

R 与 ASReml-R 遗传参数评估与全基因组选择培训会通知

ASReml-R 作为基于 R 平台的 ASReml 软件，结合 ASReml 的混线性模型拟合的计算优势与 R 语言的优点，广泛应用于遗传及生命科学领域的科研及生产中。继 2019 年最新版 ASReml-R 4 版发布以来，以其更清晰完善的算法调整和功能扩充获得广大科研老师的支持与认可。2021 年 5 月 VSN 英国母公司研发并公布了最新的辅助 Asrem1 分析 R 包——ASRgenomics 包，该包更适合基因组选择的分析，包括 G 矩阵和 H 矩阵的构建，矩阵的矫正和调整，异常样本的检测以及基因组数据的可视化等功能。并在 9 月计划推出 ASReml 最新 SA 4.2 版本，可支持多线程分析，针对分子育种计算可极大提高分析速度。

北京维斯恩思软件有限责任公司（VSNC）作为 ASReml 在华区唯一子公司，应广大院校、企业科研工作者学习及交流需求，将于 2021 年 11 月 20-21 日在腾讯会议线上举办《R 与 ASReml-R 遗传参数评估与全基因组选择培训会》，并在会上首次发布最新 ASReml SA 版本全新功能的演示分析。诚邀您的参加，现将有关事项通知如下：

一、培训目标

- 通过系统的理论、案例讲解，结合上机实操练习及学员实际问题交流答疑，提升学员工作中数据分析能力；
- 学习如何利用 R 语言进行基本数据分析；快速掌握 ASReml-R 4 在工作中实际应用；
- 掌握基因组选择分析，包括表型数据清洗，基因型数据清洗，矩阵构建，异常样本筛选，模型选择，GEBV 计算，交叉验证等内容；
- 通过学习该领域前沿内容及方法，为顺利进行即将开展的科研、生产工作做好必要准备。

二、培训内容

本次培训内容主要围绕以下主题：R 语言基础培训，数量遗传学与混合线性模型，育种中常见模型分析（公畜模型，NC II 试验计算遗传力及配合力分析，重复力模型分析，母体效应模型分析等），多性状模型分析，全基因组关联分析（GWAS），全基因组选择（GS），ASReml SA 4.2 新版本功能演示等内容。（详细培训内容及日常安排附后）。

三、培训时间

2021年11月20—21日（星期六、日）上午9:00-12:00，下午14:00-17:30

四、培训形式

腾讯会议（线上培训）

五、培训报名


报名截止日期：2021年11月15日； 优惠报名截止日期：2021年10月20日

报名费用：21周年庆典—优惠报名中

类别 报名日期	A（培训+3个月软件）	B（培训+1年软件）	C（客户优惠培训）
10月20日前报名	3000元/人	6500元/人（非高校） 5500元/人（高校）	1500元/人
10月20日后报名	4000元/人	7500元/人（非高校） 6500元/人（高校）	2000元/人

注：B项限新用户首次可享。

六、报名方式

报名方式一	报名方式二
微信报名（扫一扫）	官网报名
	网址（CHN）： www.vsnc.com.cn

开户名：北京维斯恩思软件有限责任公司

开户行：中国建设银行北京中关村分行

帐号：1100 1007 3000 5301 7767

附言：汇款时请务必注明 单位+姓名+培训费（例如：中国农业大学张三培训费）（如多人缴纳，请注明所有人员姓名）。

七、联系方式

Nancy 邓老师（15611308826），Meggi 孙老师（18201280067）

公司电话：010-88400822；010-62680244

邮箱：China@vsni.co.uk

网址（CHN）：www.vsnc.com.cn

北京维斯恩思软件有限责任公司

2021年9月1日



R 与 ASReml-R 遗传参数评估与全基因组选择培训相关事宜及日程安排

ASReml 是拟合线性混合模型的优秀数据分析软件，由“世界现代农业科学发源地”——英国洛桑试验中心的众多科研专家与 NSW Department of Primary Industries 的 Arthur Gilmour 博士开发，得到全球院校及企业高度认可，并在文章投稿中获得众多国际审稿人推荐。软件基于混合线性模型的优势，高效精准的算法和灵活多变的模型拟合，用以实现大数据高效、快速的分析，且操作简单灵活，尤其在遗传及生命科学领域享誉盛名。目前，ASReml 软件已在世界范围内广泛地应用于动物、水产、林业、作物育种、微生物、生态及医学等众多领域的研究，其中国内客户覆盖中国区 95% 以上省/直辖市，成为遗传及生命科学领域工作者首选数据分析工具。详情欢迎访问官网：<http://www.vsnc.com.cn/>

培训提供：

- (1) 提供最新版 ASReml - R 4 软件供上机练习及会后科研使用；
- (2) 案例及代码资料，供培训后科研及生产工作中实际参考应用；
- (3) 学员可自带科研或生产中等相关问题现场咨询。

日程安排：

Day 1: 2021 年 11 月 20 日	
一、R 语言基础培训	<ul style="list-style-type: none">◆ R 语言基础介绍◆ 数据读取和结果导出◆ 使用 R 语言进行探索性分析◆ Tidyverse 系列进行数据清洗和可视化
二、数量遗传学与混合线性模型	<ul style="list-style-type: none">◆ 数量遗传学基础◆ 混合线性模型在数据分析中的应用
三、育种中常见模型分析（上）	<ul style="list-style-type: none">◆ 公畜模型（半同胞模型）◆ 公畜母畜模型（全同胞模型）◆ NC II 试验计算遗传力及配合力分析◆ 系谱计算近交系数及亲缘关系系数◆ 动物模型介绍◆ 如何添加固定因子及检测显著性◆ 如何添加随机因子及检测显著性◆ 如何输出 BLUE 值及 BLUP 值◆ 如何计算遗传力及标准误

	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 如何计算 BLUP 育种值的准确性和可靠性 ◆ 如何批量运算模型
四、育种中常见模型分析（下）	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 重复力模型分析 ◆ 母体效应模型分析 ◆ 如何固定方差组分拟合模型 ◆ 阈值性状分析
Day 2: 2021 年 11 月 21 日	
五、多性状模型分析	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 多性状模型分析 ◆ 性状相关系数计算（表型相关、遗传相关、环境相关） ◆ 如何批量计算遗传相关和表型相关 ◆ 如何设置方差组分初始值 ◆ 设置不同性状对应不同固定因子的多性状模型 ◆ 根据性状权重，计算综合育种值
六、全基因组关联分析（GWAS）	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 基因组数据数据清洗 ◆ 增加协变量（固定因子，PCA） ◆ 使用混合线性模型进行 GWAS 分析 ◆ 结果可视化（QQ 图，曼哈顿图） ◆ 如何使用 ASReml 进行不同模型的 GWAS 分析
七、全基因组选择（GS）	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 全基因组选择介绍 ◆ ASRgenomics 包介绍 ◆ 如何构建 A 矩阵，G 矩阵及 H 矩阵 ◆ 如何调整 G 矩阵和 H 矩阵 ◆ 对基因型数据可视化：PCA 和热图 ◆ 如何进行 GBLUP 和 ssGBLUP 的基因组选择 ◆ 如何进行交叉验证 ◆ 如何使用多性状的 GBLUP 和 ssGBLUP 分析
 ASReml SA 4.2 新版本功能演示	
 问题答疑及练习	

【注意事项】

请各位参会者自备笔记本电脑，在培训前完成软件安装：报名成功后工作人员将协助参会人员在会前安装软件，保障参会顺利。