



# 刘海军 (Ph.D)

haijun.liu@atlgm.oeaw.ac.at | personal page: liu.bio

## 教育背景

遗传学博士(导师: 严建兵)  
华中农业大学、  
作物遗传改良国家重点实验室  
[2012/07 - 2017/06]

## 理学学士

华中农业大学  
生物科学(国家理科基地班)  
[2007/09 - 2012/06]

## 工作经历

奥地利科学院孟德尔研究所  
博士后  
(合作导师: MAGNUS NORDBORG)  
[2019/10 - 至今]

作物遗传改良国家重点实验室  
博士后、科研助理  
(合作导师: 严建兵)  
[2017/07 - 2019/09]

## 项目资助

欧盟地平线 2020 及玛丽居里  
基金联合资助VIP<sup>2</sup>博士后  
(负责人; 金额: 14.8 万欧元)  
[2021/01 - 2024/12]

国家自然科学基金青年项目  
(负责人; 金额: 25 万元)  
[2020/01 - 2022/12]

科技部重大科技专项  
(参与人; 金额: 200 万元)  
[2018/01 - 2019/12]

博士后创新人才计划  
(负责人; 金额: 60 万元)  
[2017/07 - 2019/07]

## 近期科研相关服务

- 筹建华人基因组学在线沙龙欧洲分部(发起人之一), 组织线上报告近 50 期
- 指导维也纳大学数学系硕士、巴塞罗那自治大学博士各一名
- 参与讲授维也纳大学《基因组学方法与实践》课程

## 在研课题(主导)

- 拟南芥 1001 表型组计划
- 基于长读长 (LONG-READS) 及人工智能构建群体泛甲基化组
- 开发关联分析方法挖掘被广泛低估的遗传异质性

## 发表文章及获批专利

#: 共同第一作者; \*: 通讯或共同通讯作者。  
[列举第一(含共同)及通讯(含共同)作者的工作, 详情请见[个人主页](#)]

- Liang Y#, Liu H-J#, Yan J\*, Tian F. Natural Variation in Crops: Realized Understanding, Continuing Promise. *Annu Rev Plant Biol*, 2021, 72:357-385.
- Liu H-J#, Wang X#, Xiao Y#, Luo J#, Qiao F#, Yang W#, Zhang R#, ..., Zhao J\*, Yan J\*. CUBIC: an atlas of genetic architecture promises directed maize improvement. *Genome Biol*, 2020, 21(1):20.
- Liu H-J#, Jian L#, Xu J#, ..., Yan J\*. High-Throughput CRISPR/Cas9 Mutagenesis Streamlines Trait Gene Identification in Maize. *Plant Cell*, 2020, 32(5):1397-1413.
- Wang S#, Tian L#, Liu H#, ..., Yan J\*, Wu L\*. Large-Scale Discovery of Non-conventional Peptides in Maize and Arabidopsis through an Integrated Peptidogenomic Pipeline. *Mol Plant*, 2020, 13(7):1078-1093.
- Sun J#, Liu H#, ..., Liu H-J\*, Chen LL\*. CRISPR-Local: a local single-guide RNA (sgRNA) design tool for non-reference plant genomes. *Bioinformatics*, 2019, 35(14):2501-2503.
- Liu H-J\*, Yan J\*. Crop genome-wide association study: A harvest of biological relevance. *Plant J*, 2019, 97: 8-18.
- Chen Q#, Han Y#, Liu H#, ..., Yang X\*, Tian F\*. Genome-Wide Association Analyses Reveal the Importance of Alternative Splicing in Diversifying Gene Function and Regulating Phenotypic Variation in Maize. *Plant Cell*, 2018, 30(7):1404-1423.
- Liu H\*, Yan J\*. Rice domestication: An imperfect African solution. *Nat Plants*, 2017, 3:17083. [Comment]
- Liu H#, Luo X#, Niu L, Xiao Y, Chen L, Liu J, Wang X, Jin M, Li W, Zhang Q, Yan J\*. Distant eQTLs and Non-coding Sequences Play Critical Roles in Regulating Gene Expression and Quantitative Trait Variation in Maize. *Mol Plant*, 2017, 10(3):414-426.
- Xiao Y#, Liu H#, Wu L#, Warburton M, Yan J\*. Genome-wide Association Studies in Maize: Praise and Stargaze. *Mol Plant*, 2017, 10(3):359-374.
- Jin M#, Liu H#, He C#, Fu J\*, Xiao Y, Wang Y, Xie W, Wang G, Yan J\*. Maize pan-transcriptome provides novel insights into genome complexity and quantitative trait variation. *Sci Rep*, 2016, 6:18936.
- Liu H#, Wang X#, Warburton ML, Wen W, Jin M, Deng M, Liu J, Tong H, Pan Q, Yang X, Yan J\*. Genomic, Transcriptomic, and Phenomic Variation Reveals the Complex Adaptation of Modern Maize Breeding. *Mol Plant*, 2015, 8(6):871-84.

## ★ 获批专利 ★

- 刘海军, 许洁婷, 严建兵. 一种基因组特定区域的 DNA 测序方法: 中国, 201811606050.9. 2021-4-2.
- 金敏亮, 刘海军, 刘相国, 许洁婷, 严建兵. 降低玉米株高或延迟开花的方法: 中国, 202010109172.8. 2022-5-3.
- 金敏亮, 刘海军, 刘相国, 许洁婷, 严建兵. 控制玉米株高和花期的基因及其应用: 中国, 202010080086.9. 2020-2-4.