

南京农业大学专业技术职务 申报人员情况简表

姓 名：刘**

所 在 单 位：前沿交叉研究院

申报二级学科：生物信息学

现专业技术职务：副教授

拟评审任职资格：教授(教学科研型)

填 表 时 间：2024年03月07日

南京农业大学制表

填表说明

- 一、本表供我校申报专业技术职务任职资格人员使用。
- 二、按表中各栏目要求认真填写。具体内容真实、详尽，全面科学地反映申报人员水平、能力和实绩。
- 三、本表A4大小打印，并用黑色签字笔签名。

一、基本情况

姓 名	刘**	性别	男	出生年月	1978-12	申报类型	教学科研型
现任专业技术职务	副教授	聘任时间	2013-12	现任党政职务		聘任时间	
最高学历及取得时间	2014-11, 于南京农业大学, 获得博士研究生学历		最高学位及取得时间	2014-12, 于南京农业大学, 获得博士学位		是否破格	否
学科及研究方向	二级学科	生物信息学		研究方向	生物大数据整合与挖掘		
	从事专业其他关键词	生物信息学					
个人学习进修工作经历	2002-06, 南京农业大学, 信息学, 大学本科毕业 2009-09, 南京理工大学, 计算机软件与理论, 硕士研究生毕业 2014-11, 南京农业大学, 生物信息学, 博士研究生毕业 2002-08~2008-12, 南京农业大学 信息科技学院, 助教（高校）, 计算机系教师 2009-01~2013-11, 南京农业大学 信息科技学院, 讲师（高校）, 计算机系教师 2013-12~2020-07, 南京农业大学 信息科技学院, 副教授, 计算机系教师 2020-08~2022-04, 南京农业大学 信息管理学院, 副教授, 信息系教师 2022-05~, 南京农业大学 前沿交叉研究院, 副教授, 生物信息中心教师 2019-03-01~2020-02-28, 美利坚合众国、密西根州立大学						

二、任现职以来教学、育人情况

1. 讲授课程（任现职近五年）				
课程名称	课程性质	授课对象	授课人数	授课学时
数据结构	专业基础课	本科生	48	38
JAVA项目实战	专业课	本科生	103	78
生物技术与应用	公共基础课	硕士生	8	32
学科导论	专业课	本科生	62	1.5
面向对象程序设计实验	专业课	本科生	51	23
面向对象程序设计	专业课	本科生	50	38
数据结构实验	专业基础课	本科生	54	44
大数据基础架构	专业课	本科生	5	38
程序设计语言	公共基础课	本科生	117	56
程序设计语言实验	公共基础课	本科生	118	40
2. 课程/专业建设				
课程名称	课程类型	课程级别	时间	排序
3. 教材建设				
教材名称	出版社	出版时间	级别	排序/编撰字数 (万)

4. 教学成果奖励				
成果奖励	级别及等级	颁奖机构	奖励年度	排序
5. 教学改革项目				
项目名称	项目来源	项目级别	立项时间	项目角色
6. 指导学生情况				
指导学生	在读人数	毕业人数		
硕士生	4	3		
博士生				
本科毕业论文/设计	28			

7. 其他

指导本科毕业设计、SRT、课外实践、实践教学等情况：

- 1、平均每年指导4-5名本科生毕业设计
- 2、指导了3项本科SRT项目，其中1项为国家级项目。

三、任现职以来科研项目情况

项目名称	项目来源	项目级别	立项时间	到账/批复 经费(万元)	项目 角色	完成 情况
可变剪接介导的大豆疫霉和寄生疫霉效应子CRN156功能分化与寄主适应性机制	国家自然科学基金委员会 面上项目	国家级	2022	54	负责人	在研
基于基因组水平的细胞色素P450基因农药响应元件的预测和验证	国家自科基金 青年科学基金项目	国家级	2013	23	负责人	结题
piggyBac转座子的交互作用研究	国家自科基金 青年科学基金项目	国家级	2013	23	参与者	结题
生物信息学校内前沿交叉研究	校级项目 创新交叉	校级	2022	40	任务负责人	结题
靶标抗性相关的RNA编辑事件预测和验证	校级项目 其他中央高校基本科研业务费	校级	2016	10	负责人	结题
基于单细胞组学及人工智能技术的生物信息分析体系建设	校级项目 创新交叉	校级	2023	35		在研
基于基因组水平的细胞色素P450基因农药响应元件的预测	校级项目 其他中央高校基本科研业务费	校级	2014	10	负责人	结题
飞蝗几丁质酶基因家族的功能及激素调控机制研究	国家自科基金 面上项目	国家级	2012		参与者	结题
机构投资者高频交易与市场稳定性研究	江苏省教育厅 高校哲学社会科学研究一般项目	地市级	2017	10	参与者	结题

