

## 人才队伍

专家风采

科研团队

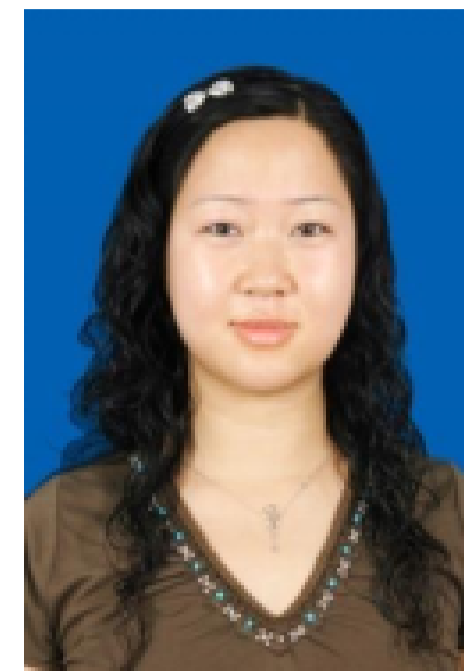
## 副研究员

当前位置: 首页 &gt;&gt; 人才队伍 &gt;&gt; 专家风采 &gt;&gt; 副研究员 &gt;&gt; 正文

## 朱珊

发布日期：2022-11-23

点击：104



## 简介

朱珊，女，黑龙江省齐齐哈尔市人，副研究员，博士研究生，主要研究方向水稻遗传育种。主持江西省农业厅科研项目1项；骨干参加省部级以上基金项目10项；获得国家发明专利授权6项；育成省级审定作物新品种3个；获得软件著作权登记证书2个；以第一作者在SCI杂志发表学术论文4篇。

## 学习和工作经历

- 1、2000年-2004年，东北农业大学园艺学院，园艺学专业，本科。
- 2、2004年-2007年，东北农业大学园艺学院，蔬菜学专业，硕士研究生。
- 3、2014年-2020年，江西农业大学农学院，作物遗传育种专业，博士研究生。
- 4、2007年起，江西省农业科学院水稻研究所工作，历任助理研究员、副研究员。

## 主持或参与的项目

- 1、主持江西省农业厅项目：江西省区试品种的DNA指纹鉴定，2015-01至2020-12，主持。
- 2、参与国家自然科学基金项目：“东野型”不育胞质恢复基因*Rf1*的克隆及遗传效应分析（31660431），2017-01至-2020-12。
- 3、参与江西省重大科研项目：“东野型”三系杂交水稻体系研究（20133ACF60001，20152ACF60015），2013-01至2018-12
- 4、参与国家自然科学基金项目：水稻“东野型”细胞质雄性不育基因的克隆及恢复基因定位（31460343），2015-01至2018-12。
- 5、参与国家公益性行业专项子课题：长江中下游高产优质双季稻主要农业气象灾害指标试验研究（GYHY201006025），2010-01至2013-12。
- 6、参与国家转基因生物新品种培育重大专项：抗虫转基因水稻新品种培育（2008ZX08001-001），2008-01至2010-12。
- 7、参与国家转基因生物新品种培育重大专项：抗虫转基因水稻新品种培育（2011ZX08001-001），2011-01至2012-12。
- 8、参与江西省对外科技合作项目：东盟地区杂交水稻技术合作研究（20132BDH80010），2013-01至2013-12。
- 9、参与江西省重大科技专项计划项目子课题：水稻病虫害抗性基因资源的开发与育种利用（20114ABF03102），2012-01至2015-12。
- 10、参与江西省科技计划重点项目：水稻抗稻瘟病分子标记辅助选择育种研究，2006-01至2013-12。
- 11、参与国家重点研发计划子课题：优质高产高效晚籼稻新品种培育（2017YFD0100302），2017-01至2020-12。

## 国家发明专利授权

- 1、一种用于鉴定水稻粒宽和粒重GSS基因的单倍体型的基因标记及应用（ZL 2017 1 0007958.7），排名第1。
- 2、一种“东野型”三系杂交水稻异交亲和保持系的筛选方法（ZL 2017 1 0599287.8），排名第2。
- 3、一种适用于水稻与微生物共培养的培养装置（ZL 2018 2 1285631.2），排名第2。
- 4、东野型水稻胞质雄性不育恢复基因*Rf* (*DW*) 8的检测引物、试剂盒及应用检测方法（ZL 2018 1 0931758.5），排名第2。
- 5、东野型水稻胞质雄性不育恢复基因*Rf* (*DW*) 10的检测引物、试剂盒及应用检测方法（ZL 2018 1 0932907.X），排名第2。
- 6、东野型水稻胞质雄性不育恢复基因*Rf* (*DW*) 11的检测引物、试剂盒及应用检测方法（ZL 2018 1 0932909.9），排名第2。

## 育成省级审定作物新品种

- 1、赣香占1号（赣审稻20190061），排名第2。
- 2、79优310（赣审稻20190035），排名第2。
- 3、79A（赣审稻20190065），排名第3。

## 获得软件著作权登记

- 1、水稻植株中氮元素含量检测软件（2021SR0600087），排名第1。
- 2、水稻植株中镉元素含量检测软件（2021SR0600049），排名第1。

## 代表性论文或论著：

1. Shan Zhu<sup>#</sup>, Renliang Huang<sup>#</sup>, Hnin Pwint Wai, Hongliang Xiong, Xianhua Shen, Haohua He<sup>\*</sup>, Song Yan<sup>\*</sup>. Mapping quantitative trait loci for heat tolerance at the booting stage using chromosomal segment substitution lines in rice. *Physiol Mol Biol Plants*, 2017, 23(4):817-825.
2. Chen Chen<sup>#</sup>, Tingting Li<sup>#</sup>, Shan Zhu<sup>#</sup>, Zehou Liu, Zhenyuan Shi, Xiaoming Zheng, Rui Chen, Jianfeng Huang, Yi Shen, Shiyu Luo, Lei Wang, Qiao-Quan Liu, and Zhigou E. Characterization of imprinted genes in rice reveals conservation of regulation and imprinting with other plant species. *Plant Physiology*, 2018, 177:1754-1771.
3. Jianguo Lei<sup>#</sup>, Shan Zhu<sup>#</sup>, Caihong Shao<sup>#</sup>, Shusheng Tang, Renliang Huang, Changlan Zhu<sup>\*</sup>, Song Yan<sup>\*</sup>. Mapping quantitative trait loci for cold tolerance at the booting stage in rice using chromosome segment substitution lines. *Crop and Pasture Science*, 2018, 69(3):278-283.
4. Song Yan<sup>#</sup>, Shan Zhu<sup>#</sup>, Ling-hua Mao<sup>#</sup>, Ren-liang Huang, Hong-liang Xiong, Lin-jun Shen, Xian-hua Shen<sup>\*</sup>. Molecular identification of the cytoplasmic male sterile source from Dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, 16(8):60345-7.

工作邮箱：zhushan000333@163.com