

“基因定位与全基因组选择”培训班通知

第八届全国动植物数量遗传学学术研讨会定于2019年8月26~28日在北京友谊宾馆召开。会议召开之前,我们将于8月19~24日在中国农科院作科所举办一期“基因定位与全基因组选择”培训班,为期6天,内容包括群体和数量遗传学基础、遗传连锁图谱构建、数量性状基因定位、无性系杂交 F_1 和多亲杂交群体遗传分析方法、全基因组预测模型、全基因组选择在小麦和玉米育种中的应用、关联分析新方法等内容。现将有关事项通知如下,详细日程附后。

主讲人:王建康研究员、李慧慧研究员、张鲁燕副研究员、Jose Crossa 博士、Paulino Perez-Rodriguez 博士、章元明教授

培训地点:中国农业科学院 作物科学研究所 育种楼7楼会议室。

参加人员:限50人,截至7月15日之前或报满为止。场地所限,报名人数较多时,按缴纳注册费先后顺序参加。**填写回执并缴纳注册费,才能参加!**

注册费:2400元/人,通过转账方式缴纳。收款单位:中国作物学会;开户银行:交通银行北京农科院支行;账号:110060435018001069607;附言:基因定位+姓名(如多人一起缴纳,请注明所有人员姓名)。

住宿:自主安排

联系方式:钱亚红 (qianyahong@caas.cn, 13522624088, 010 82106038);
100081 北京市中关村南大街12号 中国农业科学院作物科学研究所

主办单位:中国作物学会 分子育种分会 (代章)

中国遗传学会 数量遗传专业委员会 (筹)

承办单位:中国农业科学院 作物科学研究所

2019年4月15日

“基因定位与全基因组选择”培训班相关事宜和日程安排

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、报到时发《基因定位与育种设计》培训教材、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、请预装 R (<http://www.r-project.org>) 和 BGLR 分析软件包 (<http://cran.at.r-project.org/web/packages/BGLR/index.html>)

二、日程安排

报到时间：8 月 19 日上午 8:00-9:00 在会场报到

作息时间：上午 9:00~12:30 上课、12:30~14:00 午餐、下午 14:00~17:30 上课

8 月 19 日（周一）至 8 月 20 日（周二）

主讲人：王建康、李慧慧、张鲁燕

主要内容：群体遗传和数量遗传基本知识，连锁分析与遗传图谱构建，QTL 作图基本原理，完备区间作图方法，不同 QTL 作图方法的比较，环境互作和上位互作 QTL 作图方法，图谱构建和基因定位集成软件 QTL IciMapping

8 月 21 日（周三）至 8 月 23 日（周五）（英语授课）

主讲人：José Crossa 和 Paulino Perez-Rodriguez 博士

Theoretical sessions

1. Basic concepts of quantitative genetics
2. Definition of breeding values
3. Overview of mixed models (BLUE, BLUP, variance components)
4. Linear models for predicting breeding value
5. Breeding value prediction from pedigree relationship (A) – Defining the numerical relationship matrix

6. Breeding value prediction from genomic relationship matrix (G) – Defining the genomic relationship matrix

7. Genomic Selection- Why and how? Parental Average and Mendelian sampling

8. Genomic Selection- From theory to practice

9. Review of methods for genome-enabled regression and prediction

- Linear mixed models – BLUE and BLUP
- GBLUP-Ridge regression
- Bayesian Alphabet
- Reproducing Kernel Hilbert Spaces -- RKHS

10. GS models for Genomic x Environment interaction (reaction norm model)

Practical Sessions

1. A brief introduction to R

2. Computing of genomic relationship and genetic distances using markers

3. Linear regression using BGLR (from shrinkage to variable selection methods)

- Linear mixed models – BLUE and BLUP
- GBLUP and the Bayesian Alphabet (Bayesian Lasso , Bayes A, Bayes B, Bayes C)
- Estimation of marker effects
- Estimation of GEBVs from marker effects

4. RKHS and GBLUP

5. Modeling multi-environment data

Technical requirements

Please bring your own laptop with the last version of R installed (<http://www.r-project.org>) and the last version of the package BGLR (<http://cran.at.r-project.org/web/packages/BGLR/index.html>) ready to be used within R.

8月24日（周六）上午

主讲人：王建康、张鲁燕

主要内容：无性系杂交 F₁群体的连锁分析与基因定位方法，多亲本纯系后代群体的连锁分析与基因定位方法，图谱构建和基因定位集成软件 GACD 和 GAPL

8月24日（周六）下午

主讲人：章元明

主要内容：多位点关联分析新方法及其软件包 mrMLM

三、回执（2019年7月15日前 Email 联系人，填写回执并缴纳注册费方可参加）

姓名	工 作 或 学 习 单 位	职称	研究内 容或方 向	E-mail	手机号码	发票抬头	纳税人识别号