

第八屆全國動植物數量遺傳學 學術研討會

特邀主題報告人

報告人	單位	報告題目
蓋鈞鎰院士	南京農業大學	設計育種策略
吳常信院士	中國農業大學	動物分子數量遺傳學思考
朱軍教授	浙江大學	組學關聯分析新方法及其在複雜性狀基因解析中的應用
張勤教授	中國農業大學	動物全基因組選擇研究進展
吳為人教授	福建農林大學	基於BSA-seq的QTL定位統計分析方法
徐辰武教授	揚州大學	作物雜種表型的多組學預測方法與應用
章元明教授	華中農業大學	多位點關聯分析新方法及其應用與注意事項
張魯燕副研究員	中國農業科學院	多親群體的遺傳分析方法和集成分析軟件
魯非研究員	中國科學院	小麥遺傳多樣性的統計基因組解析
田豐教授	中國農業大學	玉米適應性進化的分子遺傳基礎
王國英研究員	中國農業科學院	玉米全基因組選擇技術研發與應用
寧海龍教授	東北農業大學	大豆四向雜交RIL群體的遺傳圖譜構建及產量和品質性狀QTL定位
嚴建兵教授	華中農業大學	玉米複雜數量性狀的遺傳解析
劉劍鋒教授	中國農業大學	縱向數據遺傳統計分析
管榮展教授	南京農業大學	一個油菜硫苷含量微效基因的研究
盧艷麗教授	四川農業大學	基因組學在玉米抗逆性狀遺傳解析中的應用
潘玉春教授	上海交通大學	應用偏最小二乘法探查群體間的遺傳差異
徐雲碧研究員	中國農業科學院	數量遺傳與動植物分子育種：理論、技術和平台

學術委員會

- 主席：**蓋鈞鎰院士（南京農大）
吳常信院士（中國農大）
- 副主席：**朱軍教授（浙江大學）
張勤教授（中國農大）
王建康研究員（中國農科院作科所）
- 委員：**吳為人教授（福建農林大學）
徐辰武教授（揚州大學）
章元明教授（華中農大）
管榮展教授（南京農大）
王起山教授（上海交大）
潘光堂教授（四川農大）
李慧慧研究員（中國農科院作科所）
鄭軍研究員（中國農科院作科所）



會議地點：北京友誼賓館

會議時間：2019年
8月26~28日

8月19~24日舉辦為期6天的“基因定位與全基因組選擇”培訓班（通知另發）。內容包括：“數量遺傳基本理論”、“數量性狀基因定位”、“全基因組選擇育種方法”等；主講人：王建康研究員，李慧慧研究員，Jose Crossa 博士（國際玉米小麥改良中心傑出科學家）。

網站：<http://qgc2019.isbreeding.net>