



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA- UnB**  
Instituto de Ciências Biológicas  
Departamento de Biologia Celular  
Pós-Graduação em Biologia Molecular

Dione Mendes Teixeira Alves-Freitas

**Análise filogenética de espécies americanas de *Pinus* e construção de um mapa genético de alta densidade para *Pinus taeda* L. com base em marcadores DArT (*Diversity Arrays Technology*)**

Brasília-DF  
20 de Junho de 2013

Dione Mendes Teixeira Alves-Freitas

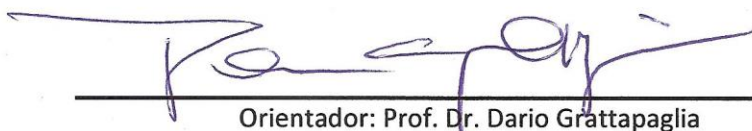
**Análise filogenética de espécies americanas de *Pinus* e construção de um mapa genético de alta densidade para *Pinus taeda* L. com base em marcadores DArT (*Diversity Arrays Technology*)**

Tese apresentada ao Departamento de Biologia Celular do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília como requisito parcial à obtenção do grau de Doutor em Biologia Molecular.

**Orientador:** Prof. Dr. Dario Grattapaglia

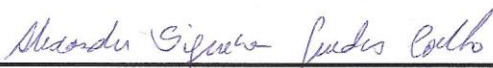
Brasília-DF  
20 de Junho de 2013

Tese de autoria de Dione Mendes Teixeira Alves-Freitas, intitulado "Análise filogenética de espécies americanas de *Pinus* e construção de um mapa genético de alta densidade para *Pinus taeda* L. com base em marcadores DArT (*Diversity Arrays Technology*)", apresentada como requisito parcial para obtenção do grau de Doutor em Biologia Molecular do Departamento de Biologia Celular do Instituto de Ciência Biológicas da Universidade de Brasília defendida e aprovada, em 20 de Junho de 2013, pela banca examinadora constituída por:



---

Orientador: Prof. Dr. Dario Grattapaglia  
Universidade de Brasília- UnB  
Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia



---

Examinador externo: Prof. Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho  
Universidade Federal de Goiás-UFG



---

Examinador externo: Prof. Dr. Evandro Novaes  
Universidade Federal de Goiás-UFG



---

Examinador externo: Prof. Dr. Matias Kirst  
University of Florida



---

Examinador interno: Prof. Dr. Márcio Elias Ferreira  
Universidade de Brasília- UnB  
Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia

Trabalho desenvolvido no Laboratório de Genética Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, sob a orientação do Prof. Dr. Dario Grattapaglia e na empresa *Diversity Arrays Technology*–Pty Ltd (DArT P/L), na Austrália, sob a supervisão do Dr. Andrzej Kilian.

Ao meu grande amor e marido André, pela compreensão, paciência, incentivo, palavras de conforto, orações, amor, carinho e companheirismo. Obrigada por estar sempre ao meu lado! Dedico este trabalho a você.

## AGRADECIMENTOS

Ao meu SENHOR e Deus maravilhoso, que me sustentou, fortaleceu, animou, inspirou e me amou durante todo esse período. Preciso do SENHOR todos os dias na minha vida! Obrigada por esse Doutorado. Que ele venha ser usado para honra e glória do seu nome! Obrigada pelo seu cuidado comigo, Te amo!

À Universidade de Brasília e ao Departamento de Biologia Celular e Pós-Graduação em Biologia Molecular por ter possibilitado a realização deste curso.

Ao meu orientador Prof. Dr. Dario Grattapaglia pelos grandes ensinamentos, orientações, puxões de orelha, paciência, compreensão, apoio, conselhos e pela amizade. Foi uma honra ser orientada por você. Aprendi e cresci muito com suas orientações e com seus conselhos. Obrigada por acreditar e confiar em mim!

To Dr. Andrzej Kilian and all DArT team, Eric Huttner, Colleen Hopper, Michael Duncan, Vanessa Caig, Ling Xia, Jason Carling, Damian Jaccoud, Cina Zachariah, Hang Vu, Adriane Machado, Carolina Sansaloni, César Petroli, Samanta Marengo, Boris Briñez, Gosia Aschenbrenner-Kilian, Grzegorz Uszynski, Puthick Hok and Frank Detering. I had a wonderful time with you and learned many new things, including Ozzie lifestyle and Ozzie words (no worries mate!). Thank you for the hospitality and friendship. Thank you all.

À empresa KLABIN S.A, pelo material vegetal fornecido, e à ArborGen, pela doação das sementes da árvore clone 7-56 de *Pinus taeda*.

Aos membros da banca examinadora Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho, Dr. Evandro Novaes, Dr. Matias Kirst, Dr. Márico Elias Ferreira, Dr. Márcio de Carvalho Moretzsohn e Dra. Danielle Paiva por avaliar e colaborar com a correção deste documento.

Ao Dr. Peter W. Inglis pela grande ajuda e orientação com os programas de análises filogenéticas. Obrigada pela sua disponibilidade.

Ao pesquisador Orzenil Silva Junior pelas análises com os clones BACs. Muito obrigada pelo tempo investido nessas análises.

À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, pela infraestrutura e por permitir a realização dos experimentos no Laboratório de Genética Vegetal.

Aos pesquisadores e analistas do Laboratório de Genética Vegetal da Embrapa, Dr. Márcio Moretzsohn, Dra. Gláucia Buso, Dra. Vânia Azevedo, Dra. Marília Pappas, Marco Antônio Ferreira, Zilneide Amaral e Lorena Ramos, pelos conselhos, ajuda e amizade.

À Carol Sansaloni e César Petrolí por toda a ajuda com a tese e principalmente pelo grande apoio no período que estive na Austrália. Eu não sei como eu ia me virar sem vocês! Tenho uma gratidão eterna por vocês! Obrigada pelos conselhos, carinho e principalmente pela amizade!

Aos grandes amigos, Srs. Bocós, Bruna Jaqueline, Natália Lamas, Ediene Gouveia, Rodrigo Furtado, Thaísa Lacerda, Marília Pappas, Carol Sansaloni, César Petrolí, Tatiana Rosado, Danielle Paiva, Mariana Lira e Pedro Tanno pelos momentos inesquecíveis juntos! Obrigada por toda força, apoio e amizade.

Aos meus pais Nilce e David, minhas irmãs Dani e Denise, minha sogra Alfa, e meus cunhados Diego, Rafael e Hélio, pelo suporte, momentos de alegria e por me amarem incondicionalmente. Amo vocês!

Ao Ian, meu filho querido, que nem nasceu, mas já enche meu coração de alegria e amor! Te amo filho!

Ao CNPq e CAPES pela concessão de bolsas de estudo durante o curso.

Meus sinceros agradecimentos a todos vocês.

## Sumário

<b>RESUMO</b>	<b>11</b>
<b>ABSTRACT</b>	<b>12</b>
<b>LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS</b>	<b>13</b>
<b>INTRODUÇÃO GERAL</b>	<b>14</b>
<b>CAPÍTULO 1 - REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>18</b>
<b>1.1 Gênero <i>Pinus</i></b>	<b>18</b>
<b>1.2 <i>Pinus taeda</i> Linnaeus</b>	<b>20</b>
<b>1.3 Importância Econômica do <i>Pinus</i> na Silvicultura Brasileira</b>	<b>25</b>
<b>1.4 Melhoramento Genético de <i>Pinus taeda</i></b>	<b>28</b>
<b>1.5 Aplicação dos marcadores moleculares em <i>Pinus taeda</i></b>	<b>29</b>
1.5.1 Isoenzimas	30
1.5.2 RFLP - Polimorfismo do comprimento de fragmentos de restrição	31
1.5.3 RAPD - Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso	32
1.5.4 AFLP - Polimorfismo de Comprimentos de Fragmentos Amplificados	32
1.5.5 ESTP - Polimorfismo de sequências expressas marcadas	33
1.5.6 SSR - Marcadores microssatélites	34
1.5.7 SNP - Polimorfismo de uma única base	36
1.5.8 Mapeamento Genético	37
1.5.9 Recursos genômicos de BACs para sequenciamento do genoma de <i>Pinus</i>	39
<b>1.6 Novas tecnologias de genotipagem em larga escala para aplicação em <i>Pinus taeda</i></b>	<b>40</b>
1.6.1 DArT – <i>Diversity Arrays Technology</i>	41
1.6.2 Genotipagem por sequenciamento de representações DArT (DarT-seq)	44
<b>OBJETIVOS</b>	<b>45</b>
<b>CAPÍTULO 2 - DESENVOLVIMENTO DE UM MICROARRANJO DE GENOTIPAGEM DE MARCADORES DArT E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES AMERICANAS DE <i>Pinus</i></b>	<b>46</b>
<b>2.1 INTRODUÇÃO</b>	<b>46</b>



<b>2.2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b>	<b>48</b>
2.2.1	Material vegetal	48
2.2.2	Extração do DNA genômico total	50
2.2.3	Redução de complexidade genômica	51
2.2.4	Desenvolvimento do microarranjo	53
2.2.5	Preparação das amostras para genotipagem	56
2.2.6	Hibridização ao microarranjo	57
2.2.7	Lavagem e digitalização dos slides	58
2.2.8	Processamento das imagens e genotipagem	59
2.2.9	Análise dos dados	60
2.2.10	Hibridização cruzada de sequências repetitivas usando $C_0t-1$ DNA	61
2.2.11	Análise filogenética	67

<b>2.3</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	<b>68</b>
2.3.1	Redução de complexidade genômica	70
2.3.2	Triagem inicial de um microarranjo com 6912 sondas DArT	72
2.3.3	Avaliação do microarranjo DArT com 7680 sondas	75
2.3.4	Hibridização cruzada de sequências repetitivas usando $C_0t-1$ DNA	82
2.3.5	Aplicação dos marcadores DArT na análise filogenética	83

### **CAPÍTULO 3 - CONSTRUÇÃO DE UM MAPA GENÉTICO DE ALTA DENSIDADE PARA *Pinus***

#### ***taeda* UTILIZANDO GENOTIPAGEM POR SEQUENCIAMENTO DArT-SEQ E MICROSSATÉLITES<sup>94</sup>**

<b>3.1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>94</b>
<b>3.2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b>	<b>96</b>
3.2.1	Germinação das sementes e resgate do megagametófito	96
3.2.2	Extração do DNA genômico	97
3.2.3	Genotipagem de marcadores microssatélites	98
3.2.4	Genotipagem por sequenciamento - DArT-Seq	100
3.2.5	Construção do mapa genético	102
3.2.6	Alinhamento de Clones BAC de <i>Pinus taeda</i> com sequências dos marcadores DArT-seq e integração com o mapa de alta densidade	103
<b>3.3</b>	<b>RESULTADOS</b>	<b>104</b>
3.3.1	População de mapeamento haploide	104
3.3.2	Marcadores microssatélites genotipados	104
3.3.3	Genotipagem por sequenciamento DArT-Seq	107
3.3.4	Mapa de ligação de alta densidade para <i>Pinus taeda</i>	107
3.3.5	Ancoragem de Clones BAC de <i>Pinus taeda</i> ao mapa genético	112

<b>3.4</b>	<b>DISCUSSÃO</b>	<b>114</b>
3.4.1	Mapa genético de alta densidade para <i>Pinus taeda</i>	114
3.4.2	Integração de clones BAC ao mapa genético de alta densidade	116
	<b>REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>118</b>
	<b>MATERIAL SUPLEMENTAR</b>	<b>130</b>

## RESUMO

Métodos de genotipagem de polimorfismos no DNA em larga escala a baixos custos são fundamentais para ampliar a resolução de estudos filogenéticos e populacionais, viabilizar a integração das tecnologias genômicas na prática do melhoramento genético e auxiliar a montagem de genomas. Neste trabalho, tendo *Pinus* (*Pinus taeda* L. - Pinaceae) como espécie de interesse, foram desenvolvidos: (1) um estudo filogenético de espécies americanas de *Pinus* baseado no desenvolvimento de um microarranjo de marcadores moleculares DArT; (2) um mapa genético de alta densidade para *P. taeda* com base em microsatélites e marcadores genotipados via redução de complexidade genômica e sequenciamento pela metodologia DArT-seq. Para o desenvolvimento da tecnologia DArT, amostras de 16 espécies de *Pinus*, oito procedências de *P. taeda* e cinco árvores-elite de *P. taeda* foram utilizadas para a construção de um microarranjo com 7680 sondas de DNA derivadas de uma fração do genoma com complexidade reduzida via enzimas de restrição. Um total de 4.171 marcadores polimórficos foi identificado entre as espécies de *Pinus* e 1.211 marcadores entre procedências de *P. taeda*. Uma análise filogenética de 12 espécies de *Pinus* da América com 3.273 marcadores DArT, revelou importantes diferenças em relação à proposta mais recente de classificação taxonômica baseada na análise de seqüências de DNA cloroplastidial. Nossos resultados sugerem a possibilidade de que *P. taeda* e demais espécies do norte da América venham a ser classificadas em outra subseção. Um mapa genético com base na análise de 288 megagametófitos haploides da árvore 7-56 de *P. taeda* foi construído com microsatélites e marcadores DArT-seq (seqüências de 69 bases) desenvolvidos a partir da redução da complexidade genômica via enzimas de restrição (PstI-HhaI), e sequenciamento das representações genômicas reduzidas. De um total de 4.367 marcadores DArT-seq de alta qualidade, 2.469 e 32 microsatélites foram mapeados e ordenados em 12 grupos de ligação ( $n=12$  cromossomos em *P. taeda*) cobrindo 1.226,47 cM, com média de 203 marcadores por grupo de ligação e densidade de 0,62 cM por marcador. O mapa genético foi em seguida utilizado para ancorar 75 clones de BACs (cromossomos artificiais de bactéria) de *Pinus taeda* disponíveis no NCBI, demonstrando sua potencial utilidade para fins de montagem do genoma, porém corroborando também a natureza repetitiva do genoma ao ancorar múltiplos BACs em diferentes grupos de ligação. O mapa genético aumentou em cerca de 20 vezes a densidade de marcadores dos mapas existentes para a espécie, fornecendo uma ferramenta adicional para estudos de mapeamento genético e montagem do genoma de *P. taeda*.

## ABSTRACT

Genome-wide, high-throughput and cost-efficient DNA genotyping methods are key to increase the resolution and speed of phylogenetic and populational studies, allow the integration of genomics into breeding and support the assembly of genomes. In this work having loblolly pine (*Pinus taeda* L. - Pinaceae) as model species we developed: (1) a phylogenetic study of American *Pinus* species based on the development of a microarray of DArT markers for species of the genus and (2) a high density genetic map for *Pinus taeda* using microsatellite markers and sequence based genotyping carried out by the DArT (DArT-seq) method using next-generation sequencing. For DArT microarray probe development, DNA samples of 16 species of *Pinus*, eight provenances of *P. taeda* and five elite trees of *P. taeda* were used to build an array of 7,680 probes derived from a restriction enzyme complexity reduced fraction of the pine genome. A total of 4,171 markers were found polymorphic across samples of *Pinus* species and 1,211 markers across provenances of *P. taeda*. A phylogenetic study involving 12 American *Pinus* species using 3,273 DArT markers revealed important differences from the most recent classification proposed based on chloroplast DNA amplified sequences, additionally suggesting the possibility that *P. taeda* and its close species from North America could be classified into a new subsection. A genetic map, based on a set of 288 haploid megagametophytes of *P. taeda* tree 7-56 was built with microsatellites and DArT-seq (69 bases tags) markers developed from complexity reduction with double digest (PstI-HhaI) and sequencing. From a total of 4,367 high quality DArT-seq markers, 2,469 and 32 microsatellites were mapped and ordered into 12 linkage groups ( $n=12$  chromosomes in *Pinus taeda*), covering 1,226.47 cM with an average of 203 markers per linkage group and marker density of 0.62 cM. This genetic map was subsequently used to anchor 75 BAC clones (bacterial artificial chromosomes) of *Pinus taeda* available in NCBI, demonstrating its potential utility to aid genome assembly, although also corroborating the repetitive nature of the genome as several BAC clones were anchored in multiple positions in different linkage groups. The genetic map presented in this study increased marker density by approximately 20 times the current density of the existing microsatellite maps providing an additional tool for genetic mapping studies and assembly of the *P. taeda* genome.

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AFLP	<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>
BAC	<i>Bacterial Artificial Chromosome</i>
DArT	<i>Diversity Array Technology</i>
DGGE	<i>Denaturing Gradient Gel Electrophoresis</i>
EST	<i>Expressed Sequence Tag</i>
ESTP	<i>Expressed Sequence Tag polymorphism</i>
FIA	<i>Forest Inventory and Analysis</i>
GbS	<i>Genotyping-by-Sequencing</i>
GL	Grupo de ligação
LC	<i>Low-copy</i>
NCBI	<i>National Center for Biotechnology Information</i>
NGS	<i>Next-generation sequencing</i>
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i>
QTL	<i>Quantitative trait loci</i>
RAPD	<i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>
RE	Enzima de Restrição
RFLP	<i>Restriction Fragment Length Polymorphism</i>
SNP	<i>Single Nucleotide Polymorphism</i>
SSCP	<i>Single Stranded Conformational Polymorphism</i>
SSR	<i>Simple Sequence Repeat</i>
UM	<i>undermethylated</i>

## INTRODUÇÃO GERAL

*Pinus* (Pinaceae) é o maior gênero existente entre as coníferas, com aproximadamente 100 espécies descritas. São plantas arbóreas, nativas em grande parte do Hemisfério Norte, mas com ampla distribuição pelo mundo. Florestas plantadas com *Pinus* apresentam grande valor econômico, podendo ser destinadas a diferentes finalidades comerciais, tais como, produção de papel, resina e madeira sólida. Espécies de *Pinus* são ecologicamente importantes, apresentam crescimento rápido, são tolerantes a solos pobres e a condições relativamente áridas, sendo frequentemente utilizadas na recomposição de ambientes degradados (Schultz, 1997; Price, Liston *et al.*, 1998; Shimizu, 2005; Gernandt, Willyard *et al.*, 2011).

A espécie de *Pinus* mais plantada atualmente para fins comerciais é *Pinus taeda* L., conhecida popularmente como *Pinus*, Pinheiro-Americano, Pinheiro-Amarelo ou *Loblolly Pine*. *Pinus taeda* é uma das espécies florestais mais importantes entre as espécies florestais plantadas comercialmente. Sua madeira apresenta fibras longas, ou traqueídes, muito resistentes e ideais para a fabricação de papéis para embalagens e papéis de imprensa. A madeira de *P. taeda* também é fonte importante de madeira serrada, e matéria prima para laminados, chapas e madeira reconstituída. O centro de origem desta espécie é toda a região Sul e Sudeste dos Estados Unidos, desde Delaware, no nordeste, até o Texas, no oeste, e ao sul, até a região central da Flórida. No Brasil, introduzida a partir dos anos 60, tornou-se a espécie preferida para florestas industriais pela facilidade nos tratamentos culturais, rápido crescimento e boa adaptação à região Sul e Sudeste do País, com larga produção nessas regiões (Shimizu, 2008; Eckenwalder, 2009; Eckert, Bower *et al.*, 2010; Gernandt, Willyard *et al.*, 2011).

Devido à sua importância nos EUA, grande parte dos trabalhos de melhoramento genético e de biotecnologia florestal em coníferas está centralizada em *P. taeda*. Vários trabalhos foram desenvolvidos nos últimos 20 anos com essa espécie, desde estudos de dinâmica de populações, diversidade genética, mapeamento genético, expressão gênica, descoberta de genes candidatos, estudos com locos que controlam caracteres quantitativos (QTL - *Quantitative trait loci*), e desenvolvimento de coleções de sequências expressas marcadas (EST-*Expressed Sequence Tags*) a partir das quais milhares de polimorfismos de uma única

base (SNP-*Single Nucleotide Polymorphisms*) foram desenvolvidos (Harry, Temesgen *et al.*, 1998; Al-Rabab'ah e Williams, 2002; Brown, Gill *et al.*, 2004; Gonzalez-Martinez, Ersoz *et al.*, 2006; Gonzalez-Martinez, Wheeler *et al.*, 2007; Kovach, Wegrzyn *et al.*, 2010; Palle, Seeve *et al.*, 2011).

*Pinus taeda* tem o mapa genético mais desenvolvido entre as coníferas, baseados em múltiplos tipos e combinações de sistemas de marcadores genéticos como: polimorfismo no comprimento de fragmento de restrição (RFLP- *Restriction Fragment Length Polymorphism*) (Devey, Fiddler *et al.*, 1994), polimorfismo de comprimentos de fragmentos amplificados (AFLP- *Amplified Fragment Length Polymorphism*) (Remington, Whetten *et al.*, 1999), polimorfismo de DNA amplificado ao acaso (RAPD- *Random Amplified Polymorphic DNA*) (Sewell, Sherman *et al.*, 1999), polimorfismo de sequências expressas marcadas (ESTP- *Expressed Sequence Tag polymorphism*) (Temesgen, Brown *et al.*, 2001), marcadores microssatélites (SSR- *Simple Sequence Repeat*) (Elsik, Minihan *et al.*, 2000) e SNPs (Eckert, Pande *et al.*, 2009). *Pinus taeda* também foi selecionada como a primeira espécie do gênero *Pinus* para sequenciamento completo do genoma com a intenção de usar a informação do genoma para melhorar seu potencial para bioenergia (Usda, 2011; Wegrzyn, Lin *et al.*, 2013)

Análises populacionais com marcadores moleculares e desenvolvimento de mapas genéticos em *Pinus taeda* têm fornecido um conhecimento básico da estrutura genética das populações, dos padrões de fluxo gênico e da organização e evolução do genoma. Entretanto, apesar de existir um número considerável de estudos genômicos em *P. taeda*, ainda existe uma dificuldade de cobrir o genoma de forma ampla, rápida e eficiente. A maioria dos marcadores moleculares desenvolvidos até hoje para *P. taeda* demanda informações prévias de sequências e apresentam altos custos quando há a necessidade de uma elevada densidade de genotipagem. Além disso, *P. taeda* apresenta um genoma enorme com cerca de 24 Gpb por genoma haploide, rico em sequências de DNA altamente repetitivas e extensas famílias gênicas, tornando as análises genéticas mais complexas (Kinlaw e Neale, 1997; Grotkopp, Rejmanek *et al.*, 2004; Kovach, Wegrzyn *et al.*, 2010). Uma cobertura ampla do genoma e métodos de genotipagem em larga escala a baixos custos são necessários para aumentar a resolução e a velocidade para aplicações genéticas no melhoramento de *Pinus*. *Diversity Array Technology* - DArT fornece uma alternativa

promissora para satisfazer os requisitos de rendimento, transferibilidade e cobertura do genoma de *Pinus* (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001; Sansaloni, Petroli *et al.*, 2010).

DArT é um método de identificação de polimorfismo de DNA no qual a análise de marcadores genéticos em microarranjos oferece um sistema rápido, robusto, de baixo custo e alta performance, requerendo uma quantidade mínima de amostra, com a capacidade de criar um perfil do genoma inteiro de um organismo ou populações de organismos sem necessidade de informação prévia sobre a sequência do DNA (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001; Wenzl, Carling *et al.*, 2004; Sansaloni, Petroli *et al.*, 2010). Este método permite identificar centenas a milhares de locos genômicos e os polimorfismos presentes nos mesmos. DArT fornece marcadores de alta qualidade e possui potenciais aplicações para ser utilizada em caracterização de germoplasma, estudo de diversidade genética e melhoramento assistido por marcadores, sendo desenvolvidas com sucesso para várias espécies de plantas e algumas espécies de animais (Wittenberg, Van Der Lee *et al.*, 2005; Xia, Peng *et al.*, 2005; Amorim, Vilarinhos *et al.*, 2009; Bartos, Sandve *et al.*, 2011; Howard, Whittock *et al.*, 2011; Yang, Saxena *et al.*, 2011).

A empresa DArT passou a desenvolver recentemente uma nova metodologia de genotipagem, na qual utiliza a redução de complexidade genômica aliada às novas gerações de sequenciamento (NGS- *Next-generation sequencing*) (Mardis, 2008). Nesta metodologia, a genotipagem é feita por sequenciamento (GbS - *Genotyping-by-Sequencing*) (Elshire, Glaubitz *et al.*, 2011; Poland, Brown *et al.*, 2012) e não por microarranjo. O polimorfismo, nesta técnica, é identificado através da geração de sequências curtas (69 bases), por meio da plataforma Illumina® NGS, permitindo genotipar milhares de amostras para milhares ou dezenas de milhares de marcadores a custos acessíveis. Essa metodologia foi denominada pela empresa como DArT-seq.

A partir das plataformas de genotipagem de alto desempenho como o DArT e DArT-seq abre-se uma perspectiva concreta de impactar o melhoramento de *Pinus* através da construção de mapas genéticos de alta resolução, permitindo aprimorar o conhecimento sobre a organização e evolução do genoma. Assim, este trabalho teve como objetivo geral ampliar o conhecimento genômico de *Pinus taeda* pelo uso da tecnologia de genotipagem de alto



desempenho aplicada à solução de questões práticas. Os objetivos específicos deste trabalho foram: (1) um estudo filogenético de espécies americanas de *Pinus* baseado no desenvolvimento de um microarranjo de marcadores moleculares DArT para espécies do gênero; (2) construção de um mapa genético de alta densidade a partir de gametas haplóides de uma árvore única clone 7-56 de *Pinus taeda* utilizando a nova tecnologia de genotipagem por sequenciamento DArT-Seq e marcadores microssatélites; (3) Ancoragem no mapa genético e ordenamento relativo de um conjunto de BACs (cromossomos artificiais de bactéria) de *Pinus taeda* sequenciados, visando demonstrar a utilidade do mapa genético para a futura montagem do genoma da espécie.

## CAPÍTULO 1 - REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 1.1 Gênero *Pinus*

O gênero *Pinus* é um dos 11 gêneros da família Pinaceae, uma Gimnosperma pertencente à divisão Pinophyta, ou Conífera. As Coníferas constituem um grupo diversificado de plantas lenhosas, entre as mais volumosas e antigas do planeta (Gernandt, Willyard *et al.*, 2011). As Coníferas surgiram há 300 milhões de anos, no final do período carbonífero, era paleozoica, com maior registro fóssil correspondente ao final do cretáceo na era mesozoica, cerca de 145 milhões de anos atrás. O gênero *Pinus* tem registro fóssil que remonta ao final do cretáceo e principalmente ao começo do terciário, era cenozoica, aproximadamente 65 milhões de anos atrás (Miller, 1976; Eckenwalder, 2009).

*Pinus* é o maior gênero das coníferas com 97 espécies descritas, seguido pelo gênero *Podocarpus* com 82 espécies (Eckenwalder, 2009). Alguns autores reconhecem 109 a 111 espécies no gênero *Pinus* (Price, Liston *et al.*, 1998; Farjon, 2001; Gernandt, López *et al.*, 2005). Esse gênero está distribuído em grande parte do Hemisfério Norte, da zona boreal para os trópicos, estendendo-se das regiões árticas e subárticas da Eurásia e América do Norte para o sul das regiões subtropicais e tropicais da América Central, Mediterrâneo e Ásia (Eckenwalder, 2009; Gernandt, Willyard *et al.*, 2011). É o gênero das coníferas com maior distribuição no hemisfério norte, comparado ao gênero *Podocarpus* no Hemisfério Sul.

O gênero *Pinus* é dividido em dois subgêneros; subgênero *Pinus*, ou *hard pines*, com dois canais vasculares por folha e sementes aladas articuladas; e o subgênero *Strobus*, ou *soft pines*, com apenas um canal vascular por folha e sementes aladas de forma adnata. Esses subgêneros são divididos em seções e subseções. Apesar dos avanços na investigação da classificação taxonômica do gênero *Pinus*, sua classificação taxonômica ainda é incerta. Duas classificações principais para o gênero *Pinus* tem sido propostas, uma por Pricet *et al.* (1998) na qual a classificação taxonômica para o gênero *Pinus* é baseado na união de dois grandes trabalhos, o de Little e Critchfield (1969), que organizaram todas as classificações propostas anteriormente em uma única nomenclatura, e de Krupkin *et al.* (1996), que classificaram o

gênero *Pinus* através da comparação de sequências de DNA de cloroplasto (cpDNA). A outra classificação é proposta por Gernandt *et al.* (2005), a mais aceita atualmente, no qual é baseada na relação filogenética revelada por estudos com sequências de DNA de cloroplasto (*matK* e *rbcL*), sendo consistente com características morfológicas tradicionais, mas difere consideravelmente da classificação padrão anterior utilizada por Little e Critchfield (1969) e da classificação proposta por Price *et al.* (1998). De acordo com Gernandt *et al.* (2005) a distribuição geográfica e a classificação taxonômica geral do gênero *Pinus* é a seguinte:

**Reino** Plantae

**Divisão** Embryophytae siphonogamae (Spermatophytae), Pinophyta ou Tracheophyta

**Subdivisão** Gymnospermae

**Classe** Coniferopsida ou Pinopsida

**Ordem** Coniferales ou Pinales

**Família** Pinaceae

**Subfamília** Pinoideae

**Gênero** *Pinus*

**Subgênero** *Pinus* (*Hard pines*)

**Seção** *Pinus*

**Subseção** *Pinus* (Eurásia, mediterrâneo, leste da América do Norte, Cuba)

**Subseção** *Pinaster* (Ilhas Canárias, Mediterrâneo, Himalaias)

**Seção** *Trifoliae*

**Subseção** *Contortae* (América do Norte)

**Subseção** *Australes* (América do Norte, México, América Central, Caribe)

**Subseção** *Ponderosae* (Oeste dos Estados Unidos, México, América Central)

**Subgênero** *Strobus* (*soft pines*)

**Seção** *Parrya*

**Subseção** *Balfourianae* (Oeste dos Estados Unidos)

**Subseção** *Cembroides* (Sudoeste dos Estados Unidos, México)

**Subseção** *Nelsoniae* (México)

**Seção** *Quinquefoliae* (*Strobus*)

**Subseção** *Gerardianae* (Ásia ocidental, Himalaias)

**Subseção** *Krempfianae* (Vietnam)

**Subseção** *Strobus* (América do Norte, Eurásia)

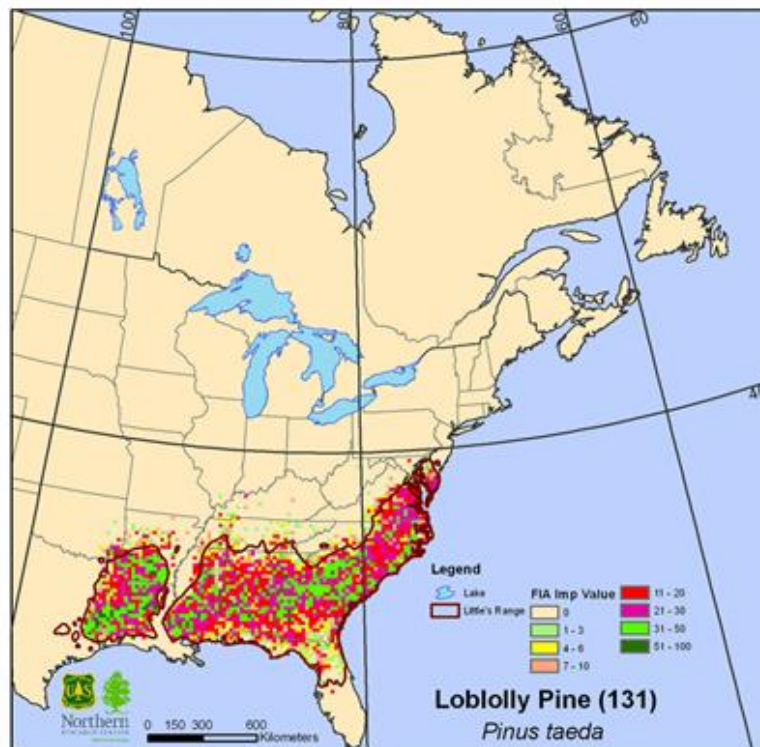
O gênero *Pinus* ocorre nos mais variados tipos de ambientes, desde a floresta boreal e zonas alpinas até savanas tropicais de baixa altitude e desde margens de pântano até encostas de desertos. É o gênero ecologicamente mais diverso, não só entre as coníferas, mas entre

todas as plantas lenhosas. Sua maior diversidade se encontra no México, Guatemala, sul e sudeste dos Estados Unidos (Eckenwalder, 2009). São plantas arbóreas ou arbustivas lenhosas de vida longa, ecologicamente importante pelo crescimento rápido, tolerância a solos pobres e a condições relativamente áridas, capazes de crescer em áreas sujeitas a incêndios periódicos. São espécies tipicamente pioneiras, com exigência de muita luz para o seu estabelecimento, sendo frequentemente utilizadas na recomposição de ambientes degradados (Eckenwalder, 2009; Gernandt, Willyard *et al.*, 2011).

Além de sua importância ecológica, espécies do gênero *Pinus* possuem a maior importância econômica e cultural entre as coníferas. São fontes de muitos produtos florestais, incluindo madeira de construção, celulose, papel, resina, sementes comestíveis, sendo muito utilizadas também para ornamentação e paisagismo. A espécie de *Pinus* mais amplamente plantada no mundo é *Pinus taeda* Linnaeus, seguida de *Pinus radiata* D. Don e *Pinus elliottii* Engelman. A espécie *P. taeda* foi identificada em 1753 por Carl von Linnaeus (Linnaeus, 1753), e é hoje considerada uma das espécies florestais mais importantes comercialmente no sul e sudeste dos Estados Unidos.

## **1.2 *Pinus taeda* Linnaeus**

*Pinus taeda*, conhecido mundialmente como *Loblolly Pine*, pertence ao grupo dos pinheiros amarelos (*Southern yellow pines*: *P. taeda*, *P. echinata*, *P. palustris* e *P. elliottii*), conhecidos pela beleza e qualidade da madeira. *P. taeda* pertence à classificação taxonômica do subgênero *Pinus*, seção *Trifoliae*, subseção *Australes* (Gernandt, López *et al.*, 2005). Sua distribuição natural é no sul e sudeste dos Estados Unidos, estando presente em 14 Estados, indo do sul de Nova Jersey para região central da Flórida e do oeste para o leste do Texas e Arkansas (Figura 1.1) (Eckenwalder, 2009; Usda, 2012). Essa área abrange ecossistemas desde planície costeira do Atlântico até os Montes Apalaches e, ao oeste, estende-se até o oeste do Rio Mississippi, além de margens de pântano e encostas desérticas. A cobertura florestal com esta espécie, nos Estados Unidos, é estimada em 11,7 milhões de hectares (Baker e Langdon, 2004).

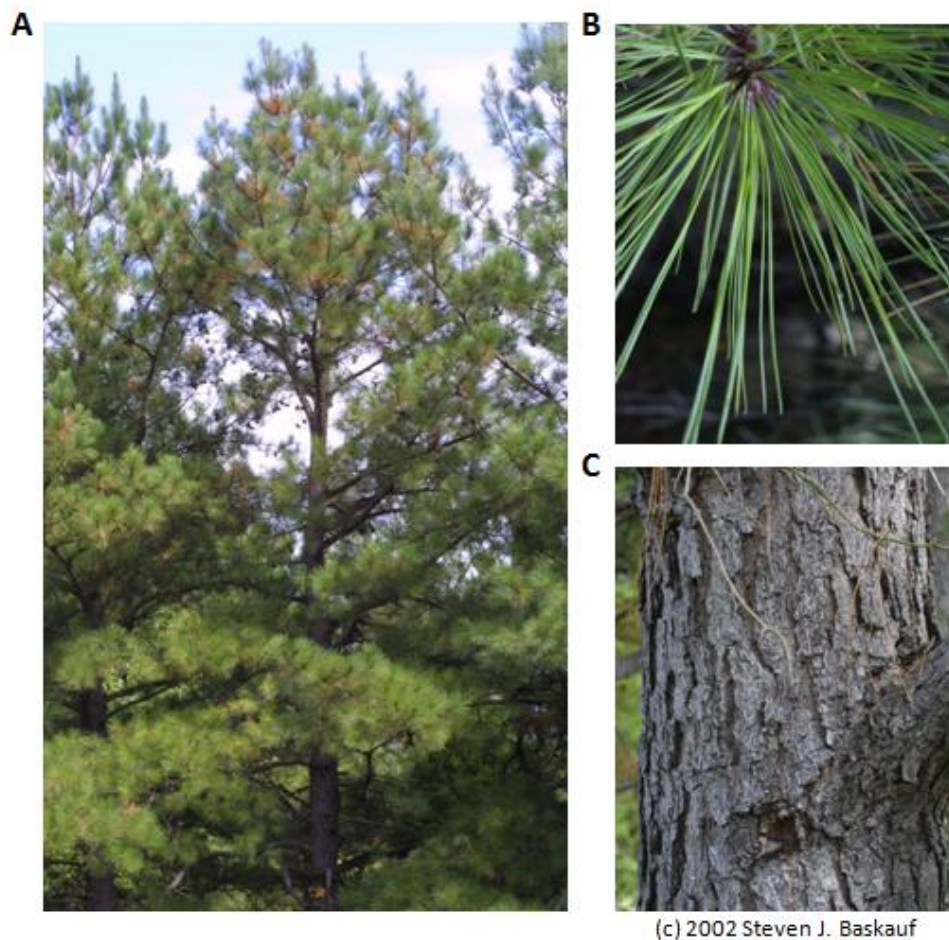


**Figura 1.1** - Mapa com a atual distribuição de *Pinus taeda* na região sul e sudeste dos Estados Unidos. Dados de acordo com o Inventário e Análise Florestal (*Forest Inventory and Analysis - FIA Imp Value*) do Programa do Serviço Florestal dos EUA. Contorno vermelho (*Little's Range*) mostra a distribuição de *P. taeda* nos 14 Estados; Alabama, Arkansas, Distrito de Columbia, Delaware, Flórida, Geórgia, Louisiana, Mississippi, Carolina do Norte, Nova Jersey, Carolina do Sul, Tennessee, Texas e Virgínia; e parte dos Estados de Oklahoma, Illinóis, Kentucky, Maryland e Missouri. Os valores de prevalência local da espécie (*FIA importance value*) na legenda representam as distribuições reais, em uma escala de 0 - 100. Fonte: (Prasad, Iverson *et al.*, 2007).

Em toda a região de ocorrência de *P. taeda*, o clima é úmido, temperado ameno, com verões quentes e longos. A precipitação média anual varia de 1.020 a 1.520 milímetros. O período livre de geadas varia de cinco meses na parte norte até dez meses na parte Costeira Sul. As temperaturas médias anuais variam de 13 a 24 ° C, podendo chegar à máxima extrema de 38°C no verão e à mínima extrema de -23 ° C no inverno. Ocorrem em solos predominantemente argissolos, com melhor crescimento em solos moderadamente ácidos,

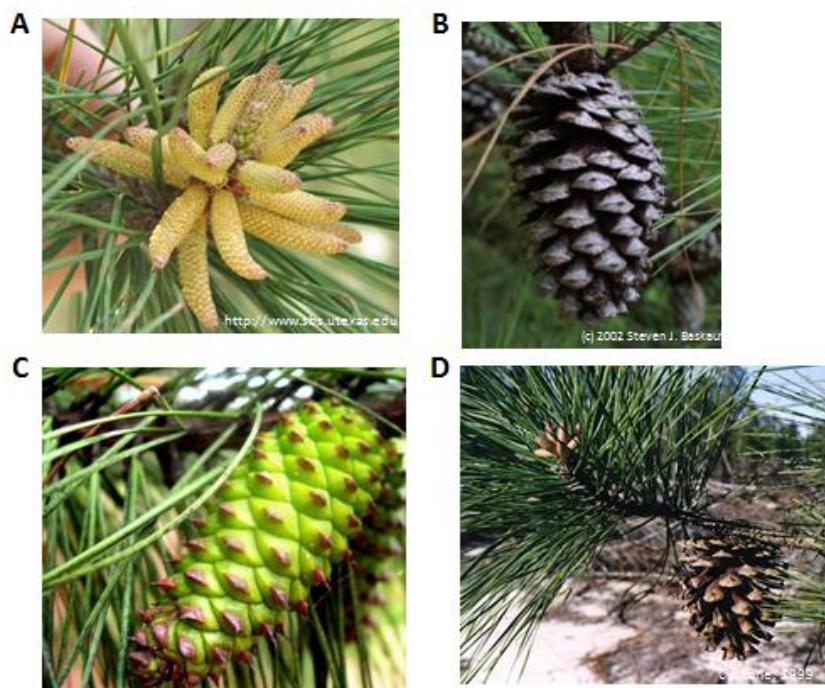
com drenagem superficial pobre e subsolo de textura fina, solos típicos na planície costeira do Atlântico (Baker e Langdon, 2004).

Árvores de *Pinus taeda* apresentam crescimento juvenil rápido, podendo atingir 35 a 45 metros de altura, com diâmetro à altura do peito (DAP) entre 1 a 1,5 metros quando adulta (Figura 1.2 A). Possuem os ramos acinzentados; casca gretada espessa e escamosa, de cor marrom-avermelhada escura; acículas reunidas em fascículos de dois ou três, com 10 a 17 cm de comprimento, de cor verde-escuro ou verde-amarelado, por vezes acinzentado (Figura 1.2 B-C). As acículas são cobertas por uma cutícula espessa que as protegem dos efeitos ambientais (Eckenwalder, 2009).

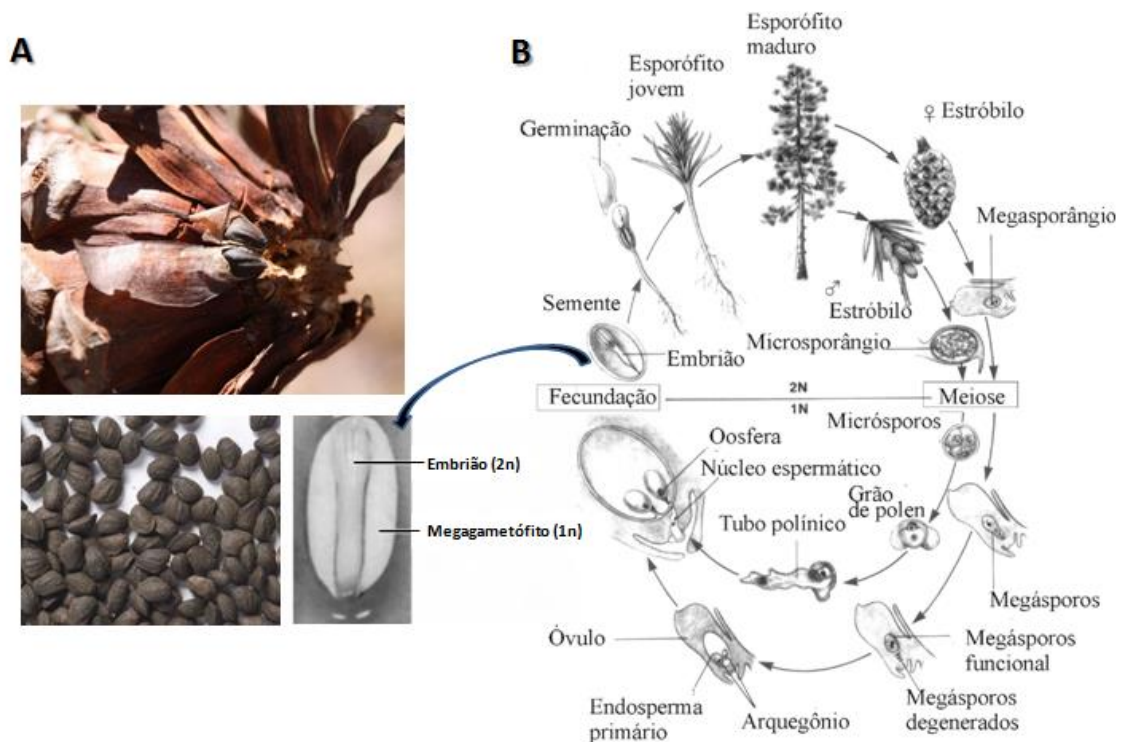


**Figura 1.2** – Aspecto morfológico de *Pinus taeda*. (A) árvore típica da espécie ocorrendo naturalmente em Nashville no Estado do Tennessee; (B) acículas reunidas em fascículos de três; (C) tronco com casca gretada acinzentada. Fonte: (Baskauf, 2002).

*Pinus taeda* é uma espécie monoica, na qual os estróbilos masculinos e os estróbilos femininos se encontram separados na mesma árvore (Figura 1.3). Os estróbilos masculinos se formam em cachos nas extremidades dos ramos desenvolvidos no ano anterior, e os femininos nos ramos desenvolvidos no ano corrente. Os estróbilos masculinos se formam em grupos, na base de novas brotações na parte média e inferior da copa de árvores adultas. São cilíndricos, com 2 a 4 cm de comprimento, de cor marrom amarelado, às vezes avermelhado dependendo do estágio de desenvolvimento (Figura 1.3 A). Os estróbilos femininos são cilíndricos e oblongos, com 6 a 12 cm de comprimento, muito persistentes, lenhosos, dotados de escamas espinhosas (escamas ovulíferas) com capacidade para 120 a 160 sementes (Figura 1.3 B). São de cor verde quando jovem e marrom quando madura (Figura 1.3 C-B). Quando madura abre amplamente as escamas para liberar as sementes, podendo ficar de 3 a 4 anos com sementes dentro do cone. A dispersão é anemocórica. As sementes tem forma de losango, com 5 a 7 mm de comprimento, cor marrom, com asas firmemente anexadas chegando a 23 mm de comprimento (Figura 1.4-A).



**Figura 1.3** - Aspectos morfológicos das estruturas reprodutivas de *Pinus taeda*. (A) Grupo de estróbilos masculinos; (B) Estróbilo feminino maduro após liberação de sementes (C) estróbilo feminino verde imaturo (D) Ramo com estróbilo feminino na base e masculino na ponta e fascículo de acículas. Fonte: (Baskauf, 2002) e banco de dados públicos.



**Figura 1.4** – Ciclo de vida do *Pinus*. (A) Aspectos morfológicos da semente: no cone feminino com as asas anexadas; fora do cone sem as asas; e com o embrião (2n) e megagametófito (1n) á vista; (B) Representação esquemática do ciclo de vida do *Pinus* da fase 1N (gametofítica) e 2N (esporofítica). Fonte: (White, Adams *et al.*, 2007) e banco de dados públicos.

A polinização começa no final do inverno começo da primavera, quando as escamas dos estróbilos femininos estão bem separadas, expondo os óvulos. O estróbilo masculino é formado de folhas denominadas microsporófilos, nos quais se encontram os microsporângios que, por meiose, produzem células haploides (n) denominadas micrósporos (Figura 1.4 B). Cada micrósporo diferencia-se em um grão de pólen alado, que é carregado pelo vento até o estróbilo feminino. Os estróbilos femininos são formados de folhas denominadas megasporófilos, nas quais se encontram os megasporângios ou nucelos. O nucelo possui uma célula-mãe diploide (2n), que, por meiose, forma quatro megásporos haploides (1n), dos quais três degeneram. O megásporo restante divide-se sucessivamente por mitose, originando um megagametófito haploide (1n). O megagametófito forma dois arquegônios, contendo cada um deles um gameta feminino, a oosfera (Figura 1.4 B). O zigoto resultante da fecundação da oosfera desenvolve-se em um embrião (o esporófito



diploide  $2n$ ), que fica envolto pelo megagametófito haploide. O conjunto formado pelo embrião e o megagametófito envolto pelo integumento é a semente (Figura 1.4 A).

*Pinus taeda* é uma espécie diploide, com 24 cromossomos ( $2n=24$ ). Assim como todas as Coníferas, possui um genoma grande de aproximadamente 24.000 Megabases ou mais precisamente 24,56pg/1C (1pg= 980 Mb genoma haploide) (Grotkopp, Rejmanek *et al.*, 2004). Esse tamanho representa cerca de oito vezes o tamanho do genoma Humano (3.200 Mb) (Morton, 1991), 40 vezes o tamanho de *Eucalyptus grandis* (600 Mb) (Grattapaglia e Bradshaw, 1994) e 44 vezes o genoma de *Populus deltoides* (540 Mb) (Dhillon, 1987). O genoma de *P. taeda* é caracterizado por diversas sequências repetitivas altamente divergentes (Kovach, Wegrzyn *et al.*, 2010). Murrays (1998) observou que não há correlação significativa entre o tamanho do genoma e a forma de crescimento, nem com parâmetros celulares e volume de pólen. Também não existe correlação clara entre tamanho do genoma e volume de traqueídeos. Entretanto, Wakamiya *et al.* (1993) notaram que espécies de *Pinus* com grande genomas têm o raio do lúmen menor e parede das células mais grossas no seu tecido condutor do que espécies de *Pinus* com genoma menor. Observaram também que espécies de *Pinus* com grandes genomas são mais adaptadas a ambientes xéricos, da mesma forma que genomas menores são mais adaptados a ambientes com temperaturas de primavera, mostrando uma correlação entre o tamanho do genoma e respostas adaptativas ao ambiente. Além disso, Grotkopp *et al.* (2004) acharam uma correlação forte entre tamanho do genoma e o tamanho do megagametófito na semente.

*Pinus taeda* é uma espécie de fácil adaptação e devido à sua importância econômica foi largamente introduzido em vários continentes, inclusive em regiões temperadas do hemisfério sul, incluindo o Brasil.

### **1.3 Importância Econômica do *Pinus* na Silvicultura Brasileira**

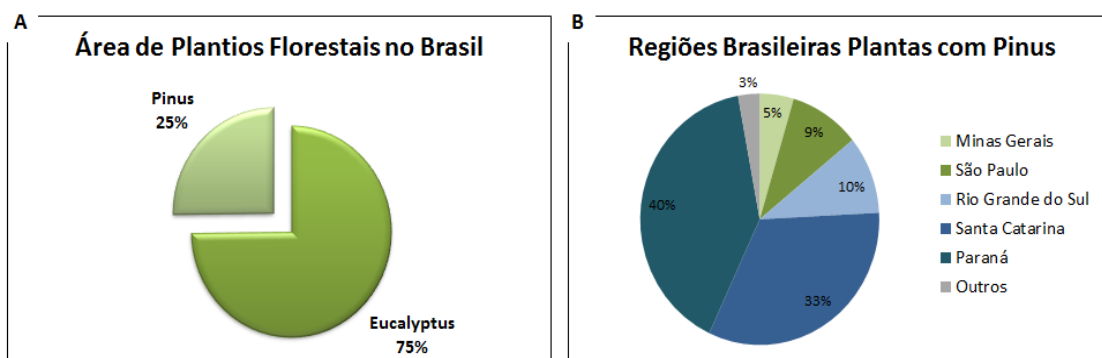
As primeiras espécies do gênero *Pinus* foram introduzidas no Brasil por imigrantes europeus para produção de madeira e fins ornamentais, entretanto, espécies de *Pinus* europeias não se adaptaram ao clima do país. Por volta de 1950, após incentivos fiscais do Serviço Florestal do Estado de São Paulo e com o objetivo de substituir a madeira da *Araucaria angustifolia*,

muito explorada na época, começaram a ser introduzidas e cultivadas espécies vindas dos Estados Unidos, conhecidas como Pinheiros Amarelos (*Southern yellow pines*), *P. echinata*, *P. palustris*, *P.elliottii* e *P. taeda* (Shimizu, 2008).

As espécies introduzidas que mais se destacaram foram *P. taeda* e *P. elliottii*, pela qualidade da madeira, facilidade nos tratamentos culturais, rápido crescimento e boa adaptação à região sul e sudeste do Brasil. *Pinus taeda* é hoje a espécie mais plantada no Brasil para fins comerciais, com intensa produção de matéria-prima para as indústrias de celulose, papel e artefatos de madeira sólida. É também uma das árvores mais plantadas em reflorestamentos no sul do país, pela boa adaptação ao solo arenoso, seco e ácido da região. A espécie *P. elliottii* é mais plantada para extração de resina e madeira serrada. *P. taeda* é preferido ao *P. elliottii* por se desenvolver mais rapidamente, por ser mais vigoroso na formação da copa, e, principalmente, por ter baixo teor de resina, que para a indústria de celulose e papel era um fator crucial (Shimizu, 2005; 2008). Além dos Pinheiros Amarelos, outras espécies de *Pinus* oriundas da América Central também foram introduzidas com sucesso no Brasil como *P. caribaea*, *P. oocarpa*, *P. tecunumanii*, *P. maximinoi*, *P. patula*, *P. chiapensis* e *P. greggii* (Shimizu, 2005). Cada uma dessas espécies apresenta uma particularidade quanto à qualidade da madeira, quantidade e qualidade de resina, capacidade de adaptação, resiliência aos fatores ambientais, produtividade entre outros fatores intrínsecos (Shimizu, 2008).

Na indústria, as principais fontes de matéria-prima para produção de celulose e papel no Brasil são oriundas de reflorestamentos de *Pinus* e *Eucalyptus*. Segundo o Anuário Estatístico da Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas- ABRAF 2012 (Abraf, 2012), em 2011 a área total ocupada por plantios florestais de *Eucalyptus* e *Pinus* no Brasil foi de 6.515.844 ha, sendo 74,8% correspondente à área de plantios de *Eucalyptus* e 25,2% aos plantios de *Pinus* (Figura 1.5 A). A área plantada com *Pinus* no Brasil totalizou 1.641.892 ha em 2011, concentrada principalmente na região Sul, com 1.361.767 mil hectares. Essa área corresponde a 83% da área total de *Pinus* plantada no país, onde o Estado do Paraná corresponde com 40% e Santa Catarina com 33% (Figura 1.5 B) (Abraf, 2012). Os segmentos industriais de Papel e Celulose detêm 61,1% da área plantada, seguido de Painéis de

Madeira Industrializada com 20,6% e de Produtores Independentes com 13,3% da área plantada.



**Figura 1.5** – Gráficos das estatísticas de áreas florestais plantadas no Brasil. (A) Percentual de área florestal plantada por espécies; (B) Porcentual de área florestal de *Pinus* plantadas por regiões. Fonte: Anuário estatístico da ABRAF 2012, ano base 2011 (Abraf, 2012).

Em 2009, o Brasil foi o 4º produtor de celulose mundial com 13.315 mil toneladas e o 9º produtor mundial de papel, com 9.428 mil toneladas, com exportações de US\$ 6,8 bilhões em 2010. A produtividade florestal de *Pinus* teve incremento médio anual de 36 m<sup>3</sup>/ha/ano com casca, um pouco menos que *Eucalyptus*, que no mesmo ano teve incremento médio anual 2010 de 40,5 m<sup>3</sup>/ha/ano com casca (Bracelpa, 2010/2011).

Os plantios de *Pinus* no Brasil apresentam ciclos de corte de cerca de 20 anos, sendo que desbastes são realizados nos plantios geralmente aos 8 e 14 anos de idade dependendo da finalidade e da espécie. A madeira nas idades de 8 e 14 anos é utilizada para produção de celulose e papel, aos 20 anos de idade é utilizada para serraria e laminação. O ciclo de corte de *Eucalyptus* é menor, entre 6 e 7 anos. *Eucalyptus* e *Pinus* apresentam comprimento das fibras diferentes. As fibras do gênero *Eucalyptus* apresentam comprimento entre 0,5 e 1,5 mm, *Pinus*, por sua vez, apresenta fibras longas que medem entre 3 e 6 mm de comprimento, dando origem a papéis com elevadas resistências físico-mecânicas, proporcionando características específicas ao papel, sendo ideais na produção de embalagens, papelão e papel de imprensa (Bassa, Junior *et al.*, 2007).

Através dos investimentos em pesquisa e melhoramento genético, árvores de melhor qualidade vêm sendo cultivadas, aumentando a produtividade das florestas plantadas com *Pinus* no Brasil e no Mundo. Muito dos estudos científicos no plantio de *Pinus* estão focados em *Pinus taeda* pela sua importância econômica e cultural nos Estados Unidos e no Brasil.

#### **1.4 Melhoramento Genético de *Pinus taeda***

O melhoramento genético tem tornado o uso industrial de *Pinus taeda* cada vez mais viável. A partir de 1950, a produtividade de *P. taeda* aumentou significativamente no sul e sudeste dos Estados Unidos. Através da aplicação do melhoramento na silvicultura e da seleção de técnicas avançadas de reprodução e cruzamentos estratégicos, árvores maiores, mais retas e mais resistentes a doenças foram desenvolvidas (Fox, Jokela *et al.*, 2007). Durante essa época houve grande incentivo dos órgãos de silvicultura estaduais americanos, da indústria florestal, das Universidades e do serviço florestal dos Estados Unidos. Começava-se a perceber o valor do melhoramento genético para o desenvolvimento florestal e da aplicação de pesquisas e programas de melhoramento no desenvolvimento de variedades que aumentassem a quantidade e a qualidade das plantações (Zobel e Talbert, 1984).

Vários programas de melhoramento genético de *P. taeda* encontram-se hoje na terceira geração de seleção a partir das populações naturais, tanto no Brasil quanto nos Estados Unidos. No entanto, ao contrário das variedades agrícolas, árvores florestais melhoradas são ainda consideradas não domesticadas, devido à pequena divergência genética em relação às populações naturais (Neale e Ingvarsson, 2008). As plantações melhoradas oferecem uma série de vantagens sobre as florestas naturais, uma vez que aumentam a qualidade da madeira produzida e a produtividade das plantações, suprimindo as necessidades industriais, produzindo árvores com uniformidade muito maior, gerando menos custos de colheita e transporte, com maior rendimento (White, Adams *et al.*, 2007; Neale e Ingvarsson, 2008).

Estudos feitos com sementes de diferentes procedências naturais de *Pinus taeda* mostraram diferenças no crescimento, na sobrevivência, na resistência a doenças e na resistência à seca e ao frio. Essas diferenças geográficas levaram os geneticistas a considerar as vantagens econômicas resultantes da seleção de procedências. No Brasil, os primeiros plantios

comerciais com *Pinus taeda* eram de baixa qualidade, com tortuosidades, bifurcações e com ramos grossos. Após vários estudos sobre variações geográficas nos materiais genéticos introduzidos no Brasil, sementes provindas das procedências das planícies costeiras do estado da Carolina do Sul foram consideradas como as de maior produtividade e melhor qualidade no sul e sudeste do Brasil. Entretanto para outras regiões, como as serras gaúchas e planalto catarinense, sementes provindas das procedências da Carolina do Norte mostraram ter maior produtividade nessas regiões (Shimizu, 2008). Através de trabalhos básicos de seleção criteriosa e cruzamentos controlados, conseguiu-se também alterar as características das árvores, aumentando o valor das florestas de *P. taeda* no Brasil. Atualmente, com o uso de sementes de árvores geneticamente melhoradas, não só aumentou-se a produtividade, mas melhorou, substancialmente, a qualidade da madeira, diminuindo as tortuosidades (Shimizu, 2008). A Embrapa Florestas vem trabalhando no programa de melhoramento genético de *Pinus*, visando maximizar a produtividade no Brasil (Shimizu, 2008).

Durante os últimos 20 anos, novas metodologias foram incorporadas aos programas de melhoramento de *Pinus*. Muitas ferramentas genômicas foram desenvolvidas para acelerar o processo de domesticação e buscar a melhoria da qualidade da madeira, especificamente quanto às características ligadas à produção industrial, procurando otimizar o rendimento das florestas (Neale e Kremer, 2011).

### **1.5 Aplicação dos marcadores moleculares em *Pinus taeda***

Marcadores moleculares são importantes ferramentas para o melhoramento florestal. Em menos de meio século, os marcadores moleculares revolucionaram os estudos genéticos de *Pinus taeda* e o conhecimento da sua natureza genômica e de seus processos evolutivos (Neale e Kremer, 2011). Os primeiros marcadores para *Pinus taeda* foram desenvolvidos no começo da década de 80, a partir de variações em proteínas enzimáticas (isoenzimas) (Adams e Joly, 1980a). Após a chegada de novas técnicas moleculares baseados em variações de sequências de DNA, ainda nos anos 80, as análises genéticas em *P. taeda* progrediram essencialmente. Marcadores como os RFLPs (Devey, Fiddler *et al.*, 1994), AFLPs (Remington, Whetten *et al.*, 1999), RAPDs (Sewell, Sherman *et al.*, 1999), ESTPs (Temesgen,

Brown *et al.*, 2001), SSRs (Elsik, Minihan *et al.*, 2000) e SNPs (Eckert, Pande *et al.*, 2009) foram amplamente utilizados em *P. taeda*.

As aplicações das várias classes de marcadores em *P. taeda* foram amplas, como no estudo de diversidade genética (Al-Rabab'ah e Williams, 2002), diversidade nucleotídica (Brown, Gill *et al.*, 2004), nos estudos de conservação genética (Allendorf, Hohenlohe *et al.*, 2010), nas relações taxonômicas e filogenéticas entre as espécies (Eckert e Hall, 2006), na construção de mapas genéticos (Devey, Fiddler *et al.*, 1994), na identificação de locos que controlam caracteres quantitativos (Knott, Neale *et al.*, 1997), estudos de genética de associação (Gonzalez-Martinez, Wheeler *et al.*, 2007) entre outros. Revisões sobre este tema têm sido publicadas (Neale, 2007; Neale e Kremer, 2011).

### **1.5.1 Isoenzimas**

Os primeiros trabalhos com marcadores moleculares em *Pinus taeda* foram feitos com marcadores isoenzimáticos (Adams e Joly, 1980b; a; Adams, 1981; Conkle, 1981; Adams, 1983). Esses marcadores têm como princípio as variações existentes na sequência de aminoácidos entre enzimas que catalisam a mesma reação química, podendo ser distinguidas por eletroforese em gel de amido de acordo com as diferenças de tamanho e carga causadas por substituições de aminoácidos (White, Adams *et al.*, 2007).

Os marcadores isoenzimáticos foram utilizados nos programas de melhoramento de *P. taeda*, nos estudos de sistemas de cruzamento em pomares de sementes (Adams, 1981; 1983), nos primeiros estudos de variação alélica entre os sistemas enzimáticos (Adams e Joly, 1980a; Conkle, 1981) e nas primeiras versões do mapa genético (Adams e Joly, 1980b; Conkle, 1981). Os marcadores isoenzimáticos foram muito utilizados para *P. taeda* na época, entretanto, o número de loci informativos é demasiadamente pequeno. Além disso, é um método indireto e pouco polimórfico para detectar variações no DNA (Schlotterer, 2004).

### 1.5.2 RFLP - Polimorfismo do comprimento de fragmentos de restrição

No começo da década de 80 surgiram também os primeiros marcadores RFLP para o genoma humano (Botstein, White *et al.*, 1980), um marcador molecular baseado em variações de sequências de DNA e não em polimorfismos enzimáticos. No RFLP, o polimorfismo é evidenciado pela fragmentação da fita dupla do DNA através do uso de enzimas de restrição. Essa técnica detecta diferenças existentes nas sequências de DNA entre indivíduos distintos. Essa diferença pode ser resultante de alterações em uma única base nitrogenada no sítio de restrição da enzima, como transversões, transições, inserções ou deleções, ou ainda devido a alterações na estrutura do cromossomo como duplicações, deleções, translocações ou inversões, gerando assim fragmentos de diferentes tamanhos entre os indivíduos. Os fragmentos gerados são então hibridizados com sequências homólogas de DNA marcadas e observados pela emissão de radioatividade em filmes (autoradiografia) ou compostos que desencadeiam uma reação de luminescência (Botstein, White *et al.*, 1980; Jones, Ougham *et al.*, 1997).

No final da década de 80, Devey *et al.* (1991) desenvolveram os primeiros marcadores RFLP para *P. taeda* e demonstraram sua herança mendeliana. Esses marcadores foram desenvolvidos a partir da hibridização de sondas de DNA complementar (cDNA) e DNA genômico de *P. taeda* com o DNA de indivíduos derivados de um cruzamento envolvendo três gerações. Eles perceberam que sondas de cDNA apresentavam níveis de polimorfismo melhores do que sondas de DNA genômico. Os marcadores RFLPs desenvolvidos para *P. taeda* a partir de sondas de cDNA foram utilizados na construção de mapas genéticos (Devey, Groover *et al.*, 1994; Devey, Sewell *et al.*, 1999; Sewell, Sherman *et al.*, 1999) e na identificação de locos cromossômicos que controlam caracteres quantitativos (QTL) (Groover, Devey *et al.*, 1994). Os RFLP são marcadores co-dominantes, e com boa reprodutibilidade. No entanto, apresentam baixa taxa de multiplexagem e são laboriosos (Jones, Ougham *et al.*, 2009). Especificamente no caso de *Pinus*, com genoma extremamente grande e duplicado, dificuldades técnicas adicionais foram encontradas, as quais demandavam a utilização de quantidades muito maiores de DNA e tempos de exposição autoradiográfica da ordem de semanas para a obtenção de dados de qualidade em

comparação a espécies nas quais RFLPs foram tradicionalmente utilizados, tais como tomate, milho e outras (White, Adams *et al.*, 2007).

