法, *生物信息学*, 2013, 11(2):100-104
 37. **刘国庆**, 李宏. 人类基因组中减数分裂重组对二核苷偏好性的影响. *科学通报*, 2009, 54(4): 448-456.
 38. 张冰洁, **刘国庆***. 基于多信息融合的酵母重组冷热点预测. *科学通报*, 2014, 59:953-959
 39. **刘国庆**, 李宏. 人类基因组中加工假基因分布与重组率和基因密度的关系. *生物物理学报*, 2008, 24(5): 371-378.
 40. **刘国庆**, 李宏, 王芳平, 应智强. 人类核糖体蛋白加工假基因在进化中的熵变. *内蒙古大学学报 (自然科学版)*, 2007, 38(6): 647-653.
 41. **刘国庆**, 李宏, 赵朝霞. 人类加工假基因演化过程中的两种信息流. *生物信息学*, 2009, 7(3): 207-211.
 42. 王芳平, 李宏, **刘国庆**, 李瑞芳. 密码对的偏爱与基因组进化的相关性分析. *生物信息学*, 2009, 7: 150-154.
 43. 李瑞芳, 李宏, **刘国庆**, 王芳平. 艾滋病病毒全序列回文结构的研究. *内蒙古大学学报 (自然科学版)*, 2008, 39(1): 40-44.
 44. 王芳平, 李宏, 王志坚, **刘国庆**. 厌氧性粘菌基因组中密码对的使用. *生物信息学*, 2010, 8: 258-262.
 45. **刘国庆**, 包通拉嘎, 邢永强, 李宏, 蔡禄. 果蝇基因组中回文序列的分布. *生物物理学报*, 2011, 27(7):563-572
 46. 杨林源, 李宏, 赵小庆, **刘国庆**. 基于编码序列、基因间序列和氨基酸序列构建的系统发生关系比较, *生物物理学报*, 2012, 28:157-168
 47. 齐磊, **刘国庆**. 人类转录假基因序列碱基片段的分析研究. *集宁师范学院学报*, 2012, 4:105-110
 48. **刘国庆**, 刘佳, 牛金燕. 工科院校应用物理专业《理论力学》教学改革思考. *科技创新导报*, 2011, 36:170-171.
 49. 牛金艳, 李永峰, 刘国庆, 董玉和. 工科院校大学物理中近代物理部分教学尝试. *科技视界*, 2013, 14:24
 50. 邢永强, 赵宏宇, 刘国庆, 赵秀娟, 蔡禄. 裂殖酵母复制起始位点的序列特征分析和预测. *生物物理学报*, 2014. 30 (6): 463-472

(2) 会议论文

51. Shou-Hui Guo, Li-Qin Xu, Wei Chen, **Guo-Qing Liu**, Hao Lin. Recombination spots prediction using DNA physical properties in the *Saccharomyces cerevisiae* genome. *AIP Conf Proc* 2012, 1479:1556-1559, doi: 10.1063/1.4756460.
52. Guoqing Liu*, Yongqiang Xing, Lu Cai, Jianying Wang. An energetic model for nucleosome positioning. 第一届国际暨第十三次中国生物物理学术大会2013.10.28-11.1, 南昌
53. **Guoqing Liu**, Jia Liu. Prediction of recombination rate in the human genome. *IEEE, The International Conference on Consumer Electronics, Communications and Networks, CECNet 2012 - Proceedings*, 1179-1182 (EI)
54. **Guoqing Liu**, Jia Liu. Recombination affects the distribution of palindromes in yeast. *The 6th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, iCBBE 2012, Proceedings*, 169-171

