

	姓名：刘红 联系方式：liuhongseminar@hotmail.com 科研领域： 1. 病毒与宿主相互作用机制研究； 2. 病原体快速诊断方法研究。 2026 年招生专业及人数：学硕：1 人 专硕 1 人。
个人基本情况： 博士，副教授，中国疾病预防控制中心兼职博士生导师，山东理工大学硕士研究生导师，山东省乳品技术创新中心执行主任，中国医促会分子诊断学分会常务委员，山东省生物化学与分子生物学会理事，山东卫康医学检验有限公司科技副总，蒙牛集团泰安责任有限公司科技副总，中国科技期刊卓越行动计划高起点新刊《智能检验医学（英文）》iLABMED 杂志青年编委，《遵义医科大学学报》青年编委，Frontiers in Cellular and Infection Microbiology 编委，Frontiers in Microbiology 编委。研究围绕“生物信息学分析—人源化类器官模型—病原智慧检测”的核心主线展开，开展多学科交叉研究，致力于解决病原体在溯源、致病机制与智慧诊断方面的核心科学问题。研究成果发表于 Journal of Virology, Emerging Infectious Disease, Plos NTD, Emerging microbe and infection, Frontiers in Microbiology, Briefings in Bioinformatics, Viruses, Scientific Data, Food Microbiology 与中华流行病学杂志等国内重要学术期刊。	
教育经历/工作经历： 1997. 09—2000. 07 太原外国语学校 2000. 09—2005. 07 山西医科大学 临床医学 学士 2005. 09—2008. 07 暨南大学 生物化学与分子生物学 硕士 2008. 09—2011. 07 中国疾病预防控制中心 病原生物学 博士 2011. 9—今 山东理工大学 讲师—副教授	
荣誉奖励： 山东省青年教师教学竞赛三等奖（2017） 淄博市优秀科技副总（2023） 中国乳制品工业协会科技进步奖二等奖（2026）	

科研情况：

科研项目

1. 山东省重点研发计划（重大科技创新工程）乳品智能加工关键技术与装备开发及产业化应用子课题乳品微生物高通量快速检测（2023CXGC010711） 100 万 2023.10-2026.10 主持。
2. 中国轻工业数字化转型急需解决技术“揭榜挂帅”项目 食源性微生物智慧检测技术平台实现婴配奶粉在线微生物智能检测及生产全链条风险预警（QG202301076） 2023.1-2027.12 主持。
3. 山东省自然科学基金面上项目 蚊虫传播致脑炎病毒—版纳病毒与乙脑病毒共感染及其与宿主相互作用研究（ZR2022MH115）10 万 2023.01-2025.12 主持。
4. 中国食品药品检定研究院委托课题 新冠病毒检测用标准品质量控制研究 20 万 2020.10-2022.10 结题 主持。
5. 淄博市重点研发计划重要传染性病原体核酸快速检测试剂盒的研发（2020kj00011）20 万 2020.11-2023.10 主持。
6. 传染病预防控制国家重点实验室开放课题 乙型病毒性脑炎发病机制研究（2018SKLID309）6 万 2019.01-2019.12 结题 主持。
7. 中国科学院高致病性病原生物学与生物安全重点实验室开放课题 我国新分离人畜共患病毒—版纳病毒基因组进化特征研究（2017SPCAS003）6 万元 2017.01-2018.12 结题 主持。
8. 国家自然科学基金委员会青年科学基金项目 新发虫媒病毒—版纳病毒分子遗传进化及其与疾病关系的研究（81301479）23 万 2014.01-2016.12 结题 主持。
9. 山东省自然科学基金委员会青年科学基金项目 我国新分离人畜共患虫媒病毒—版纳病毒基因组分子遗传进化研究（ZR2013HQ008）6 万 2013.10-2016.10 结题 主持。

