

2025 年度陕西省科学技术奖提名公示

（自然科学奖）

一、项目名称

circRNA-miRNA-复杂疾病相关模式发现方法研究

二、提名者及提名意见

提名者：陕西省教育厅

提名意见: 本项目围绕生物知识图中 circRNA-miRNA-疾病之间以及药物和药物的相关模式发现方法开展研究, 通过建立生物模式数据编码理论、复杂网络分析的智能机器学习框架和 circRNA-miRNA-发复疾病预测关联关系新技术应用理论与方法, 解决 circRNA-miRNA-疾病及药物和药物之间的关联关系的精确预测, 为复杂疾病的诊断和治疗提供新的见解, 特别是在癌症方面。本成果属于人工智能和生命科学前沿交叉领域的应用基础研究, 缩小了生物学实验范围和加快疾病治疗的研究和药物开发。

该项目已有 5 篇代表性论文发表, 并获得了国内外同行专家的高度评价与广泛引用。截止 2025 年 7 月 31 日, 5 篇代表性论文被引用累计达到 163 次。此外, 本项目研究成果荣获 2025 年陕西高等学校科学技术研究优秀成果二等奖。项目提交的材料齐全、规范, 不存在知识产权争议, 团队成员排序清晰, 完全符合陕西省自然科学奖的提名条件。

三、项目简介

环状 RNA (circRNA) 是一种非编码 RNA (ncRNA), 具有闭环结构, 在生物体内具有高度的保守性和稳定性。circRNA 作为 miRNA 海绵发挥作用, 并被发现参与广泛的细胞进化过程, 包括细胞增殖、转移和分化。越来越多的实验证据表明, circRNA 有潜力作为疾病诊断和预后的生物标志物, 参与许多病理过程, 为复杂疾病的诊断和治疗提供新的见解, 特别是在癌症方面。因此, 精确预测

circRNA-miRNA-疾病关联关系对于缩小生物学实验范围和加快疾病治疗的研究和开发至关重要。由于生物实验的耗时和昂贵的性质，迫切需要计算方法来加快研究过程。本成果属于人工智能和生命科学前沿交叉领域的应用基础研究，主要围绕生物知识图中 circRNA-miRNA-疾病之间的相关模式发现方法开展研究。成果主要研究内容如下：（1）生物模式数据编码理论。（2）复杂网络分析的智能机器学习框架。（3）circRNA-miRNA-发复疾病预测关联关系新技术应用理论与方法。

本项目的相关研究成果先后在国内外学术期刊上发表学术论文 46 篇，申请国家发明专利 3 项，其中发表在 SCI 期刊 iScience, Briefings in Bioinformatics, Journal of Chemical Information and Modeling, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, Transactions on Cybernetics, Neurocomputing, Biology 工程类期刊上论文 46 篇。本项目关联研究成果发表后，受到了国内外学术界的广泛关注，5 篇代表性论著已被包括黄德双、邹全、王书强及王淑栋等国内外著名学者的课题组在诸如《BMC Biology》、《Neurocomputing》、《Journal of Chemical Information and Modeling》等期刊上正面评价或引用达 163 次，充分展示了本项目的研究影响力。

四、客观评价

本项目相关研究成果先后在国际著名学术期刊发表后，受到了国内外学术界的较高关注。以下列举了四项国内外知名学者在发表的学术论文中对我们研究成果的客观评价：

（1）邹权教授，电子科技大学长三角研究院（衢州）副院长、第十三批四川省学术和技术带头人、科睿唯安“全球高被引学者”（“计算机科学”和“生物与生物化学”两个领域，2018-2023）、爱思唯尔中国高被引学者、四川省高层次人才计划、美国斯坦福大学发布的世界前 2%科学家榜单，在其发表于 BMC Biology (2025, 中科院二区 TOP, IF 4.5) 的论文中引用该论文：“Wang 等人开发了一

种改进的算法 KGDCMI。他们将通过 k-mer 和 GIP 内核从序列和相似性中获得的 RNA 属性信息输入 SAE 进行代表性特征提取,并使用 HOPE 图嵌入来挖掘 CMI 关联中的行为信息。最后,应用 DNN 模型融合特征并预测未知的 CMIs。