### **1.5.3 RAPD - Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso**

Em 1990, Williams *et al.* desenvolveram uma nova tecnologia de detecção de polimorfismos de DNA baseada na amplificação simultânea de segmentos de DNA com iniciadores individuais de sequência arbitrária (10-14 nucleotídeos). Essa técnica é chamada de RAPD. Os RAPD são marcadores dominantes, que podem apresentar herança mendeliana. Os marcadores RAPD são muito mais simples e menos dispendiosos do que os marcadores RFLP, não necessitando do conhecimento prévio da sequência nem de sondas radioativas. No entanto, apresentam reprodutibilidade variável e demandam uma análise criteriosa de apenas uma porção mais robusta das bandas amplificadas (Jones, Ougham *et al.*, 2009).

Essa tecnologia foi utilizada na análise das relações genéticas e evolutivas entre espécies de *Pinus* (Furman, Grattapaglia *et al.*, 1997; Dvorak, Jordon *et al.*, 2000). Em *P. taeda*, RAPD foi utilizado na construção de alguns dos primeiros mapas genéticos (Carlson, Tulsieram *et al.*, 1991; Grattapaglia, Chaparro, Wilcox, Mccord, Werner, Amerson, Mckeand, Bridgwater, Whetten, O'malley *et al.*, 1992) mapa consenso conjuntamente com RFLP (Sewell, Sherman *et al.*, 1999).

### **1.5.4 AFLP - Polimorfismo de Comprimentos de Fragmentos Amplificados**

A técnica AFLP foi descrita em 1995 por Pieter Vos e colaboradores (Vos, Hogers *et al.*, 1995). Essa técnica é baseada na combinação da técnica RFLP com as vantagens da reação de polimerase em cadeia (PCR - *Polymerase Chain Reaction*). Nela os fragmentos gerados a partir da digestão do DNA são amplificados por PCR. Neste caso, porém, o DNA é digerido com dois tipos de endonucleases (corte raro e corte frequente), gerando fragmentos de diferentes tamanhos. Em seguida adaptadores complementares às sequências do sítio de restrição são ligados aos fragmentos gerados e iniciadores complementares aos adaptadores com duas ou mais bases seletivas adicionais no terminal 3' são usados para a reação de polimerase em cadeia. A reação nestas condições é seletiva, amplificando somente os



fragmentos que contenham em sua extremidade as bases complementares às bases seletivas do iniciador. O número de fragmentos gerados numa única reação pode variar de 50-100, dependendo da resolução do sistema de detecção. Podem ser detectados por géis desnaturantes de poliacrilamida ou por fluorescência (Vos, Hogers *et al.*, 1995). Os marcadores analisados são tipicamente dominantes, tipo presença/ausência assim como RAPD (White, Adams *et al.*, 2007).

Diferente do RAPD o AFLP foi mais utilizado em *P. taeda*. Mapas genéticos pra *P. taeda* foram construídos utilizando marcadores AFLP (Remington, Whetten *et al.*, 1999; Komulainen, Brown *et al.*, 2003). Marcadores AFLP também foram utilizados nos estudos de variabilidade genética (Cervera, Remington *et al.*, 2000) e diversidade genética para o melhoramento de *P. taeda* (Stewart, Liu *et al.*, 2010).

Essa técnica é robusta e confiável, não sendo necessário o conhecimento prévio da sequência. Além disso, apresenta alto rendimento de locos polimórficos e boa reprodutibilidade (Eriksson, Ekberg *et al.*, 2006). Os custos acessíveis e a relativa simplicidade tornaram a técnica AFLP interessante para *Pinus* (Remington, Whetten *et al.*, 1999).

#### **1.5.5 ESTP - Polimorfismo de sequências expressas marcadas**

Marcadores ESTP são marcadores moleculares baseados em PCR derivados de sequência expressas marcadas (EST– *Expressed sequenced tag*) a partir de clones de DNA complementar (cDNA). A detecção do polimorfismo requer um par de iniciadores de PCR desenhado a partir de sequência de EST. Os iniciadores são então utilizados para amplificar fragmentos de DNA. O polimorfismo dentro dos segmentos amplificados de ESTs pode ser detectado com enzimas de restrição ou técnicas de eletroforese desnaturante e renaturação tais como DGGE (*Denaturing Gradient Gel Electrophoresis*) ou SSCP (*Single Stranded Conformational Polymorphism*). Marcadores derivados de ESTPs podem ser codominantes, e revelar polimorfismo dentro, ou em sequências flanqueadoras, de genes expressos, sendo uma vantagem importante sobre a maior parte dos outros marcadores genéticos baseados em PCR (White, Adams *et al.*, 2007).

Harry *et al.* (1998) desenvolveram o primeiro marcador baseado em PCR a partir de clones de cDNA de *P. taeda*. Esses mesmos clones foram usados como sondas para a detecção de RFLP para gerar mapas genéticos (Devey, Jermstad *et al.*, 1991). A partir dos cDNAs pares de primers específicos foram desenhados para amplificar amostras de DNA genômico de duas populações de mapeamento de *P. taeda*. Os produtos resultantes da PCR foram digeridos com diferentes enzimas de restrição e revelaram padrão de polimorfismos mendeliano. Esta técnica ficou conhecida como PCR-RFLP. No entanto, essa metodologia foi considerada demorada e ineficiente para grandes projetos. Temesgen *et al.* (2001) trabalharam com ESTPs sem a manipulação adicional dos produtos de PCR. Os polimorfismos foram identificados pela mobilidade dos produtos da PCR por eletroforese em gel de gradiente desnaturante (DGGE –*Denaturing gradient gel electrophoresis*). Através dessa metodologia, marcadores ESTPs foram mapeados em duas populações de mapeamento de *P. taeda* e utilizados como marcadores âncoras de referência em *P. taeda* e na integração dos genomas de *Pinus* (Conifer Comparative Genomics Project - CCGP; <http://dendrome.ucdavis.edu/Synteny>) (Brown, Kadel *et al.*, 2001). Ao contrário de muitos outros marcadores comumente utilizados no mapeamento, ESTPs podem ser utilizados para mapear genes de função conhecida, ou para identificar genes candidatos que afetam locos que controlam caracteres quantitativos importantes em *P. taeda* (Brown, Bassoni *et al.*, 2003).

### 1.5.6 SSR - Marcadores microssatélites

Os marcadores microssatélites ou SSR são pequenos trechos de DNA repetidos em tandem compostos de 1-4 unidades de pares de bases (*sequence motif*). No genoma de *Pinus* repetições di-trinucleotídeo (AC)<sub>n</sub> e (AAT)<sub>n</sub> são comumente encontradas (Echt e May-Marquardt, 1997; White, Adams *et al.*, 2007). O polimorfismo é identificado pela variação no número das unidades repetitivas entre os indivíduos através da amplificação por PCR utilizando iniciadores flanqueantes as regiões repetitivas. A detecção pode ser feita pela observação direta em gel de agarose de alta resolução, em gel de poliacrilamida ou em eletroforese por capilaridade detectada automaticamente por captura de emissão de fluorescência (White, Adams *et al.*, 2007). Devido à sua abundância e alta taxa de mutação, da ordem de 10<sup>-3</sup> que permite potente discriminação individual, eles têm sido utilizados como

marcadores genéticos em *Pinus*, especialmente para fins de investigação de variação genética e parentesco em populações naturais de melhoramento e em menor escala para a construção de mapas genéticos (Smith e Devey, 1994; Echt, May-Marquardt *et al.*, 1996; Echt e May-Marquardt, 1997; Pfeiffer, Olivieri *et al.*, 1997; Elsik, Minihan *et al.*, 2000; Williams, Elsik *et al.*, 2000; Eckert, Pande *et al.*, 2009; Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011).

Apesar dos marcadores microssatélites serem vantajosos pela sua herança codominante, multi-alelismo, robustez e transferibilidade, atributos que fazem deles marcadores moleculares altamente informativos e de fácil utilização para análises genéticas de espécies florestais (Grattapaglia, 2007), marcadores microssatélites são difíceis de desenvolver para *Pinus*, devido à complexidade do genoma (Kinlaw e Neale, 1997; Grotkopp, Rejmanek *et al.*, 2004). Complexos padrões de bandas (múltiplos locos) são muitas vezes observados devido à presença de regiões duplicadas no genoma, dificultando as análises (Devey, Fiddler *et al.*, 1994). Mesmo assim é possível obter um bom número de marcadores em um espaço de tempo razoável a custos viáveis para aplicações que demandam baixa densidade de genotipagem (White, Adams *et al.*, 2007). Algumas abordagens foram utilizadas como tentativa para contornar esses problemas. Marcadores microssatélites foram recuperados a partir da construção de bibliotecas enriquecidas para DNA de baixa cópia (*low-copy-enrichment*) (Elsik, Minihan *et al.*, 2000; Elsik e Williams, 2001). Zhou *et al.* (2002) recuperaram marcadores microssatélites via seleção de regiões de DNA hipo-metiladas. Ambas as abordagens renderam marcadores microssatélites de grande utilidade para *P. taeda*, sendo utilizados, por exemplo, em estudos de dinâmica de populações de *P. taeda* (Al-Rabab'ah e Williams, 2002) e no mapeamento genético (Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011).

Marcadores microssatélites foram desenvolvidos também a partir de regiões de ESTs (EST-SSR) (Chagne, Chaumeil *et al.*, 2004; Liewlaksaneeyanawin, Ritland *et al.*, 2004). Através desses trabalhos mais de 300 marcadores EST-SSR informativos foram descobertos. Os marcadores EST-SSR são úteis, pois o seu desenvolvimento é mais rápido e econômico, representam genes transcritos, sendo úteis para testar a diversidade supostamente funcional em populações naturais ou coleções de germoplasma. Estes marcadores são valiosos devido ao seu maior grau de transferibilidade entre espécies relacionadas, e sua

utilidade como marcadores de ancoragem entre mapas genéticos de pedigrees ou mesmo espécies distintas, em estudos de caracterização de populações, no mapeamento genético e em estudos de genômica comparativa (Brown, Kadel *et al.*, 2001; Liewlaksaneeyanawin, Ritland *et al.*, 2004; Varshney, Graner *et al.*, 2005; Bérubé, Zhuang *et al.*, 2007; Echt, Saha, Deemer *et al.*, 2011).

### **1.5.7 SNP - Polimorfismo de uma única base**

Os marcadores SNPs são variações naturais que ocorrem em apenas uma base nitrogenada na sequência de DNA entre indivíduos. Essas variações podem ocorrer por mutação (transições ou transversões) e fixadas na população através de processos evolutivos como deriva genética e seleção natural (Freeland, 2005). É a fonte mais abundante de variação genética entre indivíduos de uma espécie. Em *Pinus taeda*, estima-se que um SNP ocorra uma vez a cada 60 pares de base (pb) (Brown, Gill *et al.*, 2004). Em contraste, SNPs são encontrados cerca de 1/1200 pb em seres humanos (Collins, Brooks *et al.*, 1998).

Os SNPs podem ser descobertos por alinhamento múltiplo de sequências disponíveis em bancos de dados ou por sequenciamento *de novo* de um conjunto de amostras de indivíduos. SNPs podem também ser descobertos via sequenciamento massal do genoma de múltiplos indivíduos com tecnologias de sequenciamento de alto desempenho (NGS- *Next-generation sequencing*) que fornecem sequências de DNA de forma econômica e em grande escala (Nielsen, Paul *et al.* 2011). A genotipagem dos SNPs pode ser feita com diversas tecnologias, como GoldenGate™ (Illumina), em menor escala de 384 SNPs/amostra, e Infinium (Illumina) e Axiom (Affymetrix) que permitem genotipar de milhares a centenas de milhares de SNPs.

Em *Pinus*, marcadores SNPs tem sido utilizados com sucesso em estudos de associação genética com base em genes candidatos (Gonzalez-Martinez, Ersoz *et al.*, 2006; Gonzalez-Martinez, Wheeler *et al.*, 2007; Gonzalez-Martinez, Huber *et al.*, 2008; Quesada, Gopal *et al.*, 2010; Cumbie, Eckert *et al.*, 2011; Eckert, Wegrzyn *et al.*, 2012), no mapeamento comparativo (Quesada, Gopal *et al.*, 2010; Chancerel, Lepoittevin *et al.*, 2011; Jermstad, Eckert *et al.*, 2011) na seleção genômica (Resende, Munoz *et al.*, 2012) e em estudos de

genômica populacional. Por exemplo, Eckert *et al.* (2010) utilizaram 1.730 marcadores SNPs identificados a partir de EST de *P. taeda* e genotipados utilizando a tecnologia GoldenGate™ para analisar a variação genética existente entre 54 populações de *P. taeda* adaptadas a climas diferentes, demonstrando o potencial da integração de metodologias de estatística espacial, genética populacional e modelagem de clima para a detecção de assinaturas da seleção natural a partir de dados genômicos. SNP é potencialmente o melhor tipo de marcador genético, devido à sua abundância no genoma, sua estabilidade e potencial associação com locos que conferem características adaptativas (Collins, Brooks *et al.*, 1998; Gonzalez-Martinez, Krutovsky *et al.*, 2006).

### 1.5.8 Mapeamento Genético

Mapeamento genético tem sido uma das abordagens experimentais centrais nas ciências genômicas, fornecendo uma ferramenta que permite conectar genótipos e fenótipos com base em um modelo Mendeliano. Além disso, constituem uma ferramenta potente para a investigação da estrutura do genoma (White, Adams *et al.*, 2007). Entre as aplicações mais importantes dos mapas genéticos para *Pinus* estão o conhecimento básico da organização do genoma e evolução (Kinlaw e Neale, 1997), e a localização de locos que conferem caracteres mendelianos (Devey, Sewell *et al.*, 1999) e oligogênicos (Groover, Devey *et al.*, 1994).

As primeiras tentativas de desenvolver mapas genéticos para *Pinus taeda* ocorreram em 1980, utilizando marcadores isoenzimáticos (Adams e Joly, 1980b; Conkle, 1981). Entretanto, devido à pequena quantidade de marcadores disponíveis, a distribuição dos marcadores ao longo dos 12 pares de cromossomos de *P. taeda* era limitada. Após o advento dos marcadores baseados em DNA, no final dos anos 80 início dos 90, começou-se a construir mapas genéticos mais refinados e com mais marcadores distribuídos pelo genoma. O primeiro mapa genético com marcadores baseados em DNA para *P. taeda* foi construído em 1991, com 191 marcadores RAPD, distribuídos nos 12 cromossomos, segregando em 60 megagametófitos haploides de uma árvore de referência em *P. taeda*, conhecida como clone 7-56 (Grattapaglia, P Wilcox *et al.*, 1991; Grattapaglia, Chaparro, Wilcox, Mccord, Werner, Amerson, Mckeand, Bridgwater, Whetten, Omalley *et al.*, 1992). Esse clone é o mais

estudado e o mais testado em trabalhos com *P. taeda*. Remington *et al.* (1999) incorporaram também 508 marcadores AFLP em 12 grupos de ligação, utilizando 93 megagametófitos haploide do clone 7-56. Devey *et al.* (1994) construíram um mapa baseado em RFLP, desenvolvido através dos dados da segregação de 95 irmãos completos de uma F2 derivada de uma população não endogâmica de três gerações (*three-generation outbred*), denominada população “*base*” (Devey, Jermstad *et al.*, 1991). Foram mapeados nesse trabalho 73 marcadores RFLP, detectados por sondas de cDNA, e 2 locos isoenzimáticos em 20 grupos de ligação. Na mesma época, Groover *et al.* (1994) usaram 177 irmãos completos de uma população de *P. taeda* do mesmo tipo (*three-generation outbred*), denominada população “*qtl*” (pertencente a companhia Weyerhaeuser). Essa população foi genotipada com marcadores RFLP desenvolvidos por Devey *et al.* (1991) e co-segregavam com QTLs para densidade da madeira. Estas duas populações de irmãos completos geneticamente não relacionados, “*base*” e “*qtl*”, tornaram as populações de referência para o mapeamento de *P. taeda*.

Para reunir as informações dos mapas que estavam sendo desenvolvidos e proporcionar um conhecimento maior sobre a organização dos genes dentro do genoma e sua evolução, mapas consenso e mapas comparativos foram desenvolvidos. Sewell *et al.* (1999) construíram o primeiro mapa consenso para *P. taeda* a partir da integração de dados de mapeamento das duas populações, “*base*” e “*qtl*” (Devey, Fiddler *et al.*, 1994; Groover, Devey *et al.*, 1994), resultando em um mapa consenso com 357 marcadores moleculares únicos, sendo 278 RFLPs, 67 RAPDs e 12 isoenzimas, distribuídos em 20 grupos de ligação. Devey *et al.* (1999) conduziram uma análise genética comparativa entre as populações “*base*” e “*qtl*” de *P. taeda* e uma população de *P. radiata* usando um conjunto comum de marcadores RFLP e marcadores microssatélites. Ao todo 60 marcadores RFLP e 9 microssatélites foram mapeados em ambas as espécies e compartilhados entre os mapas, não encontrando evidências de rearranjo cromossômico entre as populações de *Pinus taeda* e *Pinus radiata*.

Apesar dos esforços iniciais, via-se a necessidade de enriquecer as informações genéticas de *P. taeda* através da construção de mapas genéticos mais informativos e mais robustos, com base em populações maiores e com mais marcadores genéticos. Mapas genéticos com altos

níveis de cobertura do genoma e com marcadores bem ordenados eram necessários para a identificação e mapeamento de locos que conferem caracteres quantitativos (QTL). Temesgen *et al.* (2001) utilizou o mapa consenso de *P. taeda* (Sewell, Sherman *et al.*, 1999) para incorporar mais 56 marcadores baseados em ESTP. Em 2009, Eckert *et al.* desenvolveram 384 marcadores SNPs através do resequenciamento de genes candidatos a resistência a doenças, qualidade da madeira e tolerância à seca. Esses marcadores foram genotipados a partir de aplicações de tecnologia de alto desempenho GoldenGate™ (Illumina). Ao todo 27 genes candidatos foram incorporados ao mapa consenso de *P. taeda* (Sewell, Sherman *et al.*, 1999), distribuídos em 12 grupos de ligação. A integração desses marcadores ao mapa consenso não alterou substancialmente o comprimento do mapa, nem a organização dos marcadores nos grupos de ligação. Em 2001, Echt *et al.* (2011) incorporaram ao mapa consenso de *P. taeda* mais 170 marcadores microssatélites, desenvolvidos a partir de bibliotecas de ESTs, visando aumentar a cobertura do genoma. Todos os marcadores mapeados foram anotados por Echt *et al.* (2011) permitindo a avaliação de marcadores EST redundantes e parálogos, buscando melhorar a qualidade e a utilidade do mapa genético de *P. taeda*. Mapa genético denso tem importante utilidade para auxiliar na montagem da sequência completa do genoma de *Pinus taeda*, que vêm sendo sequenciado (Crepeau, Puiu *et al.*, 2013; Wegrzyn, Lin *et al.*, 2013).

### **1.5.9 Recursos genômicos de BACs para sequenciamento do genoma de *Pinus***

Bibliotecas de clones de cromossomos artificiais de bactérias (BAC- *Bacterial Artificial Chromosomes*) são bibliotecas compostas por grandes insertos de DNA da ordem de 100 a 200 kb. Bibliotecas BACs têm sido ferramentas úteis para o mapeamento físico de genomas, estudos de citogenética molecular, genômica comparativa e sequenciamento do genoma. Mapas físicos de clones BACs e o sequenciamento de pontas de clones BAC tem um papel importante nas estratégias de sequenciamento de genomas grandes e complexos, servindo de base para o isolamento de genes (Schulte, Ariyadasa *et al.*, 2011; Ariyadasa e Stein, 2012).

Esforços de manipulação física do genoma de coníferas em geral têm sido muito limitados em função do tamanho e da complexidade do genoma. Entretanto, com o objetivo de

fornecer os recursos necessários para avançar na pesquisa genômica de *P. taeda*, Magbanua *et al.* (2011) construíram uma biblioteca BAC para a árvore clone 7-56 de *Pinus taeda* com 1.824.728 clones individuais, com tamanho de inserção médio de 96 Kb, proporcionando uma cobertura de 7.6X do genoma de *P. taeda*. Além da utilização na caracterização do genoma e no isolamento de genes, esta biblioteca BAC poderá ser utilizada em combinação com tecnologias de seqüenciamento de alto desempenho para auxiliar na futura montagem do genoma de *Pinus taeda*.

### **1.6 Novas tecnologias de genotipagem em larga escala para aplicação em *Pinus taeda***

Avanços na biologia molecular têm levado à introdução de novos tipos de marcadores moleculares cada vez mais informativos, robustos e confiáveis, com alto rendimento a custos cada vez menores para coníferas (Neale e Kremer, 2011). A disponibilidade de marcadores moleculares confiáveis é de grande importância para se pensar em integrar a genômica no melhoramento de plantas. A tecnologia de marcadores moleculares ideal deve gerar milhares marcadores moleculares, que cubra todo o genoma (*Genome-wide*) de forma simples, confiável e a custo acessível (Allendorf, Hohenlohe *et al.*, 2010). Entretanto em *Pinus taeda* ainda existe uma carência de tecnologias que ofereçam uma cobertura ampla do genoma. A maioria dos marcadores desenvolvidos para essa espécie é dependente de eletroforese, necessitam de conhecimento prévio da sequência de DNA e de uma pré-identificação do polimorfismo antes de serem aplicados em grande escala. Essas limitações dificultam a geração de grande número de marcadores, além dos altos custos das genotipagens em grandes populações.

O desenvolvimento de técnicas robustas que permitam a genotipagem de milhares de marcadores em milhares de amostras em um experimento único seria útil nas aplicações que demandam uma análise ampla do genoma. Essa capacidade tornará possível responder muitas questões importantes na conservação, entender os processos evolutivos, avaliar a diversidade genética, informar a história filogenética, acelerar os programas de introgressão, além de ser de grande utilidade para mapeamento de locos que controlam caracteres



quantitativos e na caracterização de germoplasma (Luikart, England *et al.*, 2003; Allendorf, Hohenlohe *et al.*, 2010).

### **1.6.1 DArT – Diversity Arrays Technology**

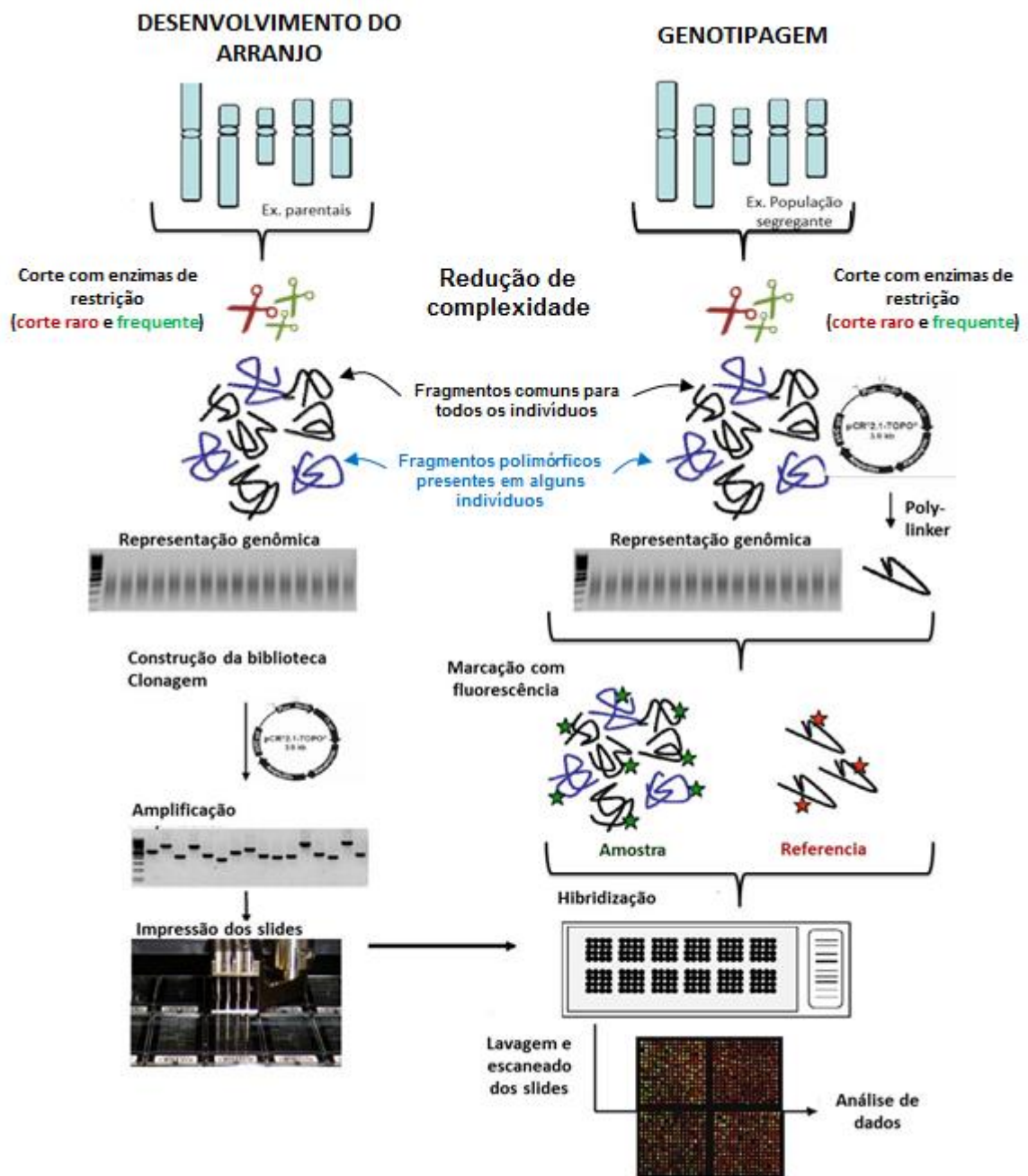
A tecnologia DArT, desenvolvida pela empresa Australiana DArT Pty Ltd, apresenta uma metodologia de genotipagem capaz de analisar milhares de marcadores em centenas a milhares de amostras com relativa facilidade (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001). Essa tecnologia é baseada em hibridização com microarranjos para descoberta de SNP e inserção/deleção ao longo do genoma, permitindo traçar o perfil genético do genoma inteiro em um único experimento, a baixo custo por *data point* e sem a necessidade da informação da sequência ou oligonucleotídeos (Wenzl, Carling *et al.*, 2004). Marcadores DArT já foram utilizados em várias espécies de plantas, animais, comunidades microbianas, fungos entre outros (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001; Wenzl, Carling *et al.*, 2004; Braithwaite, 2005; Wittenberg, Van Der Lee *et al.*, 2005; Xia, Peng *et al.*, 2005; Amorim, Vilarinhos *et al.*, 2009; Bartos, Sandve *et al.*, 2011; Howard, Whittock *et al.*, 2011; Yang, Saxena *et al.*, 2011). Os marcadores DArT também foram extensivamente utilizados para aplicações genéticas como análise de diversidade, construção de mapas genéticos, mapeamento físico, identificação de QTLs entre outros (Wenzl, Carling *et al.*, 2004; Paux, Legeai *et al.*, 2008; White, Law *et al.*, 2008; Steane, Nicolle *et al.*, 2011; Zhang, Liu *et al.*, 2011; He e Bjørnstad, 2012; Petroli, Sansaloni *et al.*, 2012).

A metodologia DArT envolve duas etapas principais, o desenvolvimento do microarranjo e a preparação das amostras para a genotipagem (Figura 1.6). O primeiro passo na tecnologia DArT é a redução de complexidade. A representação genômica resultante é o ponto inicial para as etapas seguintes. A redução de complexidade envolve a digestão do DNA com duas enzimas de restrição, ligação com adaptadores e amplificação por PCR dos fragmentos ligados com o adaptador. O processo de digestão ocorre com uma enzima de corte raro, geralmente a *PstI*, e uma de corte frequente (*TaqI*, *BstNI*, *MseI*, etc). Após a digestão, adaptadores são ligados à sequência complementar do sítio de reconhecimento da enzima *PstI*, de forma que somente os fragmentos *PstI/PstI* são amplificados, direcionando assim a representação genômica desejada via PCR. Fragmentos com uma ou ambas as extremidades digeridas pela enzima de corte raro não são amplificados, detectando assim variações

existentes nas sequências de DNA dos sítios enzimáticos entre os indivíduos. A enzima *PstI* também reconhece e corta regiões hipometiladas do DNA, ricas em DNA de baixa cópia, selecionando para amplificar regiões gênicas preferencialmente.

Após a redução de complexidade, a construção do microarranjo é o primeiro procedimento a ser realizado. Representações genômicas dos diversos indivíduos que representem o germoplasma de interesse são misturadas e submetidas à clonagem para a criação das bibliotecas com insertos individuais. Os insertos são então amplificados por PCR e após algumas etapas de processamento os insertos amplificados, ou sondas, são imobilizados sobre um *slide* de vidro, formando o microarranjo com aproximadamente 7.680 sondas imobilizadas em duplicata. Formado o microarranjo, as amostras são preparadas para a genotipagem. Representações genômicas dos indivíduos a serem genotipados são amostradas com réplicas completas e marcadas individualmente com fluorescência (verde em uma réplica e vermelha na outra). Após a marcação, as representações genômicas são hibridizadas sobre o microarranjo e analisados para detecção do polimorfismo. As sondas polimórficas detectadas mostram sinais de hibridização variáveis entre diferentes indivíduos, onde a presença de sinal de fluorescência é representada por “1” e a ausência por “0” (Huttner, Wenzl *et al.*, 2004). Estas etapas da técnica estão padronizadas, embora possam precisar de pequenas modificações dependendo da espécie alvo.

A análise genética através dessa tecnologia oferece um sistema rápido, robusto e com alto desempenho, em uma quantidade mínima de amostra. Essa tecnologia oferece um sistema eficiente e operacional para várias espécies de plantas, mas até o momento, nenhuma conífera foi genotipada utilizando essa tecnologia.



**Figura 1.6.** Fluxograma esquemático da metodologia DArT. Na primeira etapa (Desenvolvimento do Arranjo) são construídas as bibliotecas genômicas de complexidade reduzida que posteriormente são microarranjadas nos slides de vidro. Na segunda etapa (Genotipagem), os indivíduos de uma população específica são genotipados por meio da hibridização das suas representações genômicas sobre o microarranjo. O *Software* (DArTSoft) identifica sondas informativas que revelam polimorfismos do tipo presença do sinal (1) ou ausência do sinal (0) na representação genômica Fonte: (Wittenberg, 2007)

### 1.6.2 Genotipagem por sequenciamento de representações DArT (DarT-seq)

Os avanços nas novas tecnologias de sequenciamento (NGS - *Next-Generation Sequencing*) impulsionaram o desenvolvimento de uma nova abordagem de genotipagem em larga escala denominada genericamente de genotipagem-por-sequenciamento (*GbS-Genotyping-by-Sequencing*) (Elshire, Glaubitz et al., 2011). Essa abordagem apresenta potencial de genotipar milhares de amostras para milhares ou dezenas de milhares de marcadores a custos acessíveis.

A empresa DArT Pty Ldt têm adotado as novas tecnologias de sequenciamento para a geração de marcadores GbS, na qual baseia-se na redução de complexidade genômica da amostra de DNA total utilizando combinações específicas de enzimas de restrição, ligação de adaptadores e amplificação por PCR com adaptadores, similar à empregada na tecnologia DArT. Os fragmentos selecionados resultantes da redução de complexidade são submetidos ao sequenciamento para a geração de dezenas de milhões de sequências curtas (em geral de 75 bases) em plataformas de sequenciamento NGS. Cada amostra de DNA a ser genotipada recebe adaptadores com sequências indexadoras (*barcodes*) que permitem mais tarde rastrear as sequências geradas para cada amostra. Desta forma, 96 amostras podem ser sequenciadas conjuntamente, otimizando significativamente os custos. O polimorfismo entre os diferentes indivíduos são detectados (1) pela presença ou ausência das sequências (2) ou pela busca de polimorfismos de base individual (SNPs) entre sequências homólogas presentes nos indivíduos. Esta nova abordagem permite genotipar milhares de amostras para milhares ou dezenas de milhares de marcadores a custos competitivos com outras plataformas de genotipagem (Poland, Brown *et al.*, 2012; Sansaloni, 2012).

Recentemente foram publicados trabalhos mostrando o sucesso da técnica para espécies com genoma complexo como milho, trigo e cevada (Elshire, Glaubitz *et al.*, 2011; Poland, Brown *et al.*, 2012; Beissinger, Hirsch *et al.*, 2013), e espécies como soja (Sonah, Bastien *et al.*, 2013), *Panicum* (Lu, Lipka *et al.*, 2013), framboesa (Ward, Bhangoo *et al.*, 2013) entre outros. Na área florestal a metodologia foi aplicada em *Eucalyptus* (Sansaloni, Petrolí *et al.*, 2011) pelo laboratório DArT Pty Ltda. Até então nenhum trabalho em coníferas foi publicado

utilizando esta metodologia, sendo este trabalho o primeiro a utilizar a tecnologia GbS para a espécie *Pinus taeda*.

## **OBJETIVOS**

Os objetivos deste trabalho foram:

- 1) Desenvolver de um microarranjo de genotipagem de marcadores DArT para o gênero *Pinus* e a demonstração de sua aplicação em um estudo filogenético de espécies de *Pinus* (Capítulo 2);
- 2) Construir de um mapa genético de alta densidade a partir de gametas haploides de uma árvore única de *Pinus taeda* utilizando a tecnologia de genotipagem por sequenciamento DArT-Seq, marcadores microssatélites e demonstração da utilidade do mapa para a ancoragem de clones BAC de *Pinus taeda* (Capítulo 3).

## **CAPÍTULO 2 - DESENVOLVIMENTO DE UM MICROARRANJO DE GENOTIPAGEM DE MARCADORES DArT E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES AMERICANAS DE *Pinus***

### **2.1 INTRODUÇÃO**

*Pinus taeda* é uma das espécies florestais mais importantes entre as espécies florestais plantadas comercialmente nos Estados Unidos e no Brasil, com grande valor econômico e grande importância ecológica. A disponibilidade de marcadores moleculares para o melhoramento dessa espécie é de fundamental importância. Marcadores moleculares como RFLPs, AFLPs, RAPDs, ESTPs, SSRs e SNPs já foram extensivamente utilizados em *P. taeda* (Devey, Fiddler *et al.*, 1994; Remington, Whetten *et al.*, 1999; Sewell, Sherman *et al.*, 1999; Elsik, Minihan *et al.*, 2000; Temesgen, Brown *et al.*, 2001; Eckert, Pande *et al.*, 2009).

Apesar da ampla utilização dos marcadores moleculares em *Pinus taeda*, para aumentar a resolução e a velocidade das aplicações genéticas no melhoramento de *Pinus* e realizar uma análise genômica de alto desempenho, marcadores informativos e extremamente polimórficos com ampla cobertura do genoma são necessários. Para isso, métodos de genotipagem em larga escala a baixos custos são fundamentais. Uma grande limitação para que isso ocorra é o genoma complexo e extenso de *P. taeda* (24 Gb por conteúdo haploide), rico em sequências de DNA altamente repetitivas e extensas famílias gênicas (Kinlaw e Neale, 1997; Grotkopp, Rejmanek *et al.*, 2004; Kovach, Wegrzyn *et al.*, 2010). A maioria dos marcadores moleculares desenvolvidos para *P. taeda* demandam tempo, são laboriosos e apresentam altos custos quando há a necessidade de uma elevada densidade de genotipagem.

A metodologia *Diversity Array Technology* (DArT) (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001) proporciona uma aplicação bem sucedida da plataforma de microarranjo para a análise de polimorfismos de DNA. A tecnologia DArT fornece uma alternativa promissora para satisfazer os requisitos de genotipagem de alto rendimento e ampla cobertura do genoma de *Pinus*, permitindo analisar milhares de marcadores genéticos com relativa facilidade e em pouco tempo.

*Diversity Array Technology* é um método de identificação de polimorfismo de DNA no qual a análise de marcadores genéticos em microarranjos oferece um sistema rápido, robusto, de baixo custo e alto desempenho, requerendo uma quantidade mínima de amostra, com a capacidade de criar um perfil do genoma inteiro de um organismo ou populações de organismos sem necessidade de informação prévia sobre a sequência do DNA (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001; Wenzl, Carling *et al.*, 2004; Sansaloni, Petroli *et al.*, 2010). Este método permite identificar paralelamente centenas a milhares de locos genômicos e os polimorfismos presentes nos mesmos. DArT fornece marcadores de alta qualidade e possui potenciais aplicações para ser utilizado em caracterização de germoplasma, estudo de diversidade genética e melhoramento assistido por marcadores. Além disso, pode ser empregado na identificação de QTLs e criação de mapas genéticos de alta densidade.

Marcadores DArT com alta qualidade foram desenvolvidos com sucesso para várias espécies, como plantas, animais, fungos e microorganismos (Jaccoud, Peng *et al.*, 2001; Wenzl, Carling *et al.*, 2004; Braithwaite, 2005; Wittenberg, Van Der Lee *et al.*, 2005; Xia, Peng *et al.*, 2005; Amorim, Vilarinhos *et al.*, 2009; Bartos, Sandve *et al.*, 2011; Howard, Whittock *et al.*, 2011; Yang, Saxena *et al.*, 2011). Marcadores DArT foram desenvolvidos também para espécies com genomas extensos e complexos como a cana-de-açúcar (poliploide com ~10Gpb por conteúdo haploide) (Heller-Uszynska, Uszynski *et al.*, 2011), trigo (Akbari, Wenzl *et al.*, 2006; Peleg, Saranga *et al.*, 2008), centeio (Bolibok-Bragoszewska, Heller-Uszynska *et al.*, 2009), o hexaploide triticales (AABBRR - híbrido de trigo e centeio) (Badea, Eudes *et al.*, 2011) e a cevada (Wenzl, Carling *et al.*, 2004; Zhang, Marchand *et al.*, 2009). Na área florestal foram desenvolvidos marcadores DArT para espécies de *Eucalyptus* (Sansaloni, Petroli *et al.*, 2010). Até o momento nenhuma conífera foi genotipada utilizando essa tecnologia.

Nesse capítulo é apresentado o desenvolvimento do primeiro microarranjo de genotipagem de marcadores DArT para o gênero *Pinus*, em particular para a espécie *Pinus taeda*, e a demonstração de sua aplicação em estudo de diversidade interespecífica entre algumas das principais espécies do gênero *Pinus* plantadas no Brasil. Para isso, a seleção de um material genético informativo e rico em diversidade genética foi necessária, além de uma boa redução de complexidade genômica proporcionando uma ampla representação genômica.

## 2.2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.2.1 Material vegetal

Para o desenvolvimento de um microarranjo de marcadores DArT polimórficos para *Pinus*, rico em diversidade genética, amostras de espécies de *Pinus* foram utilizadas para maximizar a representação genômica. Visando aumentar a probabilidade de encontrar configurações informativas de segregação e representações genômicas dentro da espécie alvo (*Pinus taeda*), amostras de DNA de indivíduos geneticamente não relacionados (procedências) e de cinco árvores consideradas árvores-elite de *Pinus taeda* foram utilizadas nas análises.

#### Espécies de *Pinus*

Amostras de casca (câmbio) (Figura 2.1) de dois indivíduos, não relacionados, de 16 espécies do gênero *Pinus* (Tabela 2.1) foram coletadas na Guarda Florestal Trinita e na Guarda Florestal de Imbauzinho da Fazenda Monte Alegre, de propriedade das Indústrias KLABIN de Celulose S.A., em Telêmaco Borba no Paraná. As coleções de germoplasma das espécies de *Pinus* foram implantadas pela KLABIN S.A. com sementes de origem conhecida e certificada em coletas realizadas em parceria com a cooperativa Camcore (“*Central America and Mexico Coniferous Resources Cooperative*”) da Universidade Estadual da Carolina do Norte (NCSU) nos Estados Unidos, e também de sementes provindas de Honduras e do México (Tabela 2.1). Os 32 indivíduos de *Pinus* foram selecionados para maximizar a representatividade genômica e assim agregar utilidade à plataforma DArT para as análises genéticas.



**Figura 2.1** – Ilustração da retirada da casca para coleta do câmbio e extração de DNA. Local de coleta: Fazenda Monte Alegre, KLABIN S.A., Telêmaco Borba – PR.



**Tabela 2.1** - Relação das espécies de *Pinus* utilizadas para o desenvolvimento da plataforma DARt e estudo filogenético.

	<b>Espécies de <i>Pinus</i> *</b>	<b>Código de identificação do experimento</b>	<b>Indivíduo 1</b>	<b>Indivíduo 2</b>	<b>Origem</b>
1	<i>Pinus maximinoi</i> H. E. Moore	<b>PM</b> (ME 198)	105-4	106-4	Honduras
2	<i>Pinus tecunumanii</i> Eguiluz & J. P. Perry	<b>PT</b> (ME 134)	101-2	103-5	México
3	<i>Pinus ayacahuite</i> Ehrenb. ex Schltld.	<b>PA</b> (ME 175)	906-2	907-2	México
4	<i>Pinus greggii</i> Engelm. ex Parl.	<b>PG</b> (ME 232)	105-1	107-1	Camcore
5	<i>Pinus pringlei</i> Shaw	<b>PP</b> (ME 136)	203-1	205-1	Camcore
6	<i>Pinus herrerae</i> Martínez	<b>PH</b> (ME 299)	108-3	109-1	Camcore
7	<i>Pinus teocote</i> Schiede ex Schltld. & Cham.	<b>Pteo</b> (ME 288)	2101-03	2101-04	Camcore
8	<i>Pinus kesiya</i> Royle ex Gordon	<b>PK</b> (ME 286)	109-2	110-2	Camcore
9	<i>Pinus patula</i> Schiede ex Schltld. & Cham.	<b>Ppat</b> (ME 330)	101-3	103-2	Camcore
10	<i>Pinus leiophylla</i> Schiede ex Schltld. & Cham.	<b>PL</b> (ME 190)	101-1	102-1	Camcore
11	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i> Morelet	<b>PCC</b> (ME 173)	1011-1	2001-2	Camcore
12	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>bahamensis</i> (Griseb.) Barrett & Golfari	<b>PCB</b> (ME 172)	1016-6	1022-5	Camcore
13	<i>Pinus chiapensis</i> (Martínez) Andresen	<b>PC</b> (ME 210)	101-1	104-6	Camcore
14	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i> (Sénécl.) Barrett & Golfari	<b>PCH</b> (ME 206)	901-1	901-1	Camcore
15	<i>Pinus elliottii</i> Engelm.	<b>PE</b> (ME 323)	101-2	102-1	Camcore
16	<i>P. elliottii</i> x <i>P. c. hondurensis</i> (Sénécl) Barrett&Golfari	<b>ExH</b> (ME 441)	104-1	109-1	Camcore

\*Local de coleta: Imbauzinho e Trinita, Fazenda Monte Alegre, Empresa Klabin, Telemaco Borba-PR

### **Amostras de *Pinus taeda***

Amostras de casca (câmbio) (Figura 2.1) ou acícula de dois indivíduos, geneticamente não relacionados, de oito procedências de *Pinus taeda* (Tabela 2.2) foram coletadas na Guarda Florestal Trinita da Fazenda Monte Alegre, de propriedade das Indústrias KLABIN de Celulose S.A, em Telemaco Borba no Paraná. O ensaio das procedências foi instalado na unidade florestal da KLABIN S.A em 1968 e 2007 a partir de sementes provindas das regiões de ocorrência da espécie no sul e sudeste dos Estados Unidos (Tabela 2.2).

**Tabela 2.2** - Relação de procedências de *Pinus taeda* L. selecionadas para o desenvolvimento da plataforma DArT.

Espécie	Procedência*	Código de Identificação	Indivíduo 1	Indivíduo 2	Instalação no Brasil
<i>Pinus taeda</i> L.	Bastrop - Texas	B.T	1	2	1968
	Berkeley - Carolina do Sul	B	1	2	
	Louisiana Central	C.L	1	2	
	Alabama Central	C.A	1	2	
	Georgia Central	C.G	1	2	
	USFS De soto S.O.- Mississippi	D.M	1002-2	1008-2	2007
	USFS De soto S.O.- Louisiana	D.L.	1001-2	1003-1	
	USFS De soto S.O.- Carolina do Sul	DSC	1005-1	1010-2	

\*Sementes providas dos EUA e implantadas na Fazenda Monte Alegre, Empresa Klabin, Telemaco Borba-PR

Além das procedências, amostras de acículas de cinco árvores-elite de *Pinus taeda* da população de melhoramento da KLabin S.A. também foram amostradas. Os cinco indivíduos, 1, 13, 103, 104 e 107, são procedentes de um pomar clonal de sementes (PCS) selecionado para crescimento volumétrico e forma de fuste em testes de progênie de árvores superiores, originalmente selecionadas nos anos 80 em plantios comerciais da KLabin S.A., com sementes procedentes de procedências de *Pinus taeda* dos EUA nos anos 70 (Diener, 2011). Os indivíduos 103 e 107 foram os que apresentaram maior valor de melhoramento e ampla disponibilidade de pólen (Diener, 2011). Outros 16 indivíduos, filhos do cruzamento entre os parentais 104x(103+107), foram utilizados nos testes com hibridização cruzada.

### 2.2.2 Extração do DNA genômico total

O DNA total dos indivíduos foi isolado a partir do câmbio (Figura 2.1) ou da acícula usando o método CTAB 2% (brometo de cetil-trimetilamônio) com modificações (Doyle e Doyle, 1987). Aproximadamente 20 mg de tecido fresco do câmbio ou da acícula foram macerados com o auxílio de duas esferas de metal aço-Inox de 5 mm e do equipamento TissueLyser da Qiagen. Após as etapas da extração, o precipitado foi ressuspensionado em uma solução de Tris/EDTA (TE) a pH 8,0 com Ribonuclease A (RNaseA) e incubado à temperatura de 37°C por 1 hora para ação da enzima. O DNA foi armazenado em freezer -20°C.

### **Controle da qualidade e quantificação do DNA**

As amostras de DNA foram quantificadas em géis de agarose 1,5% corados com brometo de etídeo (tampão de eletroforese borato de sódio, pH 8,0) utilizando diferentes padrões de concentração de DNA do Fago lambda (DNA Massladder- Invitrogen). O DNA também foi quantificado no equipamento NanoDrop® 2000 (Thermo Scientific spectrophotometer).

A verificação da qualidade e integridade do DNA foi feita adicionando 1 µl de DNA genômico total em 5µl de uma solução com tampão de corrida a 1x e tampão para enzimas de restrição a 1x (10x RE buffer: 100 mM Tris-OAc, 500 mM KOAc, 100 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>, 50 mM DTT, pH 7,8). Essa solução foi incubada a 37°C por 2 horas e analisada em agarose 0,8% corados com brometo de etídeo. O tampão RE utilizado no controle de qualidade foi o mesmo tampão RE utilizado no processo de digestão na redução da complexidade.

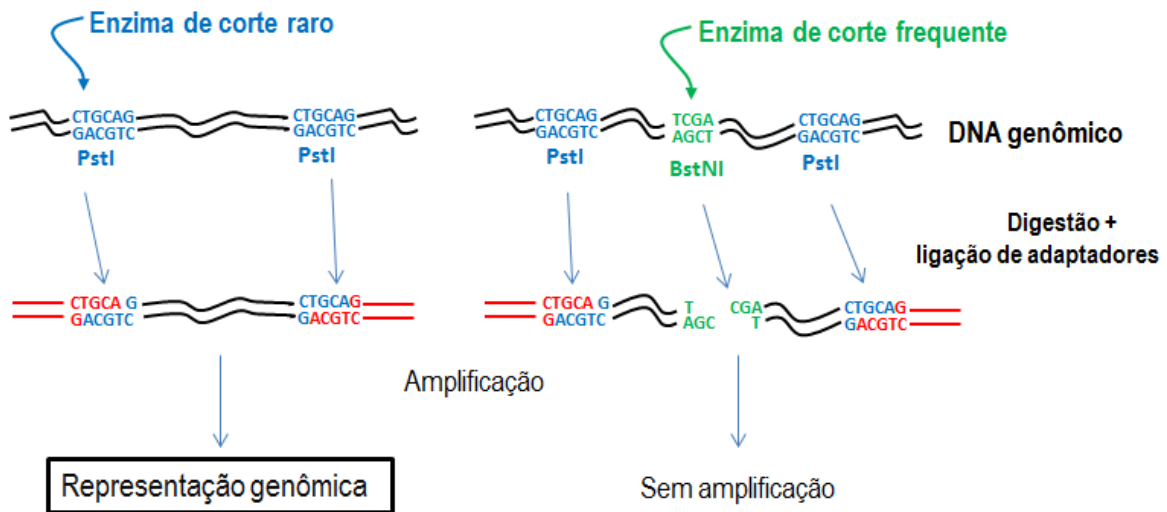
### **2.2.3 Redução de complexidade genômica**

As etapas de desenvolvimento do arranjo DArT foram realizadas durante permanência nos laboratórios da DArT Pty em Canberra, Australia. O procedimento mais importante do desenvolvimento da plataforma DArT foi a redução de complexidade. Se a representação genômica resultante da fragmentação for rica em fragmentos genômicos repetitivos a possibilidade de hibridação cruzada e a obtenção de baixa intensidade de sinal ou sinal não específico é alta. Assim, é essencial gerar fragmentos que representem o genoma com baixo número de cópias, para que o sinal seja específico e intenso. Para que isso ocorra uma enzima principal (*PstI*) de corte raro e sensível à metilação foi utilizada, de forma a cortar preferencialmente regiões hipo-metiladas, ricas em regiões de baixa cópia.

### **Digestão com enzimas de restrição e ligação de adaptadores**

Para produzir uma representação genômica de complexidade reduzida uma combinação de enzimas de restrição é utilizada. Geralmente, duas enzimas são utilizadas, sendo uma enzima principal de corte raro e sensível à metilação (em geral *PstI*), e uma enzima secundária de corte frequente (*TaqI*, *BstNI*, *MseI*) que corta os fragmentos *PstI/PstI* mais longos, enriquecendo assim a fração em fragmentos *PstI/PstI* de tamanho mais curto,

ficando, portanto, uma população de fragmentos de tamanho adequado para clonagem e PCR (Figura 2.2). Após a digestão, adaptadores são ligados à sequência complementar do sítio de reconhecimento da enzima *PstI*, de forma que somente os fragmentos *PstI/PstI* são amplificados, direcionando assim a representação genômica desejada via PCR (Figura 2.2).



**Figura 2.2.** Representação esquemática do processo de redução da complexidade genômica produzida pela combinação de enzimas de corte raro (*PstI* em azul) e corte frequente (*BstNI* em verde). Adaptadores são ligados aos extremos *PstI* (em vermelho) e os fragmentos com extremos *PstI/PstI* são unicamente amplificados. Adaptação da figura disponível em <http://www.diversityarrays.com>.

Para descobrir o método mais adequado de redução de complexidade para *Pinus*, dois métodos de redução de complexidade foram testados nas 16 espécies de *Pinus* e nas oito procedências de *Pinus taeda*. Em ambos os métodos testados a enzima primária de corte raro *PstI* (NEB-New England Biolabs) foi utilizada. As enzimas secundárias de corte frequente testadas foram *TaqI* e *BstNI* (NEB) (*PstI/TaqI* e *PstI/BstNI*). A digestão e a ligação de adaptadores foram realizadas em uma solução final de 10 µl, contendo aproximadamente 75ng de DNA genômico, 2 unidades da enzima de corte raro e da enzima de corte frequente, 80 unidades de DNA Ligase T4 e 0,05 mM do adaptador (5'-CACGATGGATCCAGTGCA-3' anelado com 5'-CTGGATCCATCGTGCA-3'). A reação foi incubada a 37°C por 2 horas e depois por 2 horas a 60°C conforme exigido pelas combinações de enzimas.

### **Amplificação via PCR dos fragmentos *PstI/PstI***

Para a preparação das representações genômicas 1 µL do produto da reação de digestão/ligação foi utilizado para a amplificação via PCR em uma solução final de 50 µL. Iniciadores que reconhecem os adaptadores para os sítios *PstI* (5'-GATGGATCCAGTGCAG-3') foram utilizados de forma que somente os fragmentos *PstI/PstI* fossem amplificados. As condições para amplificação da PCR foram: 94°C por 1 min, seguido por 30 ciclos de 94°C por 20 segundos, 58°C por 40 segundos, 72°C por 1 min, e finalizando com uma extensão de 72°C por 7 min. Para checar a qualidade e o sucesso da amplificação, 5 µL do produto da PCR foram analisados em gel de agarose 1,2% corado com brometo de etídio.

### **2.2.4 Desenvolvimento do microarranjo**

#### **Clonagem das representações genômicas para construção de bibliotecas genômicas**

Para a construção do microarranjo, a combinação de enzimas mais adequada para a redução de complexidade para *Pinus* foi utilizada para a geração das representações genômicas. Duas bibliotecas foram construídas, uma com representações genômicas das 16 espécies de *Pinus* e uma com a representação genômica das cinco árvores-elite de *Pinus taeda*. Para cada biblioteca, as representações genômicas dos indivíduos foram reunidas em uma única solução (Mix de DNA), clonados usando o *TOPO TA Cloning Kit* (pCR2.1-TOPO vector Invitrogen), plaqueadas (placas de petri com LB agar, ampicilina e X-gal) e incubadas a 37°C por 16 horas. As colônias individuais com a presença do inserto (colônias de cor branca) foram selecionadas e depositadas em placas de 384 poços (*Colony picking*) contendo meio LB, com 4,4% de glicerol e 100 µg/mL de ampicilina. Ao todo, seis placas de 384 poços foram inoculadas com representações das espécies de *Pinus*, totalizando 2.304 clones na biblioteca de espécies de *Pinus*, e 4 placas de 384 poços foram inoculadas com representações das cinco árvores-elite de *Pinus taeda*, totalizando 1.536 clones na biblioteca *Pinus taeda* elite. As duas bibliotecas foram incubadas a 37°C por 22 horas.

#### **Amplificação dos insertos**

A amplificação via PCR dos insertos foi realizada utilizando 0,5 µL de cultura bacteriana e 0,2 µM de iniciadores "M13 Direto" e "M13 Reverso" (Invitrogen). O programa de amplificação

da PCR foi de 95°C por 4 min, 57°C por 35 segundos, 72°C por 1 min, seguido por 35 ciclos de 94°C por 35 segundos, 52°C por 35 segundos, 72°C por 1 min e um passo final de 72°C por 7 min. Para checar a qualidade e o sucesso da amplificação dos insertos, 1µL do produto da PCR de 12 insertos de cada placa foi visualizado em gel de agarose 1,2%. Os insertos amplificados foram analisados como sondas de DNA.

### Preparo das bibliotecas para impressão das sondas

Após fazer o controle de qualidade, as sondas foram secadas a 37°C e em seguida lavadas com etanol 77%. Os precipitados foram então ressuspensos com 25µL de tampão *DART spotter*. Esse tampão foi desenvolvido para ser usado com slides de vidro revestidos com poli-L-lisina.

Para uma primeira triagem, a biblioteca genômica das espécies de *Pinus* (2.304 sondas), juntamente com outras três bibliotecas de *Pinus taeda* x *Pinus elliottii* (4.608 sondas) desenvolvidas anteriormente pela empresa DArT Pty Ltda (dados não publicados) (Tabela 2.3) foram impressas em slides de vidro revestidos com poli-L-lisina (Erie Scientific) utilizando o arrayer MicrogridII (Biorobotics). As três bibliotecas desenvolvidas pela empresa DArT Pty Ltda são oriundas da redução de complexidade de uma população segregante de *Pinus taeda* x *Pinus elliottii* com três combinações de enzimas diferentes *PstI/BstNI*, *PstI/TaqI* e *PstI/TaqI+MseI*. Cada uma das três bibliotecas contém quatro placas de 384, com 1.536 clones, totalizando 4.608 sondas de DNA. Ao todo 6.912 sondas foram impressos aleatoriamente em duplicata em cada slide de vidro, totalizando 13.824 sondas impressas.

**Tabela 2.3** – Bibliotecas utilizadas para a primeira triagem de 6.912 sondas DArT.

Bibliotecas	Nº de amostras	Combinação de enzimas	Nº de sondas microarranjo inicial
1 Espécies de <i>Pinus</i>	32	<i>PstI+BstNI</i>	2304
2 <i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i> *	-	<i>PstI+TaqI</i>	1536
3 <i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i> *	-	<i>PstI+BstNI</i>	1536
4 <i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i> *	-	<i>PstI+TaqI+MseI</i>	1536
<b>Total</b>			<b>6.912</b>

\* Bibliotecas desenvolvidas pela empresa DArT Pty Ltda (dados não publicados).

Após a triagem, a biblioteca genômica desenvolvida a partir da representação genômica das cinco árvores-elite de *Pinus taeda* (1.536 sondas), juntamente com a biblioteca genômica espécies de *Pinus* (2.304 sondas), 1.536 clones da biblioteca de *Pinus taeda* x *Pinus elliottii* *PstI/BstNI*, 1.536 clones da biblioteca de *Pinus taeda* x *Pinus elliottii* *PstI/TaqI* e 768 clones da biblioteca de *Pinus taeda* x *Pinus elliottii* *PstI/TaqI+MseI* (Tabela 2.4) foram impressas em slides de vidro revestidos com poli-L-lisina (Erie Scientific) utilizando o arrayer MicrogridII (Biorobotics). Os outros 768 clones da biblioteca de *Pinus taeda* x *Pinus elliottii* - *PstI/TaqI+MseI* não foram selecionados após a triagem. Ao todo 7.680 sondas foram impressas aleatoriamente em duplicata, totalizando 15.360 sondas impressas.

**Tabela 2.4** – Bibliotecas utilizadas no desenvolvimento do microarranjo DArT com 7.680 sondas selecionadas.

	Bibliotecas	Nº de amostras	Combinação de enzimas	Nº de sondas microarranjo
1	Espécies de <i>Pinus</i>	32	<i>PstI+BstNI</i>	2304
2	Árvores-elite <i>P. taeda</i>	5	<i>PstI+BstNI</i>	1536
3	<i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i> *	-	<i>PstI+TaqI</i>	1536
4	<i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i> *	-	<i>PstI+BstNI</i>	1536
5	<i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i> *	-	<i>PstI+TaqI+MseI</i>	768
	<b>Total</b>			<b>7.680</b>

\* Bibliotecas desenvolvidas pela empresa DArT Pty Ltda (dados não publicados)

Imediatamente após a impressão, os slides de vidro foram identificados com um código de barra para identificação individual, e deixados secando sobre a bancada por 24 horas para facilitar a aderência do DNA impresso. Após 24 horas, os slides foram imersos em água Milli-Q a 95° C por 2 min, e em seguida, em água destilada com 0,1 mM DTT e 0,1 mM EDTA a 20° C e, para eliminar o excesso de DNA sobre os slides. Por fim, foram secos por centrifugação a 500 × g por 7 min e em seguida em vácuo por 30 min.

### **2.2.5 Preparação das amostras para genotipagem**

Representações genômicas de 16 espécies de *Pinus* e de oito procedências de *Pinus taeda* foram preparadas com réplicas completas. Inicialmente uma triagem por sondas polimórficas no microarranjo com 6.912 sondas foi feita. Após a triagem, as representações genômicas foram preparadas para a genotipagem com o microarranjo final, com 7.680 sondas.

#### **Precipitação e marcação das representações genômicas**

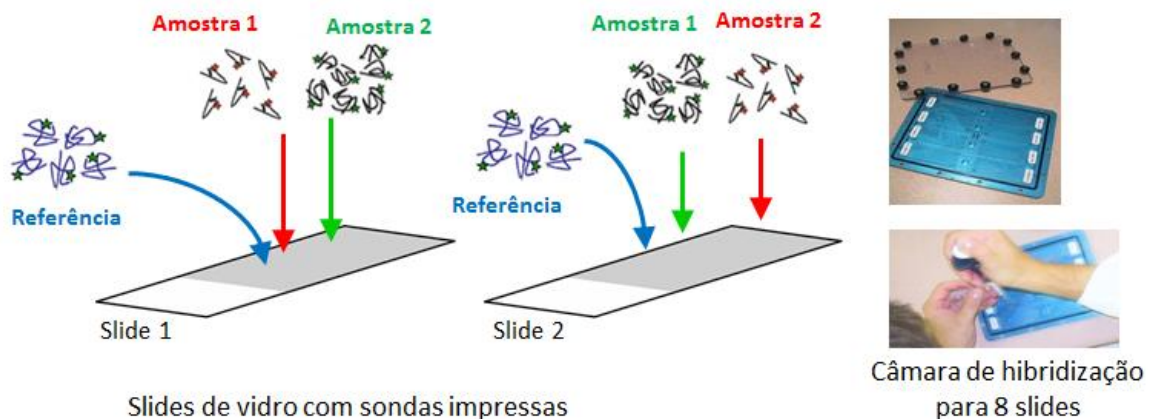
As representações genômicas foram precipitadas individualmente adicionando 1 volume de isopropanol, lavadas com etanol 77%, e em seguida secas em temperatura ambiente por 12 horas. Após a precipitação as representações genômicas foram marcadas com fluorescência em uma reação de extensão de primer (*primer-extension reaction*) de 10 µL contendo 2,5 µM de Cy3-dUTP (de cor verde para uma réplica) ou Cy5-dUTP (de cor vermelha para a outra réplica) (Amersham Bioscience), 2,5 unidades de fragmentos Klenow exo de *E. coli* Polimerase I (New England Biolabs) e 25 µM de decâmeros arbitrários em 1x de tampão NEB 2 (New England Biolabs). As reações marcadas foram incubadas a 37°C por um período de 3 horas.

Para determinar a quantidade de DNA de cada sonda impressa no microarranjo, o fragmento polylinker do vetor de clonagem (pCR2.1-TOPO vector Invitrogen) foi utilizado como DNA de referência. Esse fragmento foi marcado com a fluorescência carboxi-6-FAM (de cor azul) (Invitrogen), seguindo o mesmo procedimento utilizado para marcar as representações genômicas. Para isso foram utilizados aproximadamente 500ng de produto de PCR do fragmento polylinker amplificado a partir do vetor vazio utilizado para a construção da biblioteca. Esta marcação da referência posteriormente foi misturada com o tampão de hibridação (1:1000).



## 2.2.6 Hibridização ao microarranjo

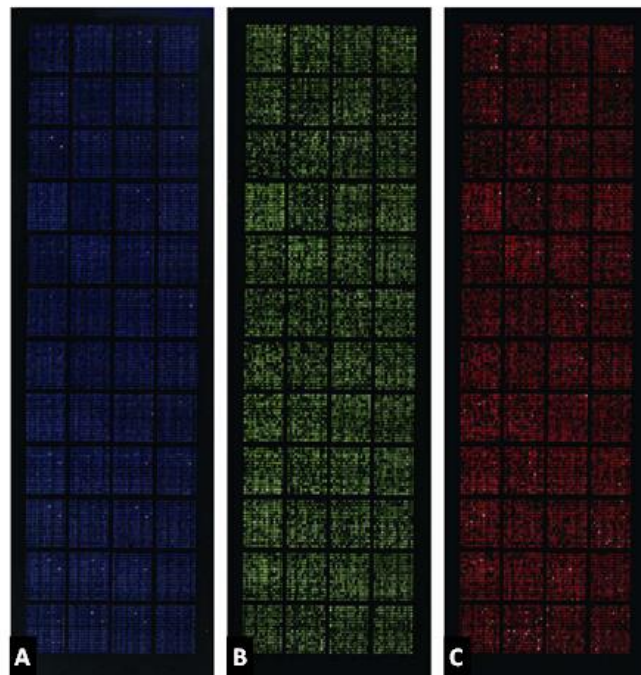
Uma solução de tampão de hibridização contendo uma proporção de 50:5:1 de Express Hyb (Clontech), DNA de esperma de salmão (Promega) e a região polylinker do vetor pCR 2,1 TOPO marcada com FAM (Invitrogen) e 2 mM de EDTA a pH 8,0 foi preparada e misturada gentilmente com cada representação genômica marcada. Aos 5µL de representação genômica marcada são acrescentados 60 µL do tampão de hibridização. Na rotina, a mistura é preparada em 12 conjuntos de 8 mini-tubos arranjados em formato de placa de 96 poços (Figura 2.3). A mistura é então desnaturada a 95°C por 2 min. Em seguida, a temperatura é diminuída até 55°C para aplicar a mistura sobre os slides que estão posicionados dentro das câmaras de hibridização. Cada slide é hibridizado com representação genômica de duas amostras diferentes, sendo uma amostra marcada com Cy3-dUTP (de cor verde) e outra marcada com Cy5-dUTP (de cor vermelha), as suas respectivas réplicas, marcadas com fluorescências distintas, são hibridizadas com as sondas impressas em outro slide. Estas são então fechadas em câmaras de hibridização e mantidas em banho-maria a 62,5°C por um período de 18 horas (ou *overnight*) (Figura 2.3).



