

## “基因定位与育种设计”泰安培训班通知

根据国家 973 计划项目“小麦产量和品质性状的全基因组选择研究（2014-2018）”的研究需要，山东农业大学和中国农业科学院作物科学研究所拟于 2017 年 3 月 27 至 31 日在泰安联合举办一期“基因定位与育种设计”培训班。培训内容包括数量遗传学基础、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、无性系和多亲群体遗传分析、全基因组选择模型和育种平台、育种模拟和设计等方面的内容。参加培训人员住宿费及往返差旅费自理，其他有关事项通知如下，详细日程和回执附后。

**主办单位：**山东农业大学作物生物学国家重点实验室，中国农业科学院作物科学研究所

**主讲人：**王建康研究员

**培训地点：**山东农业大学学实楼学术报告厅

**规模：**50 人左右（报名截止时间为 2017 年 3 月 17 日；场地所限，报名人数较多时，优先满足 973 项目“小麦产量和品质性状的全基因组选择研究”参加人员，如果报名人员超出计划人数将按照报名先后顺序选择参加培训人员）

**联系人：**赵丫杰（[198591yy@163.com](mailto:198591yy@163.com)，13605402933）；赵翔宇（[zhaoxiangyu77@126.com](mailto:zhaoxiangyu77@126.com)，13854807551）

**资助：**国家 973 项目“小麦产量和品质性状的全基因组选择研究”课题二“小麦生育进程决定功能基因与分子调控”（课题编号：2014CB138102）和课题五“小麦品质与产量性状互作网络与全基因组选择模型”（课题编号：2014CB138105）

山东农业大学 作物生物学国家重点实验室  
中国农业科学院 作物科学研究所

2017 年 3 月 8 日

## “基因定位与育种设计”泰安培训班相关事宜

### 一、培训要求、费用和住宿等事宜

1、培训班对象是从事遗传育种领域的科研人员或研究生，要求参加人员具备遗传学、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。此外欢迎携带自己的遗传群体或育种数据参会。

2、报到时免费发给每人《数量遗传学》和《基因定位与育种设计》教材、现场准备多个 U 盘（内含课件、软件、练习和答案等）供大家拷贝。

3、此次培训班不收取培训费，参加培训人员住宿费、往返差旅费自理。

4、参会人员可选择下面的两家宾馆自行预定房间：泰山弗尔曼酒店（泰安市东岳大街 288 号，东岳大街与校场街交叉口，电话：15966016492、0538-8209999，联系人：赵峰）；山东农大宾馆（电话：0538-8242244；地址：泰安市泰山区岱宗大街 59 号）

### 二、日程安排

报到时间：3 月 27 日上午 7:30-8:30 在会场报到

作息时间：上午 8:30~12:00 上课、12:00~14:00 午餐、下午 14:00~17:30 上课

3 月 27 日（周一）上午：群体遗传学和数量遗传学基本原理；利用 Excel 进行简单的统计和遗传分析。

3 月 27（周一）日下午：遗传学基本规律，两个基因座位之间的连锁分析，遗传分析集成软件 QTL IciMapping 功能和界面介绍；利用 QTL IciMapping 估计两个座位的重组率、开展表型数据的方差分析、绘制遗传连锁图谱。

3 月 28 日（周二）上午：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 软件构建连锁图谱、整合多条连锁图谱。

3 月 28 日（周二）下午：奇异分离标记的检验和定位，QTL 作图的基本原理，单标记 QTL 作图方法，简单区间作图方法；利用 QTL IciMapping 软件定位奇异分离座位、开展 QTL 定位的单标记分析和简单区间作图。

3 月 29 日（周三）上午：QTL 作图中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。

3 月 29 日（周三）下午：上位型互作 QTL 作图，QTL 与环境的互作分析；利用 QTL IciMapping 软件开展互作 QTL 作图、QTL 与环境互作。

3 月 30 日（周四）上午：其它 QTL 定位方法，包括选择基因型分析、混合分离分析、染色体片段置换系群体的 QTL 作图、巢式关联分析；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。

3 月 30 日（周四）下午：无性系和双交群体的连锁分析、连锁图谱构建和基因定位方法；利用遗传分析集成软件 GACD 构建无性系和双交群体的连锁图谱并定位数量性状基因。

3 月 31 日（周五）上午：自然群体的关联分析方法；利用 TASSEL 软件开展全基因组关联分析研究，即 GWAS；全基因组选择模型和育种平台。

3 月 31 日（周五）下午：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、回执（2017 年 3 月 17 日前 Email 联系人）

“基因定位与育种设计”泰安培训班回执（3 月 17 日前 Email 联系人）

姓名	工作或学习单位	职称	研究内容或方向	E-mail	手机号码