(2) 黄德双教授,工学博士,博士生导师,俄罗斯工程院外籍院士,宁波东方理工大学教授,宁波市多组学多模态生物医学数据挖掘与计算重点实验室(A类)主任,在其发表于 Neurocomputing (2025, 中科院二区, IF 6.5) 的论文中引用该论文:“生物实验方法虽然可靠,但是非常昂贵,对研究人员、设备、实验材料等要求非常高。circRNA-蛋白质结合预测可被视为二元分类任务,除了其他任务之外,已经提出了几种计算模型用于分析 circRNA 序列。”

(3) 中科院特聘研究员,生物医学信息中心副主任王书强在其发表于 IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics (2025, 中科院一区 TOP, IF 6.8) 的论文中引用该论文所提出的数据作为基准数据集,并将此论文中提出的方法作为 SOTA 模型:“在这项研究中,我们利用了广泛用于 CMA 预测任务的三个数据集。”。

(4) 中国石油大学(华东)计算机科学与技术教授,博士生导师,王淑栋在其发表于 Journal of Chemical Information and Modeling (2024, 中科院二区 TOP, IF 5.3) 的论文中引用该论文所提出的数据作为基准数据集,并将此论文中提出的方法作为 SOTA 模型:“本文选取了 CMAs 预测中常用的三个数据集,对 MRHRL 模型进行了全面客观的评价。”。

五、代表性论文专著目录

(不超过 8 条。其中代表性论文不超过 5 篇，代表性专著不超过 3 部)

序号	论文专著名称	刊名	作者	年卷页码 (xx 年 xx 卷 xx 页)	发表时间 (年月日)	通讯作者 (含共同)	第一作者 (含共同)	国内作者	他引总次数	检索数据库	知识产权是否归国内所有
1	SGCNCMI: A New Model Combining Multi-Modal Information to Predict circRNA-Related miRNAs, Diseases and Genes	Biology-basel	Chang-Qing Yu, Xin-Fei Wang, Li-Ping Li, Zhu-Hong You, Wen-Zhun Huang, Yue-Chao Li, Zhong-Hao Ren and Yong-Jian Guan	2022 年 11 卷 1350 页	2022. 9. 13	Chang-Qing Yu	Chang-Qing Yu	于长青 王鑫飞 尤著宏 黄文准 李月超 任忠豪 关永健	11	Web of Science SCI	是
2	KGDCMI: A New Approach for Predicting circRNA - miRNA Interactions From Multi-Source Information Extraction and Deep Learning	Frontiers In genetics	Wang xinfei, Yu changqing, Li liping, You zhuhong, Huang wenzhun, Li yuechao, Ren zhonghao and Guan yongjian	2022 年 13 卷 1 页	2022. 8. 16	Yu changqing, Li liping	Wang xinfei	王鑫飞 于长青 李丽萍 尤著宏 黄文准 李月超 任忠豪 关永健	24	Web of Science SCI	是

3	A feature extraction method based on noise reduction for circRNA-miRNA interaction prediction combining multi-structure features in the association networks	Briefings in Bioinformatics	Xin-Fei Wang, Chang-Qing Yu, Zhu-Hong You, Li-Ping Li, Wen-Zhun Huang, Zhong-Hao Ren, Yue-Chao Li and Meng-Meng Wei	2023 年 24 卷 bbad111 页	2023. 5	Chang-Qing Yu, Zhu-Hong You, Li-Ping Li	Xin-Fei Wang	王鑫飞 于长青 尤著宏 李丽萍 黄文准 任忠豪 李月超 魏猛猛	19	Web of Science SCI	是
4	A novel circRNA-miRNA association prediction model based on structural deep neural network embedding	Briefings in Bioinformatics	Lu-Xiang Guo, Zhu-Hong You, Lei Wang, Chang-Qing Yu, Bo-Wei Zhao, Zhong-Hao Ren, Jie Pan	2022 年 23 卷 bbac391 页	2022. 9	Zhu-Hong You, Lei Wang	Lu-Xiang Guo	郭陆祥 尤著宏 王磊 于长青 赵博伟 任忠豪 潘杰	24	Web of Science SCI	是
5	A biomedical knowledge graph-based method for drug-drug interactions prediction through combining local and global features with deep neural networks	Briefings in Bioinformatics	Zhong-Hao Ren, Zhu-Hong You, Chang-Qing Yu, Li-Ping Li, Yong-Jian Guan, Lu-Xiang Guo, Jie Pan	2022 年 23 卷 bbac363 页	2022. 9. 20	Zhu-Hong You, Chang-Qing Yu, Li-Ping Li	Zhong-Hao Ren	任忠豪 尤著宏 于长青 李丽萍 关永健 郭陆祥 潘杰	31	Web of Science SCI	是

