



[联系我们](#) [四川农业大学](#)

- [首页](#)
- [玉米所概况](#) »
- [研究队伍](#)
- [科学研究](#) »
- [品种选育](#)
- [研究生](#) »
- [信息中心](#) »
- [重点科研平台及实验室](#) »
- [仪器预约](#)

## 刘坚

光

职称: 教授

性别: 男

民族: 汉

学历: 博士

常用邮箱: liujian@sicau.edu.cn; 25340965@qq.com

男, 38岁, 博士, 教授, 硕士研究生导师。2007年获四川农业大学作物遗传育种专业博士学位。主要从事甜、糯玉米育种应用研究、玉米穗部发育分子机理基础研究和生物信息学相关研究: 在应用研究中, 进行甜、糯玉米选育工作, 从种质资源鉴定, 到育种群体构建, 选育国审品种4个, 省审品种10个, 其中中国审品种荣玉糯9号和荣玉甜1号, 分别排名第1和第2, 省审品种3个排名第1。在基础研究工作中, 进行玉米穗部的穗行数和小穗发育等产量及起源进化性状的分子机理研究。在生物信息学研究中, 进行相关数据库、软件及分析流程构建等研究。以第一或责任作者在《BMC genomics》和《TAG》等学术期刊发表论文10余篇, 同时为《Planta》和《Frontiers in Plant Science》等学术期刊审稿人。主持国家自然科学基金青年基金、农业部转基因重大专项重点课题子课题和“973”项目任务等国家级及省级项目10余项。获四川省科技进步奖励3项, 其中3等奖排名第2, 二等奖排名第7, 一等奖排名第13。

### 研究领域

影

[1] 玉米起源进化、发育关键基因的克隆及功能研究 主要使用图位克隆的方法进行玉米基因的克隆研究, 群体主要有F2:3、BC隐性群体、RIL、近等基因系和单片段代换系, 分子标记主要采用SSR、indel、SNP等标记, 目标性状主要有玉米起源进化、产量、花序发育相关的性状等, 研究内容主要包括群体构建、目标性状考察、遗传连锁图谱构建、目标基因QTL定位、精细定位及基因功能验证等。[2] 玉米转基因研究 转化方法主要采用基因枪和农杆菌介导的方法, 转化受体为玉米愈伤、玉米幼胚和玉米芽尖; 目标基因主要有抗除草剂基因、耐旱基因等, 实验内容包括载体构建、遗传转化和目标基因检测及相关影响因素的研究。[3] 生物信息学研究 主要采用python、perl和R等语言结合玉米全基因组序列进行实验相关的数据处理、分子标记开发、群体结构、遗传多样性、数据库构建和软件及分析流程构建等研究。[4] 甜、糯玉米育种 主要采用常规育种及结合生物技术方法进行甜、糯玉米育种, 涉及实验内容主要包括种质资源收集、育种群体构建、播种、田间管理、植株和果穗性状考种、外观和品质评价、自交系选育、杂交组合选配和材料间亲缘关系鉴定等研究。

POSTERLABS

### 近5年科研情况

- [1] 主持农业部转基因重大专项“高产转基因玉米新品种培育”2014年重点课题“转新型高抗草甘膦基因玉米新品种选育”子课题 (2014年~2016年)
- [2] 主研科技部“973”项目子课题“玉米产量性状关键基因的克隆和功能鉴定” (2014年~2018年)
- [3] 主持国家自然科学基金项目“玉米与大刍草穗行数等位基因的精细定位及候选基因分析” (2012年~2014年)

- [4] 主持四川省教育厅自然科学基金重点项目“玉米进化及产量关键性状穗行数的数量遗传分析”（2012年~2014年）  
[5] 主持农业部转基因重大专项“高产转基因玉米新品种培育”2014年重点课题“转新型高抗草甘膦基因玉米新品种选育”子课题（2014年~2016年）

## 曾获荣誉

近期所获奖励:

- [1] 《糯玉米种质资源发掘创新及甜糯玉米新品种选育与应用》2014年四川省科学技术进步三等奖, 排名第2  
[2] 《西南玉米育种重要目标性状的分子鉴定与利用》2014年四川省科学技术进步三等奖, 排名第13  
[3] 《太空诱变创制玉米强优势组合亲本及新型雄性不育系》获2011四川省科学技术进步二等奖, 排名第7

近期选育品种:

- [1] 荣玉糯9号, 国省, 2015, 排名第一位  
[2] 荣玉糯100, 省级, 2017, 排名第一位  
[3] 荣玉糯1号, 省级, 2013, 排名第一位  
[4] 荣玉甜1号, 国省, 2012, 排名第二位  
[5] 川单甜2号, 省级, 2009, 排名第一位

## 发表论文

- [1] Development of genome-wide insertion and deletion markers for maize, based on next-generation sequencing data, BMC Genomics, 2015, 第一作者/责任作者  
[2] Genetic mapping of QTL for the sizes of eight consecutive leaves below the tassel in maize (*Zea mays* L.), Theor Appl Genet, 2016, 责任作者  
[3] Combining meta-QTL with RNA-seq data to identify candidate genes of kernel row number trait in maize, Maydica, 2016, 责任作者  
[4] Dissection of the genetic architecture for tassel branch number by QTL analysis in two related populations in maize, Journal of Integrative Agriculture, 2017, 责任作者

## • 品种选育

- [潘光堂](#)
- [李晚忱](#)
- [曹墨菊](#)
- [付凤玲](#)
- [唐祈林](#)
- [高世斌](#)
- [卢艳丽](#)
- [张素芝](#)
- [沈亚欧](#)
- [兰海](#)
- [刘坚](#)
- [周树峰](#)

## • 常用栏目

- [玉米所简介](#)
- [学生工作](#)
- [研究生优秀毕业论文](#)
- [交流合作](#)
- [标志性成果](#)
- [科研项目](#)

© 2017 四川农业大学玉米研究所 [\[管理\]](#)

地址(邮编): [四川省雅安市新康路46号(625014) | 成都市温江区惠民路211号(611130)]

电话: [成都:028-86290916 | 雅安:0835-2882455]