

“基因定位与育种设计”作科所培训班通知

应我所广大科研人员和研究生的要求，数量遗传课题组将在作科所内部举办一期“基因定位与育种设计”培训。内容包括遗传群体及其构建、表型数据分析和遗传力估计、群体和数量遗传基础、标记间重组率估计和连锁图谱构建、不同群体连锁图谱的整合、基因定位原理和方法、关联分析原理和方法、无性系和多亲群体的遗传分析方法、全基因组选择方法等，详细日程和回执附后。

参加人员为作科所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，鼓励携带自己的遗传群体或育种数据参会；提供简单的工作午餐，不收取培训费。本次培训班由课题组国家自然科学基金项目“遗传群体和基因信息在植物育种中的利用方法与集成工具研究”赞助。

时间：2015年8月24-28日

地点：中国农业科学院作物科学研究所育种楼718会议室

规模：50人左右（报名截止时间为2015年8月10日；场地所限，超过50人时，按报名先后顺序参加）

联系人：钱亚红（qianyahong@caas.cn; 86 10 82106038; 18001126271）

详细日程安排

作息时间：上午 9:00~12:30 上课、12:30~13:30 午餐、下午 13:30~17:00 上课。

8 月 24 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。

8 月 25 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。

8 月 26 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。

8 月 27 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。

8 月 28 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。