6											
7											
8											
合 计											
补充说明（视情填写）：											

六、主要完成人情况

姓名	排名	行政职务	技术职称	工作单位	完成单位	对本项目贡献
于长青	1	无	教授	西京学院	西京学院	该项目的主要负责人，负责项目设计，组织实施及解决科学问题和关键技术问题。对第 1、2、3 创新点做出了贡献，在该项研究工作中投入的工作量占本人工作总量的 90%。主要贡献：构建了 CMIC 序列数值化编码方法、深度学习的 CMIC 标特征提取算法；CMIC 关联预测模型等新技术。
李丽萍	2	无	副教授	西京学院	西京学院	对第 2、3 创新点做出了贡献，在该项研究工作中投入的工作量占本人工作总量的 60%。主要贡献：提出了基于 circRNA 和 miRNA 的序列特征、相似性特征和拓扑特征生成调节网络模型，设计了基于结合生物文本挖掘和基于小波扩散的稀疏网络结构嵌入预测 circRNA-miRNA 相互作用模型，构建了基于并行 MapReduce 云平台的大规模生成调节网络模型。
王鑫飞	3	无	讲师	西京学院	西京学院	提出了一种在实际情况下有效实现 CMI 预测的新方法，通过构建

						<p>circRNA-miRNA-cancer (CMCI) 网络丰富分子的“行为关系”，并基于平衡理论提取分子的行为关系属性。其次，使用去噪自编码器 (DAE) 来增强分子的特征表示。最后，使用 CatBoost 分类器进行预测。在实际案例中获得了最可靠的预测结果，在 CMI 预测的所有数据集中都取得了具有竞争力的表现。</p>
任忠豪	4	无	讲师	西京学院	西京学院	<p>基于生物医学知识图 (BKG) 的 DDI 预测方法，提出了深度学习框架 DeepLGF，以充分利用融合局部-全局信息的 BKG 来提高 DDI 预测的性能，提供更详细和全面的药物侧边信息流。</p>
李月超	5	无	讲师	西京学院	西京学院	<p>提出了 PPAEDTI 模型，该模型使用图个性化传播技术从已知的相互作用网络预测药物-靶标相互作用。</p>
魏猛猛	6	无	讲师	西京学院	西京学院	<p>提出了 JSNDCMI 模型，该方法结合了多结构特征提取框架和去噪自动编码器 (DAE) 以解决稀疏网络中 CMI 预测的难题</p>

七、主要完成单位情况

完成单位	排名	创新推广贡献
西京学院	1	本成果以 circRNA-miRNA-复杂疾病为研究对象, 聚焦人工智能下 circRNA-miRNA-复杂疾病相关模式发现方法研究, 在国家自然科学基金等项目资助下, 对 circRNA-miRNA-复杂疾病相关模式发现 对本成果的 理论与方法进行了持续深入系统研究, 形成具有较高理论水平和 主要贡献重大实用价值的 “circRNA-miRNA-复杂疾病相关模式发现 ” 成果, 为疾病预防和诊疗提供高可信的数据支持和理论依据, 具有非常重要的科学意义。

八、完成人合作关系说明

序号	合作方式	合作关系及排名	合作时间	合作成果	证明材料
1	论文合著	于长青 1 王鑫飞 3 李丽萍 2 李月超 5 任忠豪 4	2022 年 9 月	论文	代表性论文 1
2	论文合著	王鑫飞 3 于长青 1 李丽萍 2 任忠豪 4 李月超 5 魏猛猛 6	2023 年 5 月 19 日	论文	代表性论文 3