附件1：会议特邀报告人和报告题目

盖钧镒院士（南京农业大学），“设计育种策略”

吴常信院士（中国农业大学），“动物分子数量遗传学思考”

朱军教授（浙江大学），“组学关联分析新方法及其在复杂性状基因解析中的应用”

张勤教授（中国农业大学），“动物全基因组选择研究进展”

吴为人教授（福建农林大学），“基于BSA的快速精细定位QTG新方法”

徐辰武教授（扬州大学），“作物杂种表型的多组学预测方法与应用”

章元明教授（华中农业大学），“多位点关联分析新方法及其应用与注意问题”

李慧慧研究员（中国农业科学院），“利用EigenGWAS和EnvGWAS挖掘种质资源优异等位变异”

鲁非研究员（中国科学院遗传发育研究所），“小麦遗传多样性的统计基因组解析”

田丰教授（中国农业大学），“玉米适应性进化的分子遗传基础”

王国英研究员（中国农业科学院），“玉米全基因组选择技术研发与应用”

宁海龙教授（东北农业大学），“大豆四向杂交RIL群体的遗传图谱构建及产量和品质性状QTL定位”

严建兵教授（华中农业大学），“玉米复杂数量性状的遗传解析”

刘剑春教授（中国农业大学），“纵向数据遗传统计分析”

管荣展教授（南京农业大学），“一个油菜硫苷含量微效基因的研究”

卢艳丽教授（四川农业大学），“基因组学在玉米抗逆性状遗传解析中的应用”

潘玉春教授（上海交通大学），“应用偏最小二乘法探查群体间的遗传差异”