四、任现职以来科研成果

1. 任现职以来发表或出版的论文、论著				
题目/书名	刊物名称/ 出版社	排名/总人数 (承担角色)	发表（出 版）时间	论文相关情况
PlantExp: a platform for exploration of gene expression and alternative splicing based on public plant RNA-seq samples	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	1/10第一作者	2022	A(自然科学)/16.4
MetazExp: a database for gene expression and alternative splicing profiles and their analyses based on 53 615 public RNA-seq samples in 72 metazoan species	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	1/8第一及通讯作者	2021	A(自然科学)/17.21
Online data resource for exploring transposon insertion polymorphisms in public soybean germplasm accessions	PLANT PHYSIOLOGY	4/6通讯作者	2023	A(自然科学)/8.7
FungiExp: a user-friendly database and analysis platform for exploring fungal gene expression and alternative splicing	BIOINFORMATICS	1/6第一作者	2023	A(自然科学)/8.3
Cross-kingdom analyses of transmembrane protein kinases show their functional diversity and distinct origins in protists	COMPUTATIONAL AND STRUCTURAL BIOTECHNOLOGY JOURNAL	5/6通讯作者	2023	A(自然科学)/6.3
FishExp: A comprehensive database and analysis platform for gene expression and alternative splicing of fish species	COMPUTATIONAL AND STRUCTURAL BIOTECHNOLOGY JOURNAL	4/4通讯作者	2022	A(自然科学)/6.3/南农大为非第一署名单位
A web-based database server using 43,710 public RNA-seq samples for the analysis of gene expression and alternative splicing in livestock animals	BMC GENOMICS	1/7第一及通讯作者	2022	A(自然科学)/4.7

FairBase: a comprehensive database of fungal A-to-I RNA editing	DATABASE-THE JOURNAL OF BIOLOGICAL DATABASES AND CURATION	1/8第一作者	2019	A(自然科学)/3.661
ASlive: a database for alternative splicing atlas in livestock animals	BMC GENOMICS	1/4第一作者	2020	A(自然科学)/4.478
OMIGA: Optimized Maker-Based Insect Genome Annotation	MOLECULAR GENETICS AND GENOMICS	1/4第一作者	2014	B(自然科学)/2.907
基于RNA-seq的木霉长链非编码RNA的生物信息学预测及其重寄生相关性分析	南京农业大学学报	1/4第一作者	2019	一类(自然科学)
基于RNA-seq的基因训练集构建方法	数据采集与处理	2/2通讯作者	2018	其他
Tr-milRNA1 Contributes to Lignocellulase Secretion under Heat Stress by Regulating the Lectin-Type Cargo Receptor Gene Trvip36 in Trichoderma guizhouense NJAU 4742	JOURNAL OF FUNGI	2/7参与作者	2021	A(自然科学)/6.413
Phytophthora sojae effector PsCRN108 targets CAMTA2 to suppress HSP40 expression and ROS burst.	MOLECULAR PLANT-MICROBE INTERACTIONS : MPMI	8/10参与作者	2023	A(自然科学)
The genomic features of parasitism, Polyembryony and immune evasion in the endoparasitic wasp Macrocentrus cingulum	BMC GENOMICS	6/15参与作者	2018	A(自然科学)/4.142/南农大为非第一署名单位
InsectBase: a resource for insect genomes and transcriptomes	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	7/13参与作者	2016	A(自然科学)/9.338/南农大为非第一署名单位

Insights into the venom composition and evolution of an endoparasitoid wasp by combining proteomic and transcriptomic analyses	SCIENTIFIC REPORTS	4/9参与作者	2016	B(自然科学)/4.847/南农大为非第一署名单位	
ChiloDB: a genomic and transcriptome database for an important rice insect pest Chilo suppressalis	DATABASE-THE JOURNAL OF BIOLOGICAL DATABASES AND CURATION	3/8参与作者	2014	A(自然科学)/4.51	
Prediction of piRNAs using transposon interaction and a support vector machine	BMC BIOINFORMATICS	3/7参与作者	2014	A(自然科学)/3.452	

2. 任现职以来的科研获奖情况						
成果名称		奖励名称及 获奖等级	授奖机构	奖励级别	奖励年度	排序

3. 其他应用成果	(审定动植物新品种、新药品、肥料，已授权专利，软件著作权，植物新品种权，标准规范，资政报告，起草制定的重要文件、报告等)						
名称		类型	审定/授权/批示机构	时间	编号/登记号	排序	产生效益
真核基因组分析系统软件		计算机软件著作权		2017-09	2017SR502911	1/1	未转让

五、任现职以来学术交流和社会服务情况

1. 国际学术会议重要职务	无
2. 国内外学术组织兼职	2017年-至今 江苏省生物医学工程学会生物信息学专业委员会， 会员
3. 校内承担的公共服务	承担南京农业大学生物信息学中心涉农物种基因表达数据库平台开发与维护 参与南京农业大学生物信息中心平台硬件、软件维护 参与南京农业大学生物信息中心面向全校高性能计算平台Linux操作系统、生物信息学软件使用培训
4. 校外承担的社会服务工作	
5. 从事科技开发、成果推广、科技扶贫情况及其实绩	

六、任现职以来获得荣誉、表彰和惩处情况

荣誉、表彰 和惩处情况	教学优秀,2014,南京农业大学,学校级 国外访学考核优秀,2021-09-01,南京农业大学,学校级
-------------	--

七、任现职以来年度考核情况

年度	年度考核等级	教学质量评价结果	备 注
2023	合格	良好，94%	
2022	合格	良好，62.75%	
2021	合格	默认，未考核	
2020	合格	默认，未考核	
2019	合格	良好，60%	
2018	合格		
2017	合格		
2016	合格		
2015	合格		
2014	优秀		
2013	合格		
2012	合格		
2011	合格		
2010	合格		
2009	合格		
2008	合格		

2007	合格		
申请人承诺:			
<p>本人承诺，以上所填内容真实可靠。如有不实，本人承担一切后果。</p> <div>申请人签名: <u>刘宝亮</u></div> <div>年 月 日</div>			