55. **Guoqing Liu**, Hong Li. The effect of recombination rate on dinucleotide bias in *Drosophila melanogaster*. 第三届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2008, 65-66. 武汉
56. **Guoqing Liu**, Liaofu Luo. Growing of the information quantity of genome and recombination. The 4th Chinese Conference on Bioinformatics & Systems Biology. 2010. 102.
57. **刘国庆**, 刘佳. Compositional bias is a major determinant of the distribution pattern of palindromes in *Drosophila*. 第五届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2012:127
58. **Guoqing Liu**, Jia Liu, Lu Cai. Predicting Recombination Hotspots Using Principle Composition Analysis Combined with Quadratic Discriminant Function, The 17th IUPAB International Biophysics Congress, 2011,40
59. 张冰洁, **刘国庆**. Predicting recombination hotspots in yeast based on DNA sequence and chromatin structure. 第五届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2012:190
60. **刘国庆**, 李宏. 人类基因组假基因分布与重组率的关系. 首届沪港粤生物物理学术会议论文集, 2007, 39-40. 上海
61. **刘国庆**, 包通拉嘎, 邢永强, 蔡禄, 李宏. 果蝇基因组的回文序列分布. 内蒙古自治区生物信息学研究生学术论坛论文集, 2010,8.
62. **刘国庆**, 李宏. 果蝇基因组中回文结构对重组率的影响. 内蒙古大学首届博士论坛论文集, 2008, 129-130. 呼和浩特
63. 李敏, **刘国庆**, 蔡禄. Disease-causing alternative splicing influences protein structure stability. 第6届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2014,10: P269
64. **刘国庆**, 冯芬, 赵秀娟, 崔向军, 蔡禄. Nucleosome organization around pseudogenes in the human genome. 第6届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2014,10:P273
65. 冯芬, **刘国庆**. The heterogeneous distribution of palindromes in the *C.elegans* genome. 第6届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2014,10:P339
66. **Guoqing Liu**, Xiujuan Zhao, Lu Cai. Nucleosome organization around ENCODE pseudogenes. The 8th IUPAB International Conference on Biological Physics, 2014, 6,18-22, 中国北京
67. **Guoqing Liu**, Xiangjun Cui, Hong Li, Lu Cai. How do processed pseudogenes evolve at population level? 第7届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2016,10
Guoqing Liu, Yongqiang Xing, Hongyu Zhao, Jianying Wang, Yu Shang and Lu Cai. A deformation energy-based model for predicting nucleosome positions. 第7届全国生物信息学与系统生物学学术大会论文集, 2016,10

(3) 教材及著作

1. 蔡禄, 赵秀娟, **刘国庆**, 崔向军等. 表观遗传学前沿, 清华大学出版社, 49.3 万字, 2012
2. 蔡禄, 邢永强, 崔向军, **刘国庆**, 崔大超. 生物信息学, 科学出版社, 61.9 万字, 2017

(4) 专题报告:

1. 报告题目: 内蒙古科技大学生物信息学专业建设. 生物信息学与智能信息处理 2019 年学术会议, 2019 年 6 月 21-23, 南京
2. 报告题目: Lipid metabolic reprogramming in cancer. 吉林大学肿瘤系统生物学中心讲座, 2019 年 3 月 16, 长春
3. 报告题目: The implication of DNA deformation energy for nucleosome positioning and sliding. 第五届全国计算生物学与生物信息学学术会议, 2018 年 4 月 20-22, 唐山
4. 报告题目: 从 DNA 物理特性看核小体的定位与滑动. 吉林大学计算机科学与技术名家讲座系列报道, 2017 年 7 月 7, 长春
5. 报告题目: A physical approach to nucleosome positioning prediction. 科学大数据前沿国际研讨会, 2016 年 7 月 8-10, 包头
6. 报告题目: An energetic model for nucleosome positioning. 第一届国际暨第十三次中国生物物理学术大会, 2013 年 10 月 28-31, 南昌
7. 报告题目: Meiotic recombination and processed pseudogene distribution. The 7th International

Bioinformatics Workshop, 2009年6月19-21, 苏州

8. 报告题目:人类基因组假基因分布与重组率的关系. 首届沪港粤生物物理学术会议, 2007年11月22-25日, 上海

(3) 专利

1. 名称: 一种在 DNA 序列特定位点上装配染色质结构的能力检测方法, 专利号:

CN201710903858.2, 发明人: 赵宏宇、蔡禄、张凤慧、赵秀娟、刘国庆; 公开时间: 2018

年 (发明专利)

● 获奖及荣誉

1. 2018.12 -2023.12, 内蒙古生物工程学会理事, 生物信息学专业委员会主任
2. 2019年, 第五届内蒙古科技大学“互联网+”大学生创新创业大赛铜奖, 项目名称: 亲亲子衿, 完成人: 孙文化、杨玥、宝伟东、宋双键、池红霞、朱淑惠, 指导教师: 刘国庆
3. 2017年, 包头市“鹿城英才”
4. 2017年, 包头市青联第十届委员会委员
5. 2017年, 内蒙古自治区“321人才工程”二层次人选
6. 2016年度内蒙古自治区“草原英才”
7. 2014年度内蒙古自治区自然科学奖一等奖, 项目名称: 相互作用网络及染色质结构水平遗传信息组织、传递规律的生物信息学研究, 主要完成人: 蔡禄, 刘国庆, 赵秀娟
8. 2014年度内蒙古自治区高等学校“青年科技英才支持计划”科技骨干 (NJYT-14-B10)
9. 2013年度第二届“包头市少数民族十大优秀青年”
10. 2013年度内蒙古科技大学科技工作先进个人
11. 2012年度包头市“5512工程”学术技术带头人
12. 2009年12月获“乌兰夫奖学金”
13. 2008年9月获“光华奖学金”