**Figura 2.3.** Representação esquemática do processo de hibridização das sondas marcadas. Cada slide é hibridizado com representação genômica de duas amostras diferentes, sendo uma amostra marcada com Cy3-dUTP (de cor verde) e outra marcada com Cy5-dUTP (de cor vermelha), as suas respectivas réplicas, marcadas com fluorescências distintas, são hibridizadas em outro slide. A região polylinker do vetor de clonagem é marcada com FAM (azul) e hibridizada em todos os slides como referência de qualidade da hibridização.

### 2.2.7 Lavagem e digitalização dos slides

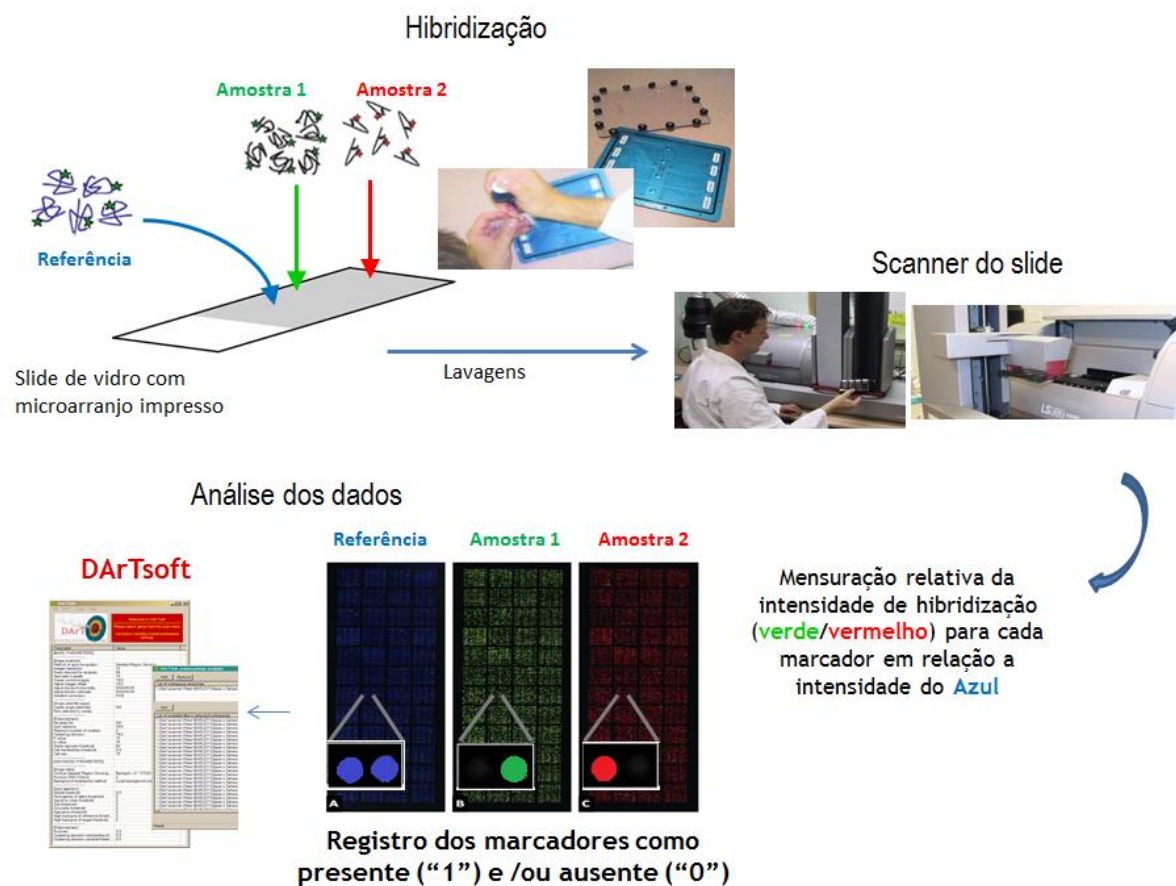
Após a hibridização das representações genômicas no microarranjo, os slides foram lavados em quatro soluções de estringência crescente, sendo 1x SSC, SDS 0,1% por 4 min; 1x SSC por 4 min; 0,2x SSC por 1 min; 0,02x SSC por 30 segundos, e secados depois por centrifugação a  $500 \times g$  por 7 minutos e no vácuo por 30 minutos. Depois de secos, os slides são escaneados com laser confocal TECAN LS300 e com uma leitura da intensidade da fluorescência realizada com uma resolução de  $20 \mu\text{m}$  por pixel. Este scanner digitaliza sequencialmente três imagens para cada slide, utilizando as seguintes combinações de laser/filtro: 488 nm/520 nm (para detectar o sinal fluorescente azul emitido pelo polylinker do vetor TOPO pCR 2,1 marcado com FAM); 543 nm/590 nm (para geração das imagens a partir do sinal fluorescente verde das amostras marcadas com Cy-3); 633 nm/670 nm (para geração das imagens a partir do sinal fluorescente vermelho das amostras marcadas com Cy-5) (Figura 2.4).



**Figura 2.4** Representação esquemática do microarranjo hibridizado detectado com diferentes combinações laser/filtro. (A) Fragmento do polylinker do vetor de clonagem marcado com FAM, que serve como referência de qualidade; e duas amostras diferentes marcadas com Cy3 (B) e Cy5 (C). Fonte: (Wittenberg, 2007).

### **2.2.8 Processamento das imagens e genotipagem**

As imagens obtidas pelo scanner foram analisadas pelo programa *DarTSoft* versão 7.44 (*Genotypic data analysis* DarT Pty Ltda). Esse programa reconhece cada ponto do microarranjo como uma sonda ou marcador (Figura 2.5). Para cada sonda, o programa classifica intensidades relativas de hibridação em todos os slides da população analisada. A intensidade do sinal foi calculada pelo programa usando como referência a intensidade do sinal azul (FAM) gerado pelo fragmento do polylinker no vetor de clonagem (Figura 2.5). Quando a intensidade do sinal de referência azul na sonda foi baixa ou ausente, o programa descarta os dados emitidos por essa sonda. Para as sondas com intensidade do sinal de referência azul presente, o polimorfismo foi interpretado pelo programa relacionando a intensidade do sinal de referência azul com o sinal emitido pelas amostras. Se os sinais emitidos pelas amostras eram iguais em todos os slides, as sondas eram consideradas monomórficas (Figura 2.5). O sinal emitido pelas amostras foi genotipado de forma binária, sendo presença do sinal como “1” e a ausência do sinal como “0”. As sondas que não apresentavam intensidade de referência azul foram consideradas como dados faltantes.



**Figura 2.5.** Representação esquemática do processo de hibridização das amostras (verde/vermelho) e da região polylinker do vetor (azul) sobre o slide com as sondas do microarranjo impressos, escaneamento e interpretação dos dados pelo DARtsoft. Se a sonda apresentar intensidade de referência azul esse marcador é considerado nas análises, caso contrário é considerado como dado faltante. Se a mesma sonda apresentar intensidade de cor (verde/vermelho) a amostra era genotipada como presença "1" ou ausência do sinal "0".

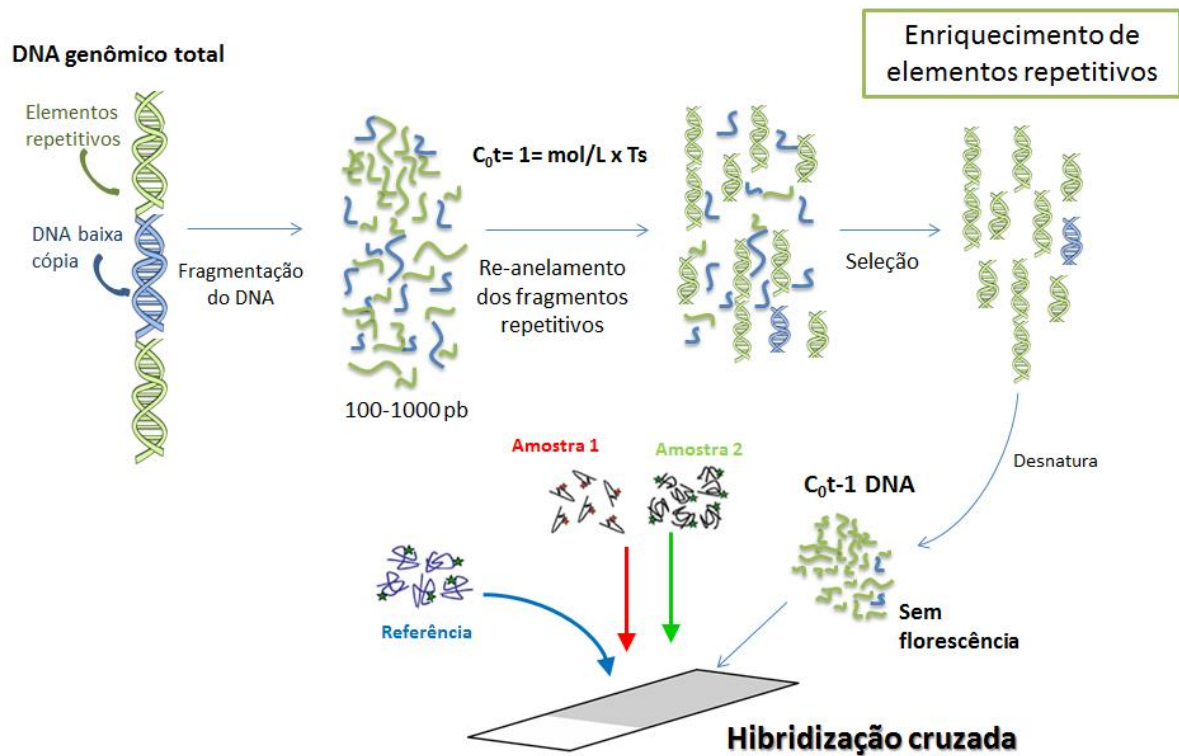
### 2.2.9 Análise dos dados

Uma série de parâmetros de qualidade foi gerada para cada sonda para auxiliar na seleção das sondas polimórficas. O programa *DARtSoft* exporta os resultados em formato Microsoft Excel, no qual todos os genótipos e parâmetros podem ser facilmente observados e analisados. Os parâmetros utilizados neste trabalho foram: (1) *Call Rate*, ou seja a proporção de amostras efetivamente genotipadas ou o complemento da proporção de dados faltantes. Quanto maior o valor de *Call Rate* menor a quantidade de dados faltantes para uma

determinada sonda. Apenas marcadores com valores de Call Rate  $\geq 70\%$  foram considerados na análise dos dados. Para a análise de filogenia foram considerados somente marcadores com *Call Rate*  $\geq 80\%$ ; (2) *Reprodutibilidade*, ou seja, a consistência da genotipagem em amostras duplicadas. Esse valor é calculado seja a partir dos dados das sondas impressas em duplicata no mesmo slide e das réplicas das amostras hibridizadas em slides diferentes. Foram considerados somente marcadores com reprodutibilidade  $\geq 95\%$ . Para as análises de filogenia foram considerados somente marcadores com reprodutibilidade igual a 100%; (3) *Valor-Q*, o qual mede a fração da variância total dos dados de fluorescência coletados para todas as amostras consistentes com a bimodalidade dos dados (presença/ausência de sinal). Um elevado valor de Q indica que os agrupamentos de sinal correspondente à presença e ausência de sinal são bem separados e que o marcador é polimórfico. Valores  $Q \geq 65$  foram considerados para a análise dos dados. Para as análises de filogenia foram considerados valores  $Q \geq 50$ ; (4) índice de diversidade genética (GD), calculado por  $(GD = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2)$  que estima o nível de polimorfismo existente para o marcador na amostra de indivíduos analisados. Marcadores com  $GD \geq 0,05$  foram considerados nas análises.

### **2.2.10 Hibridização cruzada de sequências repetitivas usando $C_0t-1$ DNA**

Visando realçar a intensidade do sinal das sondas ricas em representações genômicas com baixo número de cópia, os sinais dos elementos repetitivos foram bloqueados por hibridização cruzada com uma solução de DNA genômico altamente enriquecido com elementos repetitivos de *Pinus taeda* (Figura 2.6). Para o enriquecimento de elementos repetitivos dois procedimentos de renaturação cinética do DNA ( $C_0t-1$  DNA) foram testados (Figura 2.7 A-B). O primeiro procedimento testado foi desenvolvido a partir do artigo de Zwick *et al.* (1997). Nesse procedimento o DNA genômico total é clivado por autoclave e os elementos repetitivos (em fita dupla) são selecionados pela digestão da enzima nuclease S1 (digere DNA fita simples) (Figura 2.7 A). O outro procedimento foi desenvolvido pela empresa DArT Pty Ltda, onde o DNA genômico total é clivado com enzimas de restrição, ligado com adaptadores, e amplificado via PCR com um programa diferencial de amplificação (Figura 2.7 B). Os dois procedimentos estão descritos a seguir.



**Figura 2.6.** Representação esquemática do enriquecimento dos elementos repetitivos usando os procedimentos de renaturação cinética do DNA ( $C_0t-1$  DNA) para a hibridização cruzada.

### Protocolo $C_0t-1$ DNA: Método S1 nuclease

O isolamento dos elementos repetitivos utilizando o método S1 nuclease foi desenvolvido de acordo com o artigo de Zwick *et al.* (1997). Como o rendimento final de DNA gira em torno de um décimo a um vigésimo da concentração de DNA original utilizada, uma grande quantidade de DNA foi utilizada para aumentar o rendimento final. Aproximadamente 3 mg de DNA total foi extraído de acícula de *Pinus taeda* usando o método CTAB 2% (brometo de cetil-trimetilamônio) com modificações (Doyle e Doyle, 1987). Todo o procedimento de isolamento dos elementos repetitivos está esquematizado na figura 2.7-A.

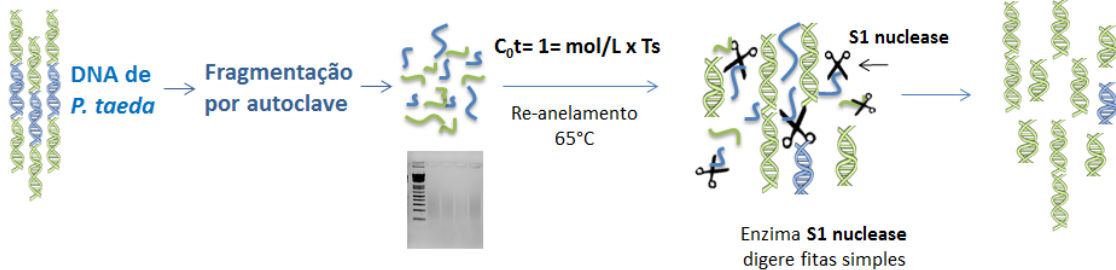
### Diluição do DNA usando 5M NaCl

O DNA genômico total foi diluído a uma concentração de 300 ng/ $\mu\text{L}$  usando 5M NaCl para uma concentração final de 0,3M NaCl. Três tubos a um volume final de 1.000  $\mu\text{l}$  foram preparados para maximizar a quantidade final de  $C_0t-1$ .

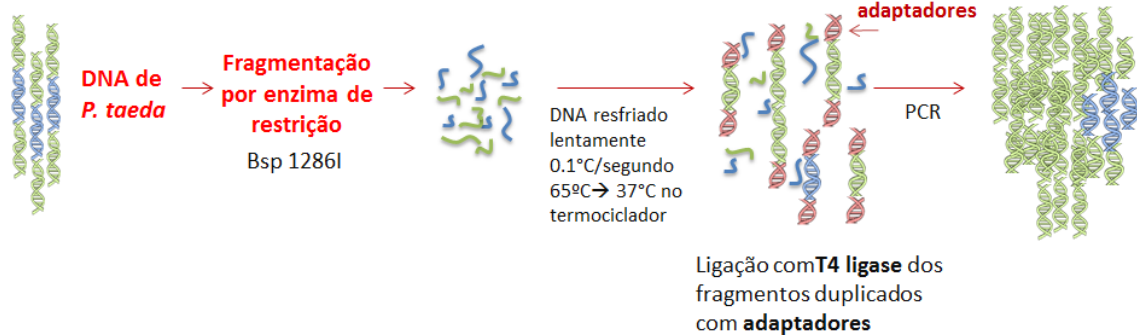
### Fragmentação do DNA por autoclave

O DNA genômico diluído com NaCl foi autoclavado 3 vezes por 5 minutos. Após os 3 ciclos de autoclave uma alíquota foi aplicada no gel de agarose 1,2% para checar o tamanho dos fragmentos. O tamanho ideal dos fragmentos deve variar entre 100-1000 pb. Mais dois ciclos de autoclave por 7 minutos foram necessários para alcançar os fragmentos de tamanho desejado.

#### A Método S1 nuclease: Zwick et al. (1997)



#### B Método DArT



**Figura 2.7.** Representação esquemática do enriquecimento de elementos repetitivos dos dois procedimentos de renaturação cinética do DNA ( $C_0t-1$  DNA) testados. (A) Método S1 nuclease, na qual o DNA genômico total é clivado por autoclave e os elementos repetitivos (em fita dupla) são selecionados pela digestão da enzima nucleasse S1 (digere DNA fita simples); (B) Método DArT, na qual o DNA genômico total é clivado com enzimas de restrição, ligado com adaptadores, e amplificado via PCR com um programa diferencial de amplificação.

### Re-anelamento dos fragmentos repetitivos

O tempo para o re-anelamento dos fragmentos repetitivos foi calculado utilizando a fórmula  $C_0t = 1 = \text{mol/L} \times T_s$ , onde a concentração inicial ( $C_0$ ) é calculada em mols de nucleotídeo por litro e tempo em segundos. Assumindo um peso molecular médio para cada desoxirribonucleotídeos (dNTP) de 339 g/mol (peso estimado pela Sigma), para uma concentração inicial de 300 ng/ $\mu\text{l}$  (ou 0,300 g/L) o tempo calculado de re-anelamento dos fragmentos repetitivos foi de 1.130 segundos, aproximadamente 18,5 minutos. Ou seja, 1 mol de dNTP é igual a 339 g/mol, portanto, mols de DNA fragmentado é igual a  $(0,300 \text{ g/L}) / (339 \text{ g/L}) = 8.85 \times 10^{-4} \text{ mol/L}$ . Utilizando a fórmula é possível determinar que a reação deve ocorrer em 1130s levando em consideração  $C_0t = 1$ .

Assim, após a fragmentação do DNA por autoclave, o DNA foi desnaturado a 95°C por 10 minutos e imediatamente imergidos em gelo molhado por 10 segundos, a fim de eliminar qualquer possibilidade de re-anelamento precoce. Em seguida, o DNA fragmentado foi deixado em banho-maria a 65°C e o tempo calculado de re-anelamento de 18,5 min foi contado. Durante esse período fragmentos de DNA repetitivo se anelaram formando pequenos fragmentos de fita dupla, enquanto que DNA de baixa cópia continuaram fita simples. O tempo calculado para o re-anelamento foi respeitado para maior enriquecimento de fragmentos de DNA repetitivos com fita dupla e para que os DNAs de baixa cópia não voltem a se re-anelar com sua fita molde.

### Digestão com S1 nuclease

Imediatamente após esse período, a enzima nuclease S1, que digere DNA de fita simples, foi adicionada à solução e esta incubada a 37°C por 8 minutos. Nessa etapa, todos os fragmentos de fita simples são digeridos pela enzima S1. Fenol equilibrado com TE foi adicionado à reação para inativar a ação da enzima. A reação foi purificada com fenol-clorofórmio-álcool isoamílico (25:24:1) e precipitada durante a noite usando 2.5 volumes de etanol 100%. Os precipitados foram ressuspensos em TE e misturados para um volume final de 90  $\mu\text{l}$  de  $C_0t=1$  DNA. Para checar o sucesso da reação uma alíquota da solução foi aplicado em gel de agarose 1,2%.



## **Protocolo C<sub>0</sub>t-1 DNA: Método DArT**

O protocolo método DArT foi desenvolvido pela empresa DArT Pty Ltda, e envolve a digestão com apenas uma enzima de restrição (Bsp 1286I) não sensível a metilação e a amplificação via PCR utilizando um programa de amplificação específico para a renaturação cinética do DNA. Todo o procedimento de isolamento dos elementos repetitivos utilizando essa metodologia está esquematizado na figura 2.7-B.

Aproximadamente 600 ng de DNA total foram extraídos de acícula de *Pinus taeda* usando o método CTAB 2% (brometo de cetil-trimetilamônio) com modificações (Doyle e Doyle, 1987) para a realização do procedimento.

### *Digestão, anelamento dos elementos repetitivos e ligação com adaptadores.*

A digestão foi realizada em aproximadamente 550ng de DNA genômico em uma solução de volume final de 10 µl repetidas 8 vezes, contendo 10 mM de ATP, 1x BSA, 1X tampão RE, 200 unidades da enzima de restrição Bsp 1286I (NEB) e 0,05 mM de mix de adaptadores (1 reverso 5'-GACCGTTCTGGCA-3' e 3 Diretos 5'-CTGAGTAGTGCCAGAACGGTCTGCA-3' 5'-CTGAGTAGTGCCAGAACGGTCTGCC-3', 5'-CTGAGTAGTGCCAGAACGGTCTGCT-3'). A reação foi incubada a 37°C por 2 horas para a digestão em um termociclador. Em seguida a amostra foi desnaturada a 95°C por 15 minutos e incubada por 20 minutos a 65°C para desnaturar a enzima. Após esse período a solução foi resfriada lentamente 0.1°C/segundo até chegar a 37°C, nessa etapa a probabilidade de fragmentos repetitivos se anelarem é alta. Quando a temperatura alcançou 37°C foram adicionadas 80 unidades de DNA Ligase T4 e a preparação incubada por mais 1 hora a 37°C para ligação dos adaptadores.

### *Amplificação via PCR dos elementos repetitivos*

Para a amplificação dos elementos repetitivos 0,5 µL do produto da reação de digestão/anelamento/ligação foram utilizados como molde para a amplificação via PCR em 50 µL. Essa reação usa iniciadores que reconhecem os sítios Bsp 1286I (5'-GAGTAGTGCCAGAACGGTC-3') de forma que somente os fragmentos que foram cortados com a enzima sejam amplificados. A reação foi replicada 96 vezes. A amplificação seguiu os

seguintes parâmetros: 94°C por 1 min, seguido por 40 ciclos de 94°C por 20 segundos, reduzindo 2,4°C/seg até 58°C, 58°C por 40 segundos, aumentando 2,4°C/seg até 72°C, 72°C por 1 min, e finalizando com uma extensão de 72°C por 7 min, reduzindo 2,4°C/seg até 10°C. Para checar a qualidade e o sucesso da amplificação, 4 µL do produto foram analisados em gel de agarose 1,2% corado com brometo de etídio. As 96 amostras replicadas foram misturadas e aliqüotadas em 7 tubos de 1,5 ml, com aproximadamente 600 µL de produto amplificado em cada tubo. Em seguida, as amostras foram purificadas com clorofórmio (24:1) e precipitadas *overnight* com 1 volume de isopropanol. Os precipitados foram lavados com etanol 77%, secos e ressuspensos em 20 µL de TE. As amostras foram então transferidas para um único tubo de 1,5 ml (1.9 ml volume final) e quantificadas em gel de agarose 1,2%.

#### **Pré-hibridização dos C<sub>0</sub>t-1 DNA ao microarranjo DArT**

Representações genômicas de 16 indivíduos, descendentes do cruzamento entre os parentais 104x(103+107), árvores-elite de *Pinus taeda*, foram preparadas em réplicas completas para verificar a eficiência do C<sub>0</sub>t-1 DNA na hibridização com os 7680 clones do microarranjo (Tabela 2.5). Antes da hibridização das amostras ao microarranjo, uma pré-hibridização foi feita com as soluções de C<sub>0</sub>t-1 DNA sem marcação de fluorescência e desnaturados a 95°C por 5 minutos. Para o teste, 16 slides foram pré-hibridizados com 5 µL de C<sub>0</sub>t-1 DNA método DArT, outros 16 slides foram pré-hibridizados com 2,5 µL de C<sub>0</sub>t-1 DNA método S1 nuclease e outros 16 slides não foram pré-hibridizados com C<sub>0</sub>t-1 DNA como controle negativo. Após as pré-hibridizações, as 16 amostras foram marcadas com fluorescência e hibridizados aos três conjuntos de 16 slides. Os dados foram então escaneados e analisados. Os parâmetros utilizados para a seleção dos clones DArT com alta qualidade foram call rate>80%, reprodutibilidade=100%, valor Q>50.

**Tabela 2.5** - Identificação dos indivíduos utilizados na hibridização cruzada com os dois métodos de preparo do C<sub>0</sub>t-1 DNA de *Pinus taeda* e o controle negativo na hibridização com 7.680 clones do microarranjo.

Método C <sub>0</sub> t-1 DNA	Natureza das amostras	Nº Total de amostras	Combinação de enzimas para redução de complexidade
S1 nuclease*	<i>Pinus taeda</i>	16	<i>PstI+BstNI</i>
DArT	<i>Pinus taeda</i>	16	<i>PstI+BstNI</i>
Controle negativo	<i>Pinus taeda</i>	16	<i>PstI+BstNI</i>
<b>Total</b>		<b>48</b>	

\* Protocolo adaptado de Zwick *et al.* (1997)

### 2.2.11 Análise filogenética

Para as análises de filogenia foram selecionados 3723 marcadores DArT com 100% de reprodutibilidade, Call Rate > 80% e Valor Q>50, gerados a partir da genotipagem de 17 espécies de *Pinus*, incluindo *P. taeda*. As espécies *Pinus ayacahuite* e *Pinus chiapensis* foram selecionadas como grupo externo considerando sua classificação taxonômica distinta das demais espécies.

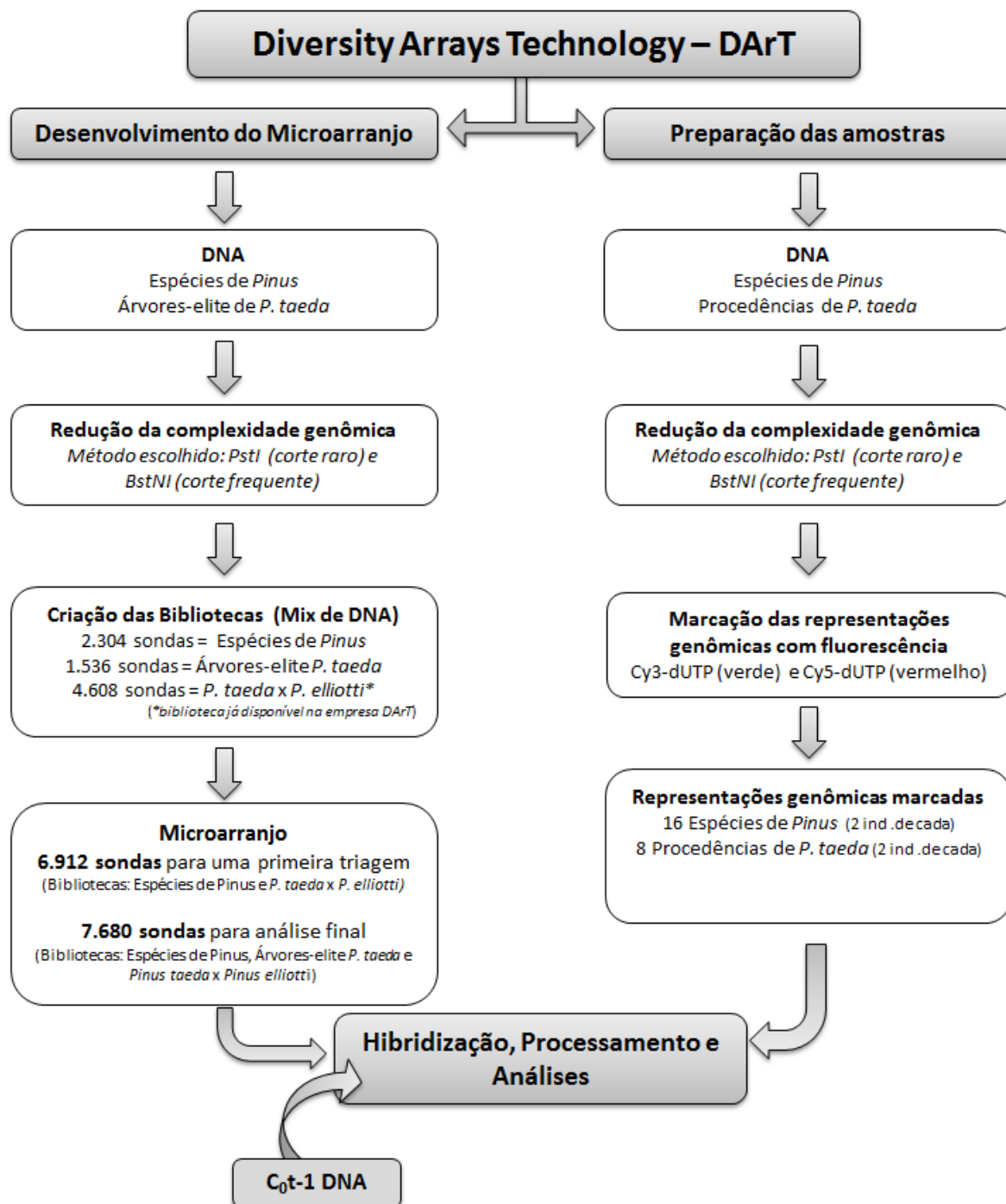
As análises filogenéticas foram realizadas a partir de inferência bayesiana, utilizando o programa MrBayes versão 3.2 (Ronquist, Teslenko *et al.*, 2012), e a partir de critério de máxima parcimônia, utilizando o programa PAUP 4.0\* v.4.0b10 (Swofford, 2002). O método de análise no MrBayes foi realizado com 2.000.000 gerações de passos, com amostragem de árvores a cada 100 gerações, usando o modelo evolutivo para sítios de restrição (binário). Antes do cálculo da árvore consenso, 25% das primeiras árvores foram descartadas como *burn-in*. A busca heurística utilizando o programa PAUP 4.0\* v.4.0b10 consistiu de 1.000 repetições utilizando a adição randômica dos táxons. A troca de ramos foi realizada pelo algoritmo TBR (*Tree bisection and reconnection*) salvando até as primeiras 5.000 árvores mais parcimoniosas. Para reduzir o efeito de homoplasia entre os marcadores, a matriz de caracteres foi sujeita a reponderação progressiva em uma busca heurística secundária, com as mesmas condições de antes. Apoio de ramos foi calculado através de

1.000 pseudorepetições de *bootstrap*, seguido de uma primeira busca heurística e análise usando reponderação progressiva. O programa FigTree v1.4.0 foi utilizado para a visualização gráfica e edição das árvores filogenéticas geradas.

Visando verificar um possível efeito dos marcadores nas análises filogenéticas de acordo com as suas bibliotecas de origem, os marcadores referentes a cada biblioteca foram analisados separadamente utilizando apenas as espécies do subgênero *Pinus*. O programa MrBayes e o PAUP foram utilizados nas análises. Análises filogenéticas separadas foram realizadas utilizando três conjuntos diferentes de marcadores: 476 marcadores DArT derivados da biblioteca construída com representações genômicas de *P. taeda* árvore-elite, 2112 da biblioteca de *P. taeda* x *P. elliottii* e 1135 marcadores da biblioteca de representações genômicas de várias espécies de *Pinus*.

### **2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

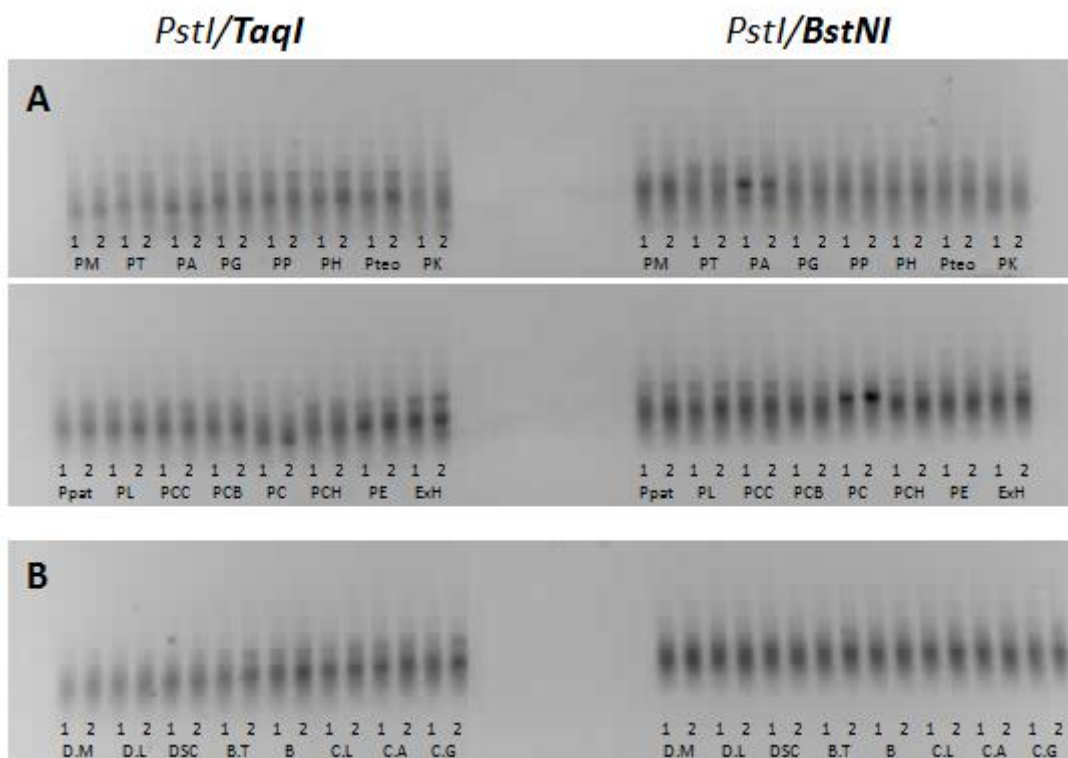
Os resultados das etapas do desenvolvimento do microarranjo DArT para *Pinus* estão ilustrados na Figura 2.8. As principais etapas desenvolvidas foram a construção dos microarranjos e a preparação das amostras para a genotipagem. O método mais apropriado de redução da complexidade genômica foi estabelecido e utilizado no desenvolvimento das representações genômicas para a construção dos microarranjos e para a preparação das amostras para a genotipagem. Dois microarranjos foram desenvolvidos, um inicial com 6.912 sondas, para realizar uma triagem inicial de sondas e verificar a eficiência do microarranjo, e outro com 7.680 sondas com maior representação genômica da espécie alvo *Pinus taeda*. As amostras marcadas foram hibridizadas aos microarranjos, processadas e analisadas. Enriquecimento com elementos repetitivos (Cot-1 DNA) foi testado para verificar a influência do sinal das sequências repetitivas no microarranjo DArT (Figura 2.8).



**Figura 2.8** – Fluxograma do desenvolvimento do microarranjo DArT para *Pinus*. Duas etapas principais foram desenvolvidas, a construção do microarranjo e a preparação das amostras a serem genotipadas. Dois microarranjos foram desenvolvidos, um com 6.912 sondas para uma primeira triagem e outro para a genotipagem final com 7.680 sondas com maior representação genômica da espécie alvo *Pinus taeda*.

### 2.3.1 Redução de complexidade genômica

Um importante passo no desenvolvimento do microarranjo DArT é a determinação do melhor método de redução de complexidade, capaz de produzir uma representação genômica que revele uma grande quantidade de sondas polimórficas. Para verificar qual o melhor método de redução para *Pinus*, duas combinações de enzimas, *PstI/TaqI* e *PstI/BstNI*, foram analisadas. Considerando os resultados do gel de agarose (Figura 2.9), a representação genômica produzida pela digestão da enzima *PstI* em combinação com a enzima *BstNI* foi considerada como a combinação de enzimas de restrição mais adequada para a redução de complexidade genômica de *Pinus*. O melhor método de redução foi evidenciado pela presença de um rastro homogêneo dos fragmentos no gel de agarose, sem a presença de bandas definidas, uma vez que essas bandas indicam a presença de fragmentos repetitivos ou multicópias que serão redundantes na biblioteca e na subsequente descoberta de marcadores (Kilian, Huttner *et al.*, 2005). Apesar da presença de bandas definidas nas espécies *Pinus ayacahuite* (PA) e *Pinus chiapensis* (PC) (Figura 2.9 A) no gel de agarose, a combinação *PstI/BstNI* apresentou o perfil mais homogêneo no rastro dos fragmentos em comparação à combinação de enzimas *PstI/TaqI*, principalmente na digestão da espécie de interesse *Pinus taeda* (Figura 2.9 B). Esta diferença no rastro das bandas na redução de complexidade entre as espécies de *Pinus* é esperada, tendo em vista que as espécies *Pinus ayacahuite* (PA) e *Pinus chiapensis* (PC) pertencem ao subgênero *Strobus*, possuindo, portanto, uma composição genética relativamente distinta das outras espécies pertencentes ao subgênero *Pinus*.



**Figura 2.9.** Resultado da eletroforese em gel de agarose 1,2% de amostras de DNA digeridas com duas combinações de enzimas de restrição (*PstI/TaqI*) e (*PstI/BstNI*) testadas para a redução da complexidade genômica. **(A) Espécies de *Pinus*** : Digestão de dois indivíduos (1 e 2) das 16 espécies de *Pinus* com (*PstI/TaqI*) e (*PstI/BstNI*) onde PM- *Pinus maximinoi*, PT- *Pinus tecunumanii*, PA- *Pinus ayacahuite*, PG- *Pinus greggii*, PP- *Pinus pringlei*, PH- *Pinus herrerae*, Pteo- *Pinus teocote*, PK- *Pinus kesiya*, Ppat- *Pinus patula*, PL- *Pinus leiophylla*, PCC- *Pinus c. caribaea*, PCB- *P. caribaea bahamensis*, PC- *Pinus chiapensis*, PCH- *Pinus c. hondurensis*, PE- *Pinus elliotii*, ExH- *P. elliotii* x *P. c. hondurensis*. **(B) Procedências de *Pinus taeda***: Digestão de dois indivíduos (1 e 2) das procedências de *Pinus taeda* com (*PstI/TaqI*) e (*PstI/BstNI*) onde: D.M- USFS Desoto S.O. Mississippi, D.L- USFS Desoto S.O. Louisiana, DSC- USFS Desoto S.O. South Carolina, B.T- Bastrop Texas, B- Berkekey South Carolina, C.L- Central Louisiana, C.A- Central Alabama, C.G- Central Georgia. A combinação de enzimas *PstI/BstNI* apresentou o perfil de rastro de digestão mais homogêneo e foi selecionado como a melhor combinação de enzimas de restrição para a redução de complexidade genômica.

### 2.3.2 Triagem inicial de um microarranjo com 6912 sondas DArT

Uma triagem inicial de sondas com as 16 espécies de *Pinus* e as oito procedências de *P. taeda* foi feita no primeiro microarranjo desenvolvido com 6.912 sondas impressas em duplicatas. Dois indivíduos de cada espécie e de cada procedência foram utilizados nas análises. Na triagem com as espécies de *Pinus* foi possível identificar 3.087 sondas fornecendo marcadores DArT polimórficos (44.7%) (Tabela 2.6). Para eliminar o viés da diversidade genética introduzida por algumas espécies filogeneticamente distantes de *P. taeda*, os dados das espécies *Pinus chiapensis*, *Pinus ayacahuite*, *Pinus kesiya* e *Pinus maximinoi* foram retirados das análises. Com isso, foi possível estimar a proporção de marcadores polimórficos em *P. taeda* e espécies geneticamente mais próximas. Na análise com as 12 espécies remanescentes, um total de 1.143 sondas revelaram marcadores DArT polimórficos (16,5%) (Tabela 2.6), uma quantidade de sondas com polimorfismo 2,7 vezes menor que a quantidade de sondas polimórficas detectadas na genotipagem com as 16 espécies. Na triagem com as oito procedências de *Pinus taeda* foi possível identificar 776 sondas fornecendo marcadores DArT polimórficos (11,2%) (Tabela 2.6). A proporção de marcadores polimórficos identificados na genotipagem das espécies de *Pinus* (16,5%) foi maior do que a proporção encontrada ao analisar as procedências de *Pinus taeda* (11,2%). Esta maior proporção era esperada considerando a maior variabilidade de sequência amostrada ao se genotipar diferentes espécies em comparação à variabilidade existente somente entre as procedências de uma única espécie, *Pinus taeda*. Uma elevada proporção de sondas DArT revelou polimorfismo interespecífico, possivelmente amostrando segmentos do genoma que ocorrem em uma espécie e não em outra. Estas sondas, embora não sejam úteis para a genotipagem dentro de *Pinus taeda*, podem ser fontes interessantes de marcadores espécie-específicos para estudos de ancestralidade.

Ao analisar o desempenho das bibliotecas na revelação de sondas polimórficas, observou-se que tanto na genotipagem das espécies de *Pinus* quanto na genotipagem das procedências de *Pinus taeda*, não houve diferença entre as combinações enzimáticas *PstI+TaqI* e *PstI+BstNI* das bibliotecas com composição genética *P. taeda* X *P. elliottii*. Entretanto, entre as combinações de enzimas *PstI+TaqI+MseI* com *PstI+BstNI* e *PstI+TaqI* a diferença foi significativa ( $p < 0,0001$  Teste exato de Fisher), revelando uma eficiência reduzida na



detecção de clones polimórficos ao se utilizar uma combinação de três enzimas *PstI+TaqI+MseI* em vez de apenas duas, na redução de complexidade genômica. Este resultado sugere que o corte adicional com mais uma enzima possa ter reduzido o tamanho médio das sondas DArT reduzindo assim a capacidade de detecção de polimorfismos, sejam eles indels ou SNPs. Não foi observada diferença significativa entre as composições genéticas das bibliotecas *P. taeda* X *P. elliotii* e da biblioteca de espécies de *Pinus* digeridas com a combinação de enzimas *PstI+BstNI*.

**Tabela 2.6** – Número e proporção de sondas DArT polimórficas na genotipagem com as espécies de *Pinus* e com as procedências de *Pinus taeda* na triagem preliminar de sondas DArT com o microarranjo de 6912 sondas.

Bibliotecas	Combinação de enzimas	Nº total de sondas	Espécies de <i>Pinus</i>				Procedências de <i>Pinus taeda</i>		
			Análise total <sup>a</sup>		Análise sem PC, PA, PK e PM <sup>b</sup>		Nº de sondas polimórficas*	Proporção de sondas polimórficas	
			Nº sondas polimórficas*	Proporção polimorfismo	Nº sondas polimórficas*	Proporção polimorfismo			
1	Espécies de <i>Pinus</i>	<i>PstI+BstNI</i>	2304	1007	43,7%	430	18,7%	278	12,1%
2	<i>P. taeda X P. elliottii</i>	<i>PstI+TaqI</i>	1536	763	49,7%	258	16,8%	175	11,4%
3	<i>P. taeda X P. elliottii</i>	<i>PstI+BstNI</i>	1536	695	45,2%	294	19,1%	192	12,5%
4	<i>P. taeda X P. elliottii</i>	<i>PstI+TaqI+MseI</i>	1536	622	40,5%	161	10,5%	131	8,5%
<b>Total</b>			<b>6912</b>	<b>3087</b>	<b>44,7%</b>	<b>1143</b>	<b>16,5%</b>	<b>776</b>	<b>11,2%</b>

\*Os parâmetros utilizados para declarar uma sonda como sendo um marcador polimórfico de alta qualidade foram Diversidade Genética (DG) ≥ 0,05, Call Rate > 70%, Reprodutibilidade > 95% e Valor de Q > 65.

<sup>a</sup> Marcadores DArT polimórficos calculados com as 16 espécies de *Pinus*, dois indivíduos de cada.

<sup>b</sup> Marcadores DArT polimórficos calculados na ausência de PC- *Pinus chiapensis*, PA- *Pinus ayacahuite*, PK- *Pinus kesiya* e PM - *Pinus maximinoi*

### 2.3.3 Avaliação do microarranjo DArT com 7680 sondas

Com base nos dados da triagem e buscando aumentar o número de sondas polimórficas com representações genômicas da espécie alvo *Pinus taeda*, 768 sondas da biblioteca *P. taeda* x *P. elliottii* (*PstI+TaqI+MseI*) foram descartadas e 1536 sondas da biblioteca com representações genômicas das cinco árvores-elite de *Pinus taeda* foram adicionadas ao microarranjo. Um microarranjo com um total de 7.680 sondas DArT foi utilizado na genotipagem das 16 espécies de *Pinus* e das oito procedências de *Pinus taeda*, com dois indivíduos de cada.

Na genotipagem das espécies de *Pinus* foi identificado um total de 4.171 sondas DArT polimórficas (54,3%) (Tabela 2.7), um aumento significativo ( $p < 0,0001$ ,  $\chi^2$  com correção de Yates) de sondas polimórficas em relação a genotipagem das espécies com o microarranjo de 6912 sondas. Esse acréscimo é esperado, tendo em vista o aumento de 1536 sondas derivadas de *Pinus taeda*. Visando reduzir o viés da distância genética existente entre as espécies de *Pinus*, os dados das quatro espécies filogeneticamente mais distantes, *Pinus chiapensis*, *Pinus ayacahuite*, *Pinus kesiya* e *Pinus maximinoi* foram retirados das análises. Na análise com as 12 espécies, um total de 1.377 sondas DArT polimórficas foram identificadas (17,9%) (Tabela 2.7). Na análise da genotipagem das oito procedências de *Pinus taeda* foi possível identificar 1.211 sondas DArT polimórficas (15,8%) (Tabela 2.7), um número significativamente maior ( $p < 0,0001$ ,  $\chi^2$  com correção de Yates) em relação ao número de marcadores polimórficos detectados no microarranjo com 6912 sondas.

Avaliando o desempenho das bibliotecas na recuperação de sondas polimórficas, observou-se que tanto na genotipagem das espécies de *Pinus* quanto na genotipagem das procedências de *Pinus taeda*, duas bibliotecas se destacaram por revelarem mais sondas polimórficas, a biblioteca de espécies de *Pinus PstI+BstNI* e a biblioteca *P. taeda* x *P. elliottii PstI+BstNI* (Tabela 2.7). A biblioteca de espécies de *Pinus* foi aquela que forneceu a maior proporção de sondas DArT polimórficas. Observou-se também, que diferentemente dos resultados obtidos na triagem, houve uma diferença significativa entre as combinações enzimáticas *PstI+TaqI* e *PstI+BstNI* com representações genômicas de *P. taeda* x *P. elliottii*. A

quantidade de sondas polimórficas obtidas a partir da redução de complexidade com as enzimas *PstI+BstNI* foi significativamente maior ( $p \leq 0,006$ , teste exato de Fisher) do que

**Tabela 2.7** – Número e proporção de sondas DArT polimórficas na genotipagem das espécies de *Pinus* e nas procedências de *Pinus taeda* com o microarranjo de 7680 sondas.

Bibliotecas	Combinação de enzimas	Nº total de sondas	Espécies de <i>Pinus</i>				Procedências de <i>Pinus taeda</i>		
			Análise total <sup>a</sup>		Análise sem PC PA PK e PM <sup>b</sup>		Nº de sondas polimórficas*	Proporção de sondas polimórficas	
			Nº sondas polimórficas*	Proporção polimorfismo	Nº sondas polimórficas*	Proporção polimorfismo			
1	Espécies de <i>Pinus</i>	<i>PstI+BstNI</i>	2304	1282	55,6%	521	22,6%	429	18,9%
2	Árvores-elite <i>P. taeda</i>	<i>PstI+BstNI</i>	1536	637	41,5%	214	13,9%	228	14,8%
3	<i>P. taeda</i> X <i>P. elliotii</i>	<i>PstI+TaqI</i>	1536	934	60,8%	264	17,2%	215	14,0%
4	<i>P. taeda</i> X <i>P. elliotii</i>	<i>PstI+BstNI</i>	1536	884	57,6%	305	19,9%	278	18,1%
5	<i>P. taeda</i> X <i>P. elliotii</i>	<i>PstI+TaqI+MseI</i>	<b>768</b>	434	56,5%	73	9,5%	61	7,9%
<b>Total</b>			<b>7680</b>	<b>4171</b>	<b>54,3%</b>	<b>1377</b>	<b>17,9%</b>	<b>1211</b>	<b>15,8%</b>

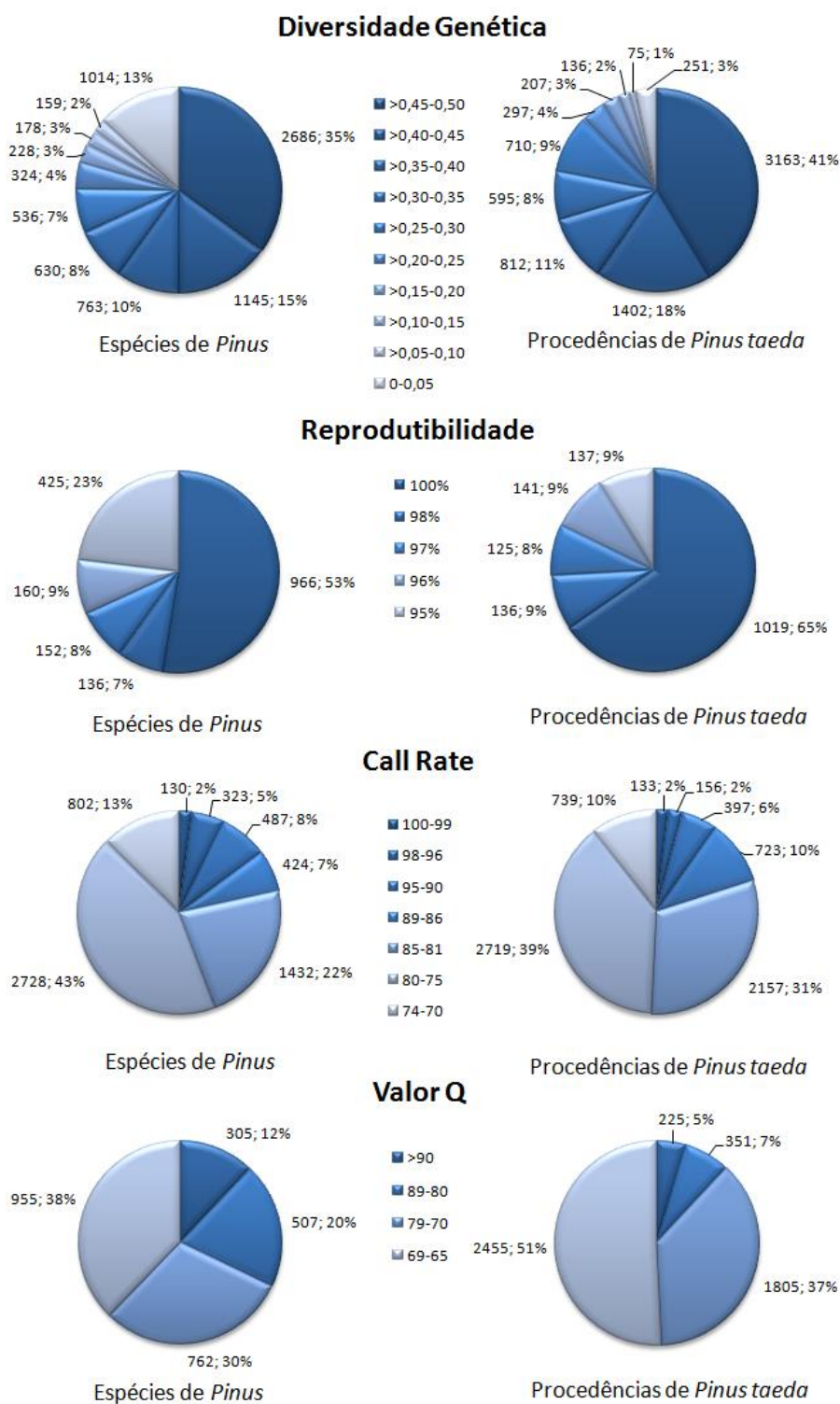
\* Os parâmetros utilizados para declarar uma sonda como sendo um marcador polimórfico de alta qualidade foram Diversidade Genética (DG)  $\geq$  0,05, Call Rate > 70%, Reprodutibilidade > 95% e Valor de Q > 65.

<sup>a</sup> Marcadores DArT polimórficos calculados com as 16 espécies de *Pinus*.

<sup>b</sup> Marcadores DArT polimórficos calculados na ausência de PC- *Pinus chiapensis*, PA- *Pinus ayacahuite*, PK- *Pinus kesiya* e PM - *Pinus maximinoi*.

obtida com a combinação *PstI+TaqI*. Não é possível afirmar que a combinação de enzimas *PstI+BstNI* seja de fato a melhor combinação de enzimas para *Pinus*, visto que houve diferença entre as genotipagens e o experimento não visava propriamente avaliar este aspecto e por isso não foi repetido. Como ocorrido na triagem, o número de clones polimórficos derivados da biblioteca *P. taeda x P. elliottii* com a combinação de enzimas *PstI+TaqI+MseI* foi significativamente menor ( $p < 0,0001$ , teste exato de Fisher) do que o número obtido a partir das outras bibliotecas, revelando uma menor eficiência dessa combinação na descoberta de sondas polimórficos para *Pinus*.

Analisando a distribuição das sondas DArT que passaram pelos diferentes parâmetros de seleção na genotipagem com as espécies de *Pinus*, observou-se que 50% das sondas tiveram diversidade genética maior que 0,40, 53% tiveram reprodutibilidade igual a 100%, 44% tiveram Call Rate maior que 80% e 62% tiveram Valor Q maior ou igual a 70% (Figura 2.10). Analisando a distribuição das sondas DArT na genotipagem das procedências de *Pinus taeda*, observou-se que 59% das sondas apresentaram diversidade genética maior ou igual a 0,40, 65% tiveram reprodutibilidade igual a 100%, 51% tiveram Call Rate maior que 80% e 49% tiveram Valor Q maior ou igual a 70% (Figura 2.10). As sondas DArT que consolidaram os parâmetros de reprodutibilidade maior que 95%, Call Rate maior que 70%, Valor de Q maior que 65 e diversidade genética maior que 0,05 foram selecionados como os marcadores polimórficos de maior qualidade (Figura 2.11). Os marcadores selecionados na genotipagem das espécies tiveram parâmetros médios de Call Rate de 91,4%, Reprodutibilidade de 98,3% e valor-Q de 80. Na genotipagem das procedências de *Pinus taeda* os parâmetros médios dos marcadores selecionados foram Call Rate de 78%, reprodutibilidade de 99% e valor-Q de 88,8%.



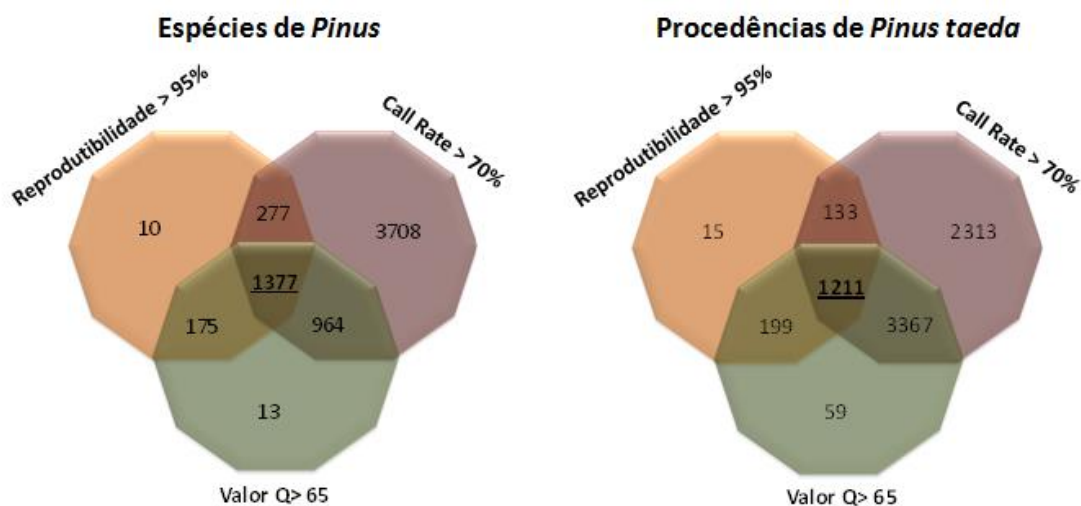
**Figura 2.10** – Gráficos da distribuição do número e porcentagem das sondas DArT que passaram nos parâmetros para seleção dos marcadores com Diversidade Genética  $\geq 0,05$ , Reprodutibilidade  $> 95\%$ , Call Rate  $> 70\%$  e Valor de Q  $> 65$ . Comparação da distribuição dos marcadores DArT na genotipagem das espécies de *Pinus* e das procedências de *Pinus taeda*.

Algumas espécies vegetais com genomas extensos e complexos também tiveram marcadores DArT desenvolvidos, o que permite uma comparação mesmo que tentativa, tendo em vista as particularidades de cada experimento em termos de rigor na seleção de sondas e, evidentemente, da estrutura e organização do genoma, do modo de reprodução e amplitude da base genética amostrada na construção das bibliotecas. Heller-Uszynska *et al.* (2011), analisando diferentes reduções de complexidade para 16 clones distintos de cana-de-açúcar (genoma poliploide de ~10Gbp por conteúdo diploide) conseguiram identificar 300 marcadores DArT em 3.072 clones (9,78%) com um dos melhores métodos de redução de complexidade avaliados (MITE/*Bsp1286I*). Akbari *et al.* (2006), identificaram em trigo 144 marcadores DArT em 1.536 sondas (9,4%) utilizando o melhor método de redução de complexidade por eles definido (*PstI/TaqI*), em 13 cultivares, mostrando que a tecnologia DArT pode ser efetivamente aplicada em um genoma hexaploide de ~16Gbp. Badea *et al.* (2011) obtiveram 719 marcadores DArT em 3.072 sondas (23,4%) ao genotipar 144 acessos de triticale, um hexaploide AABBRR. Na análise com as 16 espécies de *Pinus*, 1.282 marcadores DArT foram identificados a partir de 2.304 sondas derivadas especificamente da biblioteca de espécies (55,6%), uma proporção de clones polimórficos considerável para um genoma extenso e complexo de 24Gbp por conteúdo haploide.

Evidentemente que a diversidade de espécies consideradas, a inexistência de domesticação destas espécies e o próprio modo de reprodução alógamo do gênero *Pinus*, que resulta em ampla diversidade nucleotídica, justifica esta maior eficiência. Uma comparação mais adequada pode ser feita com o trabalho de desenvolvimento de um microarranjo DArT realizado para *Eucalyptus* que, além de também ter amostrado uma ampla representatividade de espécies, apresenta características semelhantes de hábito reprodutivo, embora tenha genoma cerca de 40 vezes menor (640 Mpb). Sansaloni *et al.* (2010), em uma triagem inicial, identificaram 7.677 marcadores DArT a partir de 16.128 sondas (47,6%) e, mais tarde, após uma segunda triagem mais ampla, detectaram 13.300 sondas polimórficas em um painel envolvendo 64 espécies do gênero a partir de 23.808 sondas (55,9%). Neste mesmo trabalho, ao avaliar a proporção de marcadores polimórficos em um conjunto de indivíduos de seis pedigrees de *Eucalyptus*, a quantidade média de marcadores polimórficos relatados variou entre 864 e 2.553 com média de 1.395 a partir de 7.680 sondas, ou seja, 18,1%. Se forem considerados somente os resultados das quatro



bibliotecas de *Pinus* geradas com duas enzimas (Tabela 2.8), a proporção de marcadores polimórficos obtidos foi de 1150 de um total de 6912, ou seja, 16.6%, proporção esta consistente com os resultados de *Eucalyptus*. Ao se comparar, portanto, os resultados do trabalho de *Eucalyptus* com estes desenvolvidos para *Pinus*, observa-se proporções de identificação de sondas polimórficas muito próximas seja em nível inter bem como intra-específico, independentemente do tamanho do genoma. Isso sugere que a metodologia de redução de complexidade genômica utilizada na técnica DArT é muito eficiente em remover a porção de baixa complexidade, altamente repetitiva, colocando em patamares equivalentes genomas de dimensões muito discrepantes.



**Figura 2.11** - Diagrama de Venn consolidando as informações da classificação das sondas DArT de acordo com os três parâmetros adotados, Call Rate>70%, Reprodutibilidade>95% e Valor de Q>65. Apenas os marcadores com diversidade genética maior que 0,05 que satisfazem simultaneamente os três parâmetros foram selecionados. Comparação entre as sondas polimórficas na genotipagem das espécies de *Pinus* e das procedências de *Pinus taeda*.

### 2.3.4 Hibridização cruzada de sequências repetitivas usando C<sub>0</sub>t-1 DNA

Para enriquecer a intensidade do sinal do microarranjo DArT com sondas ricas em representações genômicas com baixo número de cópia, os sinais dos elementos repetitivos foram bloqueados por hibridização cruzada com uma solução de DNA genômico altamente enriquecido em elementos repetitivos, gerada através de dois procedimentos de renaturação cinética do DNA (C<sub>0</sub>t-1 DNA) (Britten e Kohne, 1968), um desenvolvido a partir do artigo de Zwick *et al.* (1997) e o outro desenvolvido pela empresa DArT Pty Ltda. Para o teste foram utilizados representações genômicas de 16 indivíduos, filhos do cruzamento entre os parentais 104x(103+107), árvores-elite de *Pinus taeda*.

Utilizando o procedimento de enriquecimento de elementos repetitivos por S1 nuclease (Zwick, Hanson *et al.*, 1997) observou-se um ganho de 65% no número de marcadores polimórficos em relação ao controle negativo, passando de 337 sondas polimórficas no controle negativo para 557 sondas polimórficas no método S1 nuclease (Tabela 2.8). Utilizando o método desenvolvido pela empresa DArT Pty Ltda este ganho foi um pouco menor, de 46,6%, passando de 337 para 494 (Tabela 2.8). Estas diferenças foram significativas (p valor < 0,05 no teste de Fisher). Apesar do ganho com o procedimento S1 nuclease ter sido maior nesse experimento, o procedimento de enriquecimento desenvolvido pela empresa DArT foi menos laborioso, mais rápido. Além disso, é um método baseado em PCR, com maior custo benefício, podendo ser desenvolvido em um único experimento, não necessitando de grandes quantidades iniciais de DNA.

Todas as bibliotecas do microarranjo revelaram mais sondas DArT polimórficas quando a hibridização cruzada com elementos repetitivos foi utilizada. Entretanto, não é possível realizar uma análise detalhada de possíveis interações entre a utilização do tratamento com C<sub>0</sub>t-1 DNA e o tipo de biblioteca, tendo em vista que o experimento não foi repetido. O número de sondas polimórficas na presença do C<sub>0</sub>t-1 DNA foi em média de 1,56 vezes maior considerando os dois tratamentos. Essa diferença evidencia o impacto negativo dos elementos repetitivos no desenvolvimento de marcadores DArT para genomas complexos. A alta intensidade do sinal emitido pelas sondas com sequências repetitivas oculta o sinal fraco emitido pelas sondas com sequências de baixa cópia quando posicionadas próximas no

microarranjo. Apesar da enzima de restrição *PstI* utilizada na redução de complexidade ser sensível a metilação CpG, eliminando muito DNA repetitivo metilado da representação genômica, só a seleção com enzima de restrição não foi suficiente para reduzir o efeito desses elementos em um genoma complexo como o de *Pinus taeda*.

