

## 关于举办“数量遗传与基因定位”培训班通知

作科所青工委和数量遗传课题组拟于 2017 年 8 月 21 至 25 日联合举办一期“数量遗传与基因定位”培训班。培训内容包括群体遗传学基础、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等方面的内容（日程和回执附后），期间将穿插分子中心一支部知名科学家的专题报告。

此次培训班不收取注册费，免费提供《数量遗传学》和《基因定位与育种设计》教材。参加人员限作科所职工（含博士后），从事遗传育种或相关领域研究，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，同时欢迎携带自己的数据。

**培训地点：**种质资源中心会议室

**作息時間：**9:00~12:30 上课，12:30~13:30 简易午餐盒饭，13:30~17:00 上课

**规模：**40 人（报名截止时间为 2017 年 8 月 3 日；场地所限，报名人数较多时，按照报名先后顺序录取）

**联系人：**杨涛（yangtao02@caas.cn，62186651，13520453475）

**资助：**作科所人事处和青年工作委员会资助。

作科所青工委

2017 年 7 月 19 日

## 培训日程

### **8月21日（周一）：群体遗传学基本原理**

上午：群体结构的定义、交配系统及其与群体结构的关系、两个座位间的连锁不平衡；利用 Excel 进行简单的统计检验和群体遗传分析

下午：群体结构的定向改变、有限大小的随机交配群体、有效群体大小、系谱分析以及遗传多样性的分子理论；利用 Excel 进行简单的群体遗传分析

### **8月22日（周二）：数量遗传学基本原理**

上午：纯系理论、多基因假说、双亲杂交后代的遗传分析；利用 Excel 进行简单的统计和数量遗传分析

下午：随机交配群体的遗传分析、选择和遗传进度估计；利用 Excel 进行简单的数量遗传分析

### **8月23日（周三）：连锁连锁分析和图谱构建**

上午：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

下午：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，奇异分离标记的检验和定位；利用 QTL IciMapping 软件构建连锁图谱、整合多条连锁图谱

### **8月24日（周四）：双亲群体的基因定位**

上午：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

下午：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。

## 8月25日（周五）：互作基因定位和多亲本群体遗传分析

上午：上位型互作 QTL 作图，QTL 与环境的互作分析；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、QTL 与环境互作；利用 QTL IciMapping 软件开展互作 QTL 作图研究等内容。

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，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。

### 回执

“数量遗传与基因定位”培训班回执（2017年8月3日前 Email 联系人）

姓名	所在课题组	职称	研究内容或方向	E-mail	手机号码