

# 中国农业科学技术出版社有限公司

---

## 2025 基因定位与育种设计培训班通知

2025“基因定位与育种设计”暑期培训班将于8月11日正式开班，为期5天！培训内容包括群体遗传和数量遗传基础、两个纯合亲本衍生各种类型群体的连锁分析、遗传图谱构建和基因定位方法、无性系杂交 F1 和多亲杂交后代群体的遗传分析、杂种优势遗传机制解析、育种模拟预测与分子设计等内容。届时主讲老师将与您深入交流解答遗传分析中的常见问题，诚邀您的参加！现将有关事项通知如下。

### 一、主办及协办单位

主办：中国农业科学技术出版社有限公司

协办：中国农业科学院作物科学研究所

中国作物学会分子育种专业委员会

### 二、主讲人

王建康研究员，张鲁燕副研究员

### 三、培训内容

群体遗传学和数量遗传学基础，各种类型遗传群体的连锁分析、遗传图谱构建和基因定位方法（包括双亲群体、杂合亲本杂交 F1、双交 F1 和多亲群体等）、利用基因信息的育种预测与分子

设计（详细培训内容及日常安排附后）。

#### **四、培训时间**

2023年8月11—15日（共5天）

#### **五、培训形式**

##### **1. 线上直播**

形式：腾讯会议。

##### **2. 现场教学**

地址：北京市海淀区中关村南大街12号农科三路中国农业科学技术出版社。

#### **六、报名方式**

扫描或识别二维码（见公众号），填写报名信息，提交并汇款即报名成功，报名截止时间为8月10日17:00。报名前60名赠送培训教材《基因定位与育种设计（第二版）》。

#### **七、报名费用**

##### **1. 线上直播：3200元/人（3个月的课程回放）。**

优惠1：7月20日之前报名优惠价3000元/人。

优惠2：3人及以上团购优惠价2800元/人。

##### **2. 现场教学：3800元/人（3个月的课程回放）。可携带本人研究项目的遗传群体或育种数据与讲课专家进行交流讨论。**

优惠1：7月20日之前报名优惠价3600元/人。

优惠2：3人及以上团购优惠价3500元/人。

注：参加现场教学的学员交通、食宿等费用自理。

## 八、缴费方式

### 1. 通过转账方式

收款单位：中国农业科学技术出版社有限公司；

开户银行：中国工商银行股份有限公司北京紫竹院支行；

账号：0200007609000202296；

附言：基因定位+姓名（如多人缴纳，请注明所有人员姓名）。

### 2. 通过微信二维码（支付前请联系工作人员或在登记信息中备注“基因定位+姓名”）



## 九、联系方式

联系电话：010-82106630，15810852656

中国农业科学技术出版社有限公司

2025年7月2日

# 2025 基因定位暑期培训班相关事宜和日程安排

## 一、培训要求

培训班对象是从事作物（含热带作物和牧草）、林木、园艺（蔬菜和花卉）、经济动物（含海洋和水产生物）等遗传研究和育种领域的科研人员和研究生，要求参加人员具备遗传学、生物统计和计算机等方面的基本知识，自备安装有 Windows 操作系统的笔记本电脑。

## 二、日程安排

日期	上午 8:30-11:30	下午 14:00-17:00
8月11日 星期一	<b>主题：遗传研究群体</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● 常见遗传研究群体类型</li> <li>● 基因型数据的整理和初步分析</li> <li>● 基因效应和遗传方差</li> <li>● 单环境和多环境表型鉴定数据的方差分析和遗传力的估计</li> <li>● 利用 Excel 进行简单的统计和遗传结构分析、开展分离比和 Hardy-Weinberg 平衡等适合性检验</li> </ul>	<b>主题：两点分析与重组率估计</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● 双亲群体中两个基因/标记座位的联合基因型</li> <li>● 交配系统与世代转移矩阵</li> <li>● 两个连锁座位上基因型理论频率与重组率的关系</li> <li>● 重组率的估计方法</li> <li>● 奇异分离对重组率估计的影响</li> <li>● 利用 QTL IciMapping 软件估计两个座位的重组率、绘制遗传连锁图谱</li> </ul>
	<b>主题：三点分析与连锁图谱构建</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● 三点分析与作图函数</li> <li>● 遗传图谱构建的分群和排序算法</li> <li>● 不同群体重组率估计的比较研究</li> <li>● 随机交配群体的连锁分析和重组率估计</li> <li>● 利用 QTL IciMapping 软件构建遗传连锁图谱、多个连锁图谱的整合</li> </ul>	<b>主题：基因定位基本原理</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● QTL 作图的单标记分析方法</li> <li>● 简单区间作图方法</li> <li>● 检验统计量临界值的选择</li> <li>● 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</li> </ul>
8月13日 星期三	<b>主题：完备区间作图方法</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● 控制背景遗传变异的重要性</li> </ul>	<b>主题：上位及环境互作 QTL 作图</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● DH 群体上位型互作 QTL 作图</li> </ul>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>● DH 群体的完备区间作图方法</li> <li>● F<sub>2</sub> 群体的完备区间作图方法</li> <li>● 第二类错误与 QTL 检测功效</li> <li>● 不同 QTL 作图方法的比较</li> <li>● 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</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● F<sub>2</sub> 群体上位型互作 QTL 作图</li> <li>● 常见互作类型的遗传分析和检测功效</li> <li>● QTL 与环境的互作分析</li> <li>● 利用 QTL IciMapping 软件开展互作 QTL 作图、QTL 与环境互作分析；QTL IciMapping 软件其他功能和高级功能的使用</li> </ul>
8 月 14 日 星期四	<b>主题：无性系 F<sub>1</sub> 和双交 F<sub>1</sub> 遗传分析</b>	<b>主题：多亲群体遗传分析</b>
	<ul style="list-style-type: none"> <li>● 两个杂合亲本杂交 F<sub>1</sub> 群体的连锁分析</li> <li>● 包含不完全信息标记的重组率估计</li> <li>● 四个纯系亲本双交 F<sub>1</sub> 群体的连锁分析</li> <li>● 四个纯系亲本双交 F<sub>1</sub> 群体的基因定位</li> <li>● 利用遗传分析集成软件 GACD 构建连锁图谱、定位数量性状基因</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● 四亲纯系后代群体的连锁分析</li> <li>● 八亲纯系后代群体的连锁分析</li> <li>● 四亲纯系后代群体的基因定位</li> <li>● 八亲纯系后代群体的基因定位</li> <li>● 利用遗传分析集成软件 GAPL 构建连锁图谱、定位数量性状基因</li> </ul>
8 月 15 日 星期五	<b>主题：杂种优势及其遗传解析</b>	<b>主题：育种设计与研讨建议</b>
	<ul style="list-style-type: none"> <li>● 近交衰退与杂种优势</li> <li>● 杂种优势的遗传基础</li> <li>● 杂种优势的育种利用途径</li> <li>● 杂种优势的数量遗传学理论</li> <li>● 利用永久 F<sub>2</sub> 和永久回交的杂种优势遗传解析方法</li> <li>● 利用遗传分析集成软件 GAHP 估计遗传方差成分、广义和狭义遗传力，定位杂种优势相关基因</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● 数量性状基因的精细定位和孟德尔化</li> <li>● 已知基因信息的育种利用</li> <li>● 育种模拟原理和模拟工具</li> <li>● 育种流程的模拟和优化</li> <li>● 利用基因信息的设计育种</li> <li>● 研讨、提问、建议（每人发言 2-3 分钟）</li> </ul>

### 三、注意事项

请务必准确填写报名表单的发票信息！发票信息建议提前与贵单位财务部门确认。