**Tabela 2.8** – Número de sondas DArT polimórficas nos dois tratamentos com C<sub>0</sub>t-1 DNA e na ausência de C<sub>0</sub>t-1 DNA (controle negativo) utilizando 16 indivíduos, filhos do cruzamento dos parentais 104x(103+107), árvores-elite de *Pinus taeda*.

Bibliotecas	Combinação de enzimas	Nº total de sondas	Nº de sondas polimórficas* nos 16 indiv <i>P. taeda</i>		
			C <sub>0</sub> t-1 S1 nuclease	C <sub>0</sub> t-1 DArT	Controle Negativo
1 Espécies de <i>Pinus</i>	<i>PstI+BstNI</i>	2304	135	145	87
2 Árvores-elite <i>P. taeda</i>	<i>PstI+BstNI</i>	1536	73	65	41
4 <i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i>	<i>PstI+TaqI</i>	1536	148	130	85
5 <i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i>	<i>PstI+BstNI</i>	1536	153	122	111
6 <i>P. taeda</i> X <i>P. elliottii</i>	<i>PstI+TaqI+MseI</i>	768	48	32	13
<b>Total</b>		<b>7680</b>	<b>557</b>	<b>494</b>	<b>337</b>

\*Os parâmetros utilizados para a seleção das sondas DArT com alta qualidade foram Call Rate>80%, Reprodutibilidade=100%, valor Q>50.

### 2.3.5 Aplicação dos marcadores DArT na análise filogenética

Para avaliar o desempenho potencial da tecnologia DArT especificamente em estudos de filogenia, 3.723 marcadores DArT referentes à genotipagem das 17 espécies de *Pinus* foram selecionados para a análise filogenética. As análises com inferência bayesiana e máxima parcimônia revelaram o mesmo perfil de distribuição das espécies no filograma (Figura 2.12 A-B).

As espécies analisadas agruparam-se em cinco grupos filogenéticos, com valor de bootstrap e probabilidade posterior igual a 100%, (Figura 2.12). As espécies *Pinus ayacahuite* e *Pinus chiapensis*, como esperado, posicionaram em um grupo mais distante (Figura 2.12). Essas espécies pertencem ao subgênero *Strobus*, seção *Quinquefoliae*, subseção *Strobus* (Tabela 2.9) (Gernandt, López *et al.*, 2005), subgênero diferente das demais espécies, sendo

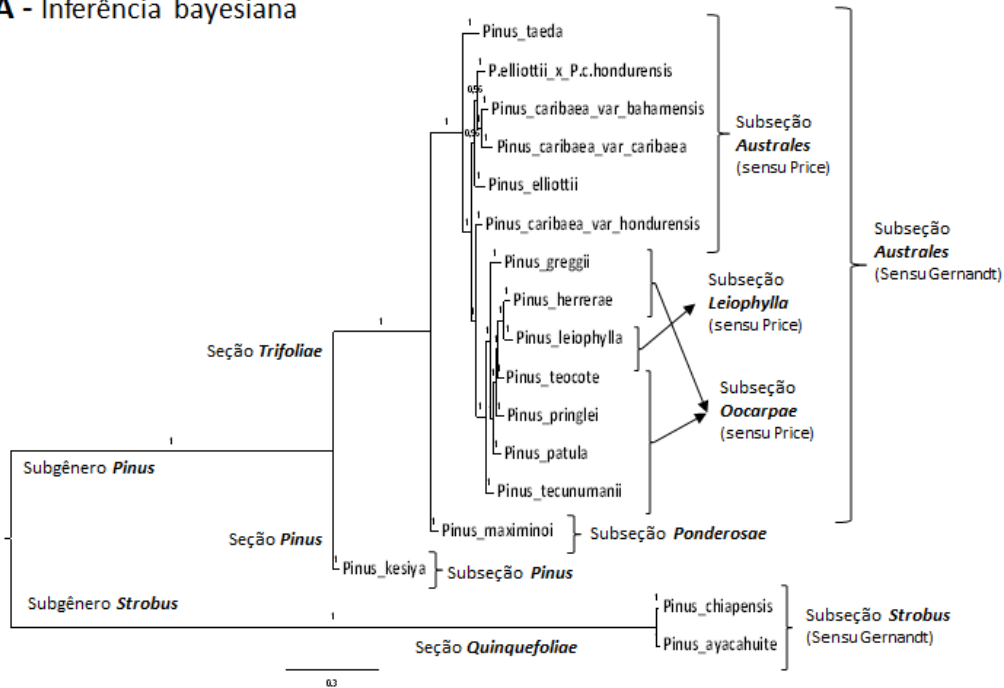
consideradas, portanto, como grupo externo. A espécie *Pinus kesiya* agrupou-se em um clado distinto (Figura 2.12), condizente com sua classificação taxonômica atual, na qual faz parte do subgênero *Pinus*, seção *Pinus*, subseção *Pinus* (Tabela 2.9). De acordo com a árvore filogenética, os subgêneros *Pinus* e *Strobilus* apresentam um ancestral comum, corroborando a história evolutiva dessas espécies (Figura 2.13), provavelmente originárias de uma espécie extinta da família Pinaceae (*Pityostrobus*) (Millar e Kinloch, 1991) (Figura 2.13).

Conforme esperado, os dados DArT revelam que as demais espécies analisadas formam um grupo monofilético. De acordo com as classificações taxonômicas existentes, estas espécies pertencem a uma mesma seção do subgênero *Pinus*, denominada *Trifoliae* (Gernandt, López *et al.*, 2005) ou *New World Diploxylon Pines* (Price, Liston *et al.*, 1998) (Figura 2.12, Tabela 2.9). De acordo com Millar e Kinloch (1991) esta seção originou-se provavelmente da seção *Sylvestres*, a aproximadamente 136 milhões de anos atrás, no cretáceo (Figura 2.13). Entretanto, as classificações taxonômicas desta seção, em nível de subseção, diferem nas distintas propostas da literatura. Exceção feita para a espécie *Pinus maximinoi*, posicionada em um grupo a parte (Figura 2.12) dentro dessa seção. A separação desta espécie das demais é consistente com o que foi proposto por Price *et al.* (1998) e Gernandt *et al.* (2005) onde *Pinus maximinoi* é membro da subseção *Ponderosae* (Tabela 2.9).

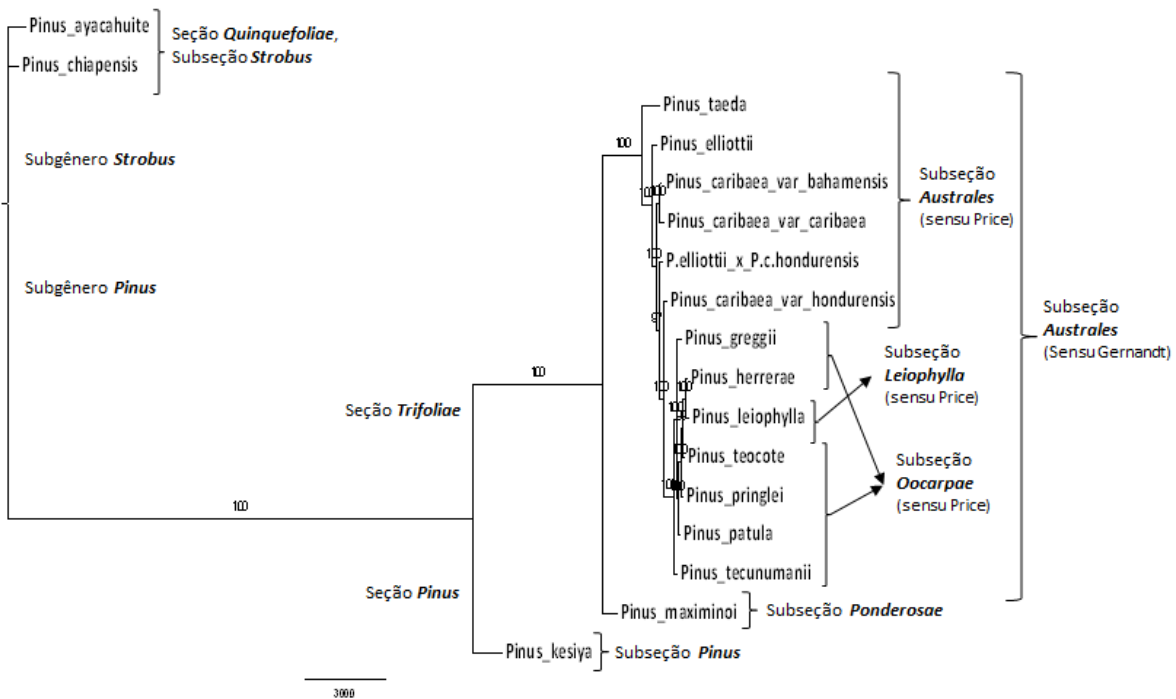
Em relação às demais espécies da seção *Trifoliae*, Gernandt *et al.* (2005) propôs que as mesmas pertençam a uma única subseção, *Australes* (Figura 2.12). Anteriormente, Price *et al.* (1998) classificaram essas espécies em três subseções diferentes, *Oocarpae*, *Leiophylla* e *Australes* (Figura 2.12). A classificação proposta por Price *et al.* (1998) é baseada na união de dois grandes trabalhos, o de Little e Critchfield (1969), que organizaram todas as classificações propostas anteriormente em uma única nomenclatura, e o de Krupkin *et al.* (1996), que classificaram o gênero *Pinus* através da comparação de sequências de DNA de cloroplasto (cpDNA). Já a classificação proposta Gernandt *et al.* (2005) é baseada na relação filogenética revelada por estudos com sequências de DNA de cloroplasto (*matK* e *rbcl*), sendo consistente com características morfológicas tradicionais, mas diferindo consideravelmente da classificação padrão anterior utilizada por Little e Critchfield (1969).

Fazendo um paralelo entre a classificação de Price et al (1998) e aquela revelada pela análise com marcadores DArT, observou-se que os dados DArT revelam uma maior proximidade entre *Pinus leiophylla* e *Pinus herrerae*, pertencentes a subseções diferentes (*Leiophyllae* e *Oocarpae* respectivamente), do que entre *Pinus herrerae* e *Pinus tecunumanii*, pertencentes à mesma subseção, sugerindo portanto que *Pinus leiophylla* pertença à mesma subseção de *Pinus herrerae* e *Pinus tecunumanii* (Figura 2.12 e Tabela 2.9). Outro caso de posicionamento filogenético conflitante entre as classificações taxonômicas existentes é o da espécie *Pinus teocote*. Esta espécie já foi classificada por Little e Critchfield (1969) e outros autores, como membro da subseção *Ponderosae*. Perry (1991) em uma nova proposta classificou *Pinus teocote* e *Pinus herrerae* como membros da subseção *Teocote*. Já Price et al. (1998), a partir de observações de Krupkin et al. (1996), classificou *Pinus teocote* e *Pinus herrerae* como membros do grupo *Teocote*, dentro da subseção *Oocarpae* (Tabela 2.9). Os dados DArT revelam uma proximidade genética entre *Pinus teocote* e *Pinus herrerae*, mas não evidenciam uma potencial existência de um agrupamento específico que os coloque em um grupo a parte das demais espécies no ramo (Figura 2.12). Essa observação é consistente com a classificação mais recente proposta por Gernandt et al. (2005) que apresenta *P. teocote* na seção *Australes* juntamente com *P. herrerae* sem qualquer indicativo de subseção ou agrupamento. A espécie *Pinus tecunumanii* já foi considerada no passado por alguns autores como uma subespécie de *Pinus patula*. Os dados DArT corroboram os resultados obtidos por Furman et al. (1997) com marcadores RAPD, onde *Pinus tecunumanii* de fato se mostrou como um táxon distinto de *Pinus patula*.

### A - Inferência bayesiana



### B - Máxima parcimônia



**Figura 2.12-** Filograma das 17 espécies do gênero *Pinus* gerado a partir de 3.723 marcadores DArT posicionado em relação à classificação taxonômica proposta por Price *et al.* (1998) e Gernandt *et al.* (2005). (A) Análise com inferência bayesiana utilizando o programa MrBayes; (B) Análise de máxima parcimônia com reponderação utilizando o programa PAUP (3.362 marcadores informativos, consistência CI=0,91, homoplasia HI=0,07, retenção RI=0,93). As espécies *Pinus ayacahuite* e *Pinus chiapensis* foram selecionadas como grupo externo.

**Tabela 2.9** – Classificação taxonômica das 17 espécies do gênero *Pinus* de acordo com Price *et al.* (1998) e Gernandt *et al.* (2005).

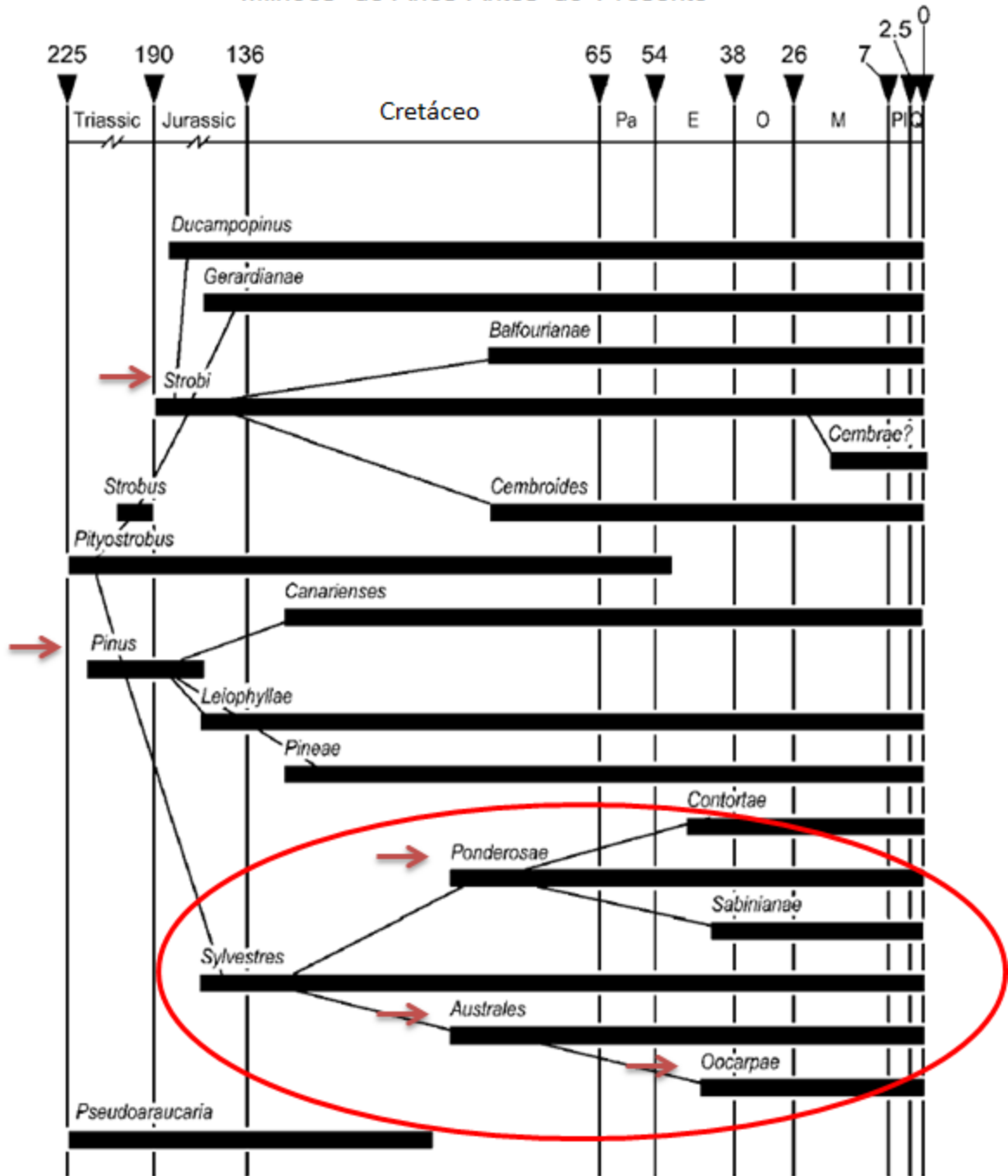
Taxonomia Geral	Subgênero	Seção	Subseção		Espécies		
			Sensu Price <i>et al.</i> (1998)	Sensu Gernandt <i>et al.</i> (2005)			
Reino <b>Plantae</b>	Subgênero <b><i>Pinus</i></b> (Diploxylon) ( <i>Yellow</i> ou <i>hard pines</i> )	<b><i>Trifoliae</i></b> (Gernandt <i>et al.</i> (2005))  <b>New World Diploxylon Pines</b> (Price <i>et al.</i> (1998))	<b><i>Australes</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus taeda</i>		
Divisão <b>Pinophyta</b>			<b><i>Australes</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus elliottii</i>		
Classe <b>Pinopsida</b>			<b><i>Australes</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>P. elliottii</i> x <i>P. c. hondurensis</i>		
Ordem <b>Pinales</b>			<b><i>Australes</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>		
Família <b>Pinaceae</b>			<b><i>Australes</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>caribaea</i>		
Gênero <b><i>Pinus</i></b>			<b><i>Australes</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus caribaea</i> var. <i>hondurensis</i>		
			<b><i>Oocarpae</i></b> (teocote grupo)	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus teocote</i>		
			<b><i>Oocarpae</i></b> (oocarpa grupo)	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus pringlei</i>		
			<b><i>Oocarpae</i></b> (oocarpa grupo)	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus patula</i>		
			<b><i>Oocarpae</i></b> (oocarpa grupo)	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus greggii</i>		
			<b><i>Oocarpae</i></b> (teocote grupo)	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus herrerae</i>		
			<b><i>Leiophyllae</i></b>	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus leiophylla</i>		
			<b><i>Oocarpae</i></b> (oocarpa grupo)	<b><i>Australes</i></b>	<i>Pinus tecunumanii</i>		
			<b><i>Ponderosae</i></b> (pseudostrobus grupo)	<b><i>Ponderosae</i></b>	<i>Pinus maximinoi</i>		
			<b><i>Pinus</i></b>	<b><i>Pinus</i></b>	<b><i>Pinus</i></b>	<i>Pinus kesiya</i>	
			Subgênero <b><i>Strobus</i></b> (haploxylon)	<b><i>Quinquefoliae</i></b> (Gernandt <i>et al.</i> (2005)), <b><i>Strobus</i></b> (Price <i>et al.</i> (1998))	<b><i>Strobi</i></b>	<b><i>Strobus</i></b>	<i>Pinus ayacahuite</i>
			( <i>White</i> ou <i>soft pines</i> )		<b><i>Strobi</i></b>	<b><i>Strobus</i></b>	<i>Pinus chiapensis</i>

Segundo Furman *et al.* (1997) e Dvorak *et al.* (2000), as subseções propostas por Price *et al.* (1998), *Oocarpae* e *Australes*, possuem uma relação evolutiva próxima, derivando de um mesmo ancestral comum (Figura 2.12 e Figura 2.13). Segundo Millar e Kinloch (1991), a subseção *Oocarpae* originou-se da subseção *Australes* a aproximadamente 38 milhões de anos atrás, no eoceno (Figura 2.13). Estudos com RAPD de Dvorak *et al.* (2000) indicaram que *Pinus caribaea var. hondurensis*, classificado por Price *et al.* (1998) como subseção *Australes*, compartilha uma ligação evolutiva próxima com *Pinus tecunumanii* pertencente à subseção *Oocarpae*, maior até do que entre espécies da mesma subseção (Figura 2,12 e Figura 2.14). Dvorak *et al.* (2000) relatam também que existem fortes evidências de hibridação natural entre as espécies da subseção *Oocarpae* e *Australes*, principalmente entre *Pinus caribaea var. hondurensis* e *Pinus tecunumanii*. Essas observações são consistentes com os resultados relevados pelos marcadores DArT, sugerindo que as duas subseções são na verdade dois grupos a parte, descendendo um do outro e pertencendo cada um a uma subseção, assim como proposto por Price *et al.* (1998). Além disso, os dados DArT sugerem que *Pinus leiophylla*, proposto por Price *et al.* (1998) como outra subseção, faça parte da subseção *Oocarpae*.



# História Evolutiva do Gênero *Pinus*

Milhões de Anos Antes do Presente



**Figura 2.13.** Hipótese filogenética do aparecimento do Gênero *Pinus*, mostrando sua origem a partir de *Pityostrobus* na era Mesozoica e sua divergência ao longo do tempo geológico em subgêneros, seções e subseções. Setas destacando as subseções analisadas neste trabalho. Círculo: destaque para a seção *New World Diploxylon Pines*. Pa= Paleoceno; E= Eoceno; O=Oligoceno; M= Mioceno; Pl= Pleoceno; Q= Quaternário. Fonte: (Millar e Kinloch, 1991; White, Adams *et al.*, 2007).

Outro dado que chama a atenção é a separação filogenética, com forte suporte estatístico (bootstrap a 100%), de *Pinus taeda* das demais espécies da subseção *Australes* (Figura 2.12 e Figura 2.14 – biblioteca *P.taeda* x *P. elliotii*). Interessante observar, que na classificação mais recente de Gernandt *et al.* (2005) *Pinus taeda*, apesar de, segundo ele, pertencer à subseção *Australes*, aparece como membro de um grupo monofilético com outras três espécies do leste da América do Norte. Além disso, não existem relatos na literatura de hibridização de *Pinus taeda* com nenhuma das espécies da subseção *Australes* com exceção de *P. rigida* (Pitch pine), *P. echinata* (Shortleaf pine), *P. palustris* (Longleaf pine) e *P. elliotii* (Slash pine) todas estas espécies que ocorrem na região sudeste da América do Norte (Neale, 2007). Entretanto, a árvore consenso apresentada por Gernandt *et al.* (2005) não revela detalhes finos da divisão desses grupos. Os dados de 3273 marcadores DArT juntamente com as informações de hibridização sugerem a possibilidade de que *P. taeda* e suas espécies norte americanas próximas venham a ser classificadas em outra subseção no futuro, mas para isso é necessário um estudo mais amplo com maior número de espécies da América do Norte.



**Figura 2.14-** Filogramas das espécies do subgênero *Pinus* obtidos pela análise de diferentes conjuntos de marcadores, de acordo com a biblioteca de origem (2112 marcadores DArT da biblioteca com representações genômicas de *P. taeda x P. elliotii*, 1135 da biblioteca espécies de *Pinus* e 476 da biblioteca *P. taeda* árvore-élite) (A) Filogramas gerados a partir da inferência bayesiana utilizando o programa MrBayes; (B) Filogramas gerados a partir de critérios de máxima parcimônia com reponderação.

Visando verificar algum possível viés nas análises filogenéticas como resultado da origem dos marcadores em termos das bibliotecas, marcadores derivados de cada biblioteca foram analisados separadamente utilizando apenas os dados das espécies do subgênero *Pinus*. As análises com inferência bayesiana e máxima parcimônia revelaram padrões similares (Figura 2.14 A-B). Também não foi observada diferença nos filogramas obtidos com os três subconjuntos de marcadores (Figura 2.12), sendo possível observar a separação com alto suporte estatístico de *Pinus kesia*, seção *Pinus*, das outras espécies da seção *Trifoliae* e das subseções *Ponderosae*, *Oocarpae* e *Australes*. Esta separação é bem evidenciada na análise com os marcadores da biblioteca *P. taeda* x *P. elliotii*. A biblioteca *P. taeda* x *P. elliotii* foi a biblioteca que apresentou maior apoio de ramo, com 100% de bootstrap. Isso se deve, provavelmente, ao maior número de marcadores informativos e por esta biblioteca possuir representações genômicas obtidas a partir de três combinações enzimáticas diferentes (*PstI+TaqI*, *PstI+BstNI* e *PstI+TaqI+MseI*). A biblioteca *P. taeda* árvore-elite foi a biblioteca que revelou menor apoio dos ramos na separação das espécies da subseção *Oocarpae* e *Australes*, provavelmente devido à uma menor diversidade de sequências e consequente baixo número de marcadores informativos (Figura 2.14-B), por possuir representação genômica apenas da espécie *Pinus taeda*. Apesar disso, é possível observar uma separação das espécies das subseções *Oocarpae* das espécies de *Australes*.

As análises realizadas neste trabalho com base em 3.273 marcadores DArT, são portanto, mais consistentes com a classificação original publicada por Price *et al.* (1998) que propõe a existência de duas subseções separadas, *Australes* à qual *P. taeda*, *P. elliotii* e *P. caribaea* e suas variedades pertenceriam e a *Oocarpae* na qual *P. herrerae*, *P. leiophylla*, *P. pringlei*, *P. patula*, *P. teocote*, *P. greggii* e *Pinus tecunumanii*, tipicamente pertencentes à América Central, seriam enquadradas. Em outras palavras, ao amostrar o genoma nuclear e possivelmente extra nuclear, de uma forma muito mais ampla do que estudos anteriores, baseados em sequências consideravelmente limitadas de regiões do DNA de cloroplasto e DNA ribossomal, os dados moleculares levantados neste trabalho propõem uma volta à classificação de Price *et al.* (1998), com exceção do posicionamento filogenético de *Pinus leiophylla*, não sendo mais considerado como membro da subseção *Leiophyllae*. Para validar esta proposta será interessante ampliar a amostragem de espécies de *Pinus*, especialmente de espécies norte-americanas dentro da subseção *Australes*, para potencialmente resolver

esta questão de uma forma mais definitiva. Claramente, o microarranjo DArT desenvolvido neste trabalho representa uma ferramenta potente para estudos filogenéticos, particularmente para aumentar a resolução em níveis taxonômicos mais altos, assim como foi observado para espécies de *Eucalyptus* (Steane et al. 2011). O microarranjo DArT poderá ser altamente útil para estudos que visem a diferenciação dentro e entre espécies, a detecção de fluxo gênico e introgressão natural em condições de campo ou a verificação de híbridos de cruzamentos controlados em programas de melhoramento. Além disso, caso as sondas DArT que revelaram polimorfismo venham a ser sequenciadas e anotadas, a informação de sequência juntamente com a de polimorfismo poderá ser utilizada para estimar filogenias separando dados derivados de regiões gênicas e regiões presumivelmente neutras.

## CAPÍTULO 3 - CONSTRUÇÃO DE UM MAPA GENÉTICO DE ALTA DENSIDADE PARA *Pinus taeda* UTILIZANDO GENOTIPAGEM POR SEQUENCIAMENTO DArT-SEQ E MICROSSATÉLITES

### 3.1 INTRODUÇÃO

Mapas genéticos de alta densidade e ampla cobertura do genoma, têm se tornado uma ferramenta central para investigar a organização do genoma, para aumentar a resolução do mapeamento de QTLs e fornecer uma estrutura de marcadores capaz de auxiliar o ordenamento de segmentos de sequência durante a montagem de genomas. Apesar dos avanços da genômica, ainda existe uma carência de mapas genéticos de alta densidade e tecnologias de genotipagem de alto desempenho capazes de cobrir amplamente o genoma de *Pinus taeda* (Neale, 2007). Marcadores como RAPDs, AFLPs, RFLPs, ESTPs, SSRs e SNPs foram largamente utilizados na construção de mapas genéticos para *P. taeda* (Grattapaglia, P Wilcox *et al.*, 1991; Devey, Fiddler *et al.*, 1994; Remington, Whetten *et al.*, 1999; Temesgen, Brown *et al.*, 2001; Eckert, Pande *et al.*, 2009; Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011). Entretanto, a densidade desses mapas em termos de número de marcadores ainda é limitada e insuficiente para fornecer informações para aplicações que demandam uma amostragem ampla do genoma, tais como auxiliar a montagem do megagenoma de *Pinus taeda* ou alta resolução para clonagem posicional de genes.

Nos últimos anos, com o extraordinário avanço das tecnologias de sequenciamento (*Next Generation Sequencing*-NGS) o desenvolvimento de técnicas de genotipagem baseadas em sequenciamento tem permitido a geração de novas classes de marcadores. O sequenciamento mais rápido e barato impulsionou o desenvolvimento de abordagens de genotipagem em larga escala baseadas em diferentes técnicas de redução de complexidade genômica seguidas de sequenciamento (*GBS-Genotyping-by-Sequencing*) (Davey, Hohenlohe *et al.*, 2011). Estas abordagens permitem genotipar milhares de amostras para milhares ou dezenas de milhares de marcadores a custos de algumas dezenas de dólares. Uma das tecnologias de genotipagem por sequenciamento mais comuns até o momento baseia-se na redução da complexidade genômica da amostra de DNA utilizando combinações específicas

de enzimas de restrição, ligação com adaptadores com sequências indexadoras e amplificação por PCR. Os fragmentos selecionados resultantes são submetidos ao sequenciamento por meio do qual são geradas dezenas de milhões de sequências curtas (em geral de 69 bases úteis) em plataformas de sequenciamento. Estas sequências são alinhadas entre si, ou sobre um genoma de referência e polimorfismos de sequência, do tipo presença ou ausência (*presence absence variants* - PAVs), derivados da variabilidade na distribuição dos sítios de restrição ou polimorfismos de base individual (*Single Nucleotide Polymorphisms* - SNPs) são detectados em sequências presentes em todas ou na maioria das amostras.

Recentemente foram publicados trabalhos mostrando a viabilidade da técnica para a genotipagem, mapeamento genético e estudos de diversidade em espécies com genoma complexo como milho, trigo e cevada (Elshire, Glaubitz *et al.*, 2011; Poland, Brown *et al.*, 2012; Beissinger, Hirsch *et al.*, 2013). Mapas genéticos de alta densidade desenvolvidos com essa técnica também foram utilizados para ancorar e ordenar mapas físicos e aperfeiçoar ou corrigir sequências não ordenadas em cevada (Mayer, Waugh *et al.*, 2012). Espécies como soja (Sonah, Bastien *et al.*, 2013), *Panicum* (Lu, Lipka *et al.*, 2013), framboesa (Ward, Bhangoo *et al.*, 2013) também foram genotipadas utilizando GbS. Em espécies florestais uma metodologia GbS foi aplicada em *Eucalyptus* (Sansaloni, Petroli *et al.*, 2011) pelo laboratório DArT Pty Ltda. Esta empresa otimizou a técnica DArT de redução de complexidade já amplamente utilizada para a genotipagem via microarranjos de sondas imobilizadas, para a detecção de polimorfismos via sequenciamento. Em genomas complexos de coníferas o uso desta metodologia de genotipagem por sequenciamento via redução de complexidade com enzimas de restrição ainda não foi relatada na literatura.

Este estudo apresenta a construção de um mapa genético com densidade de marcadores da ordem de sub-centiMorgan para *Pinus taeda* utilizando a tecnologia de genotipagem por sequenciamento otimizada pela empresa DArT Pty Ltda e marcadores microssatélites. Um conjunto de megagametófitos haploides de uma única árvore, *P. taeda* 7-56, foi utilizado como população de mapeamento com o objetivo de gerar um mapa de referência para fins de ancoragem de sequências de *Pinus taeda*. Para avaliar a utilidade do mapa genético construído para procedimentos futuros de ancorar a montagem do complexo genoma de *Pinus taeda*, sequências genômicas completas de clones BAC, obtidos a partir de uma

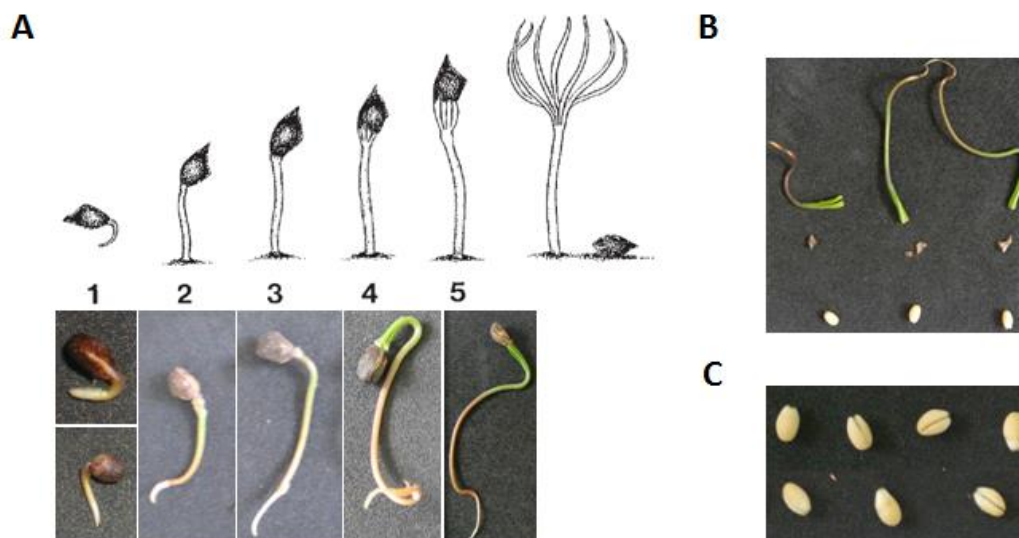
biblioteca construída por Magbanua *et al.* (2011) para a mesma árvore clone 7-56 de *P. taeda*, foram ancoradas ao mapa genético.

## **3.2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **3.2.1 Germinação das sementes e resgate do megagametófito**

Sementes provindas de polinização aberta de uma única árvore do clone 7-56 de *Pinus taeda* foram gentilmente doadas pela empresa Arborgen, detentora do clone, e fornecidas pela Universidade da Carolina do Norte (NCSU-*Industry Cooperative Tree Improvement Program*). A árvore clone 7-56 foi escolhida por ser uma árvore amplamente utilizada no melhoramento genético nos EUA e em estudos genômicos da espécie. Ao todo, 523 sementes foram limpas de qualquer material adicional e esterilizadas superficialmente em 1% de hipoclorito de sódio durante 15 min para evitar danos às sementes por agentes patogênicos, incluindo fungos. Em seguida, foram lavadas em água destilada estéril e germinadas em papel filtro estéreis de acordo com Skov (1998) em ambiente controlado, sob fotoperíodo de 16h de luz e 8h de escuro a temperatura de 23°C. O megagametófito presente nas sementes foi resgatado durante o processo de germinação precoce quando o comprimento das radículas eram maiores que 1,0 cm, entre a fase 1 e 5 (Figura 3.1 A) (Krutovskii, Vollmer *et al.*, 1997; Skov, 1998). O embrião e todo o revestimento presente nas sementes foram removidos e descartados (Figura 3.1 B e C). Os megagametófitos foram armazenados separadamente em tubos de polipropileno estéreis a -20°C.





**Figura 3.1** – Germinação das sementes do clone 7-56 de *Pinus taeda* e resgate do megagametófito. (A) Fases de crescimento da radícula de *Pinus taeda* de 1 a 5 durante a germinação. Fonte do desenho: (Krutovskii, Vollmer *et al.*, 1997). (B) Representação da separação do megagametófito do embrião e do tegumento. (C) Megagametófito limpo, sem o tegumento e sem o embrião.

### 3.2.2 Extração do DNA genômico

DNA genômico total foi isolado de 477 tecidos haploides de megagametófitos individuais usando o kit de extração de DNA da Qiagen DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Valencia, CA). O tecido haploide do megagametófito foi mecanicamente triturado e homogeneizado duas vezes por 40 segundos com o auxílio de duas esferas de cerâmica, utilizando o equipamento MiniBeadbeater-96™ (Stratech Scientific). As extrações foram feitas de acordo com o protocolo do DNeasy Plant Mini Kit. O DNA total foi eluído da última coluna duas vezes com 30µl de tampão AE (Qiagen, Valencia, CA) com 15 minutos de incubação antes da centrifugação, totalizando 60µl de volume final eluído. O rendimento e a integridade das amostras de DNA foram avaliados usando NanoDrop® 2000 (Thermo Scientific spectrophotometer) e gel de agarose a 1,2% (tampão de eletroforese borato de sódio, pH 8,0) corado com brometo de etídio. Um total de 288 amostras de DNA haploide com quantidade e qualidade adequadas foi efetivamente utilizado para a genotipagem subsequente e construção do mapa genético.

Uma alíquota de DNA com aproximadamente 600 ng de DNA de cada amostra foi utilizada para a genotipagem por sequenciamento (Gbs). Parte do DNA restante foi diluído para uma concentração final de 3,0ng/μl e utilizado para a genotipagem de marcadores microssatélites.

### 3.2.3 Genotipagem de marcadores microssatélites

Noventa e dois marcadores microssatélites com origens diferentes foram selecionados a partir da bibliografia (Tabela S3.1). Desses marcadores; 60 são da série *Pinus taeda* “PtTX” desenvolvidos a partir de bibliotecas genômicas (G), de bibliotecas de baixa cópia (LC- *low-copy*) e de bibliotecas hipo-metiladas (UM- *undermethylated*) (Elsik, Minihan *et al.*, 2000; Elsik e Williams, 2001; Kutil e Williams, 2001; Auckland, Bui *et al.*, 2002; Zhou, Bui *et al.*, 2002); 21 são marcadores da série *Pinus taeda* “PtRIP” derivados de biblioteca genômica total (Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011); e os outros 11 marcadores são derivados de regiões de ESTs (EST-SSR), sendo que 7 marcadores são da série *Pinus taeda* “PtSIFG”, 1 da série *Pinus pinaster* “PpSIFG” (Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011), 2 da série *Pinus taeda* “RPtest” e 1 da série *Pinus taeda* “SsrPt” (Chagne, Chaumeil *et al.*, 2004). A seleção dos marcadores microssatélites teve por critério sua distribuição ao longo dos grupos de ligação no mapa genético desenvolvido por Echt *et al.* (2011). Os iniciadores no sentido direto de todos os marcadores foram marcados com fluorocromos 6-FAM (azul) ou HEX (verde) (Tabela S3.1).

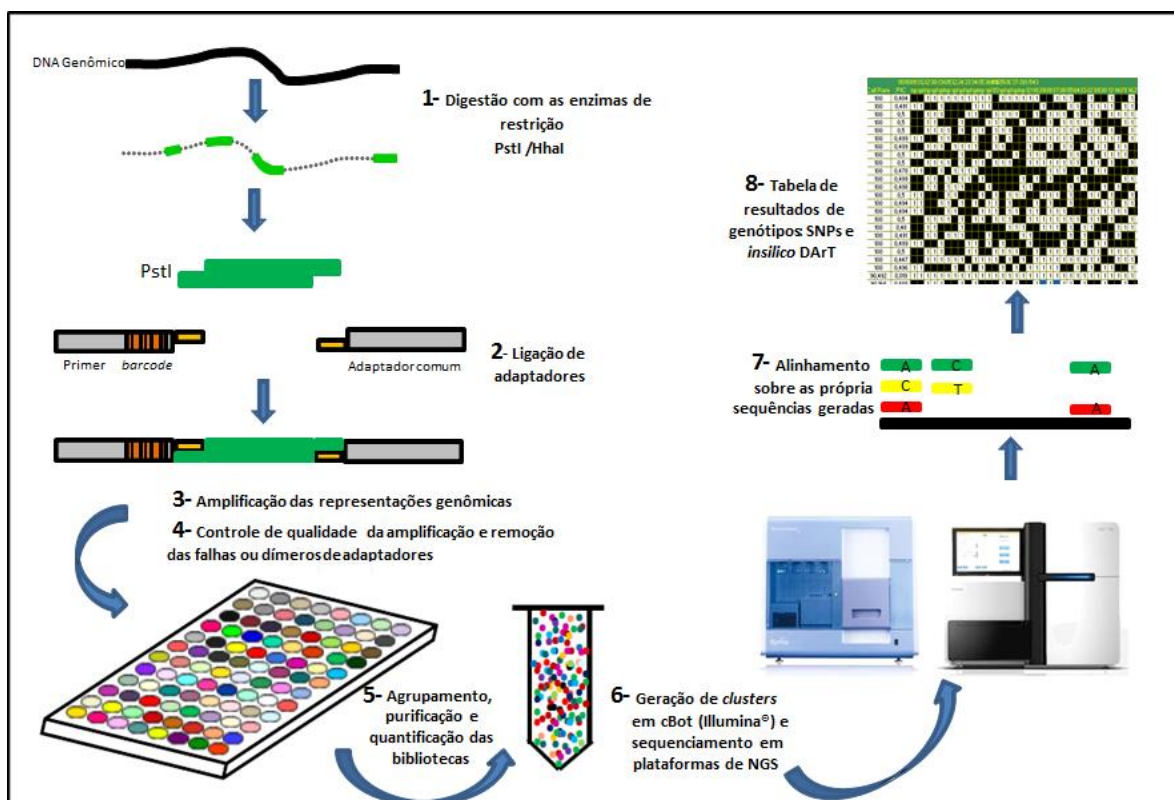
Microssatélites foram analisados em reação de PCR com volume final de 5 μl, contendo 2,5 μl de tampão 2x Multiplex PCR Qiagen Master Mix (Qiagen, Valência, CA), 0,5 μl de 5x de Solução-Q, 0,1 μl de uma solução 10 uM dos iniciadores, de cada loco microssatélite, e 3,0ng de DNA haploide. A reação foi realizada em sistema duplex combinando dois marcadores com diferentes fluorocromos 6-FAM (fluoresce na faixa da cor azul) e HEX (fluoresce na faixa da cor verde). Alguns microssatélites apresentaram múltiplos picos alélicos amplificados simultaneamente com o mesmo par de iniciadores. Esses alelos foram analisados individualmente. As condições para amplificação da PCR foram: 15 minutos a 95°C, seguido de 35 ciclos de 94°C por 30 segundos, T<sub>m</sub> (Tabela S3.1) por 1 minuto e 30 segundos, 72°C por 1 minuto, e uma extensão final de 40 min a 72°C. Uma alíquota de 1 μl do produto da PCR foi misturada com o preparado fresco de 1 μl do padrão de bandas de tamanho

conhecido marcado com fluorocromo ROX (comprimento de onda na faixa da cor vermelho) (Brondani e Grattapaglia, 2001) e 8 µl do desnaturante Hi-Di formamida (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA). A mistura foi desnaturada por 5 minutos a 95°C e resfriada em gelo. Os alelos foram detectados pela captura do pico de fluorescência emitida após a excitação do fluorocromo por um feixe de raios laser em analisador genético automático ABIPrism3100XL Genetic Analyzer (AppliedBiosystems/Hitachi). Os dados gerados pelo sequenciador automático foram analisados com o software Genescan3.7 e Genotyper3.7 (Applied Biosystems).

O polimorfismo foi detectado pelo registro da presença ou ausência de alelos amplificados e detectados como picos de fluorescência nos eletroferogramas em pares de bases. Sendo o material analisado haploide somente um pico alélico era esperado por amostra e por loco. Entretanto em alguns casos, múltiplos alelos por amostra foram detectados, os quais representavam locos distintos provavelmente derivados de duplicações do loco microssatélite no genoma de *Pinus*. Apenas os alelos que apresentavam picos de fluorescência bem definidos foram considerados nas análises. Loco monomórficos (todas as amostras com o mesmo alelo) ou de sinal fraco de fluorescência foram desconsiderados. Alelos que apresentavam segregação mutuamente exclusiva e facilmente observável foram declarados alélicos, ou seja, considerados como dois alelos segregando e pertencentes ao mesmo loco. Entretanto a correta identificação de alelismo entre picos observados no eletroferograma, por vezes, se tornou difícil, em função da ampla diferença de tamanho dos alelos. Em função disso, todos os alelos foram inicialmente analisados como sendo locos individuais e mapeados utilizando o programa JoinMap<sup>®</sup> 3.0 (Van Ooijen e Voorrips, 2001). Os locos posicionados na mesma posição de mapa, vindos do mesmo marcador, foram considerados alélicos. Esta abordagem permitiu também o mapeamento de locos onde um dos alelos era nulo (i.e. segregação para presença ou ausência de amplificação). A identificação dos alelos com seus locos correspondentes foi realizada após a análise de cada alelo individualmente durante o mapeamento genético. Para a análise de co-segregação e mapeamento os dados dos marcadores microssatélites cujos alelos foram declarados em pares de bases foram recodificados para códigos binários, sendo, 1 para presença, 2 para ausência e 0 (zero) para dado faltante.

### 3.2.4 Genotipagem por sequenciamento - DArT-Seq

Amostras de DNA haploide dos 288 megagametófitos foram enviadas para a empresa DArT Pty Ltd, Yarralumla-ACT, Austrália, para a genotipagem utilizando a metodologia de genotipagem por sequenciamento (DArT-Seq). Cada amostra a ser genotipada passou individualmente por uma redução da complexidade genômica via enzimas de restrição, ligação de adaptadores com sequências codificadas (*barcodes*) e amplificação via PCR. Em seguida, grupos de 95 amostras individuais foram agrupadas (*pool* de DNA) e carregadas em uma pista (*lane*) de um lâmina (*flowcell*) para formação das colônias (*clusters*) via PCR em ponte (*bridge PCR*) e sequenciamento seguido da análise de dados (Figura 3.2).



**Figura 3.2.** Fluxograma do procedimento DArT-Seq baseado em NGS. Nesta imagem é possível observar a redução da complexidade genômica e ligação de adaptadores com código de barras, seguida da amplificação da fração reduzida, agrupamento das amostras, amplificação de *clusters*, sequenciamento dos fragmentos e a análise dos dados.

A redução da complexidade genômica foi realizada mediante digestão com a enzima de restrição *Pst*I em combinação com a enzima de restrição *Hha*I. Após o sequenciamento, os dados das sequências curtas de DNA (*tags*) passaram por filtros de qualidade. Após o controle de qualidade, a extensão das sequências úteis foi de 69 bases. Como o gênero *Pinus* não possui genoma de referência, as sequências geradas pelo próprio DArT-Seq foram utilizadas para a construção de pseudo-montagens (*pseudo-assemblies*) dos locos correspondentes os quais foram posteriormente utilizados como referência para o processo de alinhamento das sequências curtas. O alinhamento na referência foi feita através do programa de alinhamento *Bowtie* (Langmead, Trapnell *et al.*, 2009) permitindo até duas diferenças entre as sequências curtas e a referência. Os arquivos de saída do alinhamento foram processados utilizando um *pipeline* de análise desenvolvido pela empresa DArT Pty Ltd, onde foram produzidos *clusters* baseados em um conjunto de sequências similares, aceitando um máximo de 3 bases divergentes por leitura. A partir dos dados desses *clusters*, dois arquivos foram gerados. No primeiro arquivo, o polimorfismo foi detectado pela presença ou ausência de sequências entre amostras (PAV *presence-absence variants*), sendo registrado através de um sistema binário (1 ou 0) e estes chamados de *in silico* DArT ou marcadores DArT-GbS. No segundo arquivo, o polimorfismo foi detectado pela variação de bases simples (SNPs) entre sequências presentes em todas as amostras. Para isto, foi selecionada a variante alélica mais abundante dentro do *cluster*, a qual foi considerada referência, e a variante menos abundante foi considerada a base alternativa de um polimorfismo de base individual (SNP). Assim, estas variantes foram classificadas pela presença ou ausência (1 ou 0) das variações em cada *cluster*. Como as amostras são de natureza haploide, apenas uma base alternativa era observada para cada amostra, diferentemente de amostras diploides nas quais podem ser observadas ambas as bases, no caso de genótipos heterozigotos, ou somente uma das duas bases, no caso dos genótipos homozigotos. Os dados dos dois arquivos foram exportados para planilhas Excel para uma melhor manipulação dos dados e uma análise prévia dos marcadores, visando à remoção de dados de baixa qualidade.

Os parâmetros utilizados para retenção de marcadores efetivamente genotipados foram os seguintes: *Row average*  $\geq 10$ , ou seja, a cobertura do número de sequências (*reads*) observadas maior ou igual a 10; a taxa GTZ (*Greater than zero*), onde são mantidos somente

marcadores com uma frequência de presença “1” entre 30% e 60% consistente com a segregação esperada de 1:1 nos megagametófitos haploides a partir de um loco heterozigoto na árvore mãe; reprodutibilidade do genótipo maior que 97% (10% das amostras são repetidas em cada análise) e *Call rate* acima de 90%, ou seja no máximo 10% de dados faltantes. Para os marcadores SNPs esses parâmetros de seleção também foram utilizados.

### 3.2.5 Construção do mapa genético

A construção do mapa genético foi realizada com o programa JoinMap® 3.0 (Van Ooijen e Voorrips, 2001). Os marcadores polimórficos *in silico* DArT, SNPs e microssatélites analisados nos 288 indivíduos da população haploide foram avaliados quanto a sua aderência à segregação mendeliana esperada de 1:1 por meio de um teste de qui-quadrado ( $\chi^2$ ). Marcadores que apresentaram distorção na segregação mendeliana (alfa  $\leq 0,05$ ) foram desconsiderados. Os dados genotípicos dos marcadores foram re-codificados para os códigos de identificação do software JoinMap® 3.0, sendo “np” para presença do alelo, “nn” ausência, “--” dado faltante e população do tipo polinização cruzada “CP” (*cross pollinated*) com segregação 1:1.

Para o agrupamento, ordenação e mapeamento dos marcadores um LOD > 10, fração de recombinação < 0.4 foram utilizados. O ordenamento dos marcadores ao longo do mapa foi estimado pelo software JoinMap® 3.0 por uma medida de melhor ajuste (*goodness-of-fit*), utilizando um salto de melhor ajuste (*jump in goodness-of-fit*). Com este procedimento três ordens são estimadas, começando com uma primeira (*first round*), mais conservadora, onde somente são mantidos no mapa marcadores com mais elevado suporte estatístico, começando com o par de marcadores mais informativo e avaliando cada novo marcador uma única vez e removendo todos aqueles que causam um salto de melhor ajuste maior do que 5 unidades de mapa. Em seguida, uma segunda tentativa (*second round*) de adicionar marcadores previamente removidos é realizada, uma vez que o mapa neste momento já vai conter maior quantidade de dados, o que pode permitir a inserção de mais marcadores de forma a manter de fora marcadores que contribuem para a instabilidade do ordenamento. Finalmente, uma terceira ordem (*third round*) é fornecida, mais liberal, onde o algoritmo

insere todos os marcadores no mapa com suporte estatístico mais relaxado. Foram utilizados os mapas derivados da segunda e terceira tentativas de ordenamento.

As frequências de recombinação entre os marcadores no mapa, expressas em centiMorgans (cM), foram calculadas utilizando a função de Kosambi. Os mapas genéticos foram desenhados utilizando o programa MapChart (Voorrips, 2002). Os grupos de ligação foram numerados de acordo com o mapa genético de *Pinus taeda*, desenvolvido por Echt *et al.* (2011), com o auxílio dos marcadores microsatélites em comum entre os dois mapas que permitiram estabelecer a correspondência entre os grupos de ligação.

### **3.2.6 Alinhamento de Clones BAC de *Pinus taeda* com sequências dos marcadores DArT-seq e integração com o mapa de alta densidade**

As sequências de 69 bases dos marcadores *in silico* DArT e SNP, agrupadas no mapa genético, foram alinhadas sobre sequências completas de 100 clones BAC da biblioteca (PT\_7Ba), derivados do mesmo clone 7-56 de *Pinus taeda* utilizada como população de mapeamento (Magbanua, Ozkan *et al.*, 2011). Cada clone apresenta tamanho médio de aproximadamente 96 Kb. As sequências foram obtidas do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), depositadas pela *Clemson University Genomics Institute* (Números de acesso: AC241263 a AC241362). O programa BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (Altschul, Gish *et al.*, 1990), opção BLASTN, versão 2.2.26+, foi utilizado para o alinhamento das sequências dos marcadores DArT-seq contra as sequências dos clones BAC. Os parâmetros utilizados foram *task=blastn*, *word\_size=11*, *gapopen=5*, *gapextended 2*, *penalty 3*, *reward 2*, adequados para o alinhamento de sequências curtas. Alinhamentos válidos foram considerados admitindo-se um valor de *bitscore* superior a 40 e percentual de identidade do segmento alinhado superior a 75%.

### **3.3 RESULTADOS**

#### **3.3.1 População de mapeamento haploide**

Da germinação das 523 sementes da árvore clone 7-56 de *Pinus taeda* foi possível recuperar e extrair o DNA haploide do megagametófito de 477 sementes. Desses, 288 megagametófitos haploides, com DNAs de qualidade, foram selecionados como população de mapeamento para a genotipagem.

#### **3.3.2 Marcadores microssatélites genotipados**

A genotipagem dos marcadores microssatélites na população de mapeamento de *Pinus taeda* foi facilitada pela característica haploide da população. Apesar disso, em algumas situações, a interpretação da segregação dos alelos foi difícil devido a duplicações dos locos microssatélites no genoma de *Pinus*.

Dos 92 microssatélites utilizados, três marcadores não amplificaram produtos, 23 foram monomórficos e 65 polimórficos (Tabela 3.2 e Tabela S3.2). Os 65 microssatélites polimórficos geraram um total de 163 alelos únicos segregando para presença/ausência. Para estes, foi possível identificar alelismo entre 118 alelos e assim consolidá-los em 59 locos com dois alelos segregando (Figura 3.3 A). Os outros 44 alelos foram considerados locos únicos com segregação para presença do alelo ou alelo nulo (Figura 3.3 B). Ao todo foram identificados 103 locos polimórficos (Tabela 3.2).



**Tabela 3.2** - Resultados da genotipagem dos 92 marcadores microssatélites nas 288 amostras de DNA haplóide de megagametófitos de acordo com as diferentes origens dos marcadores.

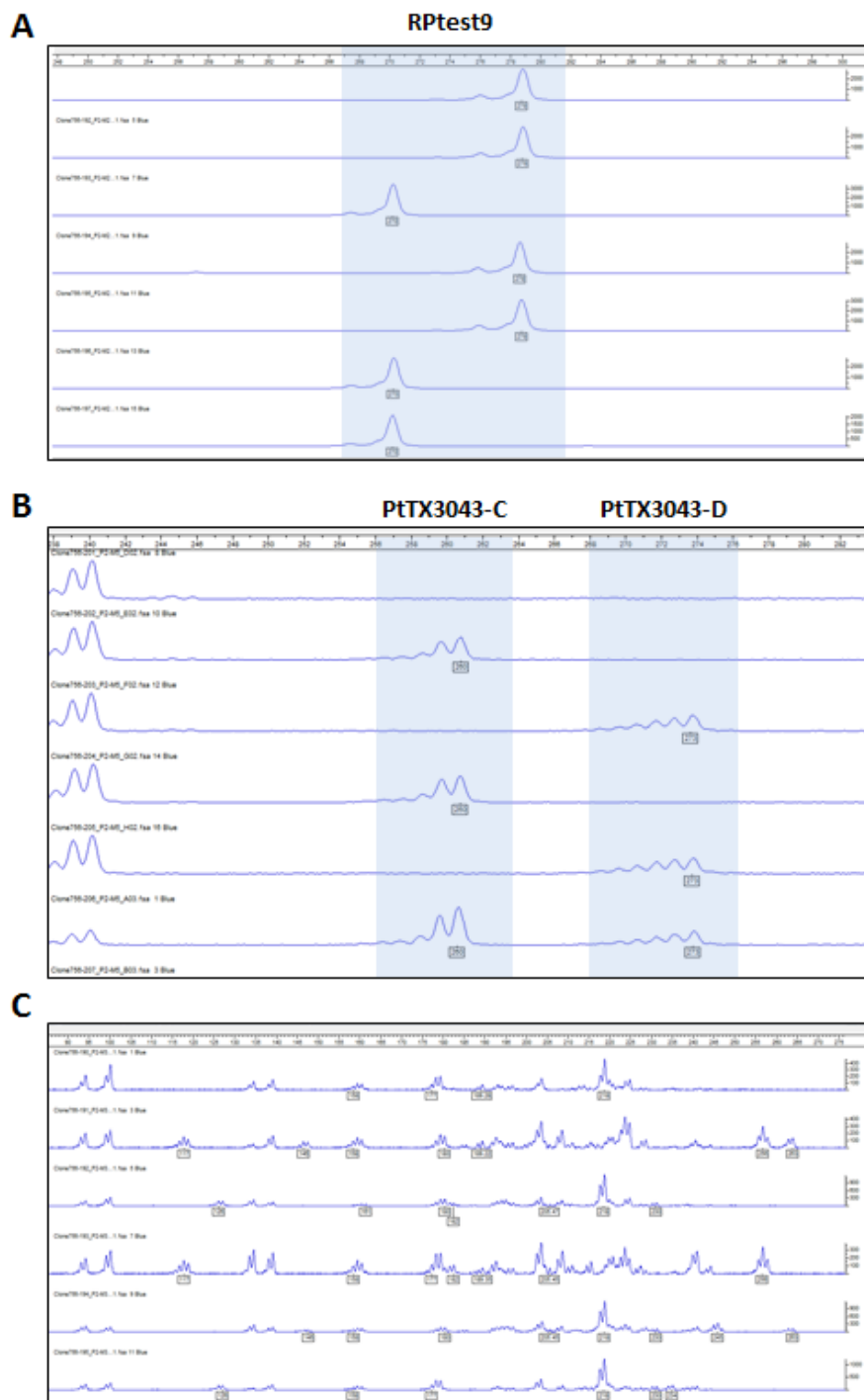
Origem dos marcadores*	# microssatélites genotipados	# microssatélites monomórficos	# microssatélites polimórficos	# alelos avaliados como marcadores	# locos com dois alelos identificados	# locos com alelo nulo	# total de marcadores
EST	11	3	8	17	8	1	9
G	27	3	23	47	18	10	28
LC	39	12	24	77	23	31	54
UM	15	5	10	22	10	2	12
<b>Total</b>	<b>92</b>	<b>23</b>	<b>65</b>	<b>163</b>	<b>59</b>	<b>44</b>	<b>103</b>

EST- sequência expressas marcadas; G- bibliotecas genômicas; LC- bibliotecas de baixa cópia; UM- bibliotecas hipo-metiladas.

O marcador polimórfico PtTX3021 foi o que apresentou o padrão de bandas mais complexo entre os marcadores, com 14 zonas do eletroferograma apresentando picos alélicos bem definidos, sendo 10 correspondendo a locos únicos com alelo nulo segregando para presença/ausência e 4 locos segregando com dois alelos (Figura 3.3C, Tabela S3.1). Os marcadores PtTX3120, PtTX3043 e PtRIP\_0629, também apresentaram complexos padrões de picos nos eletroferogramas, sendo possível identificar 4 locos polimórficos de qualidade para cada marcador (Tabela S3.2). O marcador PtTX3046 não foi genotipado devido ao complexo padrão de picos amplificados.

Não foi observada diferença significativa no número de locos polimórficos entre as diferentes origens dos marcadores microssatélites analisados. Os marcadores derivados de bibliotecas genômicas sem seleção (G) amplificaram, na média, a mesma quantidade de locos polimórficos que os marcadores derivados de bibliotecas de complexidade reduzida, ou seja, baixa cópia (LC- “*low-copy*”) e hipo-metiladas (UM- “*undermethylated*”).

Dos 103 locos polimórficos genotipados, 7 locos apresentaram distorção de segregação e foram desconsiderados nas análises. Os 96 locos restantes, que passaram no teste de aderência para segregação mendeliana foram utilizados no mapeamento genético.



**Figura 3.3** - Eletroferogramas ilustrando os padrões de picos amplificados pelos marcadores microsatélites nos megagametófitos haplóides. (A) Padrão de picos revelado pelo marcador Rptest9 com dois alelos segregando para o mesmo loco. (B) Padrão de picos revelado pelo marcador PtTX3043 com segregação para presença do pico ou alelo nulo em dois locos distintos, identificados como PtTX3043-C para o pico de 260pb e PtTX3043-D para o pico de 273pb. (C) Complexo padrão de picos revelados pelo marcador PtTX3021, totalizando 14 locos identificados e genotipados.

### 3.3.3 Genotipagem por sequenciamento DArT-Seq

A genotipagem das 288 amostras de DNA haploides utilizando a tecnologia de genotipagem por sequenciamento DArT-seq forneceu 4.367 marcadores de qualidade, dos quais 3.364 foram marcadores polimórficos *in silico* DArT com a presença/ausência de sequências curtas de 69pb e 1.003 marcadores polimórficos com sequências de alta qualidade com variações de base simples (SNP). Dos 4.367 marcadores DArT-seq genotipados, 509 (12%) (391 *in silico* DArT e 118 SNPs) apresentaram distorção de segregação ( $\alpha \leq 0,05$ ) e não foram considerados nas análises de mapeamento.

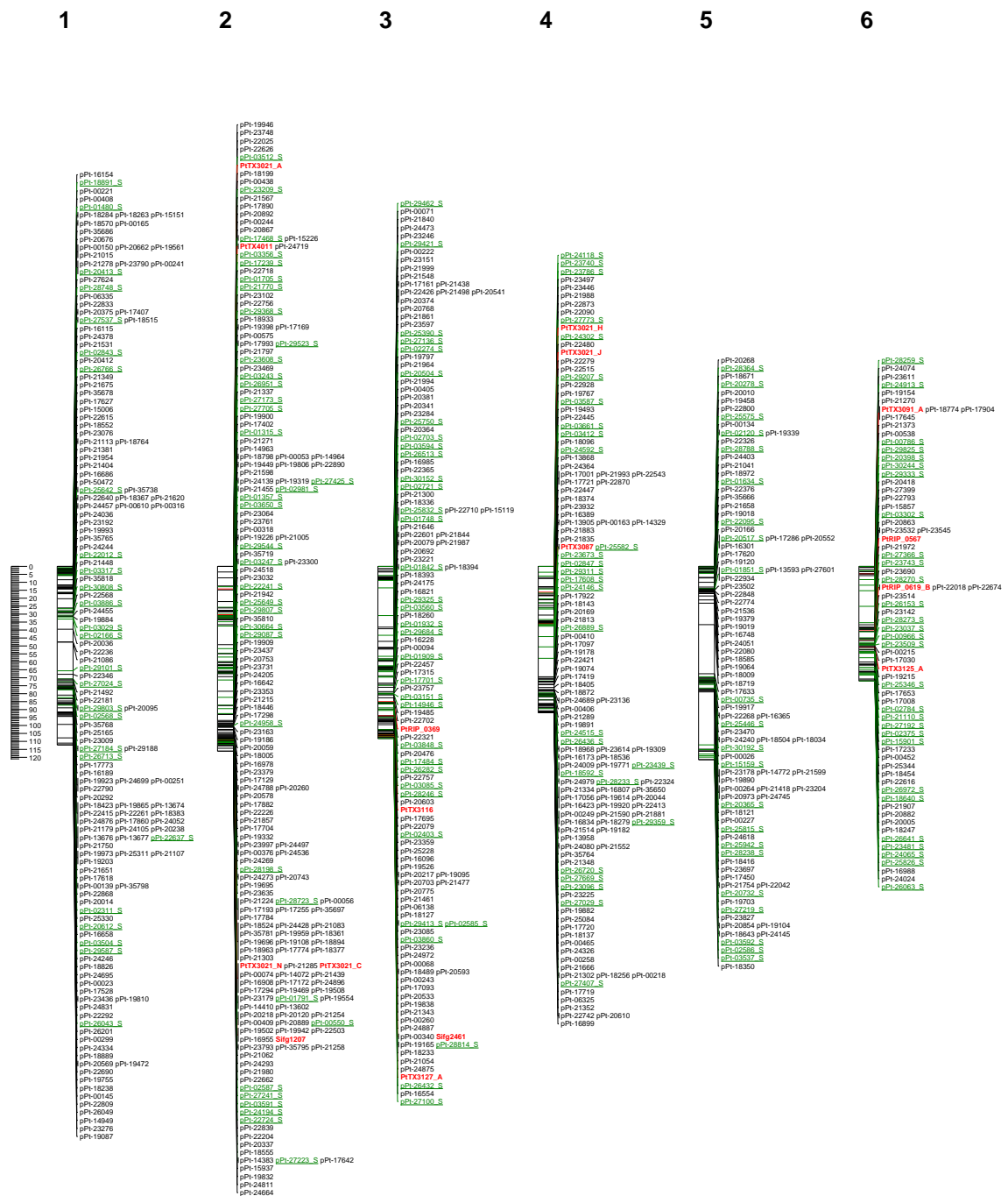
### 3.3.4 Mapa de ligação de alta densidade para *Pinus taeda*

Um conjunto de 3.954 marcadores polimórficos, sendo 2.973 *in silico* DArT, 885 SNPs e 96 microssatélites, foi submetido à análise de mapeamento. A análise de agrupamento resultou em 3.953 marcadores agrupados com LOD>10 em 12 grupos de ligação esperados para os 12 cromossomos de *Pinus taeda* (Tabela S3.3). Apenas o marcador microssatélite PtTX3123\_B não foi agrupado. O mapa de ligação ordenado com alto suporte estatístico (*second round*) está apresentado na Figura 3.4. O mapa de ligação obtido após uma tentativa mais relaxada (*third round*) de ordenamento está apresentado na Figura S3.1 e é oferecido como um meio de proporcionar uma posição preliminar de todos os marcadores informativos para subsequentes análises genômicas (Tabela 3.3, Tabela S3.3 e Figura S3.1).

