

## 个人简介

刘启昆，北京大学现代农学院 PI，北京大学蛋白质与植物基因研究国家重点实验室 PI，博雅青年学者，博士生导师，《Plant Physiology》表观遗传领域执行编辑（Monitoring Editor），中国草学会草业生物技术委员会常务理事。

邮箱：qikunliu@pku.edu.cn

研究领域：植物再生的分子机制和应用、植物表观遗传调控

实验室地址：北京市海淀区颐和园路 5 号，综合科研楼，100871

## 教育经历

2014 至 2019，加利福尼亚大学洛杉矶分校（美国），植物表观遗传学，博士后

2008 至 2014，宾夕法尼亚州立大学（美国），植物学，博士

2004 至 2008，复旦大学，生物科学，学士

## 研究方向

实验室主要关注植物再生过程中的基因表达调控和表观遗传机制，挖掘和鉴定决定植物细胞全能性的关键调控因子。同时基于以上积累，在牧草等作物中开展前沿生物工程技术的开发、优化和应用，以提高植物再生、遗传转化、基因编辑效率。

## 科研成果

自然科学基金面上项目 1 项（主持）

农业农村部重大科研项目子课题（子课题负责人）

国际专利 1 项：一种新型的除草剂成分及应用（PCT/US2018023630，授权及实施地点：美国）

前期工作以第一或通讯作者身份（含共同）发表在 Nature，PNAS，Plant Cell，Nature Communications，Plant Communications，Plant Physiology 等国际主流杂志。

## 人才培养

在读博士生 5 人，1 人获北京大学“校长奖学金”。

在站博士后 3 人，1 人获北京大学博雅博士后项目、北大清华生命科学联合中心博士后奖学金、国家自然科学基金青年项目。

## 开设课程

《植物基因组学》春季学期（研究生必修）

《植物发育的小分子调控》春季学期（研究生选修）

## 发表论文

(\*equal contribution, #corresponding authors)

LI, J. \*, ZHANG, Q. \*, WANG, Z. & LIU, Q. # 2024. The roles of epigenetic regulators in plant regeneration: Exploring patterns amidst complex conditions. *Plant Physiol*, 194, 2022-2038.

ZHANG, C. \*, TANG, Y. \*, TANG, S. \*, CHEN, L., LI, T., YUAN, H., XU, Y., ZHOU, Y., ZHANG, S., WANG, J., WEN, H., JIANG, W., PANG, Y., DENG, X., CAO, X., ZHOU, J. #, SONG, X. # & LIU, Q. # 2024. An inducible CRISPR activation tool for accelerating plant regeneration. *Plant Commun*, 100823.

LIU, Q. #, TON, J., MANAVELLA, P. A., KOMIYA, R. & ZHAI, J. 2024. Focus on epigenetics. *Plant Physiol*, 194, 1925-1928.

ZHANG, Q. \*, WANG, Z. \*, LU, X., YAN, H., ZHANG, H., HE, H., BISCHOF, S., HARRIS, C. J. & LIU, Q. # 2023. DDT-RELATED PROTEIN4-IMITATION SWITCH alters nucleosome distribution to relieve transcriptional silencing in Arabidopsis. *Plant Cell*, 35, 3109-3126.

POTOK, M. E., ZHONG, Z., PICARD, C. L., LIU, Q., DO, T., JACOBSEN, C. E., SAKR, O., NARANBAATAR, B., THILAKARATNE, R., KHNKOYAN, Z., PURL, M., CHENG, H., VERVAET, H., FENG, S., RAYATPISHEH, S., WOHLSCHEGEL, J. A., O'MALLEY, R. C., ECKER, J. R. & JACOBSEN, S. E. # 2022. The role of ATXR6 expression in modulating genome stability and transposable element repression in Arabidopsis. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 119.

LIU, Q. \*, BISCHOF, S. \*, HARRIS, C. J., ZHONG, Z., ZHAN, L., NGUYEN, C., RASHOFF, A., BARSHOP, W. D., SUN, F., FENG, S., POTOK, M., GALLEGO-BARTOLOME, J., ZHAI, J., WOHLSCHEGEL, J. A., CAREY, M. F., LONG, J. A. & JACOBSEN, S. E. # 2020. The characterization of Mediator 12 and 13 as conditional positive gene regulators in Arabidopsis. *Nat Commun*, 11, 2798.

CHEN, M., LIU, Q., GAO, S. S., YOUNG, A. E., JACOBSEN, S. E. & TANG, Y. # 2019. Genome mining and biosynthesis of a polyketide from a biofertilizer fungus that can facilitate reductive iron assimilation in plant. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 116, 5499-5504.

- ZHANG, Y. \*, HARRIS, C. J. \*, **LIU, Q.** \*, LIU, W., AUSIN, I., LONG, Y., XIAO, L., FENG, L., CHEN, X., XIE, Y., CHEN, X., ZHAN, L., FENG, S., LI, J. J., WANG, H. #, ZHAI, J. # & JACOBSEN, S. E. # 2018. Large-scale comparative epigenomics reveals hierarchical regulation of non-CG methylation in Arabidopsis. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 115, E1069-E1074.
- YAN, Y., **LIU, Q.**, JACOBSEN, S. E. & TANG, Y. # 2018a. The impact and prospect of natural product discovery in agriculture: New technologies to explore the diversity of secondary metabolites in plants and microorganisms for applications in agriculture. *EMBO Rep*, 19.
- YAN, Y. \*, **LIU, Q.** \*, ZANG, X. \*, YUAN, S., BAT-ERDENE, U., NGUYEN, C., GAN, J., ZHOU, J. #, JACOBSEN, S. E. # & TANG, Y. # 2018b. Resistance-gene-directed discovery of a natural-product herbicide with a new mode of action. *Nature*, 559, 415-418.
- CORUH, C. \*, CHO, S. H. \*, SHAHID, S., **LIU, Q.**, WIERZBICKI, A. & AXTELL, M. J. # 2015. Comprehensive Annotation of Physcomitrella patens Small RNA Loci Reveals That the Heterochromatic Short Interfering RNA Pathway Is Largely Conserved in Land Plants. *Plant Cell*, 27, 2148-62.
- LIU, Q.** & AXTELL, M. J. # 2015. Quantitating plant microRNA-mediated target repression using a dual-luciferase transient expression system. *Methods Mol Biol*, 1284, 287-303.
- BROUSSE, C., **LIU, Q.**, BEAUCLAIR, L., DEREMETZ, A., AXTELL, M. J. & BOUCHE, N. # 2014. A non-canonical plant microRNA target site. *Nucleic Acids Res*, 42, 5270-9.
- LIU, Q.**, WANG, F. & AXTELL, M. J. # 2014. Analysis of complementarity requirements for plant microRNA targeting using a Nicotiana benthamiana quantitative transient assay. *Plant Cell*, 26, 741-53.