研究论文

1. Farid, Anum, Mati Ullah Khan, Zeyu Wang, Zhijie Wang, Baoqiu Cui, Kaiyue Wei, Hong Liu and Zhiwei Chen. "Mapping Research Trends in Milk Microbiology: Rapid Detection Methods and Bibliometric Analysis."LWT (2025) . (**Corresponding Author**) 1 ☒
2. Farid A, Wang Z, Khan MU, Wang P, Wang H, Liu H, Chen Z. "Emerging technologies for detecting foodborne pathogens and spoilage microorganisms in milk: Ensuring safety and quality". Food Microbiol. 2025 PMID: 40210394. (**Corresponding Author**) 1 ☒
3. Cui, B.; Wang, Z.; Farid, A.; Wang, Z.; Wei, K.; Ren, N.; Yang, F.; Liu, H*. The Application and Challenges of Brain Organoids in Exploring the Mechanism of Arbovirus Infection. Microorganisms 2025, 13, 1281. (**Corresponding Author**)
4. Gao T, Li M, Liu H*, Fu S, Wang H, Liang G. Genome and evolution of Tibet orbivirus, TIBOV (genus Orbivirus, family Reoviridae). Front Cell Infect Microbiol. 2024 Mar 5;14:1327780. (**Corresponding Author**)
5. Wang HL, Xue YF, Cui BQ, Liu H*, Shen XX. Risk Factors of Depression Screened by Two-Sample Mendelian Randomization Analysis: A Systematic Review. Biomed Environ Sci. 2024 Jan 20;37(1):85-95. (**Corresponding Author**)
6. Xu G, Gao T, Wang Z, Zhang J, Cui B, Shen X, Zhou A, Zhang Y, Zhao J, Liu H, Liang G. Re-Emerged Genotype IV of Japanese Encephalitis Virus Is the Youngest Virus in Evolution. Viruses. 2023 Feb 24;15(3):626. doi: 10.3390/v15030626. PMID: 36992335; PMCID: PMC10054483. (**Corresponding Author**)
7. Huang Y, Wang Sl, Liu H* , Evans Atoni, Wang F, Chen W, Li ZLl, SergioRodriguez, Yuan ZM, Ming ZY, Xia H. A global dataset of sequence, diversity and biosafety recommendation of arbovirus and arthropod-specific virus. Sci Data. 2023 May 19;10(1):305.
8. Liu H#*; Zhang J# ; Niu YZ; Liang GD*; The 5' and 3' Untranslated Regions of the Japanese

Encephalitis Virus (JEV): Molecular Genetics and Higher Order Structures, Front Microbiol, 2021, 12: 730045.(**Corresponding Author**)

9. Shen XX, Li FY, Qin M, Zhang GH, Zhang MY, Liu H, Sun XL, Xin ZJ, Ma XJ. Multicenter evaluation of a simple and sensitive nucleic acid self-testing for SARS-CoV-2. Virol Sin. 2023 Aug;38(4):620-626. doi: 10.1016/j.virs.2023.06.009. Epub 2023 Jul 3. PMID: 37406815; PMCID: PMC10436039.

10. Zhang J# ; Liu H#*; Wang JH; Wang JH; Zhang JM; Wang JY; Zhang X; Ji HF; Ding ZF; Xia H; Zhang CY; Zhao Q; Liang GD*; Origin and evolution of emerging Liao ning Virus (genus Seadornavirus, family Reoviridae), VirolJ, 2020, 17: 105.(**Corresponding Author**)

11. Gao X#,Liu H#,Li X,Fu S,Cao L,Shao N,Zhang W,Wang Q,Lu Z,Lei W,He Y,Cao Y,Wang H,Liang G.Changing Geographic Distribution ofJapanese Encephalitis Virus Genotypes, 1935-2017.Vector Borne Zoonotic Dis.2019 Jan;19(1):35-44. (**Co-first Author**)

12. Xia H#, Liu H#, Zhao L, Atoni E, Wang Y, Yuan Z.First Isolation and Characterization of a Group C Banna Virus (BAV) from Anopheles sinensis Mosquitoes in Hubei, China.Viruses.2018. 10, 555 (Co-first Author)

13. Li YY# ; Liu H# ; Fu SH; Li XL; Guo XF; Li MH; Feng Y; Chen WX; Wang LH; Lei WW; Gao XY; Lv Z; He Y; Wang HY; Zhou HN; Wang GQ*; Liang GD*; From discovery to spread: The evolution and phylogeny of Getah virus, Infect Genet Evol, 2017, 55:48-55. (**Co-first Author**)

14. Fu S, Song S, **Liu H**, Li Y, Li X, Gao X, Xu Z, Liu G, Wang D, Tian Z, Zhou J, He Y, Lei W, Wang H, Wang B, Lu X, Liang G. Zika virus isolated from mosquitoes: a field and laboratory investigation in China, 2016. Sci China Life Sci.2017 Dec;60(12):1364-1371.

15. Song S, Li Y, Fu, **Liu H**, Li X, Gao X, Xu Z, Liu G, Wang, Tian Z, Zhou J, He Y, Lei, Wang H

Zika virus merge in Mainland China? *Virus*

isolation from nature in *Culex quinquefasciatus*, 2016. *Emerg Microbes Infect.* 2017 Nov 1;6(11):e93. doi: 10.1038/emi.2017.80.