O mapa de ligação construído com alto suporte estatístico resultou em 1.408 marcadores ordenados, sendo 1.035 marcadores *in silico* DArT, 341 SNPs e 32 microssatélites, fornecendo uma cobertura de mapa de 1.215,98 cM (Figura 3.4). Quando uma terceira tentativa (*third round*) de ordenamento foi utilizada, outros 1.029 marcadores foram acrescentados ao mapa, totalizando 2.437 marcadores mapeados. Houve um acréscimo de 721 marcadores *in silico* DArT, 248 SNPs e 30 microssatélites. Para cinco grupos de ligação, 01, 02, 07, 08 e 10, não foi possível obter o ordenamento na terceira tentativa com o algoritmo de ordenamento e capacidade computacional utilizados, mesmo após algumas semanas de processamento com o programa JoinMap. Isso ocorreu possivelmente em função do grande número de marcadores nesses grupos, 472, 481, 389, 400, 429

respectivamente. A diferença entre o número de marcadores efetivamente ordenados nestes grupos na segunda tentativa e o total potencialmente mapeável em uma terceira tentativa não alcançada foi de 1.516 marcadores os quais poderão ainda ser adicionados ao mapa caso melhor capacidade computacional e algoritmos mais eficientes sejam disponibilizados (Tabela 3.3). Nos sete grupos de ligação restantes todos os marcadores agrupados puderam ser ordenados. O grupo de ligação com maior número de marcadores foi o grupo 5, com 251 marcadores adicionados, totalizando 343 marcadores mapeados.

A cobertura de mapa no ordenamento mais relaxado (1.226,47 cM) foi aproximadamente o mesmo da cobertura de mapa com alto suporte estatístico (1.215,98 cM, apenas 10,49 cM de diferença). A ordem dos marcadores também se manteve constante entre os mapas (Tabela S3.3). A média de marcadores por grupo de ligação no mapa com ordenamento mais relaxado foi de 203 marcadores/GL, com distância média entre os marcadores de 0,62cM, enquanto que a média de marcadores por grupo de ligação no mapa ordenado com alto suporte estatístico foi de 117 marcadores/GL, com distância média entre os marcadores de 0,91 cM (Tabela 3.3).



**Figura 3.4** – Mapa genético de alta densidade para *Pinus taeda* com marcadores *in silico* DArT, SNP e microssatélites. O mapa inclui 1.408 marcadores ordenados com elevada confiança estatística (*second round*) distribuídos em 12 grupos de ligação com cobertura de mapa de 1215,98 cM, sendo 1035 marcadores *in silico* DArT (em preto), 341 SNP (em verde sublinhado) e 32 microssatélites (em vermelho). Escala em centiMorgan (cM) à esquerda.



**Tabela 3.3** - Estatísticas do mapeamento genético dos marcadores *in silico* DArT, SNP e microssatélites no mapa genético de *Pinus taeda*.

Grupo de ligação	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Total	Média	Desvio Padrão
<b>Agrupados</b>															
# Total de marcadores	<b>472</b>	<b>481</b>	<b>306</b>	<b>251</b>	<b>343</b>	<b>251</b>	<b>389</b>	<b>400</b>	<b>230</b>	<b>429</b>	<b>187</b>	<b>214</b>	<b>3953</b>	329,42	103,69
# <i>in silico</i> DArT	380	382	212	185	261	171	296	302	170	323	140	151	2973	247,75	87,77
# SNP DArT	89	90	78	61	74	72	83	90	58	89	42	59	885	73,75	15,77
# Microssatélites	3	9	16	5	8	8	10	8	2	17	5	4	95	7,92	4,72
<b>Ordenados <i>second round</i><sup>a</sup></b>															
# Total de marcadores	<b>154</b>	<b>184</b>	<b>126</b>	<b>125</b>	<b>92</b>	<b>71</b>	<b>158</b>	<b>67</b>	<b>74</b>	<b>92</b>	<b>169</b>	<b>96</b>	<b>1408</b>	117,33	41,06
# <i>in silico</i> DArT	128	142	87	94	70	38	116	46	54	64	129	67	1035	86,25	35,35
# SNP DArT	26	37	35	28	22	29	38	20	19	24	36	27	341	28,42	6,71
# Microssatélites	0	5	4	3	0	4	4	1	1	4	4	2	32	2,67	1,78
Tamanho Total (cM)	112,15	116,13	108,24	92,01	121,49	71,97	117,64	104,13	94,52	87,73	80,65	109,32	1215,98	101,33	15,77
Media da distância entre marcadores	0,73	0,63	0,86	0,74	1,32	0,54	0,74	1,55	1,28	0,95	0,48	1,14	-	0,91	0,34
<b>Ordenados <i>third round</i><sup>b</sup></b>															
# Total de marcadores	c	c	<b>306</b>	<b>251</b>	<b>343</b>	<b>251</b>	c	c	<b>230</b>	c	<b>187</b>	<b>214</b>	<b>2437</b>	203,08	80,64
# <i>in silico</i> DArT			212	185	261	171			170		140	151	1786	148,83	58,95
# SNP DArT			78	61	74	72			58		42	59	589	49,08	20,51
# Microssatélites			16	5	8	8			2		5	4	62	5,17	4,17
Tamanho Total (cM)			114,39	96,44	116,50	72,654			94,24		83,01	111,46	1226,47	102,01	15,14
Media da distância entre marcadores			0,39	0,39	0,35	0,29			0,41		0,45	0,52	-	0,62	0,35

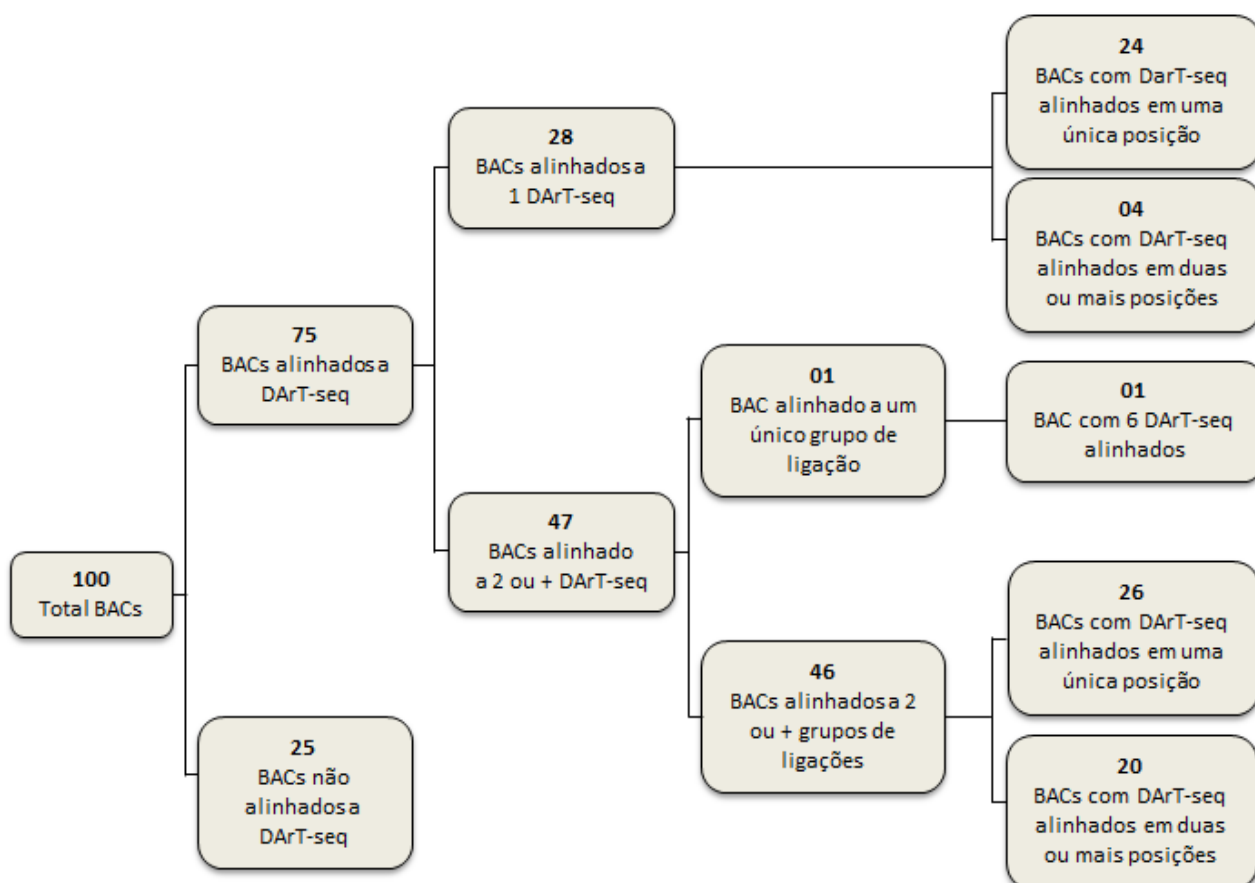
<sup>a</sup> marcadores ordenados ao mapa de ligação com alto suporte estatístico.

<sup>b</sup> marcadores ordenados ao mapa de ligação ignorando os requisitos de redução máxima permitida no *goodness-of-fit*.

<sup>c</sup> Para os grupos de ligação, 01, 02, 07, 08 e 10, não foi possível obter o ordenamento na terceira tentativa.

### 3.3.5 Ancoragem de Clones BAC de *Pinus taeda* ao mapa genético

Na análise do alinhamento das 3.858 sequências curtas (69 bases) dos marcadores DArT-seq contra as 100 sequências dos clones BAC de *Pinus taeda*, disponíveis no NCBI, foi possível identificar 394 alinhamentos com elevada probabilidade entre 76 marcadores DArT-seq (62 *in silico* DArT e 14 SNPs) e 75 clones BAC (Tabela S3.4 e Figura 3.5). Dos 75 BAC alinhados a marcadores DArT-seq, 28 BAC alinharam a apenas um marcador e 47 alinharam a 2 ou mais marcadores (Figura 3.5 e Tabela S3.5). Alinhamentos dos marcadores em mais de uma posição foram observados em 24 BAC.



**Figura 3.5** – Representação esquemática da distribuição dos 100 clones BAC no alinhamento contra as sequências dos marcadores DArT-seq. Alinhamentos com valor de *bitscore* médio de 71,8 e valor de percentual de identidade médio de 87,4%.



Em todos os 12 grupos de ligação pelo menos dois marcadores DArT-seq foram alinhados a BACs (Tabela 3.4). Quatro marcadores pPt-29413\_s, pPt-23225, pPt-20577 e pPt-21629, mapeados em três grupos de ligação diferentes, 03, 04, 07 e 07 respectivamente, apresentaram alinhamento válido com 28 BAC (Tabela S3.5). Dois desses marcadores pPt-29413\_s e pPt-23225, nos grupos de ligação 03 e 04, apresentaram identidade com mais outros seis BAC (Tabela S3.5). A sequência do marcador pPt-14980, posicionado no grupo de ligação 08, apresentou 117 alinhamentos em tandem em apenas um único clone BAC (AC241294), sem nenhuma sobreposição entre os alinhamentos, com valor de *bitscore* médio de 82,8 e valor de identidade média de 91,3%, sugerindo corresponder a uma sequência repetida em tandem (Tabela S3.4 e S3.5). Ao todo, 23 marcadores (30%) alinharam em dois ou mais BACs.

**Tabela 3.4** - Estatísticas do número de alinhamentos dos marcadores DArT-seq sobre os clones BAC nos diferentes grupos de ligação. Nos grupos de ligação 03, 04 e 07 foram observados os maiores números de clones BAC alinhados.

Grupo de ligação	# alinhamentos	# Marcadores DArT-seq	# Clones BAC PT_7Ba
GL 01	9	9	4
GL 02	18	8	15
<b>GL 03</b>	<b>53</b>	<b>4</b>	<b>37</b>
<b>GL 04</b>	<b>63</b>	<b>4</b>	<b>45</b>
GL 05	11	9	7
GL 06	3	3	2
<b>GL 07</b>	<b>84</b>	<b>10</b>	<b>35</b>
GL 08	131	13	10
GL 09	3	2	2
GL 10	9	8	5
GL 11	8	4	8
GL 12	2	2	2
<b>Total</b>	<b>394</b>	<b>76</b>	-

### 3.4 DISCUSSÃO

#### 3.4.1 Mapa genético de alta densidade para *Pinus taeda*

A utilização de material genético haploide como população de mapeamento, aliada à tecnologia de genotipagem DArT-seq permitiu a construção de um mapa genético para *Pinus taeda* com resolução e cobertura de mapa ainda não descritas na literatura. A integração desse mapa com marcadores microssatélites de referência previamente mapeados e a utilização de uma árvore amplamente conhecida e utilizada para estudos genéticos de *Pinus taeda* fornecem um recurso experimental importante para futuros projetos genômicos, notadamente uma ferramenta adicional para auxiliar a montagem do genoma de *Pinus taeda* cujo sequenciamento está em andamento (Wegrzyn, Lin *et al.*, 2013)

O mapa mais recente publicado para *Pinus taeda* se baseia em um mapa consenso de duas populações, denominadas "base" e "qtl", construídos com 75 e 85 irmãos completos respectivamente, com um total de 460 marcadores mapeados em 12 grupos de ligação, somando uma cobertura de mapa de 1.515 cM e intervalo entre os marcadores de 3,1 cM (Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011). A resolução desse mapa, entretanto, é limitada e insuficiente para fornecer um mapa genético que possa auxiliar na montagem do genoma de *Pinus taeda*. O mapa genético construído neste trabalho fornece uma quantidade de marcadores três vezes maior do que este mapa genético publicado para *Pinus taeda*. Os marcadores DArT-seq obtidos a partir da tecnologia de genotipagem por sequenciamento proporcionou a genotipagem e o mapeamento de 1.035 sequências do tipo presença/ausência e 341 marcadores SNPs. Além destes, outros 1.516 marcadores DArT-seq de alta qualidade são potencialmente mapeáveis caso algoritmos mais eficientes e maior capacidade computacional para o ordenamento sejam disponibilizados, o que aumentaria a densidade do mapa genético. Ao todo foram mapeados 1.408 marcadores, com elevado suporte estatístico (1.035 marcadores *in silico* DArT, 341 SNPs e 32 microssatélites).

Tecnologias de genotipagem por sequenciamento já foram utilizadas com sucesso para a construção de mapas genéticos de outras espécies de plantas com genomas extensos e complexos, como cevada, milho e trigo. Elshire *et al.* (2011) mapearam 24.186 tags do tipo

presença/ausência utilizando a tecnologia de GbS em uma população de cevada com 276 linhagens endogâmicas recombinantes (*RILs-Recombinant Inbred Lines*) e 25.185 marcadores SNPs em uma população de mapeamento de milho com 43 linhagens de duplo haploide. Poland *et al.* (2012) também desenvolveram um mapa genético de alta densidade para cevada e trigo utilizando GbS com uma metodologia otimizada baseada no uso de duas enzimas de restrição, onde mais de 34.000 SNPs e 240.000 sequências curtas foram mapeadas em um mapa de referência de cevada, e 20.000 SNPs e 367.000 sequências curtas em um mapa de referência de trigo. Vale ressaltar que nestes experimentos foram aceitos na análise marcadores com até 80% de dados faltantes (ou seja *call rate* = 20%) os quais foram imputados via algoritmos específicos baseado na informação prévia de sequência dos haplótipos das linhagens parentais. Isso é possível tendo em vista o fato de se tratar de espécies autógamas ou para as quais são utilizadas linhagens puras com extenso desequilíbrio de ligação, o que permite a imputação de genótipos com elevada acurácia, mesmo a grandes distâncias físicas. Em *Pinus*, espécie alógama, altamente heterozigota, não são disponíveis haplótipos de referência e a diversidade nucleotídica é consideravelmente maior nestas espécies do que em plantas anuais. No nosso trabalho somente foram utilizados marcadores com *call rate* > 90%, ou seja, o percentual máximo de dados faltantes de 10%. Este rigor experimental evidentemente reduziu consideravelmente o número total de marcadores úteis para cerca de 4.000 em comparação aos estudos citados onde dezenas de milhares de marcadores foram relatados.

A metodologia de redução de complexidade genômica utilizada como base da genotipagem por sequenciamento DArT-seq aliada aos parâmetros rigorosos de filtragem adotados, apresentou um bom desempenho do ponto de vista da qualidade dos marcadores obtidos, mesmo em um genoma complexo como o de *Pinus*. Isto foi atestado pela facilidade com a qual os marcadores retidos para análise foram imediatamente agrupados em um número de grupos exatamente correspondente ao número de cromossomos da espécie. O fato da técnica não demandar informação prévia de sequência, e se basear em reagentes universais representa uma vantagem considerável. O acesso a metodologias de GbS para a genotipagem de *Pinus* juntamente com mapas genéticos de alta densidade com estes marcadores representa um avanço nas ferramentas genômicas disponíveis para coníferas em geral que atualmente ainda carecem de genomas de referência e qualidade.

### 3.4.2 Integração de clones BAC ao mapa genético de alta densidade

Os resultados dos múltiplos e complexos padrões de alinhamento de marcadores DArT-seq com os 100 clones BAC de *Pinus taeda* confirmaram a natureza complexa do genoma de *Pinus taeda*, marcado por duplicações e sequências repetitivas dispersas no genoma. Esforços na manipulação física do genoma de coníferas em geral têm sido limitados em função do tamanho e da complexidade do seu genoma. Várias abordagens estão sendo considerados para o sequenciamento do genoma de coníferas. Inicialmente foram apresentadas propostas baseadas no sequenciamento de alto rendimento de bibliotecas BAC (Hamberger, Hall *et al.*, 2009; Kovach, Wegrzyn *et al.*, 2010; Magbanua, Ozkan *et al.*, 2011). Kovach *et al.* (2010) observaram através do alinhamento de sequências curtas (40-60pb) obtidos por *whole genome shotgun* (WGS) contra 10 clones BAC de *Pinus taeda* que 80% das sequências BAC continham cópias similares em outra parte do genoma, mas apenas 23% tinham cópias idênticas (99% de identidade). Os dados do alinhamento revelaram apenas três marcadores DArT-seq com cópias idênticas aos clones BAC, com a maioria dos marcadores apresentando cópias similares em outra parte do genoma. Mais recentemente o projeto que visa a geração de uma sequência de referência do genoma de *Pinus taeda*, está adotando uma combinação de diferentes estratégias complementares visando maximizar a probabilidade de obtenção de uma montagem de qualidade (Crepeau, Puiu *et al.*, 2013). Estas estratégias incluem o sequenciamento do DNA de um megagametófito haplóide único que permite uma redução considerável de complexidade embora seja limitado pela pouca quantidade de DNA disponível. Complementando esta estratégia, uma segunda abordagem envolve a geração de sequências em alta densidade de bibliotecas de grupos (pools) de fosmídeos do DNA diploide do parental doador dos megagametófitos. Esta estratégia, embora cara e potencialmente de representação enviesada, fornece sequências contíguas mais longas que facilitam a montagem do genoma.

Independentemente da estratégia de sequenciamento, a disponibilização de um ou mais mapas genéticos densos em marcadores baseados em sequências, como o mapa construído neste trabalho, constitui um recurso experimental útil para os esforços presentes e futuros de montagem de uma sequência de referência para *Pinus taeda*. Na medida em que maiores quantidades de sequências do genoma de *Pinus taeda* forem sendo disponibilizadas, novas

análises de alinhamento dos marcadores deverão permitir aumentar a quantidade de sequências ancoradas ao mapa. Este estudo preliminar demonstrou, entretanto, que mesmo com um mapa denso, a complexidade da tarefa de montar um genoma grande e complexo como o de *Pinus taeda* é considerável. Isso ficou evidenciado pelo fato de que mesmo com um número muito pequeno de alinhamentos de alta identidade entre alguns poucos marcadores e alguns poucos BAC, já foram observadas diversas ocorrências que sugerem regiões duplicadas e sequências repetitivas dispersas no genoma. Uma solução para mitigar este problema seria a geração de mapas genéticos de marcadores moleculares baseados em sequências mais longas que permitissem um maior rigor no alinhamento. Genotipagem baseada em técnicas de captura (*targeted capture*) com sondas seguida de sequenciamento de ambas as extremidades da região capturada poderiam fornecer esta solução que já vem sendo otimizada para *Pinus taeda* com sucesso (Neves, Davis *et al.*, 2011; Neves, Davis *et al.*, 2013).

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

Abraf. Anuário estatístico da ABRAF 2012 ano base 2011. Brasília: Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas. 2012

Adams, W. T. Applying isozyme analyses in tree-breeding programs. Proc. Symp. Isozymes North Am. Forest Trees and Forest Insects. USDA Forest Serv. Pacific SW Forest and Range Exp. Sta., Berkeley, California: Gen. Tech. Rep. PSW, 1981. 60-64 p.

\_\_\_\_\_. Application of isozymes in tree breeding. In: S. D. Tanksley e T. J. Orton (Ed.). Isozymes in plant genetics and breeding. Amsterdam: Elsevier, 1983. Application of isozymes in tree breeding, p.381-400

Adams, W. T. e R. J. Joly. Genetics of allozyme variants in loblolly pine. Journal of Heredity, v.71, p.33-40. 1980a.

\_\_\_\_\_. Linkage relationships among twelve allozyme loci in loblolly pine. J Hered, v.71, n.3, p.199-202. 1980b.

Akbari, M., P. Wenzl, *et al.* Diversity arrays technology (DArT) for high-throughput profiling of the hexaploid wheat genome. Theor Appl Genet, v.113, n.8, Nov, p.1409-20. 2006.

Al-Rabab'ah, M. A. e C. G. Williams. Population dynamics of *Pinus taeda* L. based on nuclear microsatellites. Forest Ecology and Management, v.163, n.1-3, Jun 28, p.263-271. 2002.

Allendorf, F. W., P. A. Hohenlohe, *et al.* Genomics and the future of conservation genetics. Nat Rev Genet, v.11, n.10, Oct, p.697-709. 2010.

Altschul, S. F., W. Gish, *et al.* Basic local alignment search tool. J Mol Biol, v.215, n.3, Oct 5, p.403-10. 1990.

Amorim, E. P., A. D. Vilarinhos, *et al.* Genetic diversity of carotenoid-rich bananas evaluated by Diversity Arrays Technology (DArT). Genet Mol Biol, v.32, n.1, Jan, p.96-103. 2009.

Ariyadasa, R. e N. Stein. Advances in BAC-Based Physical Mapping and Map Integration Strategies in Plants. Journal of Biomedicine and Biotechnology. 2012.

Auckland, L. D., T. Bui, *et al.* Conifer microsatellite handbook. Raleigh, N.C.: Corporate Press. 2002

Badea, A., F. Eudes, *et al.* Development and assessment of DArT markers in triticale. Theor Appl Genet, v.122, n.8, May, p.1547-60. 2011.

Baker, J. B. e G. Langdon. *Pinus taeda* L. Loblolly Pine. In: U. F. Service (Ed.). Conifers -Silvics Manual. Northeastern Area - USA: <http://na.fs.fed.us/>, v.1, 2004. *Pinus taeda* L. Loblolly Pine

Bartos, J., S. R. Sandve, *et al.* Genetic mapping of DArT markers in the Festuca-Lolium complex and their use in freezing tolerance association analysis. Theor Appl Genet, v.122, n.6, Apr, p.1133-47. 2011.

Baskauf, S. J. *Pinus taeda*. Bioimages. Nashville, TN: Department of Biological Sciences. Vanderbilt University. 2002.

Bassa, A. G. M. C., F. G. S. Junior, *et al.* Mixtures of Eucalyptus grandis x Eucalyptus urophylla and Pinus taeda wood chips for kraft pulp production by Lo-Solids® process. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 75, p.19-29. 2007.

Beissinger, T. M., C. N. Hirsch, *et al.* Marker Density and Read-Depth for Genotyping Populations Using Genotyping-by-Sequencing. Genetics, Feb 14. 2013.

Bérubé, Y., J. Zhuang, *et al.* Characterization of EST-SSRs in loblolly pine and spruce. Tree Genetics & Genomes, v.3, p.251–259. 2007.

Bolibok-Bragoszewska, H., K. Heller-Uszynska, *et al.* DArT markers for the rye genome - genetic diversity and mapping. BMC Genomics, v.10, p.578. 2009.

Botstein, D., R. L. White, *et al.* Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am J Hum Genet, v.32, n.3, May, p.314-31. 1980.

Bracelpa. Estatísticas Bracelpa - Associação Brasileira de Celulose e Papel. São Paulo-SP: <<http://www.bracelpa.org.br/bra2/>> 2010/2011.

Braithwaite, K. Assessing the impact that pathogen variation has on the sugarcane breeding program. BSES Limited, final report SRDC project BSS258, p.1-43. 2005.

Britten, R. J. e D. E. Kohne. Repeated sequences in DNA. Hundreds of thousands of copies of DNA sequences have been incorporated into the genomes of higher organisms. Science, v.161, n.3841, Aug 9, p.529-40. 1968.

Brondani, R. P. V. e D. Grattapaglia. Cost-effective method to synthesize a fluorescent internal DNA standard for automated fragment sizing. Biotechniques, v.31, n.4, p.793-+. 2001.

Brown, G. R., D. L. Bassoni, *et al.* Identification of quantitative trait loci influencing wood property traits in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). III. QTL Verification and candidate gene mapping. Genetics, v.164, n.4, Aug, p.1537-46. 2003.

Brown, G. R., G. P. Gill, *et al.* Nucleotide diversity and linkage disequilibrium in loblolly pine. Proc Natl Acad Sci U S A, v.101, n.42, Oct 19, p.15255-60. 2004.

Brown, G. R., E. E. Kadel, 3rd, *et al.* Anchored reference loci in loblolly pine (*Pinus taeda* L.) for integrating pine genomics. Genetics, v.159, n.2, Oct, p.799-809. 2001.

- Carlson, J. E., L. K. Tulsieram, *et al.* Segregation of random amplified DNA markers in F<sub>1</sub> progeny of conifers. TAG Theoretical and Applied Genetics, v.83, n.2, 1991/12//, p.194-200. 1991.
- Cervera, M. T., D. L. Remington, *et al.* Improved AFLP analysis of tree species. Canadian Journal of Forest Research, v.30, n.10, p.1608-1616. 2000.
- Chagne, D., P. Chaumeil, *et al.* Cross-species transferability and mapping of genomic and cDNA SSRs in pines. Theoretical and Applied Genetics, v.109, n.6, Oct, p.1204-1214. 2004.
- Chancerel, E., C. Lepoittevin, *et al.* Development and implementation of a highly-multiplexed SNP array for genetic mapping in maritime pine and comparative mapping with loblolly pine. Bmc Genomics, v.12, Jul 18. 2011.
- Collins, F. S., L. D. Brooks, *et al.* A DNA polymorphism discovery resource for research on human genetic variation. Genome Res, v.8, n.12, Dec, p.1229-31. 1998.
- Conkle, M. T. Isozyme variation and linkage in six conifer species. Proceedings of the Symposium on Isozymes of North American Forest Trees and Forest Insects.: USDA For Ser Gem Tech Rep. PSW-48, 1981. 11-17 p.
- Crepeau, M., D. Puiu, *et al.* Sequencing Strategies In Conifer-W537. Plant and Animal Genome XXI. San Diego, CA, 2013. p.
- Cumbie, W. P., A. Eckert, *et al.* Association genetics of carbon isotope discrimination, height and foliar nitrogen in a natural population of *Pinus taeda* L. Heredity, v.107, n.2, Aug, p.105-114. 2011.
- Davey, J. W., P. A. Hohenlohe, *et al.* Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. Nature Reviews Genetics, v.12, n.7, Jul, p.499-510. 2011.
- Devey, M. E., T. A. Fiddler, *et al.* An RFLP linkage map for loblolly pine based on a three-generation outbred pedigree. TAG Theoretical and Applied Genetics, v.88, n.3-4, p.273-278. 1994.
- Devey, M. E., A. T. Groover, *et al.* Mapped DNA Probes from Loblolly-Pine Can Be Used for Restriction-Fragment-Length-Polymorphism Mapping in Other Conifers. Theoretical and Applied Genetics, v.88, n.3-4, Jun, p.279-282. 1994.
- Devey, M. E., K. D. Jermstad, *et al.* Inheritance of Rflp Loci in a Loblolly-Pine 3-Generation Pedigree. Theoretical and Applied Genetics, v.83, n.2, p.238-242. 1991.
- Devey, M. E., M. M. Sewell, *et al.* Comparative mapping in loblolly and radiata pine using RFLP and microsatellite markers. Theor Appl Genet, v.99, n.3-4, Aug, p.656-62. 1999.



Dhillon, S. S. DNA in tree species. In: J. M. Bonga e D. J. Durzan (Ed.). Cell and Tissue Culture in Forestry. Dordrecht: Martinus Nijhoff Publishers, v.1, 1987. DNA in tree species, p.298–313

Diener, P. Sucesso da polinização massal controlada em Pinus taeda L. monitorado com marcadores microssatélites. Ciências Genômicas e Biotecnologia, Universidade Católica de Brasília-UCB, Brasília, 2011. 169 p.

Doyle, J. J. e J. L. Doyle. Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus, v.12, p.13-15. 1987.

Dvorak, W. S., A. P. Jordon, *et al.* Assessing evolutionary relationship of pine in the *Oocarpae* and *Australes* subsections using RAPD markers. New Forests, v.20, p.163-192. 2000.

Echt, C. S. e P. May-Marquardt. Survey of microsatellite DNA in pine. Genome, v.40, n.1, Feb, p.9-17. 1997.

Echt, C. S., P. May-Marquardt, *et al.* Characterization of microsatellite markers in eastern white pine. Genome, v.39, n.6, Dec, p.1102-8. 1996.

Echt, C. S., S. Saha, *et al.* Microsatellite DNA in genomic survey sequences and UniGenes of loblolly pine. Tree Genetics & Genomes, v.7, n.4, Aug, p.773-780. 2011.

\_\_\_\_\_. An annotated genetic map of loblolly pine based on microsatellite and cDNA markers. Bmc Genetics, v.12, Jan 26. 2011.

Eckenwalder, J. E. Conifers of the world: Timber Press Inc., v.1. 2009. 720 p.

Eckert, A. J., A. D. Bower, *et al.* Back to nature: ecological genomics of loblolly pine (*Pinus taeda*, Pinaceae). Mol Ecol, v.19, n.17, Sep, p.3789-805. 2010.

Eckert, A. J. e B. D. Hall. Phylogeny, historical biogeography, and patterns of diversification for *Pinus* (Pinaceae): phylogenetic tests of fossil-based hypotheses. Mol Phylogenet Evol, v.40, n.1, Jul, p.166-82. 2006.

Eckert, A. J., B. Pande, *et al.* High-throughput genotyping and mapping of single nucleotide polymorphisms in loblolly pine (*Pinus taeda* L.) Tree Genet Genome, v.5, p.225-234. 2009.

Eckert, A. J., J. L. Wegrzyn, *et al.* Association genetics of the loblolly pine (*Pinus taeda*, Pinaceae) metabolome. New Phytol, v.193, n.4, Mar, p.890-902. 2012.

Elshire, R. J., J. C. Glaubitz, *et al.* A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. Plos One, v.6, n.5, p.e19379. 2011.

Elsik, C. G., V. T. Minihan, *et al.* Low-copy microsatellite markers for *Pinus taeda* L. Genome, v.43, n.3, Jun, p.550-555. 2000.

Elsik, C. G. e C. G. Williams. Low-copy microsatellite recovery from a conifer genome. Theoretical and Applied Genetics, v.103, n.8, Dec, p.1189-1195. 2001.

Eriksson, G., I. Ekberg, *et al.* An introduction to Forest Genetics. Uppsala Sweden: Department of Plant Biology and Forest Genetics, SLU. 2006. 188 p.

Farjon, A. World Checklist and Bibliography of Conifers: Royal Botanic Gardens, Kew. 2001

Fox, T. R., E. J. Jokela, *et al.* The Development of Pine Plantation Silviculture in the Southern United States. Journal of Forestry, v.October/November, p.337-347. 2007.

Freeland, J. Molecular ecology. Chichester, West Sussex, England ; Hoboken, NJ: John Wiley & Sons. 2005. x, 388 p. p.

Furman, B. J., D. Grattapaglia, *et al.* Analysis of genetic relationships of Central American and Mexican pines using RAPD markers that distinguish species. Molecular Ecology, v.6, p.321–331. 1997.

Gernandt, D. S., G. G. López, *et al.* Phylogeny and classification of Pinus. Taxon, v.54, n.1, p.29–42. 2005.

Gernandt, D. S., A. Willyard, *et al.* The Conifers (Pinophyta). In: C. Plomion, J. Bousquet, *et al.* (Ed.). Genetics, Genomics and Breeding of Conifers. Jersey, British Isles Enfield, New Hampshire: Science Publishers, 2011. The Conifers (Pinophyta)

Gonzalez-Martinez, S. C., E. Ersoz, *et al.* DNA sequence variation and selection of tag single-nucleotide polymorphisms at candidate genes for drought-stress response in Pinus taeda L. Genetics, v.172, n.3, Mar, p.1915-26. 2006.

Gonzalez-Martinez, S. C., D. Huber, *et al.* Association genetics in Pinus taeda L. II. Carbon isotope discrimination. Heredity (Edinb), v.101, n.1, Jul, p.19-26. 2008.

Gonzalez-Martinez, S. C., K. V. Krutovsky, *et al.* Forest-tree population genomics and adaptive evolution. New Phytol, v.170, n.2, p.227-38. 2006.

Gonzalez-Martinez, S. C., N. C. Wheeler, *et al.* Association genetics in Pinus taeda L. I. Wood property traits. Genetics, v.175, n.1, Jan, p.399-409. 2007.

Grattapaglia, D. Aplicações Operacionais de Marcadores Moleculares. In: A. Borém (Ed.). Biotechnologia Florestal. Viçosa: UFV, 2007. Aplicações Operacionais de Marcadores Moleculares, p.177-200

Grattapaglia, D. e H. D. Bradshaw. Nuclear DNA amounts of commercially important Eucalyptus species. Canadian Journal of Forest Research, v.24, n.5, p.1074–1078. 1994.

Grattapaglia, D., J. Chaparro, *et al.* Mapping in woody plants with RAPD markers: applications to breeding in forestry and horticulture. Proceedings of the Symposium

"Applications of RAPD Technology to Plant Breeding": Crop Science Society of America, American Society of Horticultural Science, American Genetic Association, 1992. 37-40 p.

\_\_\_\_\_. Mapping in Woody-Plants with Rapd Markers - Application to Breeding in Forestry and Horticulture. Proceedings of the Symposium on Applications of RAPD Technology to Plant Breeding. Minneapolis, Minn: Joint Plant Breeding Symposia Series, 1992. 37-40 p.

Grattapaglia, D., P Wilcox, *et al.* A RAPD map of loblolly pine in 60 days. Third International Congress of the International Society for Plant Molecular Biology. Tucson AZ: abstract 2224 p. 1991.

Groover, A., M. Devey, *et al.* Identification of quantitative trait loci influencing wood specific gravity in an outbred pedigree of loblolly pine. Genetics, v.138, n.4, Dec, p.1293-300. 1994.

Grotkopp, E., M. Rejmanek, *et al.* Evolution of genome size in pines (*Pinus*) and its life-history correlates: supertree analyses. Evolution, v.58, n.8, Aug, p.1705-29. 2004.

Hamberger, B., D. Hall, *et al.* Targeted isolation, sequence assembly and characterization of two white spruce (*Picea glauca*) BAC clones for terpenoid synthase and cytochrome P450 genes involved in conifer defence reveal insights into a conifer genome. BMC Plant Biol, v.9, p.106. 2009.

Harry, D. E., B. Temesgen, *et al.* Codominant PCR-based markers for *Pinus taeda* developed from mapped cDNA clones. Theor Appl Genet, v.97, p.327–336. 1998.

He, X. e Å. Bjørnstad. Diversity of North European oat analyzed by SSR, AFLP and DArT markers. TAG Theoretical and Applied Genetics, p.1-14. 2012.

Heller-Uszynska, K., G. Uszynski, *et al.* Diversity Arrays Technology effectively reveals DNA polymorphism in a large and complex genome of sugarcane. Molecular Breeding - Springer Netherlands, v.28, n.1, p.37-55. 2011.

Howard, E. L., S. P. Whittock, *et al.* High-throughput genotyping of hop (*Humulus lupulus* L.) utilising diversity arrays technology (DArT). Theor Appl Genet, v.122, n.7, May, p.1265-80. 2011.

Huttner, E., P. Wenzl, *et al.* Diversity Arrays Technology: A novel tool for harnessing the genetic potential of orphan crops. Conference of The World Biological Forum Discovery to Delivery: BioVisionAlexandria: CABI Publishing, 2004. p.

Jaccoud, D., K. Peng, *et al.* Diversity arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping. Nucleic Acids Res, v.29, n.4, Feb 15, p.E25. 2001.

Jermstad, K. D., A. J. Eckert, *et al.* Comparative mapping in *Pinus*: sugar pine (*Pinus lambertiana* Dougl.) and loblolly pine (*Pinus taeda* L.). Tree Genetics & Genomes, v.7, n.3, Jun, p.457-468. 2011.

Jones, N., H. Ougham, *et al.* Markers and mapping: we are all geneticists now. New Phytol, v.137, p.165-177. 1997.

\_\_\_\_\_. Markers and mapping revisited: finding your gene. New Phytol, v.183, n.4, p.935-66. 2009.

Kilian, A., E. Huttner, *et al.* The fast and the cheap: SNP and DArT-based whole genome profiling for crop improvement. International Congress In the Wake of the Double Helix: From the Green Revolution to the Gene Revolution: May 27-31 2003, v.2003, p.443 - 461. 2005.

Kinlaw, C. S. e D. B. Neale. Complex gene families in pine genomes. Elsevier Science, v.2, n.9, p.356-359. 1997.

Knott, S. A., D. B. Neale, *et al.* Multiple marker mapping of quantitative trait loci in an outbred pedigree of loblolly pine. Theor Appl Genet, v.94, p.810-820. 1997.

Komulainen, P., G. R. Brown, *et al.* Comparing EST-based genetic maps between *Pinus sylvestris* and *Pinus taeda*. Theoretical and Applied Genetics, v.107, n.4, Aug, p.667-678. 2003.

Kovach, A., J. L. Wegrzyn, *et al.* The *Pinus taeda* genome is characterized by diverse and highly diverged repetitive sequences. BMC Genomics, v.11, p.420. 2010.

Krupkin, A. B., A. Liston, *et al.* Phylogenetic analysis of the hard pines (*Pinus* subgenus *Pinus*, Pinaceae) from chloroplast DNA restriction site analysis. American Journal of Botany, v.83, n.4, Apr, p.489-498. 1996.

Krutovskii, K. V., S. S. Vollmer, *et al.* Effects of megagametophyte removal on DNA yield and early seedling growth in coastal Douglas-fir. Can. J. For. Res., v.27, p.964-968. 1997.

Kutil, B. L. e C. G. Williams. Triplet-repeat microsatellites shared among hard and soft pines. Journal of Heredity, v.92, n.4, Jul-Aug, p.327-332. 2001.

Langmead, B., C. Trapnell, *et al.* Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. Genome Biol, v.10, n.3, p.R25. 2009.

Liewlaksaneeyanawin, C., C. E. Ritland, *et al.* Single-copy, species-transferable microsatellite markers developed from loblolly pine ESTs. Theoretical and Applied Genetics, v.109, n.2, Jul, p.361-369. 2004.

Linnaeus, C., Ed. Species Plantarum. Holmiae: Imprensis Laurentii Salvii, v.2. [v. 1: 1-560; 2: 561-1200], p.in 1000ed. 1753.

Little, E. L. e W. B. Critchfield. Subdivisions of the genus *Pinus* (pines). Washington: U.S. Forest Services, v.iv. 1969. 51 p. (United States. Dept. of Agriculture. Miscellaneous publicationno)

Lu, F., A. E. Lipka, *et al.* Switchgrass genomic diversity, ploidy, and evolution: novel insights from a network-based SNP discovery protocol. PLoS Genet, v.9, n.1, Jan, p.e1003215. 2013.

Luikart, G., P. R. England, *et al.* The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing. Nat Rev Genet, v.4, n.12, Dec, p.981-94. 2003.

Magbanua, Z. V., S. Ozkan, *et al.* Adventures in the Enormous: A 1.8 Million Clone BAC Library for the 21.7 Gb Genome of Loblolly Pine. Plos One, v.6, n.1, Jan 21. 2011.

Mardis, E. R. The impact of next-generation sequencing technology on genetics. Trends Genet, v.24, n.3, Mar, p.133-41. 2008.

Mayer, K. F. X., R. Waugh, *et al.* A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. Nature, v.491, n.7426, Nov 29, p.711-+. 2012.

Millar, C. e B. B. Kinloch, Jr. Taxonomy, phylogeny, and coevolution of pines and their stem rusts. Rusts of Pine. Proceedings of the 3rd International Union of Forest Research Organizations (IUFRO), Rusts of Pine Working Party Conference. Forestry Canada Northwest Region, Northern Centre, Edmonton, Alberta, Information Report NOR-X-317, 1991. 1-38 p.

Miller, C. N. Early evolution in the Pinaceae. Rev. Palaeobot. Palynol., v.21, p.101-117. 1976.

Morton, N. E. Parameters of the human genome. Proc Natl Acad Sci U S A, v.88, n.17, Sep 1, p.7474-6. 1991.

Murray, B. G. Nuclear DNA Amounts in Gymnosperms. Annals of Botany, v.82, n.7, p.3-15. 1998.

Neale, D. B. Genomics to tree breeding and forest health. Curr Opin Genet Dev, v.17, n.6, Dec, p.539-44. 2007.

Neale, D. B. e P. K. Ingvarsson. Population, quantitative and comparative genomics of adaptation in forest trees. Curr Opin Plant Biol, v.11, n.2, Apr, p.149-55. 2008.

Neale, D. B. e A. Kremer. Forest tree genomics: growing resources and applications. Nature Reviews Genetics, v.12, n.2, Feb, p.111-122. 2011.

Neves, L., J. Davis, *et al.* Targeted sequencing in the loblolly pine (Pinus taeda) megagenome by exome capture. IUFRO Tree Biotechnology Conference 2011: From Genomes to Integration and Delivery. Arraial D'ajuda, BA: BMC Proceedings 5(Suppl 7):O48 2011. p.

Neves, L. G., J. M. Davis, *et al.* Whole-exome targeted sequencing of the uncharacterized pine genome. Plant J, Apr 4. 2013.

- Palle, S. R., C. M. Seeve, *et al.* Natural variation in expression of genes involved in xylem development in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). Tree Genetics & Genomes, v.7, n.1, Feb, p.193-206. 2011.
- Paux, E., F. Legeai, *et al.* Physical mapping in large genomes: accelerating anchoring of BAC contigs to genetic maps through in silico analysis. Funct Integr Genomics, v.8, n.1, Feb, p.29-32. 2008.
- Peleg, Z., Y. Saranga, *et al.* High-density genetic map of durum wheat x wild emmer wheat based on SSR and DArT markers. Theor Appl Genet, v.117, n.1, Jun, p.103-15. 2008.
- Perry, J. P. J. The pines of Mexico and Central America. Timber Press, Portland, OR. 1991.
- Petroli, C. D., C. P. Sansaloni, *et al.* Genomic Characterization of DArT Markers Based on High-Density Linkage Analysis and Physical Mapping to the Eucalyptus Genome. Plos One, v.7, n.9, Sep 11. 2012.
- Pfeiffer, A., A. M. Olivieri, *et al.* Identification and characterization of microsatellites in Norway spruce (*Picea abies* K.). Genome, v.40, n.4, Aug, p.411-9. 1997.
- Poland, J. A., P. J. Brown, *et al.* Development of high-density genetic maps for barley and wheat using a novel two-enzyme genotyping-by-sequencing approach. PLoS One, v.7, n.2, p.e32253. 2012.
- Prasad, A. M., L. R. Iverson, *et al.* A Climate Change Atlas for 134 Forest Tree Species of the Eastern United States [database]. <http://www.nrs.fs.fed.us/atlas/tree>. Delaware, Ohio: Northern Research Station, USDA Forest Service 2007.
- Price, R. A., A. Liston, *et al.* Phylogeny and systematics of *Pinus*. In: D. M. Richardson (Ed.). Ecology and biogeography of Pinus. Cambridge: Cambridge University Press., 1998. Phylogeny and systematics of *Pinus*, p.49-68
- Quesada, T., V. Gopal, *et al.* Association mapping of quantitative disease resistance in a natural population of loblolly pine (*Pinus taeda* L.). Genetics, v.186, n.2, Oct, p.677-86. 2010.
- Remington, D. L., R. W. Whetten, *et al.* Construction of an AFLP genetic map with nearly complete genome coverage in *Pinus taeda*. Theor Appl Genet, v.98, n.8, Jun, p.1279-92. 1999.
- Resende, M. F., Jr., P. Munoz, *et al.* Accuracy of genomic selection methods in a standard data set of loblolly pine (*Pinus taeda* L.). Genetics, v.190, n.4, Apr, p.1503-10. 2012.
- Ronquist, F., M. Teslenko, *et al.* MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Syst Biol, v.61, n.3, May, p.539-42. 2012.
- Sansaloni, C. P. Desenvolvimento e aplicações de DArT (Diversity Array Technology) e genotipagem por sequenciamento (Genotyping-by-Sequencing) para análise genética em

Eucalyptus. Instituto de Ciências Biológicas - Departamento de Biologia Celular, Universidade de Brasília - UnB, Brasília- DF, 2012. 105 p.

Sansaloni, C. P., C. D. Petrolí, *et al.* A high-density Diversity Arrays Technology (DART) microarray for genome-wide genotyping in Eucalyptus. Plant Methods, v.6, p.16. 2010.

\_\_\_\_\_. Diversity Arrays Technology (DART) and next-generation sequencing combined: genome-wide, high throughput, highly informative genotyping for molecular breeding of Eucalyptus. IUFRO Tree Biotechnology Conference 2011: From Genomes to Integration and Delivery. Arraial d'Ajuda, Bahia, Brazil: BMC Proceedings, 2011. 54 p.

Schlotterer, C. The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? Nature Reviews Genetics, v.5, n.1, p.63-69. 2004.

Schulte, D., R. Ariyadasa, *et al.* BAC library resources for map-based cloning and physical map construction in barley (Hordeum vulgare L.). BMC Genomics, v.12, p.247. 2011.

Schultz, R. Loblolly Pine: The ecology and culture of Loblolly Pine (Pinus taeda L.). Agriculture Handbook nº 713. F. S. Us Department of Agriculture. New Orleans, Louisiana 1997.

Sewell, M. M., B. K. Sherman, *et al.* A consensus map for loblolly pine (Pinus taeda L.). I. Construction and integration of individual linkage maps from two outbred three-generation pedigrees. Genetics, v.151, n.1, Jan, p.321-30. 1999.

Shimizu, J. Y. Cultivo do Pinus. Embrapa Florestas Sistemas de Produção - 5 - ISSN 1678-8281. Curitiba 2005.

\_\_\_\_\_. Pinus na Silvicultura Brasileira. Colombo, PR: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Floresta. 2008. 223 p.

Skov, E. Timing of DNA Extraction from Megagametophytes for PCR during Initial Steps of Seedling Development in Picea abies (L.) KARST. Silvae Genetica, v.47, n.5-6, p.270-273. 1998.

Smith, D. e M. E. Devey. Occurrence and inheritance of microsatellites in Pinus radiata. Genome, v.37, n.6, Dec, p.977-83. 1994.

Sonah, H., M. Bastien, *et al.* An Improved Genotyping by Sequencing (GBS) Approach Offering Increased Versatility and Efficiency of SNP Discovery and Genotyping. PLoS One, v.8, n.1, p.e54603. 2013.

Steane, D. A., D. Nicolle, *et al.* Population genetic analysis and phylogeny reconstruction in Eucalyptus (Myrtaceae) using high-throughput, genome-wide genotyping. Mol Phylogenet Evol, v.59, n.1, Feb 7, p.206-224. 2011.

Stewart, J. F., Y. Y. Liu, *et al.* Microsatellite versus AFLP analyses of pre-management introgression levels in loblolly pine (*Pinus taeda* L.) and shortleaf pine (*P. echinata* Mill.). Tree Genetics & Genomes, v.6, n.6, Dec, p.853-862. 2010.

Swofford, D. L. PAUP\*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony. Version 4. Sinauer, Massachusetts 2002.

Temesgen, B., G. R. Brown, *et al.* Genetic mapping of expressed sequence tag polymorphism (ESTP) markers in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). Theor Appl Genet, v.102, p.664-675. 2001.

Usda. USDA Announces Grants to Study Climate Change Mitigation and Bioenergy Development. Newsroom USDA: National Institute of Food and Agriculture <[http://www.csrees.usda.gov/newsroom/news/2011news/01121\\_afri\\_davis.html](http://www.csrees.usda.gov/newsroom/news/2011news/01121_afri_davis.html)> 2011.

\_\_\_\_\_. The PLANTS Database. USDA United States Department of Agriculture: <http://plants.usda.gov>, 2012. p.

Van Ooijen, J. W. e R. E. Voorrips. JoinMap 3.0 software for the calculation of genetic linkage maps. Wageningen, the Netherlands: Plant Research Internation 2001.

Varshney, R. K., A. Graner, *et al.* Genic microsatellite markers in plants: features and applications. TRENDS in Biotechnology, v.23, n.1, p.48-55. 2005.

Voorrips, R. E. MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. The Journal of Heredity, v.93, n.1, p.77-78. 2002.

Vos, P., R. Hogers, *et al.* AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Res, v.23, n.21, Nov 11, p.4407-14. 1995.

Wakamiya, I., R. J. Newton, *et al.* Genome Size and Environmental Factors in the Genus *Pinus*. American Journal of Botany, v.80, n.11, p.1235-1241. 1993.

Ward, J. A., J. Bhangoo, *et al.* Saturated linkage map construction in *Rubus idaeus* using genotyping by sequencing and genome-independent imputation. BMC Genomics, v.14, p.2. 2013.

Wegrzyn, J., B. Lin, *et al.* Insights Into The Loblolly Pine Genome: Characterization Of Fosmid Sequences-W539. Plant and Animal Genome XXI. San Diego, CA, 2013. p.

Wenzl, P., J. Carling, *et al.* Diversity Arrays Technology (DArT) for whole-genome profiling of barley. Proc Natl Acad Sci U S A, v.101, n.26, Jun 29, p.9915-20. 2004.

White, J., J. R. Law, *et al.* The genetic diversity of UK, US and Australian cultivars of *Triticum aestivum* measured by DArT markers and considered by genome. Theoretical and Applied Genetics, v.116, n.3, Feb, p.439-453. 2008.

White, T. L., W. T. Adams, *et al.* Forest Genetics: CABI Publishing. 2007. 704 p.



Williams, C. G., C. G. Elsik, *et al.* Microsatellite analysis of *Pinus taeda* L. in Zimbabwe. Heredity, v.84, n.2, Feb, p.261-268. 2000.

Williams, J. G., A. R. Kubelik, *et al.* DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res, v.18, n.22, Nov 25, p.6531-5. 1990.

Wittenberg, A. H., T. Van Der Lee, *et al.* Validation of the high-throughput marker technology DArT using the model plant *Arabidopsis thaliana*. Mol Genet Genomics, v.274, n.1, Aug, p.30-9. 2005.

Wittenberg, A. H. J. Genetic mapping using the Diversity Arrays Technology (DArT): Application and validation using the whole-genome sequences of *Arabidopsis thaliana* and the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella graminicola*. Wageningen University, Den Haag - The Netherlands, 2007. 215 p.

Xia, L., K. Peng, *et al.* DArT for high-throughput genotyping of Cassava (*Manihot esculenta*) and its wild relatives. Theor Appl Genet, v.110, n.6, Apr, p.1092-8. 2005.

Yang, S. Y., R. K. Saxena, *et al.* The first genetic map of pigeon pea based on diversity arrays technology (DArT) markers. J Genet, v.90, n.1, Apr, p.103-9. 2011.

Zhang, L., D. Liu, *et al.* Investigation of genetic diversity and population structure of common wheat cultivars in northern China using DArT markers. BMC Genetics, v.12, n.1, p.42. 2011.

Zhang, L. Y., S. Marchand, *et al.* Population structure and linkage disequilibrium in barley assessed by DArT markers. Theor Appl Genet, v.119, n.1, Jun, p.43-52. 2009.

Zhou, Y., T. Bui, *et al.* Undermethylated DNA as a source of microsatellites from a conifer genome. Genome, v.45, n.1, Feb, p.91-99. 2002.

Zobel, B. J. e J. Talbert. Applied forest tree improvement. New York, NY: John Wiley and Sons. 1984

Zwick, M. S., R. E. Hanson, *et al.* A rapid procedure for the isolation of C0t-1 DNA from plants. Genome, v.40, n.1, Feb, p.138-42. 1997.

## MATERIAL SUPPLEMENTAR

**Tabela Suplementar 3.1** – Relação dos 92 marcadores microssatélites selecionados para a genotipagem das 288 amostras de DNAs haploides de megagametófito.

	Marcadores microssatélites	Natureza dos marcadores <sup>a</sup>	Tm °C	Repeat motif	Nº acesso GenBank	Iniciador direto 5'-3'	Iniciador reverso 5'-3'	Referência <sup>b</sup>
1	PtTX2080	G	52	(CAT)7	BV728818	[hex]-AAAGATGGTCGGTTGTAAAGTT	TTGTCAGGCGGATAAGGTT	1
2	PtTX4221	G	50	(CT)6...(GT)7	AF455079	[hex]-CTTTTGTGAATGCGTGTGGCTATC	ATGAAATGAAAGGCAGGAAAGGAA	1
3	PtTX2123	G	49	(AGC)8	BV728861	[hex]-GAAGAACCACAAACACAAG	GGGCAAGAATTCAATGATAA	2
4	PtTX2128	G	50	(GAC)8	BV728859	[6-fam]-TGGATAATCCTTTCAGTC	TCTCGGATTCTCTTACAG	2
5	PtTX2146	G	57	(GCT)4GCC(GCT)7GC C(GCT)8	BV728863	[hex]-CCTGGGGATTTGGATTGGGTATTTG	ATATTTTCTTGCCCTTCCAGACA	2
6	PtTX2164	G	50	(CGT)5...(CCG)4...(CG T)7(CAT)3(CGT)4CAT (CGT)5...(CGT)5(CAT) 10	BV728862	[6-fam]- GAAAATGAAAATCTTAAAAAATTC	TCAAATATTAAGAAGGTAACAATAC	2
7	PtTX2034	LC	50	(TTTG)7	AF286614	[6-fam]- TCTGAGGAGGAACATGTCATTTACT	GCATGTCTGAATTATTGTGTTCTAT	1
8	PtTX2094	LC	52	(TTTG)4...(TTTG)9...(TTTG)9T11	BV728820	[6-fam]-CAACTGTGCCTGTGCTGTGT	ATGGGTGGGTTGGTTATCTGA	1
9	PtTX3003	LC	50	(GAT)32(GAC)3...(GAC)13	AF455073	[6-fam]-CAAATCATTTAGTATCTCATATC	AGGTGACTCTGACTTGAAA	1
10	PtTX3018	LC	50	(GAT)13	AF286616	[hex]-CCATTTATGAACCAGAGA	ATAAAACCATGAGACCTT	1
11	PtTX3021	LC	52	(GTT)10...(GTT)7...(GTT)6	AF286617	[6-fam]-TTCATCCTAGCTGCTTGCTTT	CTCAGCGTCTACCCCATCAA	1
12	PtTX3029	LC	50	(GCT)8	BV728824	[6-fam]-CTTGTGCTGCTTCTGC	AACAAAATAATATAAATGCTCTGC	1
13	PtTX3043	LC	51	(AC)18(AT)8	AF441512	[6-fam]-AGGGTTCGTCTTTTCTTTG	ATAGGTGGTCATGTTGTTTGT	1
14	PtTX3049	LC	51	(TG)16	BV728826	[6-fam]-GAAGTGATAATGGCATAGCAAAAT	CAGACCCGTGAAAGTAATAAACAT	1
15	PtTX3052	LC	54	(ATC)8	BV728827	[6-fam]-	AAAGACTCCTTGATGTTGTGAACA	1

CCTCACTAGGAGGCTACGGAAGAG

16	PtTX3063	LC	50	(CAA)15	BV728830	[6-fam]-CAATCAGAATCAGCGGCAAACAAA	TTCAACAACATTCATCACACTA	1
17	PtTX3081	LC	56	(GTT)4TTT(GTT)13AT T(GTT)6	BV728831	[6-fam]-GCCGAGGAAGCAAGCAACCAA	CCTCGGCAGCCAAATCCTTCA	1
18	PtTX3087	LC	52	(ATT)4(GTT)11TTT(G TT)5GCT(GTT)3(ATT) 9	AF441523	[6-fam]-TTGAAAGTCTTGCCCTATGTAAT	AAGAAAACCCCAAACCTCG	1
19	PtTX3089	LC	46	(CAT)5...(CAT)24...(C AT)4	AF441524	[6-fam]-TGTAATTCATAGTCAAAAAGGTT	AATAGTACAATGAGTCAAGAAAAT	1
20	PtTX3091	LC	49	(GTT)10T13GGT10CT 5	BV728844	[6-fam]-GTGGCCACCTGCTTATT	AACCCTCCTATGACTATGG	1
21	PtTX3103	LC	50	(GAT)25(GAC)2GGC( GAC)8	AF455074	[6-fam]-GGATAATTAAGGTTGATACACATC	CTTTTTGAGCATAGGAATAA	1
22	PtTX3105	LC	52	(GTT)9	BV728847	[6-fam]-TGTCGGTGGAGTTGGCAGTAGACT	AGGGCCCAGCGTTTCCTG	1
23	PtTX3106	LC	50	(CAT)15	AF441529	[6-fam]-GAAAATTATAGGTCTGAT	ATACATGAAAGGAGGATTAG	1
24	PtTX3107	LC	51	(CAT)14	BV728833	[6-fam]-AAACAAGCCCACATCGTCAATC	TCCCCTGGATCTGAGGA	1
25	PtTX3114	LC	50	(GTT)11T17	BV728835	[6-fam]-CATATAAATTTGTGAGGTA	CATTATGTCCATTTAGTCC	1
26	PtTX3116	LC	51	(TTG)7...(TTG)5	BV728848	[hex]-CCTCCCAAAGCCTAAAGAAT	CATACAAGGCCTTATCTTACAGAA	1
27	PtTX3117	LC	54	(CAT)9	BV728836	[hex]-GTGATTGATGAGGAGGCTTACT	TAGGGACTGGCACCGATGAA	1
28	PtTX3120	LC	51	(CAA)7CAT(CAA)25	BV728837	[6-fam]-CCCACAAACAAGGAGGTC	TAGCAGTCGAGTTAGAAGATTAGA	1
29	PtTX3123	LC	50	(GAT)35...(GAC)8...(G AC)6...(GAT)6	AF441535	[6-fam]-TTTGGCAAAGAACATTGAGAT	ATATTGGTATTAGTTGAAGTT	1
30	PtTX3125	LC	53	(CAA)11CAG(CAA)7 ...(CAA)3CAG(CAA)3	AF441536	[6-fam]-TCTACTGCATCTGCTACCATACAT	GAGCGAGGAGGAAACCAAAGAG	1
31	PtTX4181	LC	50	(CAA)6	BV728850	[6-fam]-CTCTCCCCTTTATTTACACATTG	AAAGATTGGTCGGTTGGTTAT	1
32	PtTX4214	LC	49	(CA)20	BV728841	[6-fam]-AACATTTCCAAGCCTCAA	ACATGGACATCAAGAAGAAGTG	1
33	PtTX2037	LC	51	(GTGA)8(GT)14	AF143959	[hex]-GCCTTTAGATGAATGAACCCA	TAAGCGGGATATTATAGAGTTT	2
34	PtTX3011	LC	53	(GAA)5...(GAT)15	BV728852	[hex]- AATTTGGGTGATTTTTCTTAGA	AAAAGTTGAAGGAGTTGGTGATC	2

35	PtTX3013	LC	52	(GTT)10	BV728853	[hex]-GCTTCTCCATTAACAACTAATTCTA	TCAAAATTGTTTCGTAAAACCTC	2
36	PtTX3019	LC	51	(CAA)10	BV728864	[6-fam]-AAGAATATCAAGCACTCC	CAAAGGCATAAAGAAACT	2
37	PtTX3030	LC	50	(TA)4...(GGT)10	AF143972	[6-fam]-AATGAAAGGCAAGTGTCG	GAGATGCAAGATAAAGGAAGTT	2
38	PtTX3034	LC	50	(GT)10(GA)13	BV728857	[hex]-TCAAAATGCAAAAGACG	ATTAGGACTGGGGATGAT	2
39	PtTX3037	LC	52	(GA)9A13(CAA)15	BV728858	[hex]-CGTTTGGAGCACTACTT	AAGTCACTTAATGCAATATGTA	2
40	PtTX2082	LC	52	(GT)14(GAGT)7(GA)13	AF277841	[6-fam]-AAATGTTTAATATGAAGTTGAG	GATGGATCTATGTTGGTTT	3
41	PtTX3002	LC	51	(GAG)6...(GAG)4AA(GAG)4	AF277846	[6-fam]-TTGTTGTGCTCATAACTACTAGTGT	CTCCTAAGCTTGCTCATGTG	3
42	PtTX3046	LC	50	(AT)4	AF333782	[6-fam]-TATAGCTAGACCCGAAACA	AGACCCGCTGGCATTAT	4
43	PtTX3096	LC	52	(GAT)6(GAA)3GAT(GAA)7	AF333783	[6-fam]-TAATTGTTATCATTGTCTTT	CATTGACTTAAAATCCATACAT	4
44	PtTX3112	LC	50	A11(CAA)12	AF333786	[6-fam]-AAAAGGGCCTCAAAGAAAAAT	ATAGGGAGATAAGTTGAAAATA	4
45	PtTX3127	LC	51	(CAA)10	BV728849	[6-fam]-ACCCTTACTTTTCAGAAAGGATA	AATTGGGGTTCAACTATTCTATTA	4
46	PtTX4147	UM	56	(CAA)5(CAG)3(CAA)3 CAG(CAA)3...(CAG)3(CAA)3	BV728840	[hex]-CTCCGGACAAGAGCACAGGACTC	AGCTGGGTTTGGGACCATTAC	1
47	PtTX4183	UM	49	(AG)25	AF335095	[6-fam]-ACATTGTAGTTCCACTTTCAC	TGCTTCCCCATCTCAT	1
48	PtTX4205	UM	49	(GAA)10	AF455076	[hex]-CAAACGTTTAAATGGATGAAG	CTGGATGAATATTGATGTTGTCT	1
49	PtTX4228	UM	46	(CA)14	BV728843	[hex]-ATATCATGTTTAGGTTGGTGTG	AGTTAGGCTTTTTGTCC	1
50	PtTX4001	UM	50	(GT)15	BV728865	[6-fam]-CTATTTGAGTTAAGAAGGGAGTC	CTGTGGGTAGCATCATC	5
51	PtTX4009	UM	52	(CA)3TA(CA)14	AF286631	[6-fam]-ACCTTGACCTTGTAGAGC	CTGTGTCCCTTTAGAGATAG	5
52	PtTX4011	UM	51	(CA)20	BV728874	[6-fam]-GGTAACATTGGGAAAACACTCA	TTTAACCATCTATGCCAATCACTT	5
53	PtTX4036	UM	50	(CA)31	BV728879	[6-fam]-TGATGGGAAGGAAAAGAATAAAC	AATGCCCCACAACATAAAC	5
54	PtTX4056	UM	51	(GA)17	BV728867	[6-fam]-TTAAGGCCAGTTCCAATACAAAAT	GAGCCCAACAACATAAACATGAG	5
55	PtTX4058	UM	51	(GA)20	BV728868	[hex]-AAGTGTGGGAGAAAATGTAAT	CTCCTTCTGTCCCTATCTCT	5

56	PtTX4090	UM	50	(CTT)6...(CTT)8	BV728869	[6-fam]-ACTTTCAAGATTCACTAATG	AGTCCAGCACTCCAAGAAA	5
57	PtTX4093	UM	51	(CTT)16	BV728871	[6-fam]-TTGCTTTGCTAATGTTGACCTG	CTAGAGTATGCCTTGAGC	5
58	PtTX4112	UM	50	(AT)6(GT)16	BV728872	[6-fam]-CCCTCTGTTAGCCGATGTA	AATGTTAGCCCTAGATGTTTGATG	5
59	PtTX4114	UM	51	(CA)23	AF324791	[hex]-ACACATGTCTTGAGGAGT	TCAATTTGATCTATAACTTTCCACC	5
60	PtTX4137	UM	52	(GAA)21	BV728873	[hex]-CATTGTATTAGTCCTAGCCTCTGT	GGTGCACCCAACAATGTG	5
61	PtRIP_0031	G	51	(TTA)18	BV683043	[6-fam]-CCAACCAATGTGGTTCATCA	AGGAAAATAGAAGGGAATAAGACC	6
62	PtRIP_0065	G	50	(CAA)4	BV683047	[hex]-CCAACAGCACTTACCCAAAA	AGCCTCATGAAAGCCCAGTA	6
63	PtRIP_0066	G	50	(TAAA)7	BV683048	[hex]-GTTGATAGAGTTTCATGTGGTGC	TGGATGAAGAATTTTGTAGTCAA	6
64	PtRIP_0079	G	51	(TTA)12	BV683053	[hex]-TGATTTGATCCCTCTAGGCG	AATCTTGAAAAGAAATTC AATATGAGA	6
65	PtRIP_0126	G	52	(TG)12	BV683062	[hex]-TCATACCGAGAGAGGTCTTTG	GAGCTTAATTTGTGCCTGCC	6
66	PtRIP_0165	G	50	(TC)27(CA)12	BV683070	[6-fam]-TGGAAGCCACAATTTGTTGA	TGCAATAAAAACCATGCAACAA	6
67	PtRIP_0171	G	51	(TG)15	BV683072	[hex]-TGATCCTAAGCCTTAGAAACCC	TTTTGTCACCCATGCATATGA	6
68	PtRIP_0211	G	53	(TAA)12	BV683076	[hex]-GAGGGGGTCTCATAACCCAA	TGCATAGAGGATGTATTTCTTGGA	6
69	PtRIP_0255	G	53	(TAAAA)5(TAAA)4(TAA)8	BV683147	[hex]-TCCTCCTGAGTGGTCCCATA	ATGGATATGAGGCCTGTTGG	6
70	PtRIP_0293	G	51	(TAAA)6	BV683078	[hex]-CGCTACTATTGGCCGAATCT	CTGTGAGGAAATCCCTGGAA	6
71	PtRIP_0367	G	52	(TG)10T(TG)10	BV683081	[hex]-CCAATGCATAATGCAACCAC	TAGCCATGGTGCTCAGTCTG	6
72	PtRIP_0369	G	52	(TG)15	BV683082	[hex]-GGTTGTTGTGCACGAGCTTA	TCAGTGAAGTTCAAGGGAGGTT	6
73	PtRIP_0376	G	50	(CA)14(TA)4	BV683083	[hex]-AGGAATTGGTGATTCATGTGG	ATAAAAGAATCGGCCCTGGT	6
74	PtRIP_0388	G	52	(CA)12	BV683084	[6-fam]-CACAACACTCAAACATGCTCAA	AAGAGGATGTGAGGTCCCAA	6
75	PtRIP_0467	G	51	(CATA)4...(CA)21	BV683150	[hex]-CTTGCGACCTTGT CATA CA	GGGTCCTTAGGGATCATGGT	6
76	PtRIP_0567	G	53	(CA)16	BV683089	[hex]-GTTGGTGAGGAGACTTG GGA	AAGAACAATTC AATATGGATGA	6
77	PtRIP_0619	G	50	(CT)3...(TA)3(TG)15	BV683091	[6-fam]-CAGCTCTCTTAATAGCCTCGG	GCACATAGCAACGCTGAAGA	6
78	PtRIP_0629	G	52	(GA)3...(CA)16	BV683094	[hex]-GGTTGTGCTTTCC CAGAGAG	GAATGCAAGGTAGCCAGGAG	6

79	PtRIP_0852	G	53	(CT)3...(CT)3..(TG)18	BV683115	[6-fam]-GTTATCCCCCATGTTGTTGC	GGGTAGAAGCACTATGCTTTCATT	6
80	PtRIP_0968	G	51	(TG)22	BV683124	[hex]-TCTACGACAAAACCGTAGTG	CATGTGGCTTTGTGGCATAT	6
81	PtRIP_0984	G	51	(TG)18	BV683125	[6-fam]-TGTGACCTGAAAATCCCT	GGCTTGCAACCAGTTCATA	6
82	PtSIFG_0371	EST	50	(AGC)5	BV728748	[6-fam]-TGAGCAACTCCAGATCTCAA	GGTCTCTGGTGCAGGGTTA	6
83	PtSIFG_0566	EST	52	(GGGAAG)4	BV728755	[hex]-ACTTAGTGGGAAAGGGGAA	TTCCTCAGCCAAAAGCTCTC	6
84	PtSIFG_0737	EST	51	(CAG)6...(CAGCAT)6	BV728669	[6-fam]-GCAAGGGGAATTGCTTATGA	GGGATCGCATCAGCTGTAAT	6
85	PtSIFG_0745	EST	50	(AGGTTG)4(GGCTGA) 5	BV728671	[6-fam]-AAGAAAGGCGGACTAGGAGC	GTGAACCCACAATTCCCAAC	6
86	PtSIFG_1178	EST	52	(CCT)9	BV728697	[6-fam]-TATCAGGTATAGGCTCCGC	TAATCCCTTCAACGAAACGG	6
87	PtSIFG_1207	EST	51	(TTA)6	BV728789	[6-fam]-TTGAAAGACCTGAGGGAACG	ACAGTGCTTCAACGTGCATC	6
88	PtSIFG_2461	EST	52	(GC)4(GC)4(GCAG)4	BV728721	[6-fam]-AAACTGCGTGAGGTGCTCTT	CTTCTCGATGATGTGCCTGA	6
89	PpSIFG_3145	EST	50	(GAG)5(CAG)5(GCA) 6	BV728651	[6-fam]-TGTATATTCGCCCTGGTGGT	ATCAAATCCAGAATCAGGCG	6
90	RPtest11	EST	52	(ATC)7	BV728796	[6-fam]-AGGATGCCTATGATATGCGC	AACCATAACAAAAGCGGTCG	7
91	RPtest9	EST	52	(GAG)5(GCA)7(GCA) 5	BV728800	[6-fam]-CCAGACAACCCAAATGAAGG	GCCTGCTATCGAATCCAGAA	7
92	SsrPt_ctg4487b	EST	50	(CCG)10	BV728808	[6-fam]-ATGACGCATTATCAGGGGAA	TTGCACAGAAAGCAGGTTTG	7

<sup>a</sup> Natureza dos marcadores microssatélites: (EST) sequência expressas marcadas, (G) bibliotecas genômicas, (LC) bibliotecas de baixa cópia e (UM) bibliotecas hipo-metiladas.

