

个人简历

黄奕衍 (Yixian Huang)

中国科学院深圳先进技术研究院
深圳理工大学计算机科学与人工智能学院
邮箱: huangyixian@suat-sz.edu.cn
电话: +86 137-295-11518
学术网页: <https://huangyixian666.github.io/>
谷歌学术网站:

<https://scholar.google.com/citations?user=ancSOgIAAAAJ&hl=zha>

博士后
博士后



我的研究聚焦在人工智能、生命科学和药学 (AI for Biomedicine) 的交叉领域, 开发先进的机器学习算法解决重要的生物学问题。过去五年中, 我在本领域发表了近 20 篇高质量 SCI 和 EI 论文, 总引用量超 1600 次。主要研究方向包括人工智能驱动的药物发现、海量生物序列的多组学数据分析和生物大数据平台开发。我的目标是通过将信息技术 (IT) 与生物技术 (BT) 整合到创新药物开发框架中, 增强医疗健康系统并改善人类健康。

迄今为止, 我在顶级期刊和会议上共发表了 20 篇论文, 作为第一作者 (含共同) 或通讯作者发表 7 篇论文 (其中 IF > 15 的论文 3 篇, ESI 高被引论文 1 篇)。发表的顶级期刊包括 1 篇 *Nature Communications* (中科院一区 Top, IF=14.7), 5 篇 *Nucleic Acids Research* (中科院一区 Top, IF=16.6), 1 篇 *Nature Communications Chemistry* (中科院一区 Top)。

工作经历

博士后 中国科学院深圳先进技术研究院&深圳理工大学 计算机科学与人工智能学院 2025 年 11 月-至今
导师: 唐继军 教授 (珠江学者) & 魏彦杰 教授 (高性能计算研究中心主任)

教育背景

博士 香港中文大学 (深圳) 医学院(生物科学) 2020 年 - 2025 年
导师: 黄宪达 教授 (千人计划专家)
学士 中山大学 生命科学学院 2015 年 - 2019 年

研究兴趣

- 生物信息学 (Bioinformatics), 人工智能 (Artificial intelligence), 精准医学 (Precision Medicine)
 - 人工智能驱动的药物发现
 - 海量生物序列的多组学数据分析
 - 生物大数据平台开发

基金参与情况

1. 国家自然科学基金委员会，国家自然科学基金（面上项目），《基于量化miRNA 基因调控网络的肝癌驱动机制和药物靶标识别方法研究》，参与，01/01/2021 至 31/12/2024，58W，已结题
2. 岗宏集团，岗宏集团青年学者发展资助基金，《母血胎儿有核红血球单细胞染色体异常信息分析平台》，01/01/2021 至 31/12/2023，参与，67W，已结题
3. 广东省台师优培计划，《基于药物重定位计算模型的筛选治疗索拉非尼耐药性肝癌的联用药物及其机制研究》，2024 年度，参与，40W，进行中