15. **Liu H**[#]; Gao XY[#]; Fu SH; Li MH; Zhai YG; Meng WS; Sun XH; Lv Z; Wang HY; Shen XX; Cao YX; He Y; Liang GD^{*}; Molecular evolution of emerging Banna virus, *Infect Genet Evol*, 2016, 45:250-255.

17. **Liu H**; Shen L; Zhang XL; Li XL; Liang GD; Ji HF; From Discovery to

Outbreak: Genetic Evolution of Emerging Zika Virus, *Emerg Microbes Infect*, 2016, 5(10): e111. (Cited by Nature)

18. Gao XY, **Liu H**, Li MH, Fu SH, Liang GD, Insights into the evolutionary history of Japanese encephalitis virus (JEV) based on whole-genome sequences comprising the five genotypes, *Virol J*, 2015, 14;12:43. (Co-first Author)

19. Gao XY, **Liu H**, Wang HY, Fu SH, Guo ZY, Liang GD, Southernmost Asia Is the Source of Japanese Encephalitis Virus (Genotype 1) Diversity from which the Viruses Disperse and Evolve throughout Asia. *PLoS Negl Trop Dis*, 2013, 7(9), e2459; (Co-first Author)

20. Pan XL, **Liu H**, Wang HY, Fu SH, Liu HZ, Zhang HL, Li MH, Gao XY, Wang JL, Sun XH, Lu XJ, Zhai YG, Meng WS, He Y, Wang HQ, Han N, Wei B, Wu YG, Feng Y, Du JY, Wang LH, Tang Q, Xia GL, Kurane Ichiro, Rayner S, Liang GD, The Emergence of Genotype I of Japanese Encephalitis Virus as the Dominant Genotype in Asia. *J Virol* 2011, 85(19), 9847-9853. (Co-first Author)

21. **Liu H**, Gao XY, Liang GD. Newly recognized mosquito-associated viruses in mainland China, in the last two decades. *Virol J*. 2011;8:68. (F1000M)

22. Lu Z, **Liu H**, Fu S, Lu X, Dong Q, Zhang S, Tong S, Li M, Li W, Tang Q, Liang

G.Liao ning virusin China.Virol J.2011;8:282.

23. **Liu H**, Li MH, Zhai YG, Meng WS, Sun XH, Cao YX, Fu SH,Wang HY, Xu LH,Tang Q, Liang

GD.Banna virus,China,1987-2007,Emerg Infect Dis. 2010;16(3):514-517.

论著

“十四五”研究生规划教材，《生物安全导论》，科学出版社，编委，编撰第四章生物技术与安全。

软著：

- 1. 微生物快速检测活性识别在线控制系统软件 登记号：2025SR1522956
- 2. 手持式乳品微生物实时快速检测系统控制软件 登记号：2025SR1520024

服务社会情况：

- 1. 中国医促会分子诊断学分会常务委员 （2017 至今）
- 2. 山东省生物化学与分子生物学会理事 （2022 至今）
- 3. 中国防痨协会常务委员（2025 至今）
- 4. 智能医学检验（iLABMED）杂志青年编委（2020 至今）
- 5. 《遵义医科大学学报》青年编委（2023 至今）
- 6. *Frontiers in Microbiology* 编委 （2020 至今）

实验室简介：课题组研究围绕“生物信息学分析—人源化类器官模型—病原智慧检测”的核心主线展开，开展多学科交叉研究，致力于解决新发热带传染病在溯源、致病机制与智慧诊断方面的核心科学问题。

①病毒大数据分析平台的开发与应用：构建了集成多维度组学数据的病毒大数据分析平台，融合贝叶斯分析、孟德尔随机化及机器学习方法，支持病毒进化分析、关键因子挖掘、毒力位点鉴定、疫苗评估与诊断靶标筛选。相关成果发表于 JV、EMI、Viruses 等期刊，累计引用超 100

次。

②构建了人源化脑类器官的致病机制研究与新发病原体分离鉴定平台，构建了人源化脑类器官与多组学整合研究平台，系统探究虫媒病毒的神经致病与跨种传播机制，为揭示新发病原体的生物学特性与潜在药效评价提供了关键的人源化模型与实用筛选工具。

③ 智慧检测仪器研发与应用：基于机制研究与生物信息学挖掘的诊断靶标，面向基层疾控需求，自主研发了新型智慧快速诊断方法与配套 POCT 检测仪器，构建了覆盖脑炎脑膜炎、呼吸道感染及腹泻等五大症候群的病原体智慧诊断体系，相关技术已拓展至食品微生物安全监测领域，实际应用超 15 万吨。