<sup>b</sup> Referências 1- (Auckland, Bui *et al.*, 2002); 2- (Elsik, Minihan *et al.*, 2000); 3- (Kutil e Williams, 2001), 4-(Elsik e Williams, 2001), 5- (Zhou, Bui *et al.*, 2002), 6- (Echt, Saha, Krutovsky *et al.*, 2011), 7- (Chagne, Chaumeil *et al.*, 2004).

**Tabela Suplementar 3.2.** - Relação dos locos amplificados na genotipagem dos 92 marcadores microssatélites nos 288 DNAs haploides de megagametófito.

	Locos dos microssatélites	Natureza dos marcadores <sup>a</sup>	Tamanho esperado (pb)	Tamanho observado (pb)	Poli/Mono <sup>b</sup>	Grupo de ligação
1	PtTX2123	G	201	195/198	P	09
2	PtTX2128	G	237	228/238/241	P	08
3	PtTX2146	G	180	175/185	P	03
4	PtTX2164	G	252	243/246	P	03
5	PtTX4221	G	197	176/194	P	10
6	PtTX2034 A	LC	170	134/160	P	$\alpha \leq 5\%$
7	PtTX2034 B	LC	170	142	P	06
8	PtTX2094	LC	324	324	P	02
9	PtTX3018	LC	155	130/152	P	10
10	PtTX3021 A	LC	471	158/161	P	02
11	PtTX3021 B	LC	471	177/180	P	07
12	PtTX3021 C	LC	471	117/218	P	02
13	PtTX3021 D	LC	471	427/440	P	08
14	PtTX3021 E	LC	471	126	P	10
15	PtTX3021 F	LC	471	146	P	12
16	PtTX3021 G	LC	471	182	P	08
17	PtTX3021 H	LC	471	190	P	04
18	PtTX3021 I	LC	471	205	P	10
19	PtTX3021 J	LC	471	230	P	04
20	PtTX3021 L	LC	471	234	P	07
21	PtTX3021 M	LC	471	245	P	$\alpha \leq 5\%$
22	PtTX3021 N	LC	471	256	P	02
23	PtTX3021 O	LC	471	263	P	08
24	PtTX3029 A	LC	255	253/256	P	11
25	PtTX3029 B	LC	255	213	P	05
26	PtTX3034	LC	207	203/205	P	08
27	PtTX3043 A	LC	260	194/195	P	10
28	PtTX3043 B	LC	260	216	P	07
29	PtTX3043 C	LC	260	260	P	02
30	PtTX3043 D	LC	260	273	P	11
31	PtTX3049	LC	311	300/302	P	05
32	PtTX3052 A	LC	242	239/259	P	$\alpha \leq 5\%$
33	PtTX3052 B	LC	242	318/338	P	$\alpha \leq 5\%$
34	PtTX3081	LC	234	207	P	11
35	PtTX3087	LC	292	247/282	P	04
36	PtTX3089 A	LC	260	311/336	P	07
37	PtTX3089 B	LC	260	168	P	02
38	PtTX3091 A	LC	229	220/226	P	06
39	PtTX3091 B	LC	229	74	P	05
40	PtTX3105	LC	201	183/188	P	03
41	PtTX3106	LC	171	160/166	P	02
42	PtTX3114	LC	188	75/187	P	08
43	PtTX3116	LC	141	135/142	P	03
44	PtTX3117	LC	191/223	192/208	P	11
45	PtTX3120 A	LC	282	180	P	$\alpha \leq 5\%$
46	PtTX3120 B	LC	282	237	P	03



47	PtTX3120 C	LC	282	274	P	$\alpha \leq 5\%$
48	PtTX3120 D	LC	282	299	P	03
49	PtTX3123 A	LC	300	161/241	P	08
50	PtTX3123 B	LC	300	158	P	N.M.
51	PtTX3125 A	LC	302	240	P	06
52	PtTX3125 B	LC	302	264	P	11
53	PtTX3127 A	LC	183	157	P	03
54	PtTX3127 B	LC	183	175	P	10
55	PtTX3127 C	LC	183	182	P	07
56	PtTX4181	LC	388	392/417	P	01
57	PtTX4214 A	LC	164	160/162	P	05
58	PtTX4214 B	LC	164	178	P	$\alpha \leq 5\%$
59	PtTX4214 C	LC	164	278	P	03
60	PtTX4001	UM	220	215/223	P	04
61	PtTX4011	UM	290	266/280	P	02
62	PtTX4056	UM	432	414/434	P	07
63	PtTX4058	UM	141	140/150	P	05
64	PtTX4090	UM	188	186/192	P	07
65	PtTX4112	UM	446	442/450	P	07
66	PtTX4147	UM	193	189/196	P	05
67	PtTX4183 A	UM	200	188/204	P	12
68	PtTX4183 B	UM	200	160	P	07
69	PtTX4183 C	UM	200	185	P	10
70	PtTX4205	UM	150	137/143	P	06
71	PtTX4228	UM	158	148/154	P	03
72	PtRIP_0031	G	261	234/259	P	12
73	PtRIP_0066	G	114	95	P	07
74	PtRIP_0079	G	153	131/149	P	12
75	PtRIP_0126	G	174	153/173	P	03
76	PtRIP_0165	G	220	200/220	P	10
77	PtRIP_0171	G	207	195/210	P	10
78	PtRIP_0211	G	159	143/152	P	01
79	PtRIP_0255	G	99/134	106/117	P	10
80	PtRIP_0367	G	209	167	P	10
81	PtRIP_0369	G	161	156/160	P	03
82	PtRIP_0376 B	G	189	184	P	10
83	PtRIP_0376 C	G	189	192	P	10
84	PtRIP_0388	G	203	250	P	09
85	PtRIP_0467	G	178	173	P	05
86	PtRIP_0567	G	152	131/148	P	06
87	PtRIP_0619 A	G	191	192/195	P	06
88	PtRIP_0619 B	G	191	239	P	06
89	PtRIP_0629 A	G	157	152/158	P	06
90	PtRIP_0629 B	G	157	134	P	03
91	PtRIP_0629 C	G	157	136	P	10
92	PtRIP_0629 D	G	157	142	P	05
93	PtRIP_0852	G	213	193/211	P	08
94	PtRIP_0984	G	220	217/225	P	01
95	PtSIFG_0371	EST-SSR	408/416	408/411	P	10
96	PtSIFG_0737	EST-SSR	414/438	424/429	P	10
97	PtSIFG_0745	EST-SSR	466/491	474/480	P	10
98	PtSIFG_1207	EST-SSR	211/222	210/216	P	02
99	PtSIFG_2461	EST-SSR	402/430	424/429	P	03
100	PpSIFG_3145 A	EST-SSR	370/402	392/400	P	03
101	PpSIFG_3145 B	EST-SSR	370/402	246	P	04

102	RPtest9	EST-SSR	289	270/278	P	03
103	SsrPt_ctg4487b	EST-SSR	239/250	233/236	P	03
104	PtTX3046	LC	162	ML	ML	N.M.
105	PtTX2080	G	161	136	M	N.M.
106	PtTX2037	LC	145/187	172	M	N.M.
107	PtTX2082	LC	253	212	M	N.M.
108	PtTX3002	LC	194	191	M	N.M.
109	PtTX3003	LC	219	155	M	N.M.
110	PtTX3013	LC	134	128	M	N.M.
111	PtTX3030	LC	287	132	M	N.M.
112	PtTX3037	LC	144	135	M	N.M.
113	PtTX3063	LC	246/296	203	M	N.M.
114	PtTX3096	LC	260	186	M	N.M.
115	PtTX3103	LC	204	130	M	N.M.
116	PtTX3107	LC	179	164	M	N.M.
117	PtTX3112	LC	161	176	M	N.M.
118	PtTX4009	UM	280	249	M	N.M.
119	PtTX4036	UM	458	480	M	N.M.
120	PtTX4093	UM	322	408	M	N.M.
121	PtTX4114	UM	113 (130)	91	M	N.M.
122	PtTX4137	UM	159/197	139	M	N.M.
123	PtRIP_0065	G	142	378	M	N.M.
124	PtRIP_0293	G	184	160	M	N.M.
125	PtSIFG_0566	EST-SSR	104/124	111	M	N.M.
126	PtSIFG_1178	EST-SSR	324/334	330	M	N.M.
127	RPtest11	EST-SSR	213	118	M	N.M.
128	PtRIP_0968	G	201	nd	nd	N.M.
129	PtTX3011	LC	186	nd	nd	N.M.
130	PtTX3019	LC	223	nd	nd	N.M.

<sup>a</sup> **Natureza dos marcadores microssatélites:** (EST) sequência expressas marcadas, (G) bibliotecas genômicas, (LC) bibliotecas de baixa cópia e (UM) bibliotecas hipo-metiladas.

<sup>b</sup> P- polimórfico, M- monomórfico, ML- multilocos, nd- nada amplificado, N.M – não mapeado.

**Figura suplementar 3.1** - Mapa genético de alta densidade para *Pinus taeda* obtido após a terceira tentativa (*third round*) mais relaxada de ordenamento dos marcadores *in silico* DArT, SNP e microssatélites. O mapa inclui 2.437 marcadores distribuídos em 12 grupos de ligação com cobertura de mapa de 1.226,47cM, sendo 1.786 marcadores *in silico* DArT (em preto), 589 SNP (em verde sublinhado) e 62 microssatélites (em vermelho). Escala em centiMorgan (cM) à esquerda.

1

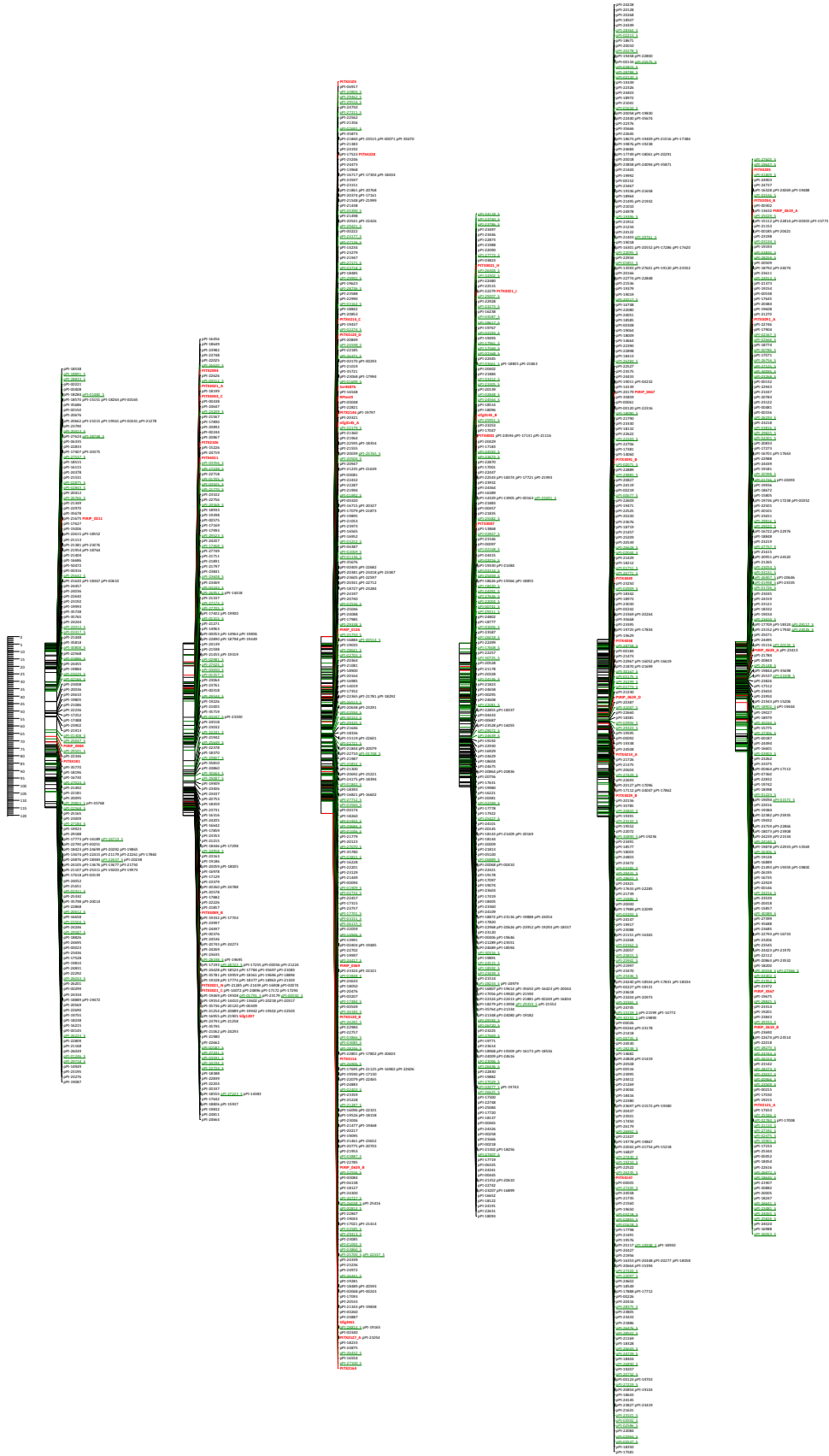
2

3

4

5

6





**Tabela Suplementar 3.3** - Relação dos marcadores agrupados e ordenados ao mapa genético de alta densidade de *Pinus taeda*. Ao todo 3.953 marcadores foram agrupados nos 12 grupos de ligação referente aos 12 cromossomos de *P. taeda*, sendo 2.973 marcadores *in silico* DArT, 885 SNPs e 95 microssatélites. Posição do ordenamento no mapa com alto suporte estatístico (*second round*) e do ordenamento mais relaxado (*third round*) em centiMorgan (cM). Marcadores agrupados nos grupos de ligação, 01, 02, 07, 08 e 10, não foram mapeados na terceira tentativa mais relaxada de ordenamento. N.O - Marcadores agrupados, mas não ordenados; Em negrito - marcadores microssatélites.

	CloneID	Marcadores	Natureza do marcador <sup>a</sup>	Grupo de ligação	Ordenamento ao mapa	
					" <i>second round</i> " (cM)	" <i>third round</i> " (cM)
1	100016154	pPt-16154	DArT	GL 01	0,00	N.O.
2	100018538	pPt-18538	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
3	100018891	pPt-18891_s	SNP 52:C>A	GL 01	0,77	N.O.
4	100028833	pPt-28833_s	SNP 51:A>G	GL 01	N.O.	N.O.
5	100000221	pPt-00221	DArT	GL 01	1,19	N.O.
6	100000408	pPt-00408	DArT	GL 01	1,26	N.O.
7	100018284	pPt-18284	DArT	GL 01	1,58	N.O.
8	100018570	pPt-18570	DArT	GL 01	1,67	N.O.
9	100001480	pPt-01480_s	SNP 26:C>G	GL 01	1,43	N.O.
10	100015151	pPt-15151	DArT	GL 01	1,62	N.O.
11	100018263	pPt-18263	DArT	GL 01	1,60	N.O.
12	100000165	pPt-00165	DArT	GL 01	1,71	N.O.
13	100035686	pPt-35686	DArT	GL 01	1,86	N.O.
14	100000150	pPt-00150	DArT	GL 01	2,38	N.O.
15	100020676	pPt-20676	DArT	GL 01	2,25	N.O.
16	100020662	pPt-20662	DArT	GL 01	2,41	N.O.
17	100021015	pPt-21015	DArT	GL 01	2,42	N.O.
18	100019561	pPt-19561	DArT	GL 01	2,41	N.O.
19	100000241	pPt-00241	DArT	GL 01	2,47	N.O.
20	100021278	pPt-21278	DArT	GL 01	2,46	N.O.
21	100023790	pPt-23790	DArT	GL 01	2,47	N.O.
22	100020413	pPt-20413_s	SNP 18:T>C	GL 01	2,55	N.O.
23	100027624	pPt-27624	DArT	GL 01	2,63	N.O.
24	100028748	pPt-28748_s	SNP 27:A>G	GL 01	2,69	N.O.
25	100006335	pPt-06335	DArT	GL 01	2,94	N.O.
26	100022833	pPt-22833	DArT	GL 01	3,26	N.O.
27	100017407	pPt-17407	DArT	GL 01	3,54	N.O.
28	100020375	pPt-20375	DArT	GL 01	3,48	N.O.
29	100027537	pPt-27537_s	SNP 10:G>A	GL 01	3,67	N.O.
30	100018515	pPt-18515	DArT	GL 01	3,73	N.O.
31	100016115	pPt-16115	DArT	GL 01	3,82	N.O.
32	100024378	pPt-24378	DArT	GL 01	4,15	N.O.
33	100021531	pPt-21531	DArT	GL 01	4,36	N.O.
34	100002875	pPt-02875_s	SNP 19:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
35	100002843	pPt-02843_s	SNP 23:G>A	GL 01	5,00	N.O.
36	100020412	pPt-20412	DArT	GL 01	5,51	N.O.
37	100026766	pPt-26766_s	SNP 18:G>A	GL 01	5,83	N.O.
38	100021349	pPt-21349	DArT	GL 01	8,41	N.O.
39	100022970	pPt-22970	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
40	100035678	pPt-35678	DArT	GL 01	11,80	N.O.
41	100021675	pPt-21675	DArT	GL 01	11,73	N.O.

<b>42</b>	<b>PtRIP_0211</b>	<b>PtRIP_0211</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 01</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
43	100017627	pPt-17627	DArT	GL 01	11,94	N.O.
44	100015006	pPt-15006	DArT	GL 01	12,86	N.O.
45	100022615	pPt-22615	DArT	GL 01	13,05	N.O.
46	100018552	pPt-18552	DArT	GL 01	13,15	N.O.
47	100023076	pPt-23076	DArT	GL 01	13,33	N.O.
48	100021381	pPt-21381	DArT	GL 01	13,72	N.O.
49	100021113	pPt-21113	DArT	GL 01	13,57	N.O.
50	100021954	pPt-21954	DArT	GL 01	13,78	N.O.
51	100018764	pPt-18764	DArT	GL 01	13,62	N.O.
52	100021404	pPt-21404	DArT	GL 01	14,09	N.O.
53	100016686	pPt-16686	DArT	GL 01	14,22	N.O.
54	100050472	pPt-50472	DArT	GL 01	16,27	N.O.
55	100000316	pPt-00316	DArT	GL 01	16,67	N.O.
56	100025642	pPt-25642_s	SNP 48:C>T	GL 01	16,52	N.O.
57	100018367	pPt-18367	DArT	GL 01	16,57	N.O.
58	100000610	pPt-00610	DArT	GL 01	16,67	N.O.
59	100021620	pPt-21620	DArT	GL 01	16,60	N.O.
60	100024457	pPt-24457	DArT	GL 01	16,67	N.O.
61	100024036	pPt-24036	DArT	GL 01	16,90	N.O.
62	100023192	pPt-23192	DArT	GL 01	17,07	N.O.
63	100019993	pPt-19993	DArT	GL 01	17,24	N.O.
64	100022640	pPt-22640	DArT	GL 01	16,56	N.O.
65	100035738	pPt-35738	DArT	GL 01	16,54	N.O.
66	100035765	pPt-35765	DArT	GL 01	20,29	N.O.
67	100024244	pPt-24244	DArT	GL 01	26,11	N.O.
68	100022012	pPt-22012_s	SNP 28:T>A	GL 01	26,57	N.O.
69	100003317	pPt-03317_s	SNP 12:G>A	GL 01	28,08	N.O.
70	100021448	pPt-21448	DArT	GL 01	27,95	N.O.
71	100035818	pPt-35818	DArT	GL 01	28,62	N.O.
72	100030808	pPt-30808_s	SNP 37:G>A	GL 01	28,99	N.O.
73	100022568	pPt-22568	DArT	GL 01	29,45	N.O.
74	100003886	pPt-03886_s	SNP 57:A>T	GL 01	30,65	N.O.
75	100024455	pPt-24455	DArT	GL 01	31,22	N.O.
76	100019884	pPt-19884	DArT	GL 01	31,43	N.O.
77	100003029	pPt-03029_s	SNP 53:A>G	GL 01	31,80	N.O.
78	100002166	pPt-02166_s	SNP 13:G>T	GL 01	33,05	N.O.
79	100023008	pPt-23008	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
80	100020036	pPt-20036	DArT	GL 01	39,49	N.O.
81	100024610	pPt-24610	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
82	100019805	pPt-19805	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
83	100021086	pPt-21086	DArT	GL 01	47,62	N.O.
84	100022236	pPt-22236	DArT	GL 01	47,49	N.O.
85	100017252	pPt-17252	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
86	100017488	pPt-17488	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
87	100023902	pPt-23902	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
88	100021913	pPt-21913	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
89	100001308	pPt-01308_s	SNP 19:G>T	GL 01	N.O.	N.O.
90	100025047	pPt-25047_s	SNP 37:C>G	GL 01	N.O.	N.O.
<b>91</b>	<b>PtRIP_0984</b>	<b>PtRIP_0984</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 01</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
92	100029101	pPt-29101_s	SNP 28:G>C	GL 01	65,61	N.O.
93	100022346	pPt-22346	DArT	GL 01	67,80	N.O.
<b>94</b>	<b>PtTX4181</b>	<b>PtTX4181</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 01</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
95	100035770	pPt-35770	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
96	100018196	pPt-18196	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
97	100016730	pPt-16730	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
98	100027024	pPt-27024_s	SNP 17:G>C	GL 01	70,70	N.O.
99	100021492	pPt-21492	DArT	GL 01	70,93	N.O.

100	100022181	pPt-22181	DArT	GL 01	71,82	N.O.
101	100020095	pPt-20095	DArT	GL 01	72,55	N.O.
102	100029803	pPt-29803_s	SNP 28:G>C	GL 01	72,52	N.O.
103	100035768	pPt-35768	DArT	GL 01	72,86	N.O.
104	100002568	pPt-02568_s	SNP 45:G>A	GL 01	72,81	N.O.
105	100025165	pPt-25165	DArT	GL 01	74,06	N.O.
106	100023009	pPt-23009	DArT	GL 01	74,87	N.O.
107	100027184	pPt-27184_s	SNP 8:T>C	GL 01	75,46	N.O.
108	100019923	pPt-19923	DArT	GL 01	75,99	N.O.
109	100029188	pPt-29188	DArT	GL 01	75,54	N.O.
110	100018423	pPt-18423	DArT	GL 01	76,16	N.O.
111	100017773	pPt-17773	DArT	GL 01	75,85	N.O.
112	100016189	pPt-16189	DArT	GL 01	75,89	N.O.
113	100026713	pPt-26713_s	SNP 7:G>A	GL 01	75,74	N.O.
114	100024699	pPt-24699	DArT	GL 01	75,99	N.O.
115	100022790	pPt-22790	DArT	GL 01	75,99	N.O.
116	100000251	pPt-00251	DArT	GL 01	75,99	N.O.
117	100020292	pPt-20292	DArT	GL 01	76,10	N.O.
118	100019865	pPt-19865	DArT	GL 01	76,16	N.O.
119	100013674	pPt-13674	DArT	GL 01	76,17	N.O.
120	100022415	pPt-22415	DArT	GL 01	76,17	N.O.
121	100022261	pPt-22261	DArT	GL 01	76,20	N.O.
122	100021179	pPt-21179	DArT	GL 01	76,25	N.O.
123	100017860	pPt-17860	DArT	GL 01	76,22	N.O.
124	100024876	pPt-24876	DArT	GL 01	76,21	N.O.
125	100018383	pPt-18383	DArT	GL 01	76,21	N.O.
126	100020238	pPt-20238	DArT	GL 01	76,28	N.O.
127	100022637	pPt-22637_s	SNP 32:A>C	GL 01	76,31	N.O.
128	100013676	pPt-13676	DArT	GL 01	76,30	N.O.
129	100024105	pPt-24105	DArT	GL 01	76,28	N.O.
130	100013677	pPt-13677	DArT	GL 01	76,31	N.O.
131	100021750	pPt-21750	DArT	GL 01	76,32	N.O.
132	100025311	pPt-25311	DArT	GL 01	76,36	N.O.
133	100021107	pPt-21107	DArT	GL 01	76,40	N.O.
134	100019203	pPt-19203	DArT	GL 01	76,41	N.O.
135	100019973	pPt-19973	DArT	GL 01	76,35	N.O.
136	100017618	pPt-17618	DArT	GL 01	76,64	N.O.
137	100021651	pPt-21651	DArT	GL 01	76,53	N.O.
138	100024052	pPt-24052	DArT	GL 01	76,25	N.O.
139	100000139	pPt-00139	DArT	GL 01	76,66	N.O.
140	100002311	pPt-02311_s	SNP 6:C>A	GL 01	77,17	N.O.
141	100025330	pPt-25330	DArT	GL 01	77,25	N.O.
142	100035798	pPt-35798	DArT	GL 01	76,66	N.O.
143	100020014	pPt-20014	DArT	GL 01	76,91	N.O.
144	100022868	pPt-22868	DArT	GL 01	76,81	N.O.
145	100020612	pPt-20612_s	SNP 42:A>C	GL 01	77,46	N.O.
146	100016658	pPt-16658	DArT	GL 01	80,89	N.O.
147	100003504	pPt-03504_s	SNP 10:A>G	GL 01	82,43	N.O.
148	100024246	pPt-24246	DArT	GL 01	83,16	N.O.
149	100029587	pPt-29587_s	SNP 12:A>C	GL 01	83,12	N.O.
150	100018826	pPt-18826	DArT	GL 01	84,62	N.O.
151	100024695	pPt-24695	DArT	GL 01	85,57	N.O.
152	100000023	pPt-00023	DArT	GL 01	85,80	N.O.
153	100023436	pPt-23436	DArT	GL 01	86,05	N.O.
154	100017528	pPt-17528	DArT	GL 01	86,00	N.O.
155	100019810	pPt-19810	DArT	GL 01	86,14	N.O.
156	100024831	pPt-24831	DArT	GL 01	86,26	N.O.
157	100022292	pPt-22292	DArT	GL 01	86,97	N.O.

158	100026043	pPt-26043_s	SNP 54:C>G	GL 01	87,24	N.O.
159	100026201	pPt-26201	DArT	GL 01	88,90	N.O.
160	100000299	pPt-00299	DArT	GL 01	91,51	N.O.
161	100024334	pPt-24334	DArT	GL 01	91,58	N.O.
162	100018889	pPt-18889	DArT	GL 01	92,00	N.O.
163	100019472	pPt-19472	DArT	GL 01	92,15	N.O.
164	100020569	pPt-20569	DArT	GL 01	92,07	N.O.
165	100022690	pPt-22690	DArT	GL 01	92,40	N.O.
166	100019755	pPt-19755	DArT	GL 01	92,93	N.O.
167	100018238	pPt-18238	DArT	GL 01	93,28	N.O.
168	100016215	pPt-16215	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
169	100000145	pPt-00145	DArT	GL 01	93,85	N.O.
170	100026223	pPt-26223_s	SNP 5:G>A	GL 01	N.O.	N.O.
171	100022809	pPt-22809	DArT	GL 01	94,27	N.O.
172	100021168	pPt-21168	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
173	100026049	pPt-26049	DArT	GL 01	99,28	N.O.
174	100001246	pPt-01246_s	SNP 21:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
175	100029718	pPt-29718_s	SNP 57:C>G	GL 01	N.O.	N.O.
176	100014949	pPt-14949	DArT	GL 01	107,82	N.O.
177	100023195	pPt-23195	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
178	100023276	pPt-23276	DArT	GL 01	111,11	N.O.
179	100019087	pPt-19087	DArT	GL 01	112,15	N.O.
180	100000024	pPt-00024	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
181	100000049	pPt-00049	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
182	100000050	pPt-00050	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
183	100000051	pPt-00051	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
184	100000057	pPt-00057	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
185	100000063	pPt-00063	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
186	100000076	pPt-00076	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
187	100000090	pPt-00090	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
188	100000113	pPt-00113	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
189	100000196	pPt-00196	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
190	100000311	pPt-00311	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
191	100000312	pPt-00312	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
192	100000321	pPt-00321	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
193	100000403	pPt-00403	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
194	100000433	pPt-00433	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
195	100000441	pPt-00441	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
196	100000506	pPt-00506	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
197	100000688	pPt-00688_s	SNP 40:T>G	GL 01	N.O.	N.O.
198	100000809	pPt-00809_s	SNP 44:G>A	GL 01	N.O.	N.O.
199	100001193	pPt-01193_s	SNP 66:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
200	100001638	pPt-01638_s	SNP 26:C>A	GL 01	N.O.	N.O.
201	100001687	pPt-01687_s	SNP 19:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
202	100002382	pPt-02382_s	SNP 68:A>T	GL 01	N.O.	N.O.
203	100002414	pPt-02414_s	SNP 65:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
204	100002497	pPt-02497_s	SNP 29:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
205	100002710	pPt-02710_s	SNP 13:C>A	GL 01	N.O.	N.O.
206	100002790	pPt-02790_s	SNP 22:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
207	100003141	pPt-03141_s	SNP 42:G>A	GL 01	N.O.	N.O.
208	100003172	pPt-03172_s	SNP 55:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
209	100003354	pPt-03354_s	SNP 17:G>A	GL 01	N.O.	N.O.
210	100003434	pPt-03434_s	SNP 46:C>G	GL 01	N.O.	N.O.
211	100003566	pPt-03566_s	SNP 15:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
212	100003667	pPt-03667_s	SNP 37:A>T	GL 01	N.O.	N.O.
213	100003715	pPt-03715_s	SNP 21:T>G	GL 01	N.O.	N.O.
214	100003774	pPt-03774_s	SNP 22:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
215	100003828	pPt-03828_s	SNP 15:C>G	GL 01	N.O.	N.O.



216	100007688	pPt-07688	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
217	100008822	pPt-08822	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
218	100013562	pPt-13562	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
219	100013563	pPt-13563	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
220	100013565	pPt-13565	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
221	100013892	pPt-13892	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
222	100013974	pPt-13974_s	SNP 51:A>C	GL 01	N.O.	N.O.
223	100014241	pPt-14241	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
224	100014249	pPt-14249	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
225	100014295	pPt-14295	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
226	100014447	pPt-14447	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
227	100014448	pPt-14448	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
228	100015286	pPt-15286_s	SNP 11:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
229	100015494	pPt-15494	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
230	100016067	pPt-16067	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
231	100016332	pPt-16332	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
232	100016550	pPt-16550	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
233	100016810	pPt-16810	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
234	100016851	pPt-16851	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
235	100016882	pPt-16882	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
236	100016898	pPt-16898	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
237	100016992	pPt-16992	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
238	100017022	pPt-17022	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
239	100017295	pPt-17295	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
240	100017460	pPt-17460	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
241	100017521	pPt-17521	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
242	100017616	pPt-17616	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
243	100017647	pPt-17647	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
244	100017667	pPt-17667	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
245	100017736	pPt-17736	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
246	100017806	pPt-17806	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
247	100017815	pPt-17815	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
248	100017850	pPt-17850	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
249	100017864	pPt-17864	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
250	100017923	pPt-17923	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
251	100017931	pPt-17931	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
252	100017941	pPt-17941	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
253	100017969	pPt-17969	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
254	100018063	pPt-18063	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
255	100018091	pPt-18091	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
256	100018264	pPt-18264	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
257	100018319	pPt-18319	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
258	100018366	pPt-18366	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
259	100018378	pPt-18378_s	SNP 53:T>G	GL 01	N.O.	N.O.
260	100018384	pPt-18384	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
261	100018440	pPt-18440_s	SNP 32:T>A	GL 01	N.O.	N.O.
262	100018457	pPt-18457	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
263	100018488	pPt-18488	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
264	100018495	pPt-18495	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
265	100018509	pPt-18509	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
266	100018547	pPt-18547	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
267	100018562	pPt-18562	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
268	100018595	pPt-18595	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
269	100018601	pPt-18601	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
270	100018610	pPt-18610	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
271	100018704	pPt-18704	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
272	100018747	pPt-18747	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
273	100018765	pPt-18765	DArT	GL 01	N.O.	N.O.

274	100018854	pPt-18854	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
275	100018898	pPt-18898	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
276	100018901	pPt-18901	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
277	100018929	pPt-18929	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
278	100018985	pPt-18985	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
279	100019004	pPt-19004	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
280	100019015	pPt-19015	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
281	100019179	pPt-19179	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
282	100019206	pPt-19206	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
283	100019259	pPt-19259	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
284	100019275	pPt-19275	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
285	100019286	pPt-19286	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
286	100019298	pPt-19298	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
287	100019322	pPt-19322	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
288	100019378	pPt-19378	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
289	100019411	pPt-19411	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
290	100019484	pPt-19484	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
291	100019566	pPt-19566	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
292	100019723	pPt-19723	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
293	100019744	pPt-19744	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
294	100019773	pPt-19773	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
295	100019822	pPt-19822	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
296	100019824	pPt-19824_s	SNP 55:G>T	GL 01	N.O.	N.O.
297	100019965	pPt-19965	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
298	100019976	pPt-19976	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
299	100019998	pPt-19998	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
300	100020004	pPt-20004	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
301	100020034	pPt-20034	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
302	100020046	pPt-20046	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
303	100020122	pPt-20122	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
304	100020175	pPt-20175	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
305	100020212	pPt-20212	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
306	100020237	pPt-20237	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
307	100020248	pPt-20248	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
308	100020274	pPt-20274	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
309	100020359	pPt-20359	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
310	100020389	pPt-20389	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
311	100020391	pPt-20391	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
312	100020397	pPt-20397	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
313	100020401	pPt-20401	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
314	100020447	pPt-20447	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
315	100020460	pPt-20460	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
316	100020510	pPt-20510	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
317	100020515	pPt-20515	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
318	100020535	pPt-20535	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
319	100020598	pPt-20598	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
320	100020654	pPt-20654	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
321	100020693	pPt-20693	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
322	100020718	pPt-20718	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
323	100020720	pPt-20720	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
324	100020737	pPt-20737	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
325	100020739	pPt-20739_s	SNP 46:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
326	100020748	pPt-20748	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
327	100020777	pPt-20777	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
328	100020809	pPt-20809	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
329	100020822	pPt-20822	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
330	100020874	pPt-20874	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
331	100020878	pPt-20878	DArT	GL 01	N.O.	N.O.

332	100020928	pPt-20928	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
333	100020949	pPt-20949	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
334	100020952	pPt-20952	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
335	100020999	pPt-20999	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
336	100021000	pPt-2pPt-	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
337	100021048	pPt-21048	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
338	100021058	pPt-21058	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
339	100021077	pPt-21077	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
340	100021089	pPt-21089	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
341	100021106	pPt-21106_s	SNP 47:A>T	GL 01	N.O.	N.O.
342	100021161	pPt-21161	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
343	100021201	pPt-21201	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
344	100021267	pPt-21267	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
345	100021323	pPt-21323	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
346	100021392	pPt-21392	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
347	100021450	pPt-21450	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
348	100021488	pPt-21488	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
349	100021502	pPt-21502	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
350	100021529	pPt-21529	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
351	100021605	pPt-21605_s	SNP 31:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
352	100021611	pPt-21611	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
353	100021624	pPt-21624	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
354	100021635	pPt-21635	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
355	100021670	pPt-21670	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
356	100021737	pPt-21737_s	SNP 53:A>T	GL 01	N.O.	N.O.
357	100021742	pPt-21742	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
358	100021786	pPt-21786	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
359	100021827	pPt-21827	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
360	100021894	pPt-21894	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
361	100021910	pPt-21910	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
362	100021918	pPt-21918	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
363	100021923	pPt-21923	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
364	100021958	pPt-21958	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
365	100022017	pPt-22017	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
366	100022019	pPt-22019	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
367	100022022	pPt-22022	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
368	100022208	pPt-22208	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
369	100022233	pPt-22233	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
370	100022246	pPt-22246	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
371	100022294	pPt-22294	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
372	100022363	pPt-22363	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
373	100022387	pPt-22387	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
374	100022472	pPt-22472	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
375	100022473	pPt-22473	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
376	100022520	pPt-22520	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
377	100022574	pPt-22574	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
378	100022604	pPt-22604	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
379	100022643	pPt-22643	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
380	100022683	pPt-22683	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
381	100022728	pPt-22728	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
382	100022739	pPt-22739	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
383	100022769	pPt-22769	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
384	100022877	pPt-22877	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
385	100022892	pPt-22892	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
386	100022925	pPt-22925	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
387	100022937	pPt-22937	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
388	100022964	pPt-22964	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
389	100022965	pPt-22965	DArT	GL 01	N.O.	N.O.

390	100022980	pPt-22980	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
391	100022987	pPt-22987	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
392	100022999	pPt-22999	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
393	100023119	pPt-23119	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
394	100023181	pPt-23181	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
395	100023203	pPt-23203	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
396	100023302	pPt-23302	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
397	100023362	pPt-23362	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
398	100023366	pPt-23366	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
399	100023434	pPt-23434	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
400	100023542	pPt-23542	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
401	100023601	pPt-23601	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
402	100023626	pPt-23626	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
403	100023630	pPt-23630	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
404	100023734	pPt-23734	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
405	100023799	pPt-23799	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
406	100023850	pPt-23850	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
407	100023881	pPt-23881	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
408	100023907	pPt-23907	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
409	100023961	pPt-23961	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
410	100024029	pPt-24029	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
411	100024068	pPt-24068_s	SNP 17:A>G	GL 01	N.O.	N.O.
412	100024096	pPt-24096	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
413	100024098	pPt-24098	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
414	100024108	pPt-24108	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
415	100024135	pPt-24135	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
416	100024149	pPt-24149	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
417	100024159	pPt-24159	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
418	100024181	pPt-24181_s	SNP 22:G>A	GL 01	N.O.	N.O.
419	100024195	pPt-24195	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
420	100024198	pPt-24198	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
421	100024203	pPt-24203	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
422	100024390	pPt-24390	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
423	100024487	pPt-24487	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
424	100024537	pPt-24537	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
425	100024662	pPt-24662_s	SNP 47:A>G	GL 01	N.O.	N.O.
426	100024693	pPt-24693	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
427	100024748	pPt-24748	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
428	100024783	pPt-24783	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
429	100024863	pPt-24863	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
430	100024962	pPt-24962	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
431	100024963	pPt-24963	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
432	100024971	pPt-24971	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
433	100025013	pPt-25013	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
434	100025048	pPt-25048_s	SNP 45:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
435	100025049	pPt-25049	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
436	100025061	pPt-25061_s	SNP 63:T>A	GL 01	N.O.	N.O.
437	100025064	pPt-25064	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
438	100025218	pPt-25218	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
439	100025286	pPt-25286	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
440	100025402	pPt-25402	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
441	100025486	pPt-25486	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
442	100025604	pPt-25604	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
443	100026362	pPt-26362_s	SNP 6:C>A	GL 01	N.O.	N.O.
444	100026446	pPt-26446_s	SNP 22:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
445	100026490	pPt-26490_s	SNP 30:C>G	GL 01	N.O.	N.O.
446	100026502	pPt-26502	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
447	100026994	pPt-26994_s	SNP 54:G>T	GL 01	N.O.	N.O.

448	100026995	pPt-26995_s	SNP 56:G>A	GL 01	N.O.	N.O.
449	100027161	pPt-27161_s	SNP 52:C>G	GL 01	N.O.	N.O.
450	100027523	pPt-27523_s	SNP 55:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
451	100027621	pPt-27621_s	SNP 7:T>G	GL 01	N.O.	N.O.
452	100027921	pPt-27921_s	SNP 42:C>A	GL 01	N.O.	N.O.
453	100028159	pPt-28159_s	SNP 57:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
454	100028679	pPt-28679_s	SNP 65:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
455	100028702	pPt-28702_s	SNP 45:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
456	100028985	pPt-28985_s	SNP 42:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
457	100029030	pPt-29030_s	SNP 39:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
458	100029094	pPt-29094_s	SNP 47:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
459	100029145	pPt-29145_s	SNP 8:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
460	100029520	pPt-29520_s	SNP 61:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
461	100029783	pPt-29783_s	SNP 42:G>C	GL 01	N.O.	N.O.
462	100029966	pPt-29966_s	SNP 37:C>T	GL 01	N.O.	N.O.
463	100030016	pPt-30016_s	SNP 40:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
464	100030309	pPt-30309_s	SNP 8:A>G	GL 01	N.O.	N.O.
465	100030332	pPt-30332_s	SNP 53:T>C	GL 01	N.O.	N.O.
466	100030427	pPt-30427_s	SNP 16:A>T	GL 01	N.O.	N.O.
467	100035654	pPt-35654	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
468	100035715	pPt-35715	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
469	100035728	pPt-35728	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
470	100035734	pPt-35734	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
471	100035801	pPt-35801	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
472	100035811	pPt-35811	DArT	GL 01	N.O.	N.O.
473	100016456	pPt-16456	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
474	100018649	pPt-18649	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
475	100019946	pPt-19946	DArT	GL 02	0,00	N.O.
476	100023982	pPt-23982	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
477	100023748	pPt-23748	DArT	GL 02	3,47	N.O.
478	100022025	pPt-22025	DArT	GL 02	7,24	N.O.
479	100026620	pPt-26620_s	SNP 44:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
<b>480</b>	<b>PtTX2094</b>	<b>PtTX2094</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
481	100022626	pPt-22626	DArT	GL 02	12,27	N.O.
482	100003512	pPt-03512_s	SNP 11:G>A	GL 02	12,83	N.O.
<b>483</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>14,20</b>	<b>N.O.</b>
484	100018199	pPt-18199	DArT	GL 02	14,81	N.O.
<b>485</b>	<b>PtTX3043</b>	<b>PtTX3043_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
486	100000438	pPt-00438	DArT	GL 02	22,15	N.O.
487	100024647	pPt-24647	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
488	100023209	pPt-23209_s	SNP 50:A>G	GL 02	25,69	N.O.
489	100021567	pPt-21567	DArT	GL 02	26,14	N.O.
490	100017890	pPt-17890	DArT	GL 02	27,56	N.O.
491	100020892	pPt-20892	DArT	GL 02	27,66	N.O.
492	100000244	pPt-00244	DArT	GL 02	28,21	N.O.
493	100020867	pPt-20867	DArT	GL 02	28,62	N.O.
<b>494</b>	<b>PtTX3106</b>	<b>PtTX3106</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
495	100015226	pPt-15226	DArT	GL 02	30,02	N.O.
496	100024719	pPt-24719	DArT	GL 02	30,44	N.O.
<b>497</b>	<b>PtTX4011</b>	<b>PtTX4011</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>30,43</b>	<b>N.O.</b>
498	100003356	pPt-03356_s	SNP 60:A>G	GL 02	30,92	N.O.
499	100017239	pPt-17239_s	SNP 25:G>C	GL 02	31,25	N.O.
500	100022718	pPt-22718	DArT	GL 02	31,27	N.O.
501	100001705	pPt-01705_s	SNP 51:G>A	GL 02	31,48	N.O.
502	100003505	pPt-03505_s	SNP 16:G>T	GL 02	N.O.	N.O.
503	100021770	pPt-21770_s	SNP 17:G>T	GL 02	32,05	N.O.
504	100023102	pPt-23102	DArT	GL 02	32,25	N.O.
505	100022756	pPt-22756	DArT	GL 02	32,59	N.O.

506	100029368	pPt-29368_s	SNP 34:C>T	GL 02	32,70	N.O.
507	100018933	pPt-18933	DArT	GL 02	33,32	N.O.
508	100019398	pPt-19398	DArT	GL 02	33,39	N.O.
509	100000575	pPt-00575	DArT	GL 02	33,60	N.O.
510	100017169	pPt-17169	DArT	GL 02	33,43	N.O.
511	100017993	pPt-17993	DArT	GL 02	34,76	N.O.
512	100029523	pPt-29523_s	SNP 52:C>G	GL 02	34,77	N.O.
513	100024207	pPt-24207	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
514	100017468	pPt-17468_s	SNP 58:C>T	GL 02	30,02	N.O.
515	100027749	pPt-27749	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
516	100021711	pPt-21711	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
517	100021891	pPt-21891	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
518	100021797	pPt-21797	DArT	GL 02	36,58	N.O.
519	100023841	pPt-23841	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
520	100023608	pPt-23608_s	SNP 63:C>G	GL 02	37,55	N.O.
521	100023469	pPt-23469	DArT	GL 02	49,20	N.O.
522	100003243	pPt-03243_s	SNP 37:T>G	GL 02	51,66	N.O.
523	100026951	pPt-26951_s	SNP 6:C>G	GL 02	54,57	N.O.
524	100014418	pPt-14418	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
525	100021337	pPt-21337	DArT	GL 02	54,88	N.O.
526	100027173	pPt-27173_s	SNP 44:T>G	GL 02	57,03	N.O.
527	100027705	pPt-27705_s	SNP 5:C>T	GL 02	59,82	N.O.
528	100017402	pPt-17402	DArT	GL 02	60,42	N.O.
529	100019900	pPt-19900	DArT	GL 02	60,27	N.O.
530	100001315	pPt-01315_s	SNP 64:C>A	GL 02	61,76	N.O.
531	100021271	pPt-21271	DArT	GL 02	61,96	N.O.
532	100014963	pPt-14963	DArT	GL 02	62,12	N.O.
533	100000053	pPt-00053	DArT	GL 02	62,20	N.O.
534	100019449	pPt-19449	DArT	GL 02	62,25	N.O.
535	100019806	pPt-19806	DArT	GL 02	62,26	N.O.
536	100022890	pPt-22890	DArT	GL 02	62,32	N.O.
537	100018798	pPt-18798	DArT	GL 02	62,20	N.O.
538	100014964	pPt-14964	DArT	GL 02	62,24	N.O.
539	100024139	pPt-24139	DArT	GL 02	63,52	N.O.
540	100021598	pPt-21598	DArT	GL 02	63,26	N.O.
541	100021455	pPt-21455	DArT	GL 02	63,55	N.O.
542	100019319	pPt-19319	DArT	GL 02	63,53	N.O.
543	100002981	pPt-02981_s	SNP 53:A>C	GL 02	63,62	N.O.
544	100027425	pPt-27425_s	SNP 26:C>G	GL 02	63,53	N.O.
545	100003650	pPt-03650_s	SNP 36:G>A	GL 02	64,30	N.O.
546	100001357	pPt-01357_s	SNP 22:A>G	GL 02	64,13	N.O.
547	100023064	pPt-23064	DArT	GL 02	65,80	N.O.
548	100023761	pPt-23761	DArT	GL 02	66,09	N.O.
549	100000318	pPt-00318	DArT	GL 02	66,30	N.O.
550	100019226	pPt-19226	DArT	GL 02	66,49	N.O.
551	100021005	pPt-21005	DArT	GL 02	66,53	N.O.
552	100029544	pPt-29544_s	SNP 50:G>A	GL 02	66,64	N.O.
553	100035719	pPt-35719	DArT	GL 02	66,81	N.O.
554	100003247	pPt-03247_s	SNP 64:A>G	GL 02	67,16	N.O.
555	100023300	pPt-23300	DArT	GL 02	67,25	N.O.
556	100024518	pPt-24518	DArT	GL 02	67,53	N.O.
557	100023032	pPt-23032	DArT	GL 02	69,31	N.O.
558	100022241	pPt-22241_s	SNP 14:A>T	GL 02	71,41	N.O.
559	100021942	pPt-21942	DArT	GL 02	78,52	N.O.
560	100025649	pPt-25649_s	SNP 13:C>A	GL 02	82,34	N.O.
561	100022378	pPt-22378	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
562	100018370	pPt-18370	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
563	100029807	pPt-29807_s	SNP 56:G>A	GL 02	87,17	N.O.

564	100035810	pPt-35810	DArT	GL 02	87,46	N.O.
565	100024860	pPt-24860	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
566	100030664	pPt-30664_s	SNP 6:C>A	GL 02	89,42	N.O.
567	100029087	pPt-29087_s	SNP 64:T>C	GL 02	92,53	N.O.
568	100019909	pPt-19909	DArT	GL 02	93,12	N.O.
569	100023406	pPt-23406	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
570	100023437	pPt-23437	DArT	GL 02	96,78	N.O.
571	100020753	pPt-20753	DArT	GL 02	97,36	N.O.
572	100018459	pPt-18459	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
573	100023731	pPt-23731	DArT	GL 02	97,83	N.O.
574	100016316	pPt-16316	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
575	100024205	pPt-24205	DArT	GL 02	98,66	N.O.
576	100016642	pPt-16642	DArT	GL 02	98,78	N.O.
577	100017859	pPt-17859	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
578	100023353	pPt-23353	DArT	GL 02	99,27	N.O.
579	100021215	pPt-21215	DArT	GL 02	99,48	N.O.
580	100018446	pPt-18446	DArT	GL 02	99,96	N.O.
581	100017298	pPt-17298	DArT	GL 02	100,13	N.O.
582	100024958	pPt-24958_s	SNP 59:G>C	GL 02	100,31	N.O.
583	100023163	pPt-23163	DArT	GL 02	100,41	N.O.
584	100019186	pPt-19186	DArT	GL 02	100,49	N.O.
585	100020059	pPt-20059	DArT	GL 02	100,98	N.O.
586	100018005	pPt-18005	DArT	GL 02	101,12	N.O.
587	100016978	pPt-16978	DArT	GL 02	102,52	N.O.
588	100017129	pPt-17129	DArT	GL 02	102,76	N.O.
589	100023379	pPt-23379	DArT	GL 02	102,72	N.O.
590	100020260	pPt-20260	DArT	GL 02	104,33	N.O.
591	100024788	pPt-24788	DArT	GL 02	104,30	N.O.
592	100020578	pPt-20578	DArT	GL 02	105,10	N.O.
593	100017882	pPt-17882	DArT	GL 02	105,66	N.O.
594	100022226	pPt-22226	DArT	GL 02	106,44	N.O.
595	100021857	pPt-21857	DArT	GL 02	106,84	N.O.
<b>596</b>	<b>PtTX3089</b>	<b>PtTX3089_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
597	100017704	pPt-17704	DArT	GL 02	107,24	N.O.
598	100019332	pPt-19332	DArT	GL 02	107,53	N.O.
599	100023997	pPt-23997	DArT	GL 02	107,98	N.O.
600	100024497	pPt-24497	DArT	GL 02	108,00	N.O.
601	100000376	pPt-00376	DArT	GL 02	108,35	N.O.
602	100024536	pPt-24536	DArT	GL 02	108,41	N.O.
603	100024273	pPt-24273	DArT	GL 02	108,65	N.O.
604	100024269	pPt-24269	DArT	GL 02	108,54	N.O.
605	100028198	pPt-28198_s	SNP 23:C>A	GL 02	108,59	N.O.
606	100023635	pPt-23635	DArT	GL 02	108,89	N.O.
607	100020743	pPt-20743	DArT	GL 02	108,69	N.O.
608	100019695	pPt-19695	DArT	GL 02	108,77	N.O.
609	100028723	pPt-28723_s	SNP 9:T>A	GL 02	109,01	N.O.
610	100000056	pPt-00056	DArT	GL 02	109,01	N.O.
611	100017193	pPt-17193	DArT	GL 02	109,01	N.O.
612	100017255	pPt-17255	DArT	GL 02	109,01	N.O.
613	100021224	pPt-21224	DArT	GL 02	108,99	N.O.
614	100024428	pPt-24428	DArT	GL 02	109,06	N.O.
615	100018524	pPt-18524	DArT	GL 02	109,05	N.O.
616	100017784	pPt-17784	DArT	GL 02	109,05	N.O.
617	100035697	pPt-35697	DArT	GL 02	109,04	N.O.
618	100021083	pPt-21083	DArT	GL 02	109,11	N.O.
619	100035781	pPt-35781	DArT	GL 02	109,11	N.O.
620	100019959	pPt-19959	DArT	GL 02	109,12	N.O.
621	100018361	pPt-18361	DArT	GL 02	109,12	N.O.

622	100019696	pPt-19696	DArT	GL 02	109,13	N.O.
623	100018894	pPt-18894	DArT	GL 02	109,13	N.O.
624	100019108	pPt-19108	DArT	GL 02	109,13	N.O.
625	100017774	pPt-17774	DArT	GL 02	109,14	N.O.
626	100018963	pPt-18963	DArT	GL 02	109,14	N.O.
627	100018377	pPt-18377	DArT	GL 02	109,14	N.O.
628	100021303	pPt-21303	DArT	GL 02	109,15	N.O.
<b>629</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_N</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>109,15</b>	<b>N.O.</b>
630	100021285	pPt-21285	DArT	GL 02	109,17	N.O.
631	100021439	pPt-21439	DArT	GL 02	109,17	N.O.
632	100016908	pPt-16908	DArT	GL 02	109,17	N.O.
<b>633</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>109,17</b>	<b>N.O.</b>
634	100000074	pPt-00074	DArT	GL 02	109,17	N.O.
635	100014072	pPt-14072	DArT	GL 02	109,17	N.O.
636	100024896	pPt-24896	DArT	GL 02	109,18	N.O.
637	100017172	pPt-17172	DArT	GL 02	109,18	N.O.
638	100017294	pPt-17294	DArT	GL 02	109,18	N.O.
639	100019469	pPt-19469	DArT	GL 02	109,22	N.O.
640	100019508	pPt-19508	DArT	GL 02	109,23	N.O.
641	100001791	pPt-01791_s	SNP 64:A>C	GL 02	109,29	N.O.
642	100023179	pPt-23179	DArT	GL 02	109,26	N.O.
643	100000550	pPt-00550_s	SNP 15:C>A	GL 02	109,45	N.O.
644	100019554	pPt-19554	DArT	GL 02	109,30	N.O.
645	100014410	pPt-14410	DArT	GL 02	109,34	N.O.
646	100013602	pPt-13602	DArT	GL 02	109,34	N.O.
647	100020218	pPt-20218	DArT	GL 02	109,37	N.O.
648	100020317	pPt-20317	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
649	100035736	pPt-35736	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
650	100000409	pPt-00409	DArT	GL 02	109,40	N.O.
651	100020120	pPt-20120	DArT	GL 02	109,39	N.O.
652	100021254	pPt-21254	DArT	GL 02	109,40	N.O.
653	100020889	pPt-20889	DArT	GL 02	109,41	N.O.
654	100019502	pPt-19502	DArT	GL 02	109,48	N.O.
655	100019942	pPt-19942	DArT	GL 02	109,48	N.O.
656	100022503	pPt-22503	DArT	GL 02	109,49	N.O.
657	100016955	pPt-16955	DArT	GL 02	109,49	N.O.
658	100021905	pPt-21905	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
<b>659</b>	<b>PtSIFG_1207</b>	<b>PtSIFG_1207</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 02</b>	<b>109,52</b>	<b>N.O.</b>
660	100023793	pPt-23793	DArT	GL 02	109,56	N.O.
661	100021258	pPt-21258	DArT	GL 02	109,64	N.O.
662	100035795	pPt-35795	DArT	GL 02	109,63	N.O.
663	100021062	pPt-21062	DArT	GL 02	109,74	N.O.
664	100024293	pPt-24293	DArT	GL 02	109,82	N.O.
665	100021980	pPt-21980	DArT	GL 02	109,94	N.O.
666	100022662	pPt-22662	DArT	GL 02	110,04	N.O.
667	100002587	pPt-02587_s	SNP 31:T>C	GL 02	110,06	N.O.
668	100027241	pPt-27241_s	SNP 49:C>T	GL 02	110,27	N.O.
669	100003591	pPt-03591_s	SNP 19:C>T	GL 02	110,49	N.O.
670	100024194	pPt-24194_s	SNP 67:T>C	GL 02	110,60	N.O.
671	100022724	pPt-22724_s	SNP 64:G>A	GL 02	110,67	N.O.
672	100018388	pPt-18388	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
673	100022839	pPt-22839	DArT	GL 02	111,29	N.O.
674	100022204	pPt-22204	DArT	GL 02	111,47	N.O.
675	100020337	pPt-20337	DArT	GL 02	111,66	N.O.
676	100018555	pPt-18555	DArT	GL 02	111,90	N.O.
677	100014383	pPt-14383	DArT	GL 02	111,95	N.O.
678	100027223	pPt-27223_s	SNP 34:G>A	GL 02	111,98	N.O.
679	100017642	pPt-17642	DArT	GL 02	112,00	N.O.