文章发表

已发表论文：

1. **Yixian Huang***, et al. (2026). Multi-Source Language Models Fusion with Dynamic Routing Capsule Network for Antimicrobial Compound Identification. *Communications Chemistry*, Accepted (第一作者兼通讯作者, Nature 旗下中科院一区 Top, IF=6.8)
2. **Yixian Huang**, et al. (2025). RegRNA 3.0: Expanding Regulatory RNA Analysis with New Features for Motif, Interaction, and Annotation. *Nucleic Acids Research*, Accepted. (JCR Q1, IF(2024)=16.6)
3. **Yixian Huang**, et al. (2024). DeepDrugmiR: a two-stage deep learning method for inferring small molecules' regulatory effects on microRNA expression. *The 15th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics (ACM-BCB)*. Accepted. (EI 论文)
4. **Yixian Huang**, et al. (2024). DrugRepoBank: a comprehensive database and discovery platform for accelerating drug repositioning. *Database*. Volume 2024, 2024, baae051. (JCR Q1, IF(2023)=5.8)
5. **Yixian Huang**, et al. (2023). A Robust Drug-Target Interaction Prediction Framework with Capsule Network and Transfer Learning. *International Journal of Molecular Science*, 24(18), 14061. (JCR Q1, IF(2023)=5.6)
6. Hsi-Yuan Huang#, Yang-Chi-Dung Lin#, Shidong Cui#, **Yixian Huang#** (共同第一作者), et al. (2022). miRTarBase update 2022: an informative resource for experimentally validated miRNA–target interactions. *Nucleic Acids Research*, 50(D1):D222-30. (JCR Q1, IF(2024)=16.6, ESI 高被引论文)
7. Hsi-Yuan Huang#, Jing Li#, Yun Tang#, **Yi-Xian Huang#** (共同第一作者), et al. (2021). MethHC 2.0: information repository of DNA methylation and gene expression in human cancer. *Nucleic Acids Research*, 49(D1):D1268-75. (JCR Q1, IF(2024)=16.6)
8. Yigang Chen, Xiang Ji, Ziyue Zhang, Yuming Zhou, Yang-Chi-Dung Lin, Hsi-Yuan Huang, Tao Zhang, Yi Lai, Ke Chen, Chang Su, Xingqiao Lin, Zihao Zhu, Yanggyi Zhang, Kangping Wei, Jiehui Fu, **Yixian Huang**, et al. SCOPE-DTI: Semi-Inductive Dataset Construction and Framework Optimization

for Practical Usability Enhancement in Deep Learning-Based Drug Target Interaction Prediction. *Nature Communications*, Accepted (JCR Q1, IF(2025)=14.7)

9. Cui, Shidong; Yu, Sicong; Huang, Hsi-Yuan; Lin, Yang-Chi-Dung, **Yixian Huang**, et al. miRTarBase 2025: updates to the collection of experimentally validated microRNA-target interactions. *Nucleic Acids Research*. Accepted. (JCR Q1, IF(2024)=16.6)
10. Xu, Jiatong; Wan, Jingting; Huang, Hsi-Yuan; Chen, Yigang; **Yixian Huang**, et al. miRStart 2.0: Enhancing miRNA Regulatory Insights Through Deep Learning-Based TSS Identification. *Nucleic Acids Research*. Accepted. (JCR Q1, IF(2024)=16.6)
11. Li, Jing, **Yixian Huang**, et al. (2024). Mechanism of Sophorae Flavescentis Radix (Kushen) in treating NSCLC: Insights from miRNA-mRNA network analysis. *Journal of Ethnopharmacology*, 319: 117232. (JCR Q1, IF(2023)=5.4)
12. Chen, Yigang, Runbo Mao, Jiatong Xu, **Yixian Huang**, et al. (2024). A Causal Regulation Modeling Algorithm for Temporal Events with Application to Escherichia coli's Aerobic to Anaerobic Transition. *International Journal of Molecular Sciences*, 25, no. 11: 5654. (JCR Q1, IF(2023)=5.6)
13. Yuntian Zhang, Lantian Yao, Chia-Ru Chung, **Yixian Huang**, et al. (2024). KinPred-RNA - Kinase Activity Inference and Cancer Type Classification using Machine Learning on RNAseq Data. *iScience*. (JCR Q1, IF(2023)=5.6)
14. Jiahui Guan, Lantian Yao, Peilin Xie, Chia-Ru Chung; **Yixian Huang**, et al. (2024). A two-stage computational framework for identifying antiviral peptides and their functional types based on contrastive learning and multi-feature fusion strategy. *Briefings in Bioinformatics*, 25.3: bbae208. (JCR Q1, IF(2023)=9.5)
15. Lantian Yao, Peilin Xie, Jiahui Guan, Chia-Ru Chung, Wenyang Zhang, Junyang Deng, **Yixian Huang**, et al. (2024). ACP-CapsPred: an explainable computational framework for identification and functional prediction of anticancer peptides based on capsule network, *Briefings in Bioinformatics*, Volume 25, Issue 5, bbae460. (JCR Q1, IF(2023)=9.5)
16. Lantian Yao, Jiahui Guan, Peilin Xie, Chia-Ru Chung, Junyang Deng, **Yixian Huang**, et al. (2024). AMPActiPred: A three-stage framework for predicting antibacterial peptides and activity levels with deep forest. *Protein Science*, 33(6): e5006. (JCR Q1, IF(2023)=8.0)
17. Lantian Yao, Peilin Xie, Jiahui Guan, Chia-Ru Chung, **Yixian Huang**, et al. (2024). CapsEnhancer: An Effective Computational Framework for Identifying Enhancers Based on Chaos Game Representation and Capsule Network. *Journal of Chemical Information and Modeling*. (JCR Q1, IF(2023)=5.6)
18. Yao, Lantian, Wenshuo Li, Yuntian Zhang, Junyang Deng, Yuxuan Pang, **Yixian Huang**, et al. (2023). Accelerating the Discovery of Anticancer Peptides through Deep Forest Architecture with Deep Graphical Representation. *International Journal of Molecular Sciences*. 24, no. 5: 4328. (JCR Q1, IF(2023)=5.8)
19. Zeng-hong Gao, Shao-lin Ruan, **Yi-xian Huang**, et al. (2019). Paraburkholderia phosphatilytica sp. nov., a phosphate-solubilizing bacterium isolated from forest

- soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 69(1):196-202. (JCR Q3, IF(2023)=2.8)
20. Yu-min Cai, Zeng-hong Gao, Mei-hong Chen, Yi-xian Huang, et al. (2018). *Dyella halodurans* sp. nov., isolated from lower subtropical forest soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(10):3237-3242. (JCR Q3, IF(2023)=2.8)

待发表论文:

21. Yixian Huang, et al. (2025). ToxFM: a foundation model fused with L1000 gene expression and molecular architectures for high-throughput drug toxicity forecasting.
22. Yixian Huang, et al. (2025). HemoTox-SEPC: A Predictor Integrating Stereoelectronics-Infused Molecular Graphs and Parsing Capsule Networks andfor Drug Hemotoxicity Assessment
23. Yixian Huang, et al. (2025). DDI-MSpikePredictor: A Multimodal Framework Integrating Spiking Capsule Networks for Drug-Drug Interaction Event and Side Effect Prediction

奖项与荣誉

- 校长博士后, 深圳理工大学计算机科学与人工智能学院, 2025-2027
- 岗宏年度博士生科研奖, 香港中文大学(深圳)医学院, 2024 年
- 岗宏奖学金, 香港中文大学(深圳)医学院, 2020 年-2025 年

教学经验

- 《生物信息学》, 《计算基因组学与蛋白质组学》, 《生物医学的统计方法》, 《生物医学的机器学习》

SCI 论文审稿人服务

- *Nature Communications, Communications Chemistry, Nucleic Acids Research, npj Digital Medicine, Briefings in Bioinformatics, Journal of Cheminformatics*

学生指导

围绕 AI 药物方向, 指导近 20 个硕士生和本科生。

- 深圳理工大学: 韩晗 硕士生; 温麟峰 硕士生; 孟耀伟 硕士生; 丁丁 本科生; 孔伟杰 本科生; 曹浩 本科生; 詹家瑞 本科生; 古倬立 本科生
- 香港中文大学(深圳): 何若禧 硕士生 (毕业去向: AI 药企); 董丹鸿 硕士生 (毕业去向: 香港中文大学(深圳)博士); 吴华聪 硕士生 (毕业去向: AI 药企); 章智勇 硕士生; 邹正楷 硕士生; 张灵泉 硕士生; 孟睿 本科生