

“基因定位与育种设计”江西培训班通知

主办单位：江西省农业科学院科技处

江西省农业科学院水稻研究所/水稻国家工程实验室（南昌）

中国农业科学院作物科学研究所

主讲人：王建康研究员、李慧慧副研究员

培训地点：江西省农业科学院创新大楼三楼会议室

时间：2015年1月18日-23日

规模：50人左右（报名截止时间为2015年1月5日；场地所限，超过50人时，按报名先后顺序参加；1月10日发第二轮通知）

住宿：江西省南昌县莲塘镇格林豪泰大酒店

联系人：何俊海（hejunhai2008-2000@163.com；13870919804）

王智权（wzq96102@163.com；15180154108）

“基因定位与育种设计”江西培训班回执（1月5日前 Email 联系人）

姓名	工作/学习单位	职称	研究内容/方向	E-mail	手机号码

一、培训费用、要求等事宜

- 1、 报到时给每人免费提供《基因定位与育种设计》教材一本、U 盘软件一个（含课件、软件、练习和答案等）；
- 2、 不收取培训费、食宿自理；
- 3、 参加人员为从事遗传育种领域的科研人员和研究生，具备遗传学、育种学、生物统计和计算机等方面的基本知识；自带安装有 Windows 操作系统的笔记本电脑；欢迎携带自己的遗传群体或育种数据参会。

二、日程安排

18 日：全天报到。

地点：江西省南昌市青云谱区南莲路 602 号江西省农业科学院

住宿：江西省南昌县莲塘镇格林豪泰酒店

联络人：何俊海（科技处），13870919804；王智权（水稻所），15180154108

19 日：以群体和数量遗传学为主，内容包括群体结构估计，影响群体结构的因素，表型数据方差分析和广义遗传力估计，遗传效应和遗传方差的分解，亲属间的遗传相关和遗传交配设计，狭义遗传力估计，遗传进度估计，相关遗传进度，选择指数，利用 Excel 进行简单的统计和遗传分析等内容。

20 日：以连锁分析和遗传图谱构建为主，内容包括遗传学基本规律，两个连锁座位之间的重组率估计，三个座位间的遗传干涉和遗传图距，大量标记的分群和排序，利用 QTL IciMapping 软件估计重组率、构建连锁图谱、整合多条连锁图谱等内容。

21 日：以双亲群体加显性 QTL 作图为主，内容包括 QTL 作图的基本原理，单标记 QTL 作图方法，简单区间作图方法，背景遗传变异控制的重要性，完备区间作图方法，QTL 作图中的两类错误，不同 QTL 作图方法的比较，利用 QTL IciMapping 软件开展 QTL 作图研究、模拟遗传群体、比较不同方法的 QTL 检测功效等内容。

22 日：以双亲群体互作 QTL 作图和其它群体基因定位方法为主，内容包括上位型互作 QTL 作图，QTL 与环境的互作分析，选择基因型分析，混合分离分析，染色体片段置换系群体的 QTL 作图，关联分析，QTL 作图常见问题解析，利用 QTL IciMapping 软件开展互作 QTL 作图研究等内容。

23 日：上午以无性系物种的遗传分析方法为主，内容包括无性系遗传群体的连锁分析、连锁图谱构建和基因定位方法；下午以育种模拟和育种设计为主，内容包括植物育种方法和程序，植物育种过程的建模和模拟，不同育种方法的模拟比较，已知基因信息的育种设计，利用 QuGene 和 QuLine 软件模拟育种过程等内容；最后两个小时为自由讨论和交流，包括对培训班的意见和建议，研究过程中遇到的遗传学和统计学问题等。

三、王建康研究员简介

1983-1987 就读于北京师范大学数学系，毕业获理学学士学位；1987-1990 就读于北京师范大学数学系，毕业获生物数学专业硕士学位；1993-1996 就读于南京农业大学农学系，毕业获遗传育种专业博士学位。1990-1993 和 1997-1998 年间，在河南省农科院从事生物统计、计算机农业应用和应用数量遗传等方面的研究。1999 年 3 月赴美国普渡大学从事数量遗传和玉米育种方面的合作研究一年，随后赴墨西哥国际小麦玉米改良中心（CIMMYT）做博士后，从事小麦育种模拟方面的研究，2002 年被 CIMMYT 提升为助理科学家。2004 年 12 月由 CIMMYT 回国，被中国农业科学院聘为杰出人才二级学科带头人，从事应用数量遗传的教学和研究工作。现任“*Theor. Appl. Genet.*”编辑、“*The Crop Journal*”技术编辑和《作物学报》副主编。