680	100018806	pPt-18806	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
681	100015937	pPt-15937	DArT	GL 02	112,48	N.O.
682	100019832	pPt-19832	DArT	GL 02	112,84	N.O.
683	100024811	pPt-24811	DArT	GL 02	114,30	N.O.
684	100024664	pPt-24664	DArT	GL 02	116,13	N.O.
685	100000009	pPt-00009	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
686	100000036	pPt-00036	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
687	100000062	pPt-00062	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
688	100000082	pPt-00082	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
689	100000178	pPt-00178	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
690	100000198	pPt-00198	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
691	100000225	pPt-00225	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
692	100000237	pPt-00237	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
693	100000278	pPt-00278	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
694	100000297	pPt-00297	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
695	100000315	pPt-00315	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
696	100000325	pPt-00325	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
697	100000332	pPt-00332	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
698	100000467	pPt-00467	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
699	100000594	pPt-00594_s	SNP 47:G>C	GL 02	N.O.	N.O.
700	100000896	pPt-00896_s	SNP 25:G>A	GL 02	N.O.	N.O.
701	100001579	pPt-01579	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
702	100002215	pPt-02215_s	SNP 37:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
703	100002828	pPt-02828_s	SNP 61:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
704	100002929	pPt-02929_s	SNP 39:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
705	100003027	pPt-03027_s	SNP 60:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
706	100003105	pPt-03105_s	SNP 60:A>C	GL 02	N.O.	N.O.
707	100003736	pPt-03736_s	SNP 42:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
708	100003862	pPt-03862_s	SNP 62:G>A	GL 02	N.O.	N.O.
709	100005378	pPt-05378	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
710	100005431	pPt-05431	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
711	100006707	pPt-06707	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
712	100013787	pPt-13787	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
713	100014382	pPt-14382	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
714	100014482	pPt-14482	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
715	100014536	pPt-14536	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
716	100014677	pPt-14677	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
717	100015047	pPt-15047	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
718	100015288	pPt-15288	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
719	100015378	pPt-15378	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
720	100015410	pPt-15410	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
721	100015523	pPt-15523	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
722	100015994	pPt-15994	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
723	100016123	pPt-16123	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
724	100016321	pPt-16321	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
725	100016457	pPt-16457	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
726	100016653	pPt-16653	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
727	100016848	pPt-16848	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
728	100016886	pPt-16886	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
729	100017028	pPt-17028	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
730	100017031	pPt-17031	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
731	100017086	pPt-17086	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
732	100017090	pPt-17090	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
733	100017136	pPt-17136	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
734	100017185	pPt-17185	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
735	100017253	pPt-17253	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
736	100017293	pPt-17293	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
737	100017302	pPt-17302_s	SNP 8:T>C	GL 02	N.O.	N.O.

738	100017337	pPt-17337	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
739	100017346	pPt-17346	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
740	100017358	pPt-17358	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
741	100017457	pPt-17457	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
742	100017576	pPt-17576_s	SNP 24:C>T	GL 02	N.O.	N.O.
743	100017591	pPt-17591	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
744	100017641	pPt-17641	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
745	100017674	pPt-17674	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
746	100017797	pPt-17797	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
747	100017884	pPt-17884	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
748	100017925	pPt-17925	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
749	100017948	pPt-17948	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
750	100017966	pPt-17966	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
751	100018112	pPt-18112	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
752	100018119	pPt-18119	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
753	100018167	pPt-18167	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
754	100018239	pPt-18239	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
755	100018242	pPt-18242	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
756	100018364	pPt-18364	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
757	100018390	pPt-18390	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
758	100018402	pPt-18402	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
759	100018516	pPt-18516	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
760	100018534	pPt-18534	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
761	100018561	pPt-18561	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
762	100018568	pPt-18568	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
763	100018609	pPt-18609	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
764	100018629	pPt-18629	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
765	100018654	pPt-18654	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
766	100018663	pPt-18663	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
767	100018674	pPt-18674	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
768	100018756	pPt-18756	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
769	100018800	pPt-18800	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
770	100018802	pPt-18802	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
771	100018825	pPt-18825	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
772	100018838	pPt-18838	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
773	100018843	pPt-18843	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
774	100018883	pPt-18883	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
775	100019031	pPt-19031	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
776	100019107	pPt-19107	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
777	100019113	pPt-19113	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
778	100019130	pPt-19130	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
779	100019133	pPt-19133	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
780	100019276	pPt-19276_s	SNP 20:A>T	GL 02	N.O.	N.O.
781	100019285	pPt-19285	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
782	100019304	pPt-19304_s	SNP 39:C>G	GL 02	N.O.	N.O.
783	100019331	pPt-19331	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
784	100019412	pPt-19412	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
785	100019482	pPt-19482_s	SNP 43:G>A	GL 02	N.O.	N.O.
786	100019495	pPt-19495	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
787	100019507	pPt-19507	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
788	100019517	pPt-19517	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
789	100019518	pPt-19518	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
790	100019584	pPt-19584	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
791	100019866	pPt-19866	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
792	100019933	pPt-19933	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
793	100019977	pPt-19977	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
794	100020026	pPt-20026	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
795	100020108	pPt-20108	DArT	GL 02	N.O.	N.O.

796	100020269	pPt-20269	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
797	100020285	pPt-20285	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
798	100020290	pPt-20290	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
799	100020296	pPt-20296	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
800	100020297	pPt-20297	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
801	100020302	pPt-20302	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
802	100020311	pPt-20311	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
803	100020326	pPt-20326	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
804	100020372	pPt-20372	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
805	100020434	pPt-20434	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
806	100020440	pPt-20440	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
807	100020470	pPt-20470	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
808	100020488	pPt-20488	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
809	100020490	pPt-20490	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
810	100020542	pPt-20542_s	SNP 26:T>G	GL 02	N.O.	N.O.
811	100020583	pPt-20583_s	SNP 58:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
812	100020587	pPt-20587	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
813	100020602	pPt-20602	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
814	100020632	pPt-20632	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
815	100020666	pPt-20666	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
816	100020682	pPt-20682	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
817	100020707	pPt-20707	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
818	100020915	pPt-20915	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
819	100020958	pPt-20958	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
820	100021119	pPt-21119	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
821	100021173	pPt-21173	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
822	100021183	pPt-21183	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
823	100021282	pPt-21282	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
824	100021410	pPt-21410	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
825	100021430	pPt-21430	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
826	100021440	pPt-21440	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
827	100021540	pPt-21540	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
828	100021547	pPt-21547	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
829	100021554	pPt-21554	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
830	100021563	pPt-21563	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
831	100021604	pPt-21604	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
832	100021623	pPt-21623_s	SNP 46:G>C	GL 02	N.O.	N.O.
833	100021627	pPt-21627	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
834	100021656	pPt-21656	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
835	100021722	pPt-21722_s	SNP 57:C>T	GL 02	N.O.	N.O.
836	100021740	pPt-21740	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
837	100021847	pPt-21847	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
838	100021866	pPt-21866	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
839	100021971	pPt-21971	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
840	100021984	pPt-21984_s	SNP 30:T>A	GL 02	N.O.	N.O.
841	100022007	pPt-22007	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
842	100022037	pPt-22037	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
843	100022046	pPt-22046	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
844	100022123	pPt-22123_s	SNP 50:G>T	GL 02	N.O.	N.O.
845	100022142	pPt-22142	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
846	100022228	pPt-22228	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
847	100022264	pPt-22264	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
848	100022275	pPt-22275_s	SNP 63:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
849	100022288	pPt-22288	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
850	100022371	pPt-22371	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
851	100022424	pPt-22424_s	SNP 14:C>G	GL 02	N.O.	N.O.
852	100022490	pPt-22490	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
853	100022561	pPt-22561	DArT	GL 02	N.O.	N.O.

854	100022589	pPt-22589	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
855	100022625	pPt-22625	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
856	100022632	pPt-22632_s	SNP 29:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
857	100022689	pPt-22689	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
858	100022708	pPt-22708	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
859	100022722	pPt-22722	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
860	100022754	pPt-22754	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
861	100022802	pPt-22802	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
862	100022863	pPt-22863	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
863	100022888	pPt-22888	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
864	100022900	pPt-22900	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
865	100022904	pPt-22904	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
866	100022960	pPt-22960	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
867	100022985	pPt-22985	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
868	100023038	pPt-23038	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
869	100023074	pPt-23074	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
870	100023087	pPt-23087	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
871	100023109	pPt-23109	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
872	100023237	pPt-23237_s	SNP 66:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
873	100023256	pPt-23256	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
874	100023267	pPt-23267	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
875	100023277	pPt-23277	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
876	100023299	pPt-23299	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
877	100023364	pPt-23364	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
878	100023386	pPt-23386	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
879	100023430	pPt-23430_s	SNP 18:C>A	GL 02	N.O.	N.O.
880	100023449	pPt-23449	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
881	100023459	pPt-23459	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
882	100023510	pPt-23510	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
883	100023549	pPt-23549_s	SNP 68:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
884	100023610	pPt-23610	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
885	100023667	pPt-23667	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
886	100023737	pPt-23737	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
887	100023742	pPt-23742	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
888	100023746	pPt-23746	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
889	100023797	pPt-23797	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
890	100023814	pPt-23814	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
891	100023816	pPt-23816	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
892	100023894	pPt-23894_s	SNP 49:G>C	GL 02	N.O.	N.O.
893	100023944	pPt-23944	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
894	100023993	pPt-23993	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
895	100024011	pPt-24011	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
896	100024028	pPt-24028_s	SNP 8:A>C	GL 02	N.O.	N.O.
897	100024035	pPt-24035	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
898	100024075	pPt-24075	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
899	100024087	pPt-24087_s	SNP 16:G>C	GL 02	N.O.	N.O.
900	100024127	pPt-24127	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
901	100024158	pPt-24158	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
902	100024177	pPt-24177	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
903	100024179	pPt-24179	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
904	100024262	pPt-24262	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
905	100024267	pPt-24267	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
906	100024299	pPt-24299	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
907	100024301	pPt-24301	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
908	100024380	pPt-24380	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
909	100024467	pPt-24467	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
910	100024509	pPt-24509	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
911	100024570	pPt-24570	DArT	GL 02	N.O.	N.O.

912	100024573	pPt-24573	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
913	100024619	pPt-24619_s	SNP 26:C>G	GL 02	N.O.	N.O.
914	100024739	pPt-24739	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
915	100024763	pPt-24763	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
916	100024928	pPt-24928	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
917	100024944	pPt-24944	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
918	100024950	pPt-24950_s	SNP 14:G>C	GL 02	N.O.	N.O.
919	100024975	pPt-24975	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
920	100025306	pPt-25306_s	SNP 51:A>C	GL 02	N.O.	N.O.
921	100025409	pPt-25409	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
922	100025430	pPt-25430	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
923	100025544	pPt-25544	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
924	100025957	pPt-25957_s	SNP 19:A>C	GL 02	N.O.	N.O.
925	100025963	pPt-25963_s	SNP 45:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
926	100026221	pPt-26221_s	SNP 45:G>A	GL 02	N.O.	N.O.
927	100026246	pPt-26246	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
928	100026310	pPt-26310_s	SNP 34:C>T	GL 02	N.O.	N.O.
929	100026522	pPt-26522_s	SNP 56:G>T	GL 02	N.O.	N.O.
930	100026712	pPt-26712_s	SNP 7:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
931	100026730	pPt-26730	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
932	100026979	pPt-26979_s	SNP 67:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
933	100027037	pPt-27037_s	SNP 64:C>T	GL 02	N.O.	N.O.
934	100027145	pPt-27145_s	SNP 26:G>C	GL 02	N.O.	N.O.
935	100027822	pPt-27822	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
936	100027923	pPt-27923_s	SNP 56:C>A	GL 02	N.O.	N.O.
937	100027948	pPt-27948_s	SNP 37:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
938	100028197	pPt-28197_s	SNP 53:C>T	GL 02	N.O.	N.O.
939	100028619	pPt-28619_s	SNP 22:C>G	GL 02	N.O.	N.O.
940	100028922	pPt-28922_s	SNP 11:T>G	GL 02	N.O.	N.O.
941	100028973	pPt-28973_s	SNP 6:T>C	GL 02	N.O.	N.O.
942	100029426	pPt-29426_s	SNP 20:T>A	GL 02	N.O.	N.O.
943	100029731	pPt-29731_s	SNP 37:A>C	GL 02	N.O.	N.O.
944	100029769	pPt-29769_s	SNP 14:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
945	100029776	pPt-29776_s	SNP 30:A>G	GL 02	N.O.	N.O.
946	100035652	pPt-35652	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
947	100035680	pPt-35680	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
948	100035693	pPt-35693	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
949	100035707	pPt-35707	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
950	100035727	pPt-35727	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
951	100035751	pPt-35751	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
952	100035771	pPt-35771	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
953	100035773	pPt-35773	DArT	GL 02	N.O.	N.O.
<b>954</b>	<b>PtTX3105</b>	<b>PtTX3105</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>-4,36</b>
955	100006917	pPt-06917	DArT	GL 03	N.O.	0,00
956	100024804	pPt-24804_s	SNP 48:A>G	GL 03	N.O.	0,54
957	100029462	pPt-29462_s	SNP 42:G>A	GL 03	0,00	0,81
958	100029516	pPt-29516_s	SNP 56:A>G	GL 03	N.O.	1,01
959	100024750	pPt-24750	DArT	GL 03	N.O.	1,41
960	100027211	pPt-27211_s	SNP 38:C>T	GL 03	N.O.	1,56
961	100022562	pPt-22562	DArT	GL 03	N.O.	1,66
962	100021356	pPt-21356	DArT	GL 03	N.O.	1,79
963	100002691	pPt-02691_s	SNP 32:G>A	GL 03	N.O.	1,88
964	100035873	pPt-35873	DArT	GL 03	N.O.	2,05
965	100021840	pPt-21840	DArT	GL 03	1,62	2,06
966	100023515	pPt-23515	DArT	GL 03	N.O.	2,08
967	100000071	pPt-00071	DArT	GL 03	1,54	2,09
968	100035670	pPt-35670	DArT	GL 03	N.O.	2,11
969	100021383	pPt-21383	DArT	GL 03	N.O.	2,25

970	100024192	pPt-24192	DArT	GL 03	N.O.	2,35
971	100017523	pPt-17523	DArT	GL 03	N.O.	2,67
<b>972</b>	<b>PtTX4228</b>	<b>PtTX4228</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>2,74</b>
973	100023246	pPt-23246	DArT	GL 03	3,48	3,68
974	100024473	pPt-24473	DArT	GL 03	2,94	3,93
975	100013968	pPt-13968	DArT	GL 03	N.O.	4,22
976	100016717	pPt-16717	DArT	GL 03	N.O.	4,31
977	100017304	pPt-17304	DArT	GL 03	N.O.	4,31
978	100018434	pPt-18434	DArT	GL 03	N.O.	4,35
979	100023597	pPt-23597	DArT	GL 03	8,25	6,22
980	100023151	pPt-23151	DArT	GL 03	6,66	6,58
981	100021861	pPt-21861	DArT	GL 03	7,97	7,21
982	100020768	pPt-20768	DArT	GL 03	7,78	7,22
983	100020374	pPt-20374	DArT	GL 03	7,74	7,28
984	100017161	pPt-17161	DArT	GL 03	7,37	7,33
985	100021548	pPt-21548	DArT	GL 03	7,34	7,40
986	100021999	pPt-21999	DArT	GL 03	7,17	7,42
987	100021438	pPt-21438	DArT	GL 03	7,40	7,59
988	100025390	pPt-25390_s	SNP 16:C>T	GL 03	8,76	7,81
989	100021498	pPt-21498	DArT	GL 03	7,74	8,58
990	100020541	pPt-20541	DArT	GL 03	7,74	8,69
991	100022426	pPt-22426	DArT	GL 03	7,72	8,70
992	100029421	pPt-29421_s	SNP 13:C>T	GL 03	5,71	9,21
993	100000222	pPt-00222	DArT	GL 03	6,41	9,69
994	100023177	pPt-23177_s	SNP 63:A>G	GL 03	N.O.	10,26
995	100027136	pPt-27136_s	SNP 36:T>C	GL 03	13,51	13,36
996	100014234	pPt-14234	DArT	GL 03	N.O.	15,92
997	100023279	pPt-23279	DArT	GL 03	N.O.	17,15
998	100021947	pPt-21947	DArT	GL 03	N.O.	17,40
999	100027171	pPt-27171_s	SNP 53:T>C	GL 03	N.O.	17,74
1000	100003718	pPt-03718_s	SNP 67:C>T	GL 03	N.O.	18,76
1001	100018485	pPt-18485	DArT	GL 03	N.O.	19,56
1002	100029992	pPt-29992_s	SNP 61:T>G	GL 03	N.O.	20,75
1003	100019623	pPt-19623	DArT	GL 03	N.O.	21,54
1004	100028736	pPt-28736_s	SNP 20:G>C	GL 03	N.O.	22,45
1005	100023588	pPt-23588	DArT	GL 03	N.O.	22,99
1006	100022990	pPt-22990	DArT	GL 03	N.O.	23,54
1007	100003162	pPt-03162_s	SNP 51:C>G	GL 03	N.O.	24,23
1008	100018842	pPt-18842	DArT	GL 03	N.O.	26,55
1009	100020853	pPt-20853	DArT	GL 03	N.O.	27,15
<b>1010</b>	<b>PtTX4214</b>	<b>PtTX4214_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>28,57</b>
1011	100019437	pPt-19437	DArT	GL 03	N.O.	29,46
1012	100002274	pPt-02274_s	SNP 29:G>T	GL 03	30,92	30,02
1013	100020849	pPt-20849	DArT	GL 03	N.O.	31,18
1014	100024598	pPt-24598_s	SNP 35:G>A	GL 03	N.O.	31,78
1015	100022185	pPt-22185	DArT	GL 03	N.O.	32,20
1016	100026371	pPt-26371_s	SNP 60:A>G	GL 03	N.O.	32,43
1017	100000170	pPt-00170	DArT	GL 03	N.O.	32,60
1018	100000293	pPt-00293	DArT	GL 03	N.O.	32,64
1019	100021019	pPt-21019	DArT	GL 03	N.O.	32,76
1020	100035721	pPt-35721	DArT	GL 03	N.O.	32,89
1021	100023068	pPt-23068	DArT	GL 03	N.O.	32,97
1022	100017994	pPt-17994	DArT	GL 03	N.O.	33,02
1023	100001699	pPt-01699_s	SNP 8:T>C	GL 03	N.O.	33,73
1024	100016548	pPt-16548	DArT	GL 03	N.O.	34,32
<b>1025</b>	<b>PtTX3120</b>	<b>PtTX3120_D</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>36,05</b>
1026	100000048	pPt-00048	DArT	GL 03	N.O.	36,24
1027	100022821	pPt-22821	DArT	GL 03	N.O.	36,39

<b>1028</b>	<b>PtTX2146</b>	<b>PtTX2146</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>36,99</b>
1029	100019797	pPt-19797	DArT	GL 03	38,19	37,00
1030	100020321	pPt-20321	DArT	GL 03	N.O.	37,12
1031	100022179	pPt-22179_s	SNP 65:G>A	GL 03	N.O.	37,71
1032	100021360	pPt-21360	DArT	GL 03	N.O.	37,93
1033	100021964	pPt-21964	DArT	GL 03	39,17	38,06
1034	100022595	pPt-22595	DArT	GL 03	N.O.	38,30
1035	100018354	pPt-18354	DArT	GL 03	N.O.	38,32
1036	100021555	pPt-21555	DArT	GL 03	N.O.	38,72
<b>1037</b>	<b>SsrPt_ctg4487b</b>	<b>SsrPt_ctg4487b</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>39,02</b>
1038	100020039	pPt-20039	DArT	GL 03	N.O.	39,69
1039	100025765	pPt-25765_s	SNP 24:G>C	GL 03	N.O.	39,75
1040	100020504	pPt-20504_s	SNP 40:C>A	GL 03	43,27	41,15
<b>1041</b>	<b>RPtest9</b>	<b>RPtest9</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>41,25</b>
1042	100020947	pPt-20947	DArT	GL 03	N.O.	41,53
1043	100021235	pPt-21235	DArT	GL 03	N.O.	41,75
1044	100021639	pPt-21639	DArT	GL 03	N.O.	41,78
1045	100000081	pPt-00081	DArT	GL 03	N.O.	42,08
1046	100022432	pPt-22432	DArT	GL 03	N.O.	42,35
1047	100022287	pPt-22287	DArT	GL 03	N.O.	42,54
<b>1048</b>	<b>PpSIFG_3145</b>	<b>PpSIFG_3145_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>42,78</b>
1049	100021994	pPt-21994	DArT	GL 03	47,13	45,18
1050	100001992	pPt-01992_s	SNP 9:C>T	GL 03	N.O.	45,53
1051	100000320	pPt-00320	DArT	GL 03	N.O.	46,22
1052	100016715	pPt-16715	DArT	GL 03	N.O.	46,33
1053	100020327	pPt-20327	DArT	GL 03	N.O.	46,33
1054	100017079	pPt-17079	DArT	GL 03	N.O.	46,37
1055	100021873	pPt-21873	DArT	GL 03	N.O.	46,44
1056	100019895	pPt-19895	DArT	GL 03	N.O.	46,50
1057	100021053	pPt-21053	DArT	GL 03	N.O.	46,55
1058	100023973	pPt-23973	DArT	GL 03	N.O.	46,75
1059	100016565	pPt-16565	DArT	GL 03	N.O.	46,92
1060	100016952	pPt-16952	DArT	GL 03	N.O.	47,04
1061	100003252	pPt-03252_s	SNP 24:T>C	GL 03	N.O.	47,98
1062	100006387	pPt-06387	DArT	GL 03	N.O.	48,58
1063	100002069	pPt-02069_s	SNP 62:T>A	GL 03	N.O.	48,87
1064	100001136	pPt-01136_s	SNP 54:G>T	GL 03	N.O.	49,05
1065	100035676	pPt-35676	DArT	GL 03	N.O.	49,21
1066	100000405	pPt-00405	DArT	GL 03	50,86	49,29
1067	100022682	pPt-22682	DArT	GL 03	N.O.	49,31
1068	100020381	pPt-20381	DArT	GL 03	51,20	49,39
1069	100023418	pPt-23418	DArT	GL 03	N.O.	49,39
1070	100023387	pPt-23387	DArT	GL 03	N.O.	49,44
1071	100023605	pPt-23605	DArT	GL 03	N.O.	49,49
1072	100022597	pPt-22597	DArT	GL 03	N.O.	49,53
1073	100020341	pPt-20341	DArT	GL 03	51,51	49,59
1074	100022712	pPt-22712	DArT	GL 03	N.O.	49,61
1075	100018727	pPt-18727	DArT	GL 03	N.O.	49,66
1076	100023284	pPt-23284	DArT	GL 03	51,98	49,68
1077	100024197	pPt-24197	DArT	GL 03	N.O.	49,78
1078	100020740	pPt-20740	DArT	GL 03	N.O.	49,90
1079	100002536	pPt-02536_s	SNP 10:G>T	GL 03	N.O.	50,03
1080	100025046	pPt-25046	DArT	GL 03	N.O.	50,23
1081	100024088	pPt-24088	DArT	GL 03	N.O.	50,47
1082	100017985	pPt-17985	DArT	GL 03	N.O.	51,11
1083	100029338	pPt-29338_s	SNP 11:C>T	GL 03	N.O.	52,33
<b>1084</b>	<b>PtRIP_0126</b>	<b>PtRIP_0126</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>52,94</b>
1085	100025750	pPt-25750_s	SNP 13:G>A	GL 03	56,46	54,63

1086	100016884	pPt-16884	DArT	GL 03	N.O.	54,93
1087	100000514	pPt-00514_s	SNP 28:C>A	GL 03	N.O.	54,93
1088	100019035	pPt-19035	DArT	GL 03	N.O.	55,07
1089	100028641	pPt-28641_s	SNP 35:C>T	GL 03	N.O.	55,49
1090	100002703	pPt-02703_s	SNP 35:C>T	GL 03	58,18	56,02
1091	100020364	pPt-20364	DArT	GL 03	58,12	56,23
1092	100021081	pPt-21081	DArT	GL 03	N.O.	56,46
1093	100018900	pPt-18900	DArT	GL 03	N.O.	56,79
1094	100020164	pPt-20164	DArT	GL 03	N.O.	56,88
1095	100016985	pPt-16985	DArT	GL 03	59,21	56,99
1096	100014019	pPt-14019	DArT	GL 03	N.O.	57,13
1097	100017352	pPt-17352	DArT	GL 03	N.O.	57,18
1098	100022365	pPt-22365	DArT	GL 03	59,64	57,26
1099	100021781	pPt-21781	DArT	GL 03	N.O.	57,27
1100	100018292	pPt-18292	DArT	GL 03	N.O.	57,27
1101	100026513	pPt-26513_s	SNP 25:C>A	GL 03	59,05	57,44
1102	100020638	pPt-20638	DArT	GL 03	N.O.	57,56
1103	100023291	pPt-23291	DArT	GL 03	N.O.	57,64
1104	100003594	pPt-03594_s	SNP 41:A>T	GL 03	58,73	58,08
1105	100030152	pPt-30152_s	SNP 7:A>C	GL 03	62,48	60,44
1106	100029325	pPt-29325_s	SNP 56:G>C	GL 03	65,35	60,78
1107	100021646	pPt-21646	DArT	GL 03	63,47	61,17
1108	100018336	pPt-18336	DArT	GL 03	63,29	61,28
1109	100015119	pPt-15119	DArT	GL 03	63,45	61,37
1110	100022601	pPt-22601	DArT	GL 03	63,59	61,42
1111	100002721	pPt-02721_s	SNP 68:A>G	GL 03	62,71	61,53
1112	100021844	pPt-21844	DArT	GL 03	63,61	61,60
1113	100020079	pPt-20079	DArT	GL 03	63,75	61,60
1114	100022710	pPt-22710	DArT	GL 03	63,44	61,67
1115	100001748	pPt-01748_s	SNP 60:G>T	GL 03	63,45	61,74
1116	100021987	pPt-21987	DArT	GL 03	63,78	61,78
1117	100025832	pPt-25832_s	SNP 14:A>C	GL 03	63,41	61,97
1118	100021300	pPt-21300	DArT	GL 03	63,14	62,12
1119	100020692	pPt-20692	DArT	GL 03	64,26	62,37
1120	100023221	pPt-23221	DArT	GL 03	64,52	62,44
1121	100024175	pPt-24175	DArT	GL 03	64,95	62,78
1122	100018394	pPt-18394	DArT	GL 03	64,74	62,85
1123	100001842	pPt-01842_s	SNP 26:A>C	GL 03	64,71	62,85
1124	100018393	pPt-18393	DArT	GL 03	64,85	63,04
1125	100016821	pPt-16821	DArT	GL 03	65,07	63,13
1126	100016602	pPt-16602	DArT	GL 03	N.O.	63,14
1127	100027712	pPt-27712_s	SNP 34:A>C	GL 03	N.O.	63,42
1128	100003560	pPt-03560_s	SNP 61:T>C	GL 03	66,22	63,79
1129	100000174	pPt-00174	DArT	GL 03	N.O.	66,34
1130	100018260	pPt-18260	DArT	GL 03	68,75	66,74
1131	100001932	pPt-01932_s	SNP 59:A>G	GL 03	69,25	66,96
1132	100029684	pPt-29684_s	SNP 43:A>T	GL 03	69,55	67,41
1133	100001046	pPt-01046_s	SNP 12:T>G	GL 03	N.O.	68,87
1134	100021779	pPt-21779	DArT	GL 03	N.O.	69,10
1135	100020123	pPt-20123	DArT	GL 03	N.O.	69,24
1136	100027070	pPt-27070_s	SNP 43:C>G	GL 03	N.O.	69,79
1137	100035780	pPt-35780	DArT	GL 03	N.O.	71,28
1138	100003815	pPt-03815_s	SNP 14:G>A	GL 03	N.O.	71,63
1139	100016228	pPt-16228	DArT	GL 03	73,44	71,79
1140	100022201	pPt-22201	DArT	GL 03	N.O.	71,88
1141	100023129	pPt-23129	DArT	GL 03	N.O.	72,01
1142	100021449	pPt-21449	DArT	GL 03	N.O.	72,06
1143	100000094	pPt-00094	DArT	GL 03	74,19	72,41



1144	100001909	pPt-01909_s	SNP 31:T>A	GL 03	74,80	73,06
1145	100002732	pPt-02732_s	SNP 11:T>C	GL 03	N.O.	73,70
1146	100022457	pPt-22457	DArT	GL 03	76,04	74,38
1147	100017315	pPt-17315	DArT	GL 03	78,75	77,21
1148	100023757	pPt-23757	DArT	GL 03	79,82	77,88
1149	100017701	pPt-17701_s	SNP 49:C>A	GL 03	79,71	78,10
1150	100003151	pPt-03151_s	SNP 68:A>T	GL 03	79,99	78,28
1151	100026115	pPt-26115_s	SNP 33:G>T	GL 03	N.O.	78,42
1152	100022059	pPt-22059	DArT	GL 03	N.O.	78,53
1153	100014946	pPt-14946_s	SNP 40:C>G	GL 03	80,31	78,62
1154	100013991	pPt-13991	DArT	GL 03	N.O.	78,82
1155	100000404	pPt-00404	DArT	GL 03	N.O.	78,97
1156	100019485	pPt-19485	DArT	GL 03	80,75	78,98
1157	100022702	pPt-22702	DArT	GL 03	82,65	81,13
1158	100019997	pPt-19997	DArT	GL 03	N.O.	82,58
1159	100024417	pPt-24417_s	SNP 11:A>G	GL 03	N.O.	82,75
<b>1160</b>	<b>PtRIP_0369</b>	<b>PtRIP_0369</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>84,97</b>	<b>83,33</b>
1161	100023324	pPt-23324	DArT	GL 03	N.O.	83,78
1162	100022321	pPt-22321	DArT	GL 03	85,45	83,82
1163	100003848	pPt-03848_s	SNP 33:G>A	GL 03	85,56	84,02
1164	100024633	pPt-24633	DArT	GL 03	N.O.	84,18
1165	100018050	pPt-18050	DArT	GL 03	N.O.	84,33
1166	100020476	pPt-20476	DArT	GL 03	85,99	84,37
1167	100000207	pPt-00207	DArT	GL 03	N.O.	84,45
1168	100017484	pPt-17484_s	SNP 25:T>G	GL 03	86,46	84,71
1169	100000549	pPt-00549	DArT	GL 03	N.O.	84,86
1170	100026184	pPt-26184_s	SNP 56:A>T	GL 03	N.O.	85,02
<b>1171</b>	<b>PtTX3120</b>	<b>PtTX3120_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>86,31</b>
1172	100026282	pPt-26282_s	SNP 47:G>C	GL 03	88,85	87,22
1173	100022984	pPt-22984	DArT	GL 03	N.O.	87,71
1174	100022757	pPt-22757	DArT	GL 03	89,68	88,00
1175	100003866	pPt-03866_s	SNP 12:C>A	GL 03	N.O.	88,35
1176	100003085	pPt-03085_s	SNP 32:C>T	GL 03	89,97	88,48
1177	100028246	pPt-28246_s	SNP 28:C>T	GL 03	90,45	88,99
1178	100022801	pPt-22801	DArT	GL 03	N.O.	92,09
1179	100017802	pPt-17802	DArT	GL 03	N.O.	92,14
1180	100020603	pPt-20603	DArT	GL 03	93,83	92,15
<b>1181</b>	<b>PtTX3116</b>	<b>PtTX3116</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>93,97</b>	<b>92,39</b>
1182	100026906	pPt-26906_s	SNP 47:G>C	GL 03	N.O.	92,66
1183	100017695	pPt-17695	DArT	GL 03	94,46	92,79
1184	100021125	pPt-21125	DArT	GL 03	N.O.	92,80
1185	100016982	pPt-16982	DArT	GL 03	N.O.	92,83
1186	100022606	pPt-22606	DArT	GL 03	N.O.	92,85
1187	100019590	pPt-19590	DArT	GL 03	N.O.	92,93
1188	100017130	pPt-17130	DArT	GL 03	N.O.	92,94
1189	100022079	pPt-22079	DArT	GL 03	94,59	92,96
1190	100022465	pPt-22465	DArT	GL 03	N.O.	93,01
1191	100024883	pPt-24883	DArT	GL 03	N.O.	93,11
1192	100002403	pPt-02403_s	SNP 45:G>A	GL 03	94,86	93,35
1193	100023359	pPt-23359	DArT	GL 03	95,70	93,97
1194	100025228	pPt-25228	DArT	GL 03	95,86	94,11
1195	100021287	pPt-21287_s	SNP 58:G>C	GL 03	N.O.	94,68
1196	100016096	pPt-16096	DArT	GL 03	96,54	94,97
1197	100022101	pPt-22101	DArT	GL 03	N.O.	95,01
1198	100019526	pPt-19526	DArT	GL 03	97,02	95,39
1199	100018158	pPt-18158	DArT	GL 03	N.O.	95,43
1200	100023046	pPt-23046	DArT	GL 03	N.O.	95,48
1201	100021477	pPt-21477	DArT	GL 03	97,44	95,59

1202	100019468	pPt-19468	DArT	GL 03	N.O.	95,61
1203	100020217	pPt-20217	DArT	GL 03	97,27	95,75
1204	100019095	pPt-19095	DArT	GL 03	97,30	95,76
1205	100021461	pPt-21461	DArT	GL 03	97,56	95,89
1206	100023652	pPt-23652	DArT	GL 03	N.O.	95,93
1207	100020775	pPt-20775	DArT	GL 03	97,52	95,96
1208	100020703	pPt-20703	DArT	GL 03	97,41	95,98
1209	100021953	pPt-21953	DArT	GL 03	N.O.	96,08
1210	100003887	pPt-03887_s	SNP 18:A>C	GL 03	N.O.	96,31
1211	100022785	pPt-22785	DArT	GL 03	N.O.	96,43
<b>1212</b>	<b>PtRIP_0629</b>	<b>PtRIP_0629_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>96,71</b>
1213	100022556	pPt-22556_s	SNP 43:A>G	GL 03	N.O.	96,95
1214	100000084	pPt-00084	DArT	GL 03	N.O.	97,12
1215	100006138	pPt-06138	DArT	GL 03	98,44	97,49
1216	100018127	pPt-18127	DArT	GL 03	99,52	98,01
1217	100024300	pPt-24300	DArT	GL 03	N.O.	98,52
1218	100030727	pPt-30727_s	SNP 25:G>T	GL 03	N.O.	98,64
1219	100026038	pPt-26038_s	SNP 25:G>C	GL 03	N.O.	98,79
1220	100025416	pPt-25416	DArT	GL 03	N.O.	98,80
1221	100000814	pPt-00814_s	SNP 24:C>T	GL 03	N.O.	98,97
1222	100022847	pPt-22847	DArT	GL 03	N.O.	99,31
1223	100019043	pPt-19043	DArT	GL 03	N.O.	99,62
1224	100017021	pPt-17021	DArT	GL 03	N.O.	100,57
1225	100021414	pPt-21414	DArT	GL 03	N.O.	100,63
1226	100002585	pPt-02585_s	SNP 44:C>G	GL 03	102,53	100,71
1227	100029413	pPt-29413_s	SNP 30:T>C	GL 03	102,45	100,90
1228	100023085	pPt-23085	DArT	GL 03	102,89	101,23
1229	100001092	pPt-01092_s	SNP 15:G>T	GL 03	N.O.	101,37
1230	100003860	pPt-03860_s	SNP 42:T>C	GL 03	103,02	101,45
1231	100025700	pPt-25700_s	SNP 25:A>G	GL 03	N.O.	101,56
1232	100022537	pPt-22537_s	SNP 14:C>T	GL 03	N.O.	101,61
1233	100024339	pPt-24339	DArT	GL 03	N.O.	101,84
1234	100023236	pPt-23236	DArT	GL 03	103,18	102,11
1235	100024972	pPt-24972	DArT	GL 03	103,60	102,37
1236	100026441	pPt-26441_s	SNP 38:T>C	GL 03	N.O.	102,76
1237	100019281	pPt-19281	DArT	GL 03	N.O.	102,95
1238	100018489	pPt-18489	DArT	GL 03	104,69	103,01
1239	100020593	pPt-20593	DArT	GL 03	104,71	103,02
1240	100000068	pPt-00068	DArT	GL 03	104,46	103,25
1241	100000243	pPt-00243	DArT	GL 03	104,79	103,35
1242	100017093	pPt-17093	DArT	GL 03	104,94	103,46
1243	100020533	pPt-20533	DArT	GL 03	105,16	103,56
1244	100021343	pPt-21343	DArT	GL 03	105,39	103,68
1245	100019838	pPt-19838	DArT	GL 03	105,33	103,73
1246	100000260	pPt-00260	DArT	GL 03	105,56	103,83
1247	100024887	pPt-24887	DArT	GL 03	105,75	104,02
1248	100028814	pPt-28814_s	SNP 17:C>G	GL 03	106,08	104,27
1249	100019165	pPt-19165	DArT	GL 03	106,05	104,35
1250	100000340	pPt-00340	DArT	GL 03	105,88	104,45
<b>1251</b>	<b>PtTX3127</b>	<b>PtTX3127_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>106,81</b>	<b>104,67</b>
1252	100021054	pPt-21054	DArT	GL 03	106,47	104,74
1253	100018233	pPt-18233	DArT	GL 03	106,35	104,89
1254	100024875	pPt-24875	DArT	GL 03	106,63	105,11
1255	100026432	pPt-26432_s	SNP 60:G>T	GL 03	107,10	105,37
1256	100016554	pPt-16554	DArT	GL 03	107,55	105,74
1257	100027100	pPt-27100_s	SNP 58:A>T	GL 03	108,24	106,17
<b>1258</b>	<b>PtSIFG_2461</b>	<b>PtSIFG_2461</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>105,94</b>	<b>109,65</b>
<b>1259</b>	<b>PtTX2164</b>	<b>PtTX2164</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 03</b>	<b>N.O.</b>	<b>114,39</b>

1260	100024118	pPt-24118_s	SNP 53:G>C	GL 04	0,00	0,00
1261	100023740	pPt-23740_s	SNP 65:C>T	GL 04	3,69	3,75
1262	100023786	pPt-23786_s	SNP 51:G>A	GL 04	6,07	5,93
1263	100023497	pPt-23497	DArT	GL 04	7,12	6,79
1264	100023446	pPt-23446	DArT	GL 04	7,65	7,23
1265	100022873	pPt-22873	DArT	GL 04	12,88	12,78
1266	100021988	pPt-21988	DArT	GL 04	12,75	12,86
1267	100022090	pPt-22090	DArT	GL 04	13,65	13,31
1268	100027773	pPt-27773_s	SNP 46:G>A	GL 04	14,23	13,96
1269	100003823	pPt-03823	DArT	GL 04	N.O.	14,58
<b>1270</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_H</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 04</b>	<b>16,19</b>	<b>15,68</b>
1271	100026304	pPt-26304_s	SNP 14:A>G	GL 04	N.O.	16,37
1272	100024302	pPt-24302_s	SNP 30:C>T	GL 04	16,83	16,96
1273	100022480	pPt-22480	DArT	GL 04	17,37	17,51
1274	100022515	pPt-22515	DArT	GL 04	18,35	17,99
1275	100022279	pPt-22279	DArT	GL 04	18,27	18,32
<b>1276</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_J</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 04</b>	<b>18,23</b>	<b>18,32</b>
1277	100029207	pPt-29207_s	SNP 32:A>G	GL 04	20,44	20,14
1278	100022928	pPt-22928	DArT	GL 04	21,00	20,78
1279	100023273	pPt-23273_s	SNP 55:G>A	GL 04	N.O.	21,22
1280	100016238	pPt-16238	DArT	GL 04	N.O.	22,36
1281	100003587	pPt-03587_s	SNP 29:A>G	GL 04	23,05	22,52
1282	100028617	pPt-28617_s	SNP 36:T>C	GL 04	N.O.	22,73
1283	100019767	pPt-19767	DArT	GL 04	22,92	23,00
1284	100002293	pPt-02293_s	SNP 63:G>A	GL 04	N.O.	23,92
1285	100019493	pPt-19493	DArT	GL 04	24,54	24,46
1286	100017961	pPt-17961_s	SNP 62:A>C	GL 04	N.O.	24,74
1287	100017569	pPt-17569_s	SNP 22:C>T	GL 04	N.O.	25,20
1288	100001568	pPt-01568_s	SNP 11:G>C	GL 04	N.O.	25,68
1289	100022445	pPt-22445	DArT	GL 04	25,78	25,92
1290	100003661	pPt-03661_s	SNP 19:T>G	GL 04	26,14	26,06
1291	100018805	pPt-18805	DArT	GL 04	N.O.	26,06
1292	100021863	pPt-21863	DArT	GL 04	N.O.	26,10
1293	100020402	pPt-20402	DArT	GL 04	N.O.	26,26
1294	100021884	pPt-21884	DArT	GL 04	N.O.	26,38
1295	100003412	pPt-03412_s	SNP 20:C>T	GL 04	26,75	26,84
1296	100023305	pPt-23305_s	SNP 21:C>T	GL 04	N.O.	27,89
1297	100020139	pPt-20139	DArT	GL 04	N.O.	29,28
1298	100002848	pPt-02848_s	SNP 35:A>C	GL 04	N.O.	29,62
1299	100024564	pPt-24564_s	SNP 57:A>G	GL 04	N.O.	29,85
1300	100018514	pPt-18514	DArT	GL 04	N.O.	30,39
1301	100018096	pPt-18096	DArT	GL 04	30,60	30,74
<b>1302</b>	<b>PpSIFG_3145</b>	<b>PpSIFG_3145_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 04</b>	<b>N.O.</b>	<b>31,02</b>
1303	100025951	pPt-25951_s	SNP 15:G>A	GL 04	N.O.	31,31
1304	100023253	pPt-23253	DArT	GL 04	N.O.	31,53
1305	100017047	pPt-17047	DArT	GL 04	N.O.	31,73
<b>1306</b>	<b>PtTX4001</b>	<b>PtTX4001</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 04</b>	<b>N.O.</b>	<b>31,78</b>
1307	100024596	pPt-24596	DArT	GL 04	N.O.	31,79
1308	100017131	pPt-17131	DArT	GL 04	N.O.	31,82
1309	100021116	pPt-21116	DArT	GL 04	N.O.	31,82
1310	100020429	pPt-20429	DArT	GL 04	N.O.	31,96
1311	100017183	pPt-17183	DArT	GL 04	N.O.	32,07
1312	100024592	pPt-24592_s	SNP 27:C>T	GL 04	33,42	33,80
1313	100023673	pPt-23673_s	SNP 23:A>G	GL 04	36,97	34,34
1314	100022870	pPt-22870	DArT	GL 04	34,74	34,69
1315	100017001	pPt-17001	DArT	GL 04	34,66	34,78
1316	100022447	pPt-22447	DArT	GL 04	34,81	34,91
1317	100022543	pPt-22543	DArT	GL 04	34,72	35,00

1318	100018374	pPt-18374	DArT	GL 04	34,88	35,02
1319	100017721	pPt-17721	DArT	GL 04	34,74	35,03
1320	100021993	pPt-21993	DArT	GL 04	34,71	35,04
1321	100023932	pPt-23932	DArT	GL 04	35,24	35,45
1322	100024364	pPt-24364	DArT	GL 04	34,34	35,62
1323	100016389	pPt-16389	DArT	GL 04	35,39	35,83
1324	100014329	pPt-14329	DArT	GL 04	35,48	35,87
1325	100013905	pPt-13905	DArT	GL 04	35,46	35,87
1326	100000163	pPt-00163	DArT	GL 04	35,48	35,90
1327	100003691	pPt-03691_s	SNP 17:C>T	GL 04	N.O.	35,95
1328	100021883	pPt-21883	DArT	GL 04	35,58	35,99
1329	100000457	pPt-00457	DArT	GL 04	N.O.	36,05
1330	100021835	pPt-21835	DArT	GL 04	35,81	36,17
1331	100025582	pPt-25582_s	SNP 60:C>A	GL 04	36,20	36,63
<b>1332</b>	<b>PtTX3087</b>	<b>PtTX3087</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 04</b>	<b>36,16</b>	<b>36,71</b>
1333	100013868	pPt-13868	DArT	GL 04	34,11	37,11
1334	100002847	pPt-02847_s	SNP 18:A>G	GL 04	37,59	37,74
1335	100021546	pPt-21546	DArT	GL 04	N.O.	38,61
1336	100000097	pPt-00097	DArT	GL 04	N.O.	38,84
1337	100002168	pPt-02168_s	SNP 56:C>T	GL 04	N.O.	39,16
1338	100024415	pPt-24415	DArT	GL 04	N.O.	39,66
1339	100002016	pPt-02016_s	SNP 7:C>T	GL 04	N.O.	41,40
1340	100019330	pPt-19330	DArT	GL 04	N.O.	41,67
1341	100021484	pPt-21484	DArT	GL 04	N.O.	41,74
1342	100003114	pPt-03114_s	SNP 35:T>A	GL 04	N.O.	41,95
1343	100025459	pPt-25459_s	SNP 7:G>T	GL 04	N.O.	42,02
1344	100019366	pPt-19366	DArT	GL 04	N.O.	42,27
1345	100018626	pPt-18626	DArT	GL 04	N.O.	42,27
1346	100018855	pPt-18855	DArT	GL 04	N.O.	42,29
1347	100018420	pPt-18420_s	SNP 53:G>C	GL 04	N.O.	42,52
1348	100024391	pPt-24391_s	SNP 30:T>A	GL 04	N.O.	42,81
1349	100027636	pPt-27636_s	SNP 21:G>C	GL 04	N.O.	43,20
1350	100022004	pPt-22004_s	SNP 22:A>G	GL 04	N.O.	43,42
1351	100000741	pPt-00741_s	SNP 36:T>A	GL 04	N.O.	43,86
1352	100029311	pPt-29311_s	SNP 67:A>T	GL 04	44,05	44,76
1353	100024802	pPt-24802	DArT	GL 04	N.O.	46,21
1354	100018777	pPt-18777	DArT	GL 04	N.O.	47,03
1355	100003006	pPt-03006_s	SNP 30:G>A	GL 04	N.O.	48,59
1356	100023587	pPt-23587	DArT	GL 04	N.O.	50,27
1357	100026018	pPt-26018_s	SNP 64:G>A	GL 04	N.O.	50,36
1358	100022499	pPt-22499	DArT	GL 04	N.O.	50,48
1359	100017608	pPt-17608_s	SNP 53:T>G	GL 04	50,60	50,74
1360	100022257	pPt-22257	DArT	GL 04	N.O.	51,23
1361	100030725	pPt-30725_s	SNP 25:A>T	GL 04	N.O.	51,66
1362	100020528	pPt-20528	DArT	GL 04	N.O.	52,04
1363	100021178	pPt-21178	DArT	GL 04	N.O.	52,49
1364	100020328	pPt-20328	DArT	GL 04	N.O.	54,19
1365	100024146	pPt-24146_s	SNP 10:A>T	GL 04	57,75	56,50
1366	100021823	pPt-21823	DArT	GL 04	N.O.	57,93
1367	100024658	pPt-24658	DArT	GL 04	N.O.	58,22
1368	100000295	pPt-00295	DArT	GL 04	N.O.	58,36
1369	100024608	pPt-24608	DArT	GL 04	N.O.	59,18
1370	100022081	pPt-22081_s	SNP 28:C>A	GL 04	N.O.	59,41
1371	100022855	pPt-22855	DArT	GL 04	N.O.	59,58
1372	100018337	pPt-18337	DArT	GL 04	N.O.	59,63
1373	100004433	pPt-04433	DArT	GL 04	N.O.	60,24
1374	100000687	pPt-00687	DArT	GL 04	N.O.	62,02
1375	100023528	pPt-23528	DArT	GL 04	N.O.	62,57

1376	100016055	pPt-16055	DArT	GL 04	N.O.	62,59
1377	100029072	pPt-29072_s	SNP 67:C>T	GL 04	N.O.	63,47
1378	100024639	pPt-24639_s	SNP 43:A>C	GL 04	N.O.	63,76
1379	100019192	pPt-19192	DArT	GL 04	N.O.	64,21
1380	100022930	pPt-22930	DArT	GL 04	N.O.	64,46
1381	100016929	pPt-16929	DArT	GL 04	N.O.	64,55
1382	100024629	pPt-24629	DArT	GL 04	N.O.	64,85
1383	100018604	pPt-18604	DArT	GL 04	N.O.	65,19
1384	100024675	pPt-24675	DArT	GL 04	N.O.	65,54
1385	100020864	pPt-20864	DArT	GL 04	N.O.	65,72
1386	100020836	pPt-20836	DArT	GL 04	N.O.	65,73
1387	100020756	pPt-20756	DArT	GL 04	N.O.	65,84
1388	100017631	pPt-17631	DArT	GL 04	N.O.	65,92
1389	100019980	pPt-19980	DArT	GL 04	N.O.	66,00
1390	100016221	pPt-16221	DArT	GL 04	N.O.	66,25
1391	100020481	pPt-20481	DArT	GL 04	N.O.	66,73
1392	100002399	pPt-02399_s	SNP 51:T>A	GL 04	N.O.	67,22
1393	100017778	pPt-17778	DArT	GL 04	N.O.	67,86
1394	100017922	pPt-17922	DArT	GL 04	69,41	68,00
1395	100025427	pPt-25427_s	SNP 48:G>C	GL 04	N.O.	68,33
1396	100024101	pPt-24101	DArT	GL 04	N.O.	68,52
1397	100020145	pPt-20145	DArT	GL 04	N.O.	68,78
1398	100018143	pPt-18143	DArT	GL 04	70,28	68,85
1399	100021409	pPt-21409	DArT	GL 04	N.O.	68,87
1400	100020169	pPt-20169	DArT	GL 04	70,66	68,91
1401	100018144	pPt-18144	DArT	GL 04	N.O.	69,05
1402	100020009	pPt-20009	DArT	GL 04	N.O.	69,13
1403	100021813	pPt-21813	DArT	GL 04	70,88	69,34
1404	100005100	pPt-05100	DArT	GL 04	N.O.	70,60
1405	100026889	pPt-26889_s	SNP 43:T>G	GL 04	72,04	70,80
1406	100020068	pPt-20068	DArT	GL 04	N.O.	71,02
1407	100000410	pPt-00410	DArT	GL 04	72,21	71,04
1408	100022421	pPt-22421	DArT	GL 04	72,67	71,11
1409	100019178	pPt-19178	DArT	GL 04	72,60	71,16
1410	100017097	pPt-17097	DArT	GL 04	72,48	71,31
1411	100019074	pPt-19074	DArT	GL 04	73,97	72,47
1412	100023603	pPt-23603	DArT	GL 04	N.O.	73,18
1413	100017419	pPt-17419	DArT	GL 04	74,30	73,74
1414	100018405	pPt-18405	DArT	GL 04	76,05	74,48
1415	100023360	pPt-23360	DArT	GL 04	N.O.	74,99
1416	100024109	pPt-24109	DArT	GL 04	N.O.	75,33
1417	100018872	pPt-18872	DArT	GL 04	77,40	76,05
1418	100023136	pPt-23136	DArT	GL 04	77,71	76,09
1419	100019888	pPt-19888	DArT	GL 04	N.O.	76,11
1420	100024054	pPt-24054	DArT	GL 04	N.O.	76,11
1421	100017820	pPt-17820	DArT	GL 04	N.O.	76,25
1422	100022968	pPt-22968	DArT	GL 04	N.O.	76,31
1423	100020626	pPt-20626	DArT	GL 04	N.O.	76,31
1424	100023952	pPt-23952	DArT	GL 04	N.O.	76,31
1425	100019293	pPt-19293	DArT	GL 04	N.O.	76,33
1426	100018537	pPt-18537	DArT	GL 04	N.O.	76,35
1427	100023120	pPt-23120	DArT	GL 04	N.O.	76,36
1428	100000406	pPt-00406	DArT	GL 04	77,82	76,45
1429	100019646	pPt-19646	DArT	GL 04	N.O.	76,53
1430	100021289	pPt-21289	DArT	GL 04	78,06	76,61
1431	100023551	pPt-23551	DArT	GL 04	N.O.	76,61
1432	100024689	pPt-24689	DArT	GL 04	77,69	76,69
1433	100018594	pPt-18594	DArT	GL 04	N.O.	76,75

1434	100030316	pPt-30316_s	SNP 49:C>T	GL 04	N.O.	76,88
1435	100019891	pPt-19891	DArT	GL 04	78,46	77,17
1436	100024515	pPt-24515_s	SNP 6:T>C	GL 04	79,46	78,13
1437	100018592	pPt-18592_s	SNP 56:T>C	GL 04	80,44	78,38
1438	100023439	pPt-23439_s	SNP 42:G>T	GL 04	80,44	78,54
1439	100021514	pPt-21514	DArT	GL 04	80,76	78,65
1440	100028233	pPt-28233_s	SNP 11:C>A	GL 04	80,52	78,70
1441	100024979	pPt-24979	DArT	GL 04	80,47	78,73
1442	100016807	pPt-16807	DArT	GL 04	80,58	78,79
1443	100019614	pPt-19614	DArT	GL 04	80,60	78,80
1444	100035650	pPt-35650	DArT	GL 04	80,59	78,81
1445	100016423	pPt-16423	DArT	GL 04	80,62	78,81
1446	100020044	pPt-20044	DArT	GL 04	80,60	78,82
1447	100017056	pPt-17056	DArT	GL 04	80,59	78,82
1448	100019920	pPt-19920	DArT	GL 04	80,63	78,84
1449	100021590	pPt-21590	DArT	GL 04	80,66	78,84
1450	100022324	pPt-22324	DArT	GL 04	80,53	78,86
1451	100022413	pPt-22413	DArT	GL 04	80,65	78,86
1452	100021881	pPt-21881	DArT	GL 04	80,68	78,93
1453	100000249	pPt-00249	DArT	GL 04	80,66	78,93
1454	100016834	pPt-16834	DArT	GL 04	80,69	78,94
1455	100018279	pPt-18279	DArT	GL 04	80,69	78,95
1456	100013958	pPt-13958	DArT	GL 04	80,87	78,98
1457	100029359	pPt-29359_s	SNP 35:C>G	GL 04	80,72	79,01
1458	100021552	pPt-21552	DArT	GL 04	81,02	79,02
1459	100035764	pPt-35764	DArT	GL 04	81,06	79,05
1460	100021334	pPt-21334	DArT	GL 04	80,58	79,10
1461	100021348	pPt-21348	DArT	GL 04	81,17	79,18
1462	100024080	pPt-24080	DArT	GL 04	81,00	79,18
1463	100019182	pPt-19182	DArT	GL 04	80,84	79,25
1464	100029192	pPt-29192_s	SNP 30:C>A	GL 04	N.O.	79,32
1465	100026720	pPt-26720_s	SNP 18:A>C	GL 04	81,27	79,42
1466	100023225	pPt-23225	DArT	GL 04	81,93	79,53
1467	100027669	pPt-27669_s	SNP 58:A>G	GL 04	81,59	79,71
1468	100019771	pPt-19771	DArT	GL 04	80,44	80,00
1469	100023614	pPt-23614	DArT	GL 04	80,22	80,12
1470	100018968	pPt-18968	DArT	GL 04	80,21	80,18
1471	100019309	pPt-19309	DArT	GL 04	80,25	80,19
1472	100016173	pPt-16173	DArT	GL 04	80,25	80,23
1473	100018536	pPt-18536	DArT	GL 04	80,31	80,24
1474	100024009	pPt-24009	DArT	GL 04	80,37	80,37
1475	100024616	pPt-24616	DArT	GL 04	N.O.	80,38
1476	100023096	pPt-23096_s	SNP 43:T>C	GL 04	81,83	80,51
1477	100026436	pPt-26436_s	SNP 41:C>T	GL 04	79,97	80,62
1478	100022830	pPt-22830	DArT	GL 04	N.O.	81,27
1479	100019882	pPt-19882	DArT	GL 04	84,03	81,84
1480	100027029	pPt-27029_s	SNP 68:G>A	GL 04	83,76	82,46
1481	100002077	pPt-02077_s	SNP 61:A>G	GL 04	N.O.	82,93
1482	100019743	pPt-19743	DArT	GL 04	N.O.	82,93
1483	100026625	pPt-26625_s	SNP 9:A>G	GL 04	N.O.	83,27
1484	100017300	pPt-17300	DArT	GL 04	N.O.	83,79
1485	100022748	pPt-22748	DArT	GL 04	N.O.	83,88
1486	100025084	pPt-25084	DArT	GL 04	86,18	84,66
1487	100017720	pPt-17720	DArT	GL 04	86,42	84,91
1488	100018137	pPt-18137	DArT	GL 04	86,56	85,01
1489	100000465	pPt-00465	DArT	GL 04	87,08	85,71
1490	100024326	pPt-24326	DArT	GL 04	87,37	85,89
1491	100000258	pPt-00258	DArT	GL 04	87,79	86,21

1492	100021666	pPt-21666	DArT	GL 04	88,58	87,01
1493	100000218	pPt-00218	DArT	GL 04	89,02	87,42
1494	100021302	pPt-21302	DArT	GL 04	88,96	87,59
1495	100018256	pPt-18256	DArT	GL 04	88,96	87,62
1496	100027407	pPt-27407_s	SNP 9:T>A	GL 04	89,39	88,06
1497	100017719	pPt-17719	DArT	GL 04	90,77	89,42
1498	100006325	pPt-06325	DArT	GL 04	91,12	89,57
1499	100024341	pPt-24341	DArT	GL 04	N.O.	89,78
1500	100000445	pPt-00445	DArT	GL 04	N.O.	89,86
1501	100021352	pPt-21352	DArT	GL 04	91,44	89,97
1502	100020610	pPt-20610	DArT	GL 04	91,53	90,00
1503	100022742	pPt-22742	DArT	GL 04	91,47	90,07
1504	100023207	pPt-23207	DArT	GL 04	N.O.	90,40
1505	100016899	pPt-16899	DArT	GL 04	92,01	90,41
1506	100016652	pPt-16652	DArT	GL 04	N.O.	93,12
1507	100018122	pPt-18122	DArT	GL 04	N.O.	93,33
1508	100024191	pPt-24191	DArT	GL 04	N.O.	93,77
1509	100022631	pPt-22631	DArT	GL 04	N.O.	95,45
1510	100018093	pPt-18093	DArT	GL 04	N.O.	96,44
1511	100024228	pPt-24228	DArT	GL 05	N.O.	-2,38
1512	100020128	pPt-20128	DArT	GL 05	N.O.	-0,72
1513	100020268	pPt-20268	DArT	GL 05	0,00	0,00
1514	100018507	pPt-18507	DArT	GL 05	N.O.	0,11
1515	100024349	pPt-24349	DArT	GL 05	N.O.	0,37
1516	100028364	pPt-28364_s	SNP 67:G>A	GL 05	0,37	0,68
1517	100002213	pPt-02213_s	SNP 7:C>G	GL 05	N.O.	0,89
1518	100018671	pPt-18671	DArT	GL 05	0,77	0,98
1519	100020010	pPt-20010	DArT	GL 05	1,28	1,20
1520	100020278	pPt-20278_s	SNP 30:T>A	GL 05	1,08	1,45
1521	100019458	pPt-19458	DArT	GL 05	1,44	1,57
1522	100022800	pPt-22800	DArT	GL 05	1,65	1,64
1523	100000134	pPt-00134	DArT	GL 05	1,88	1,90
1524	100025575	pPt-25575_s	SNP 5:G>C	GL 05	1,85	1,94
1525	100002815	pPt-02815_s	SNP 67:C>G	GL 05	N.O.	2,50
1526	100028788	pPt-28788_s	SNP 57:A>G	GL 05	3,36	2,98
1527	100002120	pPt-02120_s	SNP 46:A>C	GL 05	2,95	3,13
1528	100019339	pPt-19339	DArT	GL 05	3,03	3,24
1529	100022326	pPt-22326	DArT	GL 05	3,20	3,47
1530	100024403	pPt-24403	DArT	GL 05	3,56	3,57
1531	100018972	pPt-18972	DArT	GL 05	3,77	3,68
1532	100021041	pPt-21041	DArT	GL 05	3,70	3,81
1533	100001634	pPt-01634_s	SNP 63:C>T	GL 05	4,44	4,09
1534	100020058	pPt-20058	DArT	GL 05	N.O.	4,50
1535	100019830	pPt-19830	DArT	GL 05	N.O.	4,51
1536	100022440	pPt-22440	DArT	GL 05	N.O.	6,74
1537	100035674	pPt-35674	DArT	GL 05	N.O.	6,74
1538	100022376	pPt-22376	DArT	GL 05	6,95	7,00
1539	100035666	pPt-35666	DArT	GL 05	7,25	7,18
1540	100022645	pPt-22645	DArT	GL 05	N.O.	7,38
1541	100018673	pPt-18673	DArT	GL 05	N.O.	7,56
1542	100019409	pPt-19409	DArT	GL 05	N.O.	7,56
1543	100021516	pPt-21516	DArT	GL 05	N.O.	7,56
1544	100017386	pPt-17386	DArT	GL 05	N.O.	7,58
1545	100019876	pPt-19876	DArT	GL 05	N.O.	7,67
1546	100019238	pPt-19238	DArT	GL 05	N.O.	7,72
1547	100024684	pPt-24684	DArT	GL 05	N.O.	7,75
1548	100017749	pPt-17749	DArT	GL 05	N.O.	7,86
1549	100018061	pPt-18061	DArT	GL 05	N.O.	7,86

1550	100020291	pPt-20291	DArT	GL 05	N.O.	7,95
1551	100020018	pPt-20018	DArT	GL 05	N.O.	8,09
1552	100023858	pPt-23858	DArT	GL 05	N.O.	8,52
1553	100024094	pPt-24094	DArT	GL 05	N.O.	8,52
1554	100035871	pPt-35871	DArT	GL 05	N.O.	8,55
1555	100021443	pPt-21443	DArT	GL 05	N.O.	8,57
1556	100019992	pPt-19992	DArT	GL 05	N.O.	8,86
1557	100000152	pPt-00152	DArT	GL 05	N.O.	9,66
1558	100023467	pPt-23467	DArT	GL 05	N.O.	9,94
1559	100019336	pPt-19336	DArT	GL 05	N.O.	10,19
1560	100021658	pPt-21658	DArT	GL 05	9,99	10,22
1561	100018964	pPt-18964	DArT	GL 05	N.O.	10,35
1562	100021495	pPt-21495	DArT	GL 05	N.O.	10,40
1563	100021932	pPt-21932	DArT	GL 05	N.O.	10,40
1564	100021010	pPt-21010	DArT	GL 05	N.O.	10,49
1565	100024978	pPt-24978	DArT	GL 05	N.O.	10,57
1566	100019396	pPt-19396_s	SNP 62:T>G	GL 05	N.O.	10,94
1567	100021912	pPt-21912	DArT	GL 05	N.O.	11,48
1568	100021234	pPt-21234	DArT	GL 05	N.O.	12,26
1569	100024122	pPt-24122	DArT	GL 05	N.O.	13,04
1570	100021403	pPt-21403	DArT	GL 05	N.O.	13,16
1571	100029761	pPt-29761_s	SNP 21:C>G	GL 05	N.O.	13,16
1572	100019018	pPt-19018	DArT	GL 05	13,03	13,28
1573	100016301	pPt-16301	DArT	GL 05	14,23	14,10
1574	100020552	pPt-20552	DArT	GL 05	14,22	14,11
1575	100017286	pPt-17286	DArT	GL 05	14,18	14,11
1576	100017620	pPt-17620	DArT	GL 05	14,30	14,11
1577	100022095	pPt-22095_s	SNP 12:G>A	GL 05	13,91	14,55
1578	100022934	pPt-22934	DArT	GL 05	14,92	14,74
1579	100001851	pPt-01851_s	SNP 23:G>A	GL 05	14,86	14,85
1580	100013593	pPt-13593	DArT	GL 05	14,90	14,98
1581	100027601	pPt-27601	DArT	GL 05	14,91	15,00
1582	100019120	pPt-19120	DArT	GL 05	14,77	15,00
1583	100023502	pPt-23502	DArT	GL 05	15,05	15,05
1584	100020166	pPt-20166	DArT	GL 05	14,14	15,22
1585	100022774	pPt-22774	DArT	GL 05	15,36	15,48
1586	100022848	pPt-22848	DArT	GL 05	15,29	15,50
1587	100021536	pPt-21536	DArT	GL 05	15,54	15,63
1588	100019379	pPt-19379	DArT	GL 05	15,60	15,74
1589	100019019	pPt-19019	DArT	GL 05	15,98	15,92
1590	100020517	pPt-20517_s	SNP 10:A>C	GL 05	14,18	16,20
1591	100016748	pPt-16748	DArT	GL 05	16,43	16,62
1592	100022080	pPt-22080	DArT	GL 05	17,06	17,25
1593	100024051	pPt-24051	DArT	GL 05	17,00	17,46
1594	100018585	pPt-18585	DArT	GL 05	18,64	18,82
1595	100000308	pPt-00308	DArT	GL 05	N.O.	19,59
1596	100019064	pPt-19064	DArT	GL 05	21,07	21,41
1597	100018009	pPt-18009	DArT	GL 05	23,06	23,00
1598	100014664	pPt-14664	DArT	GL 05	N.O.	23,19
1599	100022390	pPt-22390	DArT	GL 05	N.O.	23,32
1600	100022898	pPt-22898	DArT	GL 05	N.O.	23,43
1601	100018413	pPt-18413	DArT	GL 05	N.O.	23,61
1602	100026284	pPt-26284_s	SNP 30:A>G	GL 05	N.O.	24,15
1603	100022527	pPt-22527	DArT	GL 05	N.O.	24,49
1604	100023575	pPt-23575	DArT	GL 05	N.O.	24,65
1605	100024433	pPt-24433	DArT	GL 05	N.O.	25,31
1606	100019011	pPt-19011	DArT	GL 05	N.O.	25,45
1607	100000232	pPt-00232	DArT	GL 05	N.O.	25,54



1608	100014139	pPt-14139	DArT	GL 05	N.O.	25,64
1609	100020179	pPt-20179	DArT	GL 05	N.O.	25,68
<b>1610</b>	<b>PtRIP_0467</b>	<b>PtRIP_0467</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>25,75</b>
1611	100035859	pPt-35859	DArT	GL 05	N.O.	25,84
1612	100000061	pPt-00061	DArT	GL 05	N.O.	25,93
1613	100000120	pPt-00120	DArT	GL 05	N.O.	25,98
1614	100022316	pPt-22316	DArT	GL 05	N.O.	26,03
1615	100018080	pPt-18080_s	SNP 48:G>A	GL 05	N.O.	27,19
1616	100021790	pPt-21790	DArT	GL 05	N.O.	27,81
1617	100023330	pPt-23330	DArT	GL 05	N.O.	28,19
1618	100018132	pPt-18132	DArT	GL 05	N.O.	28,33
1619	100022622	pPt-22622	DArT	GL 05	N.O.	29,18
1620	100022343	pPt-22343_s	SNP 21:C>T	GL 05	N.O.	29,66
1621	100022706	pPt-22706	DArT	GL 05	N.O.	31,19
1622	100017381	pPt-17381	DArT	GL 05	N.O.	31,26
1623	100014060	pPt-14060	DArT	GL 05	N.O.	31,45
<b>1624</b>	<b>PtTX3091</b>	<b>PtTX3091_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>31,56</b>
1625	100002071	pPt-02071_s	SNP 41:G>C	GL 05	N.O.	31,73
1626	100022889	pPt-22889	DArT	GL 05	N.O.	31,85
1627	100029885	pPt-29885_s	SNP 31:C>T	GL 05	N.O.	32,27
1628	100020827	pPt-20827	DArT	GL 05	N.O.	32,42
1629	100024119	pPt-24119	DArT	GL 05	N.O.	32,54
1630	100000219	pPt-00219	DArT	GL 05	N.O.	32,88
1631	100000677	pPt-00677_s	SNP 26:T>G	GL 05	N.O.	33,03
1632	100022609	pPt-22609	DArT	GL 05	N.O.	33,12
1633	100019471	pPt-19471	DArT	GL 05	N.O.	33,57
1634	100022525	pPt-22525	DArT	GL 05	N.O.	33,93
1635	100020220	pPt-20220	DArT	GL 05	N.O.	36,15
1636	100023676	pPt-23676	DArT	GL 05	N.O.	36,21
1637	100018719	pPt-18719	DArT	GL 05	36,62	36,29
1638	100021457	pPt-21457	DArT	GL 05	N.O.	36,53
1639	100025209	pPt-25209	DArT	GL 05	N.O.	36,60
1640	100020539	pPt-20539	DArT	GL 05	N.O.	36,79
1641	100026628	pPt-26628_s	SNP 11:A>G	GL 05	N.O.	37,06
1642	100002044	pPt-02044_s	SNP 5:G>A	GL 05	N.O.	37,90
1643	100021429	pPt-21429	DArT	GL 05	N.O.	39,38
1644	100018212	pPt-18212	DArT	GL 05	N.O.	39,82
1645	100001751	pPt-01751_s	SNP 45:T>C	GL 05	N.O.	40,29
1646	100026771	pPt-26771_s	SNP 14:A>G	GL 05	N.O.	41,67
<b>1647</b>	<b>PtTX3049</b>	<b>PtTX3049</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>42,21</b>
1648	100023250	pPt-23250	DArT	GL 05	N.O.	42,36
1649	100002909	pPt-02909_s	SNP 34:C>T	GL 05	N.O.	43,74
1650	100018342	pPt-18342	DArT	GL 05	N.O.	44,23
1651	100018973	pPt-18973	DArT	GL 05	N.O.	44,37
1652	100023030	pPt-23030	DArT	GL 05	N.O.	44,65
1653	100000242	pPt-00242	DArT	GL 05	N.O.	44,96
1654	100023369	pPt-23369	DArT	GL 05	N.O.	45,05
1655	100020264	pPt-20264	DArT	GL 05	N.O.	45,08
1656	100035668	pPt-35668	DArT	GL 05	N.O.	45,30
1657	100023395	pPt-23395	DArT	GL 05	N.O.	45,45
1658	100019725	pPt-19725	DArT	GL 05	N.O.	45,70
1659	100017834	pPt-17834	DArT	GL 05	N.O.	45,75
1660	100019629	pPt-19629	DArT	GL 05	N.O.	45,78
<b>1661</b>	<b>PtTX4058</b>	<b>PtTX4058</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>46,82</b>
1662	100028758	pPt-28758_s	SNP 31:G>A	GL 05	N.O.	47,32
1663	100000184	pPt-00184	DArT	GL 05	N.O.	47,59
1664	100021473	pPt-21473	DArT	GL 05	N.O.	47,85
1665	100022967	pPt-22967	DArT	GL 05	N.O.	47,85

1666	100016052	pPt-16052	DArT	GL 05	N.O.	47,93
1667	100016619	pPt-16619	DArT	GL 05	N.O.	47,94
1668	100021870	pPt-21870	DArT	GL 05	N.O.	47,96
1669	100021699	pPt-21699	DArT	GL 05	N.O.	47,99
1670	100030167	pPt-30167_s	SNP 47:C>G	GL 05	N.O.	48,19
1671	100001175	pPt-01175_s	SNP 58:C>T	GL 05	N.O.	48,40
1672	100026299	pPt-26299_s	SNP 23:C>G	GL 05	N.O.	48,66
1673	100001773	pPt-01773_s	SNP 45:C>T	GL 05	N.O.	48,89
1674	100021230	pPt-21230	DArT	GL 05	N.O.	49,24
<b>1675</b>	<b>PtRIP_0629</b>	<b>PtRIP_0629_D</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>49,32</b>
1676	100020387	pPt-20387	DArT	GL 05	N.O.	49,60
1677	100031047	pPt-31047_s	SNP 10:T>A	GL 05	N.O.	50,46
1678	100022660	pPt-22660	DArT	GL 05	N.O.	51,47
1679	100018381	pPt-18381	DArT	GL 05	N.O.	51,65
1680	100002906	pPt-02906_s	SNP 9:G>C	GL 05	N.O.	51,88
1681	100029323	pPt-29323_s	SNP 65:C>G	GL 05	N.O.	52,09
1682	100019595	pPt-19595	DArT	GL 05	N.O.	52,38
1683	100000092	pPt-00092	DArT	GL 05	N.O.	52,77
1684	100019338	pPt-19338	DArT	GL 05	N.O.	53,26
1685	100024508	pPt-24508	DArT	GL 05	N.O.	53,43
<b>1686</b>	<b>PtTX4214</b>	<b>PtTX4214_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>53,92</b>
1687	100021726	pPt-21726	DArT	GL 05	N.O.	55,46
1688	100021375	pPt-21375	DArT	GL 05	N.O.	55,76
1689	100020604	pPt-20604	DArT	GL 05	N.O.	56,37
1690	100027429	pPt-27429_s	SNP 65:A>G	GL 05	N.O.	56,50
1691	100022693	pPt-22693	DArT	GL 05	N.O.	56,90
1692	100020127	pPt-20127	DArT	GL 05	N.O.	57,10
1693	100017096	pPt-17096	DArT	GL 05	N.O.	57,14
1694	100017112	pPt-17112	DArT	GL 05	N.O.	57,16
1695	100024047	pPt-24047	DArT	GL 05	N.O.	57,20
1696	100017862	pPt-17862	DArT	GL 05	N.O.	57,25
<b>1697</b>	<b>PtTX3029</b>	<b>PtTX3029_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>57,65</b>
1698	100020156	pPt-20156	DArT	GL 05	N.O.	57,90
1699	100035785	pPt-35785	DArT	GL 05	N.O.	58,12
1700	100026843	pPt-26843_s	SNP 55:A>T	GL 05	N.O.	60,66
1701	100019391	pPt-19391	DArT	GL 05	N.O.	61,11
1702	100023143	pPt-23143_s	SNP 18:C>A	GL 05	N.O.	61,26
1703	100019552	pPt-19552	DArT	GL 05	N.O.	61,68
1704	100022072	pPt-22072	DArT	GL 05	N.O.	62,04
1705	100030890	pPt-30890_s	SNP 44:A>T	GL 05	N.O.	62,18
1706	100019236	pPt-19236	DArT	GL 05	N.O.	62,20
1707	100023491	pPt-23491	DArT	GL 05	N.O.	62,38
1708	100018577	pPt-18577	DArT	GL 05	N.O.	62,46
1709	100018003	pPt-18003	DArT	GL 05	N.O.	63,07
1710	100024803	pPt-24803	DArT	GL 05	N.O.	63,75
1711	100023472	pPt-23472	DArT	GL 05	N.O.	64,03
1712	100003285	pPt-03285_s	SNP 51:C>A	GL 05	N.O.	64,69
1713	100029431	pPt-29431_s	SNP 31:A>C	GL 05	N.O.	65,07
1714	100028602	pPt-28602_s	SNP 13:A>G	GL 05	N.O.	65,72
1715	100024321	pPt-24321	DArT	GL 05	N.O.	65,96
1716	100017633	pPt-17633	DArT	GL 05	67,46	66,17
1717	100022285	pPt-22285	DArT	GL 05	N.O.	66,23
1718	100021739	pPt-21739	DArT	GL 05	N.O.	66,43
1719	100026886	pPt-26886_s	SNP 57:T>C	GL 05	N.O.	66,67
1720	100020000	pPt-20000	DArT	GL 05	N.O.	67,05
1721	100017989	pPt-17989	DArT	GL 05	N.O.	67,22
1722	100022099	pPt-22099	DArT	GL 05	N.O.	67,22
1723	100003393	pPt-03393_s	SNP 31:C>T	GL 05	N.O.	67,53

1724	100024147	pPt-24147	DArT	GL 05	N.O.	68,52
1725	100019917	pPt-19917	DArT	GL 05	70,07	68,73
1726	100023088	pPt-23088	DArT	GL 05	N.O.	68,90
1727	100021151	pPt-21151	DArT	GL 05	N.O.	69,02
1728	100016365	pPt-16365	DArT	GL 05	70,44	69,02
1729	100022268	pPt-22268	DArT	GL 05	70,44	69,05
1730	100002362	pPt-02362_s	SNP 24:G>A	GL 05	N.O.	69,32
1731	100020057	pPt-20057	DArT	GL 05	N.O.	69,45
1732	100025815	pPt-25815_s	SNP 35:A>C	GL 05	73,11	69,70
1733	100025942	pPt-25942_s	SNP 24:A>G	GL 05	74,15	69,86
1734	100021997	pPt-21997	DArT	GL 05	N.O.	70,07
1735	100023470	pPt-23470	DArT	GL 05	71,43	70,17
1736	100025446	pPt-25446_s	SNP 62:A>T	GL 05	71,10	70,26
1737	100024240	pPt-24240	DArT	GL 05	71,65	70,39
1738	100018504	pPt-18504	DArT	GL 05	71,66	70,40
1739	100017831	pPt-17831	DArT	GL 05	N.O.	70,40
1740	100018034	pPt-18034	DArT	GL 05	71,70	70,41
1741	100000227	pPt-00227	DArT	GL 05	72,99	70,56
1742	100018121	pPt-18121	DArT	GL 05	72,77	70,62
1743	100024618	pPt-24618	DArT	GL 05	73,61	70,98
1744	100023204	pPt-23204	DArT	GL 05	72,57	71,18
1745	100020973	pPt-20973	DArT	GL 05	72,59	71,23
1746	100020365	pPt-20365_s	SNP 45:C>T	GL 05	72,72	71,37
1747	100024745	pPt-24745	DArT	GL 05	72,61	71,46
1748	100015159	pPt-15159_s	SNP 55:G>A	GL 05	72,36	71,66
1749	100021599	pPt-21599	DArT	GL 05	72,51	71,72
1750	100014772	pPt-14772	DArT	GL 05	72,50	71,75
1751	100030192	pPt-30192_s	SNP 47:A>T	GL 05	72,11	71,83
1752	100019890	pPt-19890	DArT	GL 05	72,55	71,85
1753	100000026	pPt-00026	DArT	GL 05	72,25	71,92
1754	100000264	pPt-00264	DArT	GL 05	72,57	72,04
1755	100023178	pPt-23178	DArT	GL 05	72,48	72,05
1756	100021418	pPt-21418	DArT	GL 05	72,57	72,11
1757	100000735	pPt-00735_s	SNP 6:T>C	GL 05	69,39	72,72
1758	100024530	pPt-24530	DArT	GL 05	N.O.	73,09
1759	100028238	pPt-28238_s	SNP 57:G>A	GL 05	76,46	74,51
1760	100014682	pPt-14682	DArT	GL 05	N.O.	74,72
1761	100024828	pPt-24828	DArT	GL 05	N.O.	74,84
1762	100021419	pPt-21419	DArT	GL 05	N.O.	74,85
1763	100020508	pPt-20508	DArT	GL 05	N.O.	74,88
1764	100000516	pPt-00516	DArT	GL 05	N.O.	75,14
1765	100023995	pPt-23995	DArT	GL 05	N.O.	75,43
1766	100024412	pPt-24412	DArT	GL 05	N.O.	75,76
1767	100021269	pPt-21269	DArT	GL 05	N.O.	75,88
1768	100023044	pPt-23044	DArT	GL 05	N.O.	75,98
1769	100018416	pPt-18416	DArT	GL 05	77,07	76,28
1770	100022380	pPt-22380	DArT	GL 05	N.O.	76,40
1771	100023697	pPt-23697	DArT	GL 05	77,58	76,52
1772	100021572	pPt-21572	DArT	GL 05	N.O.	76,53
1773	100019380	pPt-19380	DArT	GL 05	N.O.	76,55
1774	100020437	pPt-20437	DArT	GL 05	N.O.	76,63
1775	100023501	pPt-23501	DArT	GL 05	N.O.	76,82
1776	100017450	pPt-17450	DArT	GL 05	78,23	77,24
1777	100026179	pPt-26179	DArT	GL 05	N.O.	77,29
1778	100026992	pPt-26992_s	SNP 21:A>G	GL 05	N.O.	77,38
1779	100021327	pPt-21327	DArT	GL 05	N.O.	77,54
1780	100019778	pPt-19778	DArT	GL 05	N.O.	77,62
1781	100019867	pPt-19867	DArT	GL 05	N.O.	77,65

1782	100022042	pPt-22042	DArT	GL 05	78,91	77,68
1783	100021754	pPt-21754	DArT	GL 05	78,90	77,71
1784	100015218	pPt-15218	DArT	GL 05	N.O.	77,75
1785	100016827	pPt-16827	DArT	GL 05	N.O.	77,76
1786	100027430	pPt-27430_s	SNP 48:G>C	GL 05	N.O.	77,95
1787	100019210	pPt-19210_s	SNP 38:A>C	GL 05	N.O.	78,43
1788	100022522	pPt-22522	DArT	GL 05	N.O.	78,76
1789	100026235	pPt-26235_s	SNP 31:T>C	GL 05	N.O.	79,04
<b>1790</b>	<b>PtTX4147</b>	<b>PtTX4147</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 05</b>	<b>N.O.</b>	<b>79,49</b>
1791	100000005	pPt-00005	DArT	GL 05	N.O.	79,87
1792	100027245	pPt-27245_s	SNP 31:T>C	GL 05	N.O.	80,21
1793	100024558	pPt-24558	DArT	GL 05	N.O.	81,28
1794	100021735	pPt-21735	DArT	GL 05	N.O.	84,32
1795	100021560	pPt-21560	DArT	GL 05	N.O.	84,60
1796	100019650	pPt-19650	DArT	GL 05	N.O.	85,64
1797	100003218	pPt-03218_s	SNP 21:G>C	GL 05	N.O.	86,44
1798	100002893	pPt-02893_s	SNP 9:A>C	GL 05	N.O.	86,65
1799	100001618	pPt-01618_s	SNP 22:C>T	GL 05	N.O.	86,97
1800	100017798	pPt-17798	DArT	GL 05	N.O.	87,11
1801	100021491	pPt-21491	DArT	GL 05	N.O.	87,23
1802	100019576	pPt-19576	DArT	GL 05	N.O.	87,45
1803	100025117	pPt-25117	DArT	GL 05	N.O.	87,58
1804	100019938	pPt-19938_s	SNP 16:C>G	GL 05	N.O.	87,61
1805	100018930	pPt-18930	DArT	GL 05	N.O.	87,62
1806	100020427	pPt-20427	DArT	GL 05	N.O.	87,75
1807	100021956	pPt-21956	DArT	GL 05	N.O.	87,84
1808	100016353	pPt-16353	DArT	GL 05	N.O.	87,96
1809	100020448	pPt-20448	DArT	GL 05	N.O.	87,96
1810	100020277	pPt-20277	DArT	GL 05	N.O.	88,00
1811	100018058	pPt-18058	DArT	GL 05	N.O.	88,04
1812	100020664	pPt-20664	DArT	GL 05	N.O.	88,07
1813	100015394	pPt-15394	DArT	GL 05	N.O.	88,09
1814	100027324	pPt-27324_s	SNP 65:C>G	GL 05	N.O.	88,22
1815	100022097	pPt-22097_s	SNP 35:G>A	GL 05	N.O.	88,27
1816	100024602	pPt-24602	DArT	GL 05	N.O.	88,35
1817	100018549	pPt-18549	DArT	GL 05	N.O.	88,49
1818	100017888	pPt-17888	DArT	GL 05	N.O.	88,55
1819	100017712	pPt-17712	DArT	GL 05	N.O.	88,58
1820	100000226	pPt-00226	DArT	GL 05	N.O.	88,66
1821	100020416	pPt-20416	DArT	GL 05	N.O.	88,88
1822	100028375	pPt-28375_s	SNP 14:G>A	GL 05	N.O.	89,27
1823	100023805	pPt-23805	DArT	GL 05	N.O.	89,77
1824	100023433	pPt-23433	DArT	GL 05	N.O.	90,19
1825	100021886	pPt-21886	DArT	GL 05	N.O.	91,52
1826	100026476	pPt-26476_s	SNP 35:T>C	GL 05	N.O.	93,66
1827	100028502	pPt-28502_s	SNP 38:A>C	GL 05	N.O.	94,66
1828	100021169	pPt-21169	DArT	GL 05	N.O.	99,64
1829	100018328	pPt-18328	DArT	GL 05	N.O.	100,29
1830	100026643	pPt-26643_s	SNP 24:C>G	GL 05	N.O.	102,17
1831	100024729	pPt-24729_s	SNP 54:G>T	GL 05	N.O.	102,69
1832	100018404	pPt-18404	DArT	GL 05	N.O.	103,92
1833	100026890	pPt-26890_s	SNP 13:G>C	GL 05	N.O.	104,68
1834	100019207	pPt-19207	DArT	GL 05	N.O.	106,68
1835	100020732	pPt-20732_s	SNP 44:G>A	GL 05	112,19	107,19
1836	100000123	pPt-00123	DArT	GL 05	N.O.	109,19
1837	100019703	pPt-19703	DArT	GL 05	114,86	109,20
1838	100027219	pPt-27219_s	SNP 5:G>C	GL 05	115,13	109,59
1839	100020854	pPt-20854	DArT	GL 05	116,06	110,27

1840	100019104	pPt-19104	DArT	GL 05	116,15	110,34
1841	100018643	pPt-18643	DArT	GL 05	116,15	110,41
1842	100024145	pPt-24145	DArT	GL 05	116,17	110,53
1843	100023827	pPt-23827	DArT	GL 05	115,86	111,24
1844	100023419	pPt-23419	DArT	GL 05	N.O.	111,24
1845	100021631	pPt-21631	DArT	GL 05	N.O.	111,45
1846	100023101	pPt-23101_s	SNP 65:C>A	GL 05	N.O.	111,80
1847	100003592	pPt-03592_s	SNP 39:G>C	GL 05	117,99	113,21
1848	100002586	pPt-02586_s	SNP 34:C>G	GL 05	118,97	113,45
1849	100022084	pPt-22084	DArT	GL 05	N.O.	113,78
1850	100002994	pPt-02994_s	SNP 51:T>C	GL 05	N.O.	114,19
1851	100003537	pPt-03537_s	SNP 54:T>C	GL 05	119,88	114,48
1852	100018350	pPt-18350	DArT	GL 05	121,49	115,92
1853	100017581	pPt-17581	DArT	GL 05	N.O.	116,50
1854	100027605	pPt-27605_s	SNP 36:T>A	GL 06	N.O.	-1,00
1855	100019647	pPt-19647_s	SNP 30:C>G	GL 06	N.O.	-0,70
<b>1856</b>	<b>PtTX4205</b>	<b>PtTX4205</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>N.O.</b>	<b>0,00</b>
1857	100001809	pPt-01809_s	SNP 61:T>C	GL 06	N.O.	0,32
1858	100024903	pPt-24903	DArT	GL 06	N.O.	0,57
1859	100024737	pPt-24737	DArT	GL 06	N.O.	0,74
1860	100016328	pPt-16328	DArT	GL 06	N.O.	0,91
1861	100024069	pPt-24069	DArT	GL 06	N.O.	0,92
1862	100019488	pPt-19488	DArT	GL 06	N.O.	0,93
1863	100003536	pPt-03536_s	SNP 58:A>C	GL 06	N.O.	1,16
<b>1864</b>	<b>PtTX2034</b>	<b>PtTX2034_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>N.O.</b>	<b>1,29</b>
1865	100000302	pPt-00302	DArT	GL 06	N.O.	1,42
1866	100013632	pPt-13632	DArT	GL 06	N.O.	1,57
<b>1867</b>	<b>PtRIP_0619</b>	<b>PtRIP_0619_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>N.O.</b>	<b>1,58</b>
1868	100025029	pPt-25029_s	SNP 23:G>C	GL 06	N.O.	1,69
1869	100015112	pPt-15112	DArT	GL 06	N.O.	1,79
1870	100022814	pPt-22814	DArT	GL 06	N.O.	1,79
1871	100000303	pPt-00303	DArT	GL 06	N.O.	1,83
1872	100015773	pPt-15773	DArT	GL 06	N.O.	1,83
1873	100021153	pPt-21153	DArT	GL 06	N.O.	1,90
1874	100000185	pPt-00185	DArT	GL 06	N.O.	1,96
1875	100020421	pPt-20421	DArT	GL 06	N.O.	2,04
1876	100023198	pPt-23198	DArT	GL 06	N.O.	2,14
1877	100003134	pPt-03134_s	SNP 62:A>C	GL 06	N.O.	2,39
1878	100019193	pPt-19193	DArT	GL 06	N.O.	2,57
1879	100003830	pPt-03830_s	SNP 15:C>T	GL 06	N.O.	2,76
1880	100028259	pPt-28259_s	SNP 51:A>C	GL 06	0,00	3,87
1881	100020509	pPt-20509	DArT	GL 06	N.O.	3,96
1882	100018792	pPt-18792	DArT	GL 06	N.O.	4,08
1883	100024074	pPt-24074	DArT	GL 06	0,63	4,10
1884	100023611	pPt-23611	DArT	GL 06	1,83	4,60
1885	100024913	pPt-24913_s	SNP 30:C>T	GL 06	2,78	4,97
1886	100021373	pPt-21373	DArT	GL 06	4,81	5,08
1887	100019154	pPt-19154	DArT	GL 06	3,27	5,30
1888	100000538	pPt-00538	DArT	GL 06	5,77	5,52
1889	100017645	pPt-17645	DArT	GL 06	4,75	5,64
1890	100020484	pPt-20484	DArT	GL 06	N.O.	6,22
1891	100019608	pPt-19608	DArT	GL 06	N.O.	6,37
1892	100021270	pPt-21270	DArT	GL 06	4,61	7,77
<b>1893</b>	<b>PtTX3091</b>	<b>PtTX3091_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>4,70</b>	<b>8,01</b>
1894	100022746	pPt-22746	DArT	GL 06	N.O.	8,41
1895	100017904	pPt-17904	DArT	GL 06	4,74	8,50
1896	100002167	pPt-02167_s	SNP 10:T>C	GL 06	N.O.	8,63
1897	100002666	pPt-02666_s	SNP 27:T>A	GL 06	N.O.	8,75

1898	100018774	pPt-18774	DArT	GL 06	4,72	9,14
1899	100000786	pPt-00786_s	SNP 46:G>A	GL 06	8,29	9,38
1900	100017071	pPt-17071	DArT	GL 06	N.O.	9,56
1901	100026756	pPt-26756_s	SNP 32:C>G	GL 06	N.O.	9,76
1902	100027125	pPt-27125_s	SNP 62:G>A	GL 06	N.O.	10,18
1903	100030095	pPt-30095_s	SNP 12:A>G	GL 06	N.O.	11,13
1904	100003268	pPt-03268_s	SNP 10:T>A	GL 06	N.O.	11,30
1905	100000132	pPt-00132	DArT	GL 06	N.O.	11,58
1906	100022943	pPt-22943	DArT	GL 06	N.O.	11,73
1907	100021047	pPt-21047	DArT	GL 06	N.O.	11,98
1908	100020783	pPt-20783	DArT	GL 06	N.O.	12,09
1909	100023122	pPt-23122	DArT	GL 06	N.O.	12,17
1910	100000481	pPt-00481	DArT	GL 06	N.O.	12,41
1911	100000156	pPt-00156	DArT	GL 06	N.O.	12,61
1912	100026193	pPt-26193_s	SNP 17:G>C	GL 06	N.O.	12,73
1913	100023218	pPt-23218	DArT	GL 06	N.O.	12,82
1914	100003816	pPt-03816_s	SNP 54:T>C	GL 06	N.O.	12,96
1915	100029825	pPt-29825_s	SNP 10:T>C	GL 06	11,76	13,05
1916	100004301	pPt-04301_s	SNP 44:A>G	GL 06	N.O.	13,17
1917	100020833	pPt-20833	DArT	GL 06	N.O.	13,40
1918	100017273	pPt-17273	DArT	GL 06	N.O.	13,58
1919	100016701	pPt-16701	DArT	GL 06	N.O.	13,68
1920	100017663	pPt-17663	DArT	GL 06	N.O.	13,68
1921	100022988	pPt-22988	DArT	GL 06	N.O.	13,80
1922	100024439	pPt-24439	DArT	GL 06	N.O.	14,01
1923	100019181	pPt-19181	DArT	GL 06	N.O.	14,27
1924	100020398	pPt-20398_s	SNP 5:A>G	GL 06	15,29	14,48
1925	100001736	pPt-01736_s	SNP 10:G>T	GL 06	N.O.	14,67
1926	100020493	pPt-20493	DArT	GL 06	N.O.	14,69
1927	100019936	pPt-19936	DArT	GL 06	N.O.	14,92
1928	100018672	pPt-18672	DArT	GL 06	N.O.	14,99
1929	100015805	pPt-15805	DArT	GL 06	N.O.	15,10
1930	100019736	pPt-19736	DArT	GL 06	N.O.	15,26
1931	100017238	pPt-17238	DArT	GL 06	N.O.	15,26
1932	100000352	pPt-00352	DArT	GL 06	N.O.	15,27
1933	100022501	pPt-22501	DArT	GL 06	N.O.	15,42
1934	100020101	pPt-20101	DArT	GL 06	N.O.	16,73
1935	100023651	pPt-23651	DArT	GL 06	N.O.	17,99
1936	100029816	pPt-29816_s	SNP 41:T>C	GL 06	N.O.	18,11
1937	100029020	pPt-29020_s	SNP 41:T>A	GL 06	N.O.	18,34
1938	100016722	pPt-16722	DArT	GL 06	N.O.	18,37
1939	100022976	pPt-22976	DArT	GL 06	N.O.	18,43
1940	100018848	pPt-18848	DArT	GL 06	N.O.	18,48
1941	100023219	pPt-23219	DArT	GL 06	N.O.	18,60
1942	100027757	pPt-27757_s	SNP 41:C>G	GL 06	N.O.	18,73
1943	100021615	pPt-21615	DArT	GL 06	N.O.	18,85
1944	100020951	pPt-20951	DArT	GL 06	N.O.	18,97
1945	100024520	pPt-24520	DArT	GL 06	N.O.	19,04
1946	100021265	pPt-21265	DArT	GL 06	N.O.	19,39
1947	100023054	pPt-23054_s	SNP 19:A>G	GL 06	N.O.	19,83
1948	100003131	pPt-03131_s	SNP 67:G>C	GL 06	N.O.	20,12
1949	100026907	pPt-26907_s	SNP 57:A>G	GL 06	N.O.	20,23
1950	100020646	pPt-20646	DArT	GL 06	N.O.	20,24
1951	100001998	pPt-01998_s	SNP 24:T>C	GL 06	N.O.	20,30
1952	100023335	pPt-23335	DArT	GL 06	N.O.	20,33
1953	100001726	pPt-01726_s	SNP 24:T>A	GL 06	N.O.	20,38
1954	100023045	pPt-23045	DArT	GL 06	N.O.	20,47
1955	100024319	pPt-24319	DArT	GL 06	N.O.	20,61

1956	100023121	pPt-23121	DArT	GL 06	N.O.	21,37
1957	100018332	pPt-18332	DArT	GL 06	N.O.	21,53
1958	100019034	pPt-19034	DArT	GL 06	N.O.	21,66
1959	100023659	pPt-23659_s	SNP 58:G>T	GL 06	N.O.	22,00
1960	100017709	pPt-17709	DArT	GL 06	N.O.	22,58
1961	100018324	pPt-18324	DArT	GL 06	N.O.	22,62
1962	100029117	pPt-29117_s	SNP 65:A>G	GL 06	N.O.	22,64
1963	100023152	pPt-23152	DArT	GL 06	N.O.	22,66
1964	100017940	pPt-17940	DArT	GL 06	N.O.	22,68
1965	100024026	pPt-24026_s	SNP 60:A>T	GL 06	N.O.	22,75
1966	100025071	pPt-25071	DArT	GL 06	N.O.	22,84
1967	100024495	pPt-24495	DArT	GL 06	N.O.	23,09
1968	100015116	pPt-15116	DArT	GL 06	N.O.	23,35
1969	100020130	pPt-20130_s	SNP 38:T>G	GL 06	N.O.	23,40
<b>1970</b>	<b>PtRIP_0629</b>	<b>PtRIP_0629_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>N.O.</b>	<b>23,46</b>
1971	100023413	pPt-23413	DArT	GL 06	N.O.	23,48
1972	100021784	pPt-21784	DArT	GL 06	N.O.	23,87
1973	100020843	pPt-20843	DArT	GL 06	N.O.	24,00
1974	100025148	pPt-25148_s	SNP 33:T>C	GL 06	N.O.	24,30
1975	100019844	pPt-19844	DArT	GL 06	N.O.	24,38
1976	100035698	pPt-35698	DArT	GL 06	N.O.	24,44
1977	100025537	pPt-25537	DArT	GL 06	N.O.	24,51
1978	100001008	pPt-01008_s	SNP 30:T>G	GL 06	N.O.	24,53
1979	100023826	pPt-23826	DArT	GL 06	N.O.	24,63
1980	100017512	pPt-17512	DArT	GL 06	N.O.	24,73
1981	100023650	pPt-23650	DArT	GL 06	N.O.	24,77
1982	100023950	pPt-23950	DArT	GL 06	N.O.	24,88
1983	100021943	pPt-21943	DArT	GL 06	N.O.	25,07
1984	100015206	pPt-15206	DArT	GL 06	N.O.	25,11
1985	100018902	pPt-18902_s	SNP 53:G>T	GL 06	N.O.	25,17
1986	100019444	pPt-19444	DArT	GL 06	N.O.	25,22
1987	100019027	pPt-19027	DArT	GL 06	N.O.	25,37
1988	100018979	pPt-18979	DArT	GL 06	N.O.	25,49
1989	100030244	pPt-30244_s	SNP 24:A>G	GL 06	25,08	25,63
1990	100015775	pPt-15775	DArT	GL 06	N.O.	25,69
1991	100027306	pPt-27306_s	SNP 22:T>C	GL 06	N.O.	25,81
1992	100000187	pPt-00187	DArT	GL 06	N.O.	25,90
1993	100024494	pPt-24494	DArT	GL 06	N.O.	26,01
1994	100016601	pPt-16601	DArT	GL 06	N.O.	26,27
1995	100003903	pPt-03903_s	SNP 52:C>G	GL 06	N.O.	26,37
1996	100023262	pPt-23262	DArT	GL 06	N.O.	26,72
1997	100023375	pPt-23375	DArT	GL 06	N.O.	27,10
1998	100000464	pPt-00464	DArT	GL 06	N.O.	27,19
1999	100017113	pPt-17113	DArT	GL 06	N.O.	27,22
2000	100007360	pPt-07360	DArT	GL 06	N.O.	27,29
2001	100022832	pPt-22832	DArT	GL 06	N.O.	27,42
2002	100019742	pPt-19742	DArT	GL 06	N.O.	27,53
2003	100018398	pPt-18398	DArT	GL 06	N.O.	27,58
2004	100001223	pPt-01223_s	SNP 50:T>C	GL 06	N.O.	27,73
2005	100019094	pPt-19094	DArT	GL 06	N.O.	28,23
2006	100001571	pPt-01571_s	SNP 50:T>G	GL 06	N.O.	28,23
2007	100022016	pPt-22016	DArT	GL 06	N.O.	28,46
2008	100019384	pPt-19384	DArT	GL 06	N.O.	28,72
2009	100022382	pPt-22382	DArT	GL 06	N.O.	29,08
2010	100025935	pPt-25935	DArT	GL 06	N.O.	29,08
2011	100019432	pPt-19432	DArT	GL 06	N.O.	29,18
2012	100023759	pPt-23759	DArT	GL 06	N.O.	29,28
2013	100022866	pPt-22866	DArT	GL 06	N.O.	29,35

2014	100018073	pPt-18073	DArT	GL 06	N.O.	29,35
2015	100023908	pPt-23908	DArT	GL 06	N.O.	29,39
2016	100024239	pPt-24239	DArT	GL 06	N.O.	29,46
2017	100021534	pPt-21534	DArT	GL 06	N.O.	29,47
2018	100024140	pPt-24140_s	SNP 58:G>A	GL 06	N.O.	29,57
2019	100019878	pPt-19878	DArT	GL 06	N.O.	29,76
2020	100022933	pPt-22933	DArT	GL 06	N.O.	29,78
2021	100013569	pPt-13569	DArT	GL 06	N.O.	29,82
2022	100026306	pPt-26306_s	SNP 48:C>T	GL 06	N.O.	29,98
2023	100019128	pPt-19128	DArT	GL 06	N.O.	30,06
2024	100016889	pPt-16889	DArT	GL 06	N.O.	30,46
2025	100021493	pPt-21493	DArT	GL 06	N.O.	30,66
2026	100019359	pPt-19359	DArT	GL 06	N.O.	30,67
2027	100019800	pPt-19800	DArT	GL 06	N.O.	30,70
2028	100026195	pPt-26195	DArT	GL 06	N.O.	30,78
2029	100016735	pPt-16735	DArT	GL 06	N.O.	30,85
2030	100022929	pPt-22929	DArT	GL 06	N.O.	31,05
2031	100000146	pPt-00146	DArT	GL 06	N.O.	31,08
2032	100024216	pPt-24216_s	SNP 28:T>G	GL 06	N.O.	31,32
2033	100023539	pPt-23539	DArT	GL 06	N.O.	31,70
2034	100020418	pPt-20418	DArT	GL 06	36,70	31,75
2035	100015857	pPt-15857	DArT	GL 06	38,72	32,45
2036	100030389	pPt-30389_s	SNP 41:A>T	GL 06	N.O.	32,55
2037	100027399	pPt-27399	DArT	GL 06	38,24	32,74
2038	100035688	pPt-35688	DArT	GL 06	N.O.	32,95
2039	100023685	pPt-23685	DArT	GL 06	N.O.	32,99
2040	100022793	pPt-22793	DArT	GL 06	38,51	33,06
2041	100016733	pPt-16733	DArT	GL 06	N.O.	33,07
2042	100023206	pPt-23206	DArT	GL 06	N.O.	33,17
2043	100023545	pPt-23545	DArT	GL 06	39,57	33,27
2044	100024423	pPt-24423	DArT	GL 06	N.O.	33,38
2045	100021970	pPt-21970	DArT	GL 06	N.O.	33,40
2046	100022112	pPt-22112	DArT	GL 06	N.O.	33,51
2047	100020863	pPt-20863	DArT	GL 06	39,45	33,58
2048	100023532	pPt-23532	DArT	GL 06	39,55	33,61
2049	100018200	pPt-18200	DArT	GL 06	N.O.	33,85
2050	100020558	pPt-20558_s	SNP 53:T>C	GL 06	N.O.	34,05
2051	100027366	pPt-27366_s	SNP 53:A>T	GL 06	41,14	34,14
2052	100003302	pPt-03302_s	SNP 61:C>G	GL 06	39,20	34,44
2053	100001952	pPt-01952_s	SNP 54:G>A	GL 06	N.O.	34,65
2054	100021972	pPt-21972	DArT	GL 06	40,80	34,86
<b>2055</b>	<b>PtRIP_0567</b>	<b>PtRIP_0567</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>40,51</b>	<b>35,05</b>
2056	100019675	pPt-19675	DArT	GL 06	N.O.	35,66
2057	100028825	pPt-28825_s	SNP 44:A>T	GL 06	N.O.	36,04
2058	100023314	pPt-23314	DArT	GL 06	N.O.	36,84
2059	100019201	pPt-19201	DArT	GL 06	N.O.	36,97
2060	100023843	pPt-23843	DArT	GL 06	N.O.	37,05
2061	100029333	pPt-29333_s	SNP 39:T>C	GL 06	35,42	37,58
<b>2062</b>	<b>PtRIP_0619</b>	<b>PtRIP_0619_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>46,31</b>	<b>39,91</b>
2063	100023690	pPt-23690	DArT	GL 06	45,32	45,91
2064	100022674	pPt-22674	DArT	GL 06	46,34	46,27
2065	100023514	pPt-23514	DArT	GL 06	46,48	46,31
2066	100022018	pPt-22018	DArT	GL 06	46,31	46,44
2067	100028270	pPt-28270_s	SNP 13:G>A	GL 06	45,94	46,89
2068	100023743	pPt-23743_s	SNP 35:T>A	GL 06	44,91	47,81
2069	100026153	pPt-26153_s	SNP 36:C>T	GL 06	47,75	48,73
2070	100023142	pPt-23142	DArT	GL 06	48,60	49,29
2071	100028273	pPt-28273_s	SNP 33:A>T	GL 06	48,77	49,44



2072	100023037	pPt-23037_s	SNP 45:G>C	GL 06	49,01	49,69
2073	100000966	pPt-00966_s	SNP 32:G>T	GL 06	49,17	49,86
2074	100023509	pPt-23509_s	SNP 22:C>G	GL 06	49,46	50,07
2075	100000215	pPt-00215	DArT	GL 06	50,01	50,72
2076	100017030	pPt-17030	DArT	GL 06	50,61	51,19
2077	100019215	pPt-19215	DArT	GL 06	50,85	51,28
<b>2078</b>	<b>PtTX3125</b>	<b>PtTX3125_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 06</b>	<b>50,77</b>	<b>51,51</b>
2079	100017653	pPt-17653	DArT	GL 06	52,34	52,94
2080	100025346	pPt-25346_s	SNP 34:T>C	GL 06	52,22	53,19
2081	100002784	pPt-02784_s	SNP 65:A>G	GL 06	53,62	53,91
2082	100017008	pPt-17008	DArT	GL 06	53,28	53,92
2083	100021110	pPt-21110_s	SNP 53:G>T	GL 06	53,70	54,50
2084	100027192	pPt-27192_s	SNP 26:G>T	GL 06	54,05	54,93
2085	100002375	pPt-02375_s	SNP 52:T>C	GL 06	54,63	55,62
2086	100015901	pPt-15901_s	SNP 13:T>G	GL 06	57,38	58,09
2087	100017233	pPt-17233	DArT	GL 06	60,10	60,91
2088	100025344	pPt-25344	DArT	GL 06	61,47	62,34
2089	100000452	pPt-00452	DArT	GL 06	61,45	62,38
2090	100018454	pPt-18454	DArT	GL 06	61,85	62,69
2091	100022616	pPt-22616	DArT	GL 06	61,99	62,90
2092	100026972	pPt-26972_s	SNP 16:G>C	GL 06	63,41	64,32
2093	100018640	pPt-18640_s	SNP 23:A>C	GL 06	64,72	65,66
2094	100021907	pPt-21907	DArT	GL 06	65,91	66,79
2095	100020882	pPt-20882	DArT	GL 06	66,11	67,02
2096	100020005	pPt-20005	DArT	GL 06	66,35	67,30
2097	100018247	pPt-18247	DArT	GL 06	66,81	67,66
2098	100026641	pPt-26641_s	SNP 25:C>A	GL 06	67,00	67,90
2099	100023481	pPt-23481_s	SNP 37:C>T	GL 06	67,46	68,36
2100	100024065	pPt-24065_s	SNP 24:G>T	GL 06	67,98	68,88
2101	100025826	pPt-25826_s	SNP 37:A>T	GL 06	68,31	69,59
2102	100024024	pPt-24024	DArT	GL 06	71,42	71,70
2103	100016988	pPt-16988	DArT	GL 06	70,81	71,93
2104	100026063	pPt-26063_s	SNP 5:C>T	GL 06	71,97	72,65
2105	100024628	pPt-24628_s	SNP 64:T>C	GL 07	0,00	N.O.
2106	100017730	pPt-17730	DArT	GL 07	1,28	N.O.
2107	100016336	pPt-16336	DArT	GL 07	1,95	N.O.
2108	100022797	pPt-22797	DArT	GL 07	2,33	N.O.
2109	100029844	pPt-29844_s	SNP 17:G>T	GL 07	2,82	N.O.
2110	100020871	pPt-20871	DArT	GL 07	3,01	N.O.
2111	100002877	pPt-02877_s	SNP 40:T>C	GL 07	3,20	N.O.
2112	100024050	pPt-24050	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2113	100029774	pPt-29774_s	SNP 67:G>T	GL 07	4,32	N.O.
2114	100000305	pPt-00305	DArT	GL 07	6,64	N.O.
2115	100022122	pPt-22122	DArT	GL 07	8,23	N.O.
2116	100021468	pPt-21468	DArT	GL 07	8,29	N.O.
2117	100028058	pPt-28058_s	SNP 48:C>T	GL 07	9,33	N.O.
2118	100017848	pPt-17848	DArT	GL 07	9,59	N.O.
2119	100016527	pPt-16527	DArT	GL 07	9,82	N.O.
2120	100003557	pPt-03557_s	SNP 66:T>A	GL 07	10,11	N.O.
2121	100017726	pPt-17726	DArT	GL 07	10,55	N.O.
2122	100022410	pPt-22410_s	SNP 50:A>G	GL 07	12,43	N.O.
2123	100001720	pPt-01720_s	SNP 23:T>C	GL 07	14,11	N.O.
2124	100018231	pPt-18231	DArT	GL 07	14,76	N.O.
2125	100021127	pPt-21127	DArT	GL 07	14,65	N.O.
2126	100003606	pPt-03606_s	SNP 7:T>G	GL 07	14,72	N.O.
2127	100020056	pPt-20056	DArT	GL 07	14,95	N.O.
2128	100023183	pPt-23183_s	SNP 36:C>T	GL 07	15,95	N.O.
2129	100002667	pPt-02667_s	SNP 34:A>C	GL 07	15,78	N.O.

2130	100016623	pPt-16623	DArT	GL 07	16,09	N.O.
2131	100023771	pPt-23771_s	SNP 41:T>G	GL 07	16,47	N.O.
2132	100024156	pPt-24156	DArT	GL 07	16,69	N.O.
2133	100028911	pPt-28911_s	SNP 66:T>C	GL 07	17,04	N.O.
2134	100000212	pPt-00212	DArT	GL 07	16,86	N.O.
2135	100022103	pPt-22103	DArT	GL 07	17,10	N.O.
2136	100020870	pPt-20870	DArT	GL 07	17,27	N.O.
2137	100023547	pPt-23547	DArT	GL 07	17,29	N.O.
2138	100022388	pPt-22388	DArT	GL 07	17,34	N.O.
2139	100018957	pPt-18957	DArT	GL 07	17,40	N.O.
2140	100030231	pPt-30231_s	SNP 68:T>C	GL 07	18,00	N.O.
2141	100020577	pPt-20577	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2142	100020351	pPt-20351	DArT	GL 07	18,74	N.O.
2143	100021629	pPt-21629	DArT	GL 07	18,67	N.O.
2144	100028201	pPt-28201_s	SNP 57:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2145	100024008	pPt-24008_s	SNP 10:C>A	GL 07	22,93	N.O.
2146	100022041	pPt-22041	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
<b>2147</b>	<b>PtTX4090</b>	<b>PtTX4090</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
<b>2148</b>	<b>PtTX3043</b>	<b>PtTX3043_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>27,42</b>	<b>N.O.</b>
2149	100024819	pPt-24819_s	SNP 48:T>G	GL 07	30,19	N.O.
2150	100019539	pPt-19539	DArT	GL 07	31,26	N.O.
2151	100001587	pPt-01587_s	SNP 46:C>G	GL 07	33,06	N.O.
2152	100025440	pPt-25440_s	SNP 27:G>A	GL 07	33,71	N.O.
2153	100024672	pPt-24672	DArT	GL 07	34,22	N.O.
2154	100018139	pPt-18139_s	SNP 11:C>G	GL 07	34,33	N.O.
2155	100018914	pPt-18914	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2156	100021921	pPt-21921	DArT	GL 07	34,49	N.O.
2157	100000229	pPt-00229	DArT	GL 07	34,56	N.O.
2158	100021649	pPt-21649	DArT	GL 07	34,81	N.O.
2159	100000029	pPt-00029	DArT	GL 07	34,89	N.O.
2160	100022850	pPt-22850	DArT	GL 07	35,47	N.O.
2161	100003052	pPt-03052_s	SNP 55:C>G	GL 07	35,32	N.O.
2162	100022313	pPt-22313	DArT	GL 07	35,21	N.O.
2163	100024427	pPt-24427	DArT	GL 07	35,27	N.O.
2164	100015091	pPt-15091	DArT	GL 07	35,38	N.O.
2165	100017676	pPt-17676	DArT	GL 07	35,37	N.O.
2166	100019718	pPt-19718_s	SNP 33:G>T	GL 07	35,37	N.O.
2167	100024463	pPt-24463	DArT	GL 07	35,37	N.O.
2168	100017040	pPt-17040	DArT	GL 07	35,38	N.O.
2169	100035763	pPt-35763	DArT	GL 07	35,38	N.O.
2170	100022974	pPt-22974	DArT	GL 07	35,40	N.O.
2171	100022494	pPt-22494	DArT	GL 07	35,43	N.O.
2172	100035683	pPt-35683	DArT	GL 07	35,44	N.O.
2173	100023394	pPt-23394	DArT	GL 07	35,45	N.O.
2174	100026008	pPt-26008_s	SNP 27:A>C	GL 07	35,47	N.O.
2175	100020669	pPt-20669	DArT	GL 07	35,61	N.O.
2176	100001324	pPt-01324_s	SNP 17:T>G	GL 07	35,74	N.O.
2177	100035655	pPt-35655	DArT	GL 07	35,89	N.O.
2178	100000171	pPt-00171	DArT	GL 07	36,27	N.O.
2179	100035671	pPt-35671	DArT	GL 07	36,23	N.O.
2180	100019602	pPt-19602	DArT	GL 07	36,25	N.O.
2181	100019676	pPt-19676	DArT	GL 07	36,27	N.O.
2182	100020428	pPt-20428	DArT	GL 07	36,56	N.O.
2183	100020492	pPt-20492	DArT	GL 07	36,70	N.O.
2184	100035696	pPt-35696	DArT	GL 07	36,87	N.O.
2185	100017727	pPt-17727	DArT	GL 07	37,04	N.O.
2186	100021867	pPt-21867	DArT	GL 07	37,18	N.O.
2187	100025510	pPt-25510_s	SNP 23:C>T	GL 07	37,64	N.O.

2188	100017412	pPt-17412	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2189	100019807	pPt-19807_s	SNP 40:C>T	GL 07	N.O.	N.O.
2190	100009139	pPt-09139	DArT	GL 07	52,36	N.O.
2191	100020785	pPt-20785	DArT	GL 07	55,61	N.O.
<b>2192</b>	<b>PtTX3089</b>	<b>PtTX3089_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>56,65</b>	<b>N.O.</b>
2193	100020650	pPt-20650	DArT	GL 07	56,95	N.O.
2194	100020617	pPt-20617	DArT	GL 07	57,41	N.O.
2195	100021031	pPt-21031	DArT	GL 07	58,08	N.O.
<b>2196</b>	<b>PtTX4056</b>	<b>PtTX4056</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2197	100023574	pPt-23574	DArT	GL 07	58,26	N.O.
2198	100018899	pPt-18899	DArT	GL 07	58,40	N.O.
<b>2199</b>	<b>PtTX4112</b>	<b>PtTX4112</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>58,58</b>	<b>N.O.</b>
2200	100016700	pPt-16700	DArT	GL 07	58,76	N.O.
2201	100000259	pPt-00259	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2202	100022055	pPt-22055	DArT	GL 07	59,14	N.O.
2203	100019372	pPt-19372	DArT	GL 07	59,22	N.O.
2204	100022448	pPt-22448	DArT	GL 07	59,18	N.O.
2205	100020934	pPt-20934	DArT	GL 07	59,16	N.O.
2206	100023063	pPt-23063_s	SNP 36:G>C	GL 07	60,08	N.O.
<b>2207</b>	<b>PtRIP_0066</b>	<b>PtRIP_0066</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
<b>2208</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
<b>2209</b>	<b>PtTX3127</b>	<b>PtTX3127_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>66,75</b>	<b>N.O.</b>
2210	100023344	pPt-23344	DArT	GL 07	75,46	N.O.
2211	100025466	pPt-25466	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2212	100018892	pPt-18892	DArT	GL 07	75,98	N.O.
2213	100020393	pPt-20393	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2214	100023715	pPt-23715	DArT	GL 07	76,23	N.O.
2215	100025154	pPt-25154	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2216	100019174	pPt-19174_s	SNP 53:T>G	GL 07	76,76	N.O.
2217	100022212	pPt-22212	DArT	GL 07	77,51	N.O.
2218	100029849	pPt-29849_s	SNP 33:G>T	GL 07	77,42	N.O.
2219	100023224	pPt-23224	DArT	GL 07	77,58	N.O.
2220	100029683	pPt-29683_s	SNP 38:A>G	GL 07	77,35	N.O.
2221	100022887	pPt-22887	DArT	GL 07	77,70	N.O.
2222	100030889	pPt-30889_s	SNP 46:C>T	GL 07	77,67	N.O.
2223	100020625	pPt-20625	DArT	GL 07	77,90	N.O.
2224	100017944	pPt-17944	DArT	GL 07	78,15	N.O.
2225	100029784	pPt-29784_s	SNP 32:A>G	GL 07	78,36	N.O.
2226	100024593	pPt-24593	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2227	100017283	pPt-17283	DArT	GL 07	78,49	N.O.
2228	100029481	pPt-29481_s	SNP 53:T>C	GL 07	78,73	N.O.
2229	100028565	pPt-28565_s	SNP 6:A>T	GL 07	78,98	N.O.
2230	100020992	pPt-20992	DArT	GL 07	79,14	N.O.
<b>2231</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_L</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2232	100018382	pPt-18382	DArT	GL 07	79,95	N.O.
2233	100024073	pPt-24073	DArT	GL 07	79,96	N.O.
2234	100007311	pPt-07311	DArT	GL 07	80,03	N.O.
2235	100023853	pPt-23853	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2236	100023893	pPt-23893	DArT	GL 07	80,08	N.O.
2237	100018101	pPt-18101	DArT	GL 07	80,50	N.O.
2238	100000106	pPt-00106	DArT	GL 07	80,42	N.O.
2239	100022858	pPt-22858	DArT	GL 07	81,01	N.O.
2240	100023105	pPt-23105	DArT	GL 07	81,22	N.O.
2241	100000337	pPt-00337	DArT	GL 07	81,66	N.O.
2242	100017836	pPt-17836	DArT	GL 07	82,14	N.O.
2243	100020942	pPt-20942	DArT	GL 07	82,81	N.O.
2244	100018714	pPt-18714	DArT	GL 07	85,27	N.O.
2245	100023197	pPt-23197	DArT	GL 07	86,22	N.O.

2246	100018617	pPt-18617	DArT	GL 07	86,61	N.O.
2247	100018540	pPt-18540	DArT	GL 07	86,64	N.O.
2248	100021826	pPt-21826	DArT	GL 07	86,81	N.O.
2249	100017324	pPt-17324	DArT	GL 07	86,82	N.O.
2250	100003389	pPt-03389_s	SNP 21:C>G	GL 07	88,05	N.O.
2251	100022082	pPt-22082	DArT	GL 07	88,58	N.O.
2252	100019054	pPt-19054	DArT	GL 07	88,87	N.O.
2253	100019037	pPt-19037	DArT	GL 07	88,93	N.O.
2254	100026765	pPt-26765	DArT	GL 07	88,97	N.O.
2255	100020295	pPt-20295	DArT	GL 07	88,99	N.O.
2256	100024483	pPt-24483	DArT	GL 07	90,17	N.O.
2257	100006142	pPt-06142	DArT	GL 07	90,68	N.O.
2258	100027003	pPt-27003_s	SNP 41:G>T	GL 07	92,85	N.O.
2259	100017224	pPt-17224	DArT	GL 07	92,65	N.O.
2260	100002526	pPt-02526_s	SNP 45:A>G	GL 07	95,18	N.O.
2261	100015862	pPt-15862	DArT	GL 07	94,97	N.O.
2262	100013662	pPt-13662	DArT	GL 07	99,00	N.O.
2263	100018519	pPt-18519	DArT	GL 07	99,08	N.O.
2264	100020350	pPt-20350	DArT	GL 07	99,08	N.O.
2265	100013656	pPt-13656	DArT	GL 07	98,94	N.O.
2266	100015382	pPt-15382	DArT	GL 07	99,16	N.O.
2267	100013663	pPt-13663	DArT	GL 07	99,29	N.O.
2268	100019905	pPt-19905	DArT	GL 07	100,14	N.O.
<b>2269</b>	<b>PtTX4183</b>	<b>PtTX4183_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 07</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2270	100021319	pPt-21319	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2271	100000031	pPt-00031	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2272	100022579	pPt-22579	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2273	100019702	pPt-19702_s	SNP 62:C>G	GL 07	115,37	N.O.
2274	100002882	pPt-02882_s	SNP 12:A>G	GL 07	116,23	N.O.
2275	100023647	pPt-23647	DArT	GL 07	116,89	N.O.
2276	100024323	pPt-24323	DArT	GL 07	116,93	N.O.
2277	100022353	pPt-22353	DArT	GL 07	116,91	N.O.
2278	100022206	pPt-22206	DArT	GL 07	116,88	N.O.
2279	100024754	pPt-24754	DArT	GL 07	116,93	N.O.
2280	100017803	pPt-17803	DArT	GL 07	117,09	N.O.
2281	100024486	pPt-24486	DArT	GL 07	117,03	N.O.
2282	100020171	pPt-20171	DArT	GL 07	116,88	N.O.
2283	100024980	pPt-24980	DArT	GL 07	117,43	N.O.
2284	100030365	pPt-30365_s	SNP 68:G>C	GL 07	117,64	N.O.
2285	100000058	pPt-00058	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2286	100000220	pPt-00220	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2287	100000255	pPt-00255	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2288	100000377	pPt-00377	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2289	100000412	pPt-00412	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2290	100000501	pPt-00501	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2291	100000873	pPt-00873_s	SNP 19:A>C	GL 07	N.O.	N.O.
2292	100001312	pPt-01312_s	SNP 60:G>T	GL 07	N.O.	N.O.
2293	100001504	pPt-01504_s	SNP 13:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2294	100001889	pPt-01889_s	SNP 25:G>C	GL 07	N.O.	N.O.
2295	100002383	pPt-02383_s	SNP 12:T>G	GL 07	N.O.	N.O.
2296	100002576	pPt-02576_s	SNP 57:T>A	GL 07	N.O.	N.O.
2297	100002809	pPt-02809_s	SNP 11:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2298	100004769	pPt-04769	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2299	100005373	pPt-05373	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2300	100013556	pPt-13556	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2301	100013574	pPt-13574	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2302	100013741	pPt-13741	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2303	100014804	pPt-14804	DArT	GL 07	N.O.	N.O.

2304	100015223	pPt-15223	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2305	100015591	pPt-15591	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2306	100016062	pPt-16062	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2307	100016192	pPt-16192	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2308	100016266	pPt-16266	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2309	100016305	pPt-16305	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2310	100016308	pPt-16308	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2311	100016394	pPt-16394	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2312	100016407	pPt-16407_s	SNP 57:A>C	GL 07	N.O.	N.O.
2313	100016551	pPt-16551	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2314	100016724	pPt-16724	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2315	100016911	pPt-16911	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2316	100016921	pPt-16921	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2317	100017060	pPt-17060	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2318	100017077	pPt-17077	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2319	100017120	pPt-17120	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2320	100017148	pPt-17148	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2321	100017215	pPt-17215	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2322	100017226	pPt-17226	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2323	100017269	pPt-17269	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2324	100017440	pPt-17440	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2325	100017463	pPt-17463	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2326	100017464	pPt-17464	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2327	100017530	pPt-17530	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2328	100017588	pPt-17588	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2329	100017677	pPt-17677	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2330	100017722	pPt-17722	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2331	100017742	pPt-17742	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2332	100017801	pPt-17801	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2333	100017952	pPt-17952	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2334	100017998	pPt-17998	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2335	100017999	pPt-17999_s	SNP 23:G>A	GL 07	N.O.	N.O.
2336	100018021	pPt-18021	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2337	100018062	pPt-18062	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2338	100018075	pPt-18075	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2339	100018161	pPt-18161	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2340	100018186	pPt-18186	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2341	100018209	pPt-18209_s	SNP 20:T>G	GL 07	N.O.	N.O.
2342	100018249	pPt-18249	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2343	100018293	pPt-18293	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2344	100018316	pPt-18316	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2345	100018334	pPt-18334	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2346	100018352	pPt-18352	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2347	100018412	pPt-18412	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2348	100018450	pPt-18450	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2349	100018466	pPt-18466	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2350	100018556	pPt-18556	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2351	100018723	pPt-18723	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2352	100018762	pPt-18762	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2353	100018895	pPt-18895	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2354	100019030	pPt-19030	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2355	100019086	pPt-19086	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2356	100019164	pPt-19164	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2357	100019232	pPt-19232	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2358	100019280	pPt-19280	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2359	100019345	pPt-19345	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2360	100019596	pPt-19596	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2361	100019656	pPt-19656	DArT	GL 07	N.O.	N.O.

2362	100019726	pPt-19726	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2363	100019787	pPt-19787	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2364	100019837	pPt-19837	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2365	100019845	pPt-19845	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2366	100019877	pPt-19877	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2367	100019966	pPt-19966	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2368	100019989	pPt-19989	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2369	100020006	pPt-20006	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2370	100020015	pPt-20015	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2371	100020111	pPt-20111	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2372	100020189	pPt-20189	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2373	100020322	pPt-20322	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2374	100020342	pPt-20342	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2375	100020357	pPt-20357	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2376	100020475	pPt-20475	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2377	100020485	pPt-20485	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2378	100020513	pPt-20513	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2379	100020594	pPt-20594	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2380	100020595	pPt-20595	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2381	100020684	pPt-20684	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2382	100020685	pPt-20685	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2383	100020716	pPt-20716	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2384	100020772	pPt-20772	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2385	100020788	pPt-20788	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2386	100020825	pPt-20825	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2387	100020837	pPt-20837	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2388	100020884	pPt-20884	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2389	100020946	pPt-20946	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2390	100020955	pPt-20955	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2391	100020963	pPt-20963	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2392	100021149	pPt-21149	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2393	100021162	pPt-21162	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2394	100021226	pPt-21226	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2395	100021279	pPt-21279	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2396	100021299	pPt-21299	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2397	100021553	pPt-21553	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2398	100021589	pPt-21589	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2399	100021802	pPt-21802	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2400	100021806	pPt-21806	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2401	100021935	pPt-21935	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2402	100021976	pPt-21976	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2403	100022177	pPt-22177_s	SNP 43:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2404	100022198	pPt-22198	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2405	100022199	pPt-22199	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2406	100022205	pPt-22205	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2407	100022234	pPt-22234	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2408	100022310	pPt-22310	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2409	100022315	pPt-22315	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2410	100022423	pPt-22423	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2411	100022495	pPt-22495	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2412	100022559	pPt-22559_s	SNP 25:C>A	GL 07	N.O.	N.O.
2413	100022628	pPt-22628	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2414	100022727	pPt-22727	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2415	100022731	pPt-22731_s	SNP 67:C>T	GL 07	N.O.	N.O.
2416	100022765	pPt-22765	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2417	100022885	pPt-22885	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2418	100022909	pPt-22909	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2419	100022912	pPt-22912	DArT	GL 07	N.O.	N.O.

2420	100022923	pPt-22923	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2421	100022935	pPt-22935	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2422	100022979	pPt-22979	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2423	100022982	pPt-22982_s	SNP 21:C>A	GL 07	N.O.	N.O.
2424	100023259	pPt-23259	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2425	100023337	pPt-23337	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2426	100023343	pPt-23343	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2427	100023385	pPt-23385_s	SNP 5:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2428	100023473	pPt-23473	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2429	100023557	pPt-23557	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2430	100023570	pPt-23570	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2431	100023609	pPt-23609_s	SNP 22:G>A	GL 07	N.O.	N.O.
2432	100023699	pPt-23699	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2433	100023708	pPt-23708	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2434	100023718	pPt-23718	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2435	100023744	pPt-23744_s	SNP 67:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2436	100023765	pPt-23765	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2437	100023768	pPt-23768	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2438	100023882	pPt-23882	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2439	100023948	pPt-23948	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2440	100023957	pPt-23957	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2441	100024104	pPt-24104	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2442	100024131	pPt-24131	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2443	100024136	pPt-24136	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2444	100024201	pPt-24201	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2445	100024202	pPt-24202	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2446	100024259	pPt-24259	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2447	100024297	pPt-24297_s	SNP 57:G>T	GL 07	N.O.	N.O.
2448	100024313	pPt-24313	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2449	100024332	pPt-24332	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2450	100024491	pPt-24491	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2451	100024492	pPt-24492	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2452	100024502	pPt-24502	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2453	100024514	pPt-24514	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2454	100024549	pPt-24549	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2455	100024612	pPt-24612	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2456	100024640	pPt-24640	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2457	100024713	pPt-24713	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2458	100024764	pPt-24764	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2459	100024779	pPt-24779	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2460	100024987	pPt-24987	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2461	100025001	pPt-25001_s	SNP 58:C>G	GL 07	N.O.	N.O.
2462	100025014	pPt-25014	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2463	100025051	pPt-25051_s	SNP 14:A>C	GL 07	N.O.	N.O.
2464	100025057	pPt-25057	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2465	100025157	pPt-25157	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2466	100025523	pPt-25523_s	SNP 61:C>T	GL 07	N.O.	N.O.
2467	100025805	pPt-25805_s	SNP 52:T>A	GL 07	N.O.	N.O.
2468	100025931	pPt-25931_s	SNP 9:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2469	100026434	pPt-26434_s	SNP 55:G>A	GL 07	N.O.	N.O.
2470	100026459	pPt-26459_s	SNP 44:C>G	GL 07	N.O.	N.O.
2471	100026561	pPt-26561_s	SNP 52:A>C	GL 07	N.O.	N.O.
2472	100026782	pPt-26782_s	SNP 39:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2473	100027002	pPt-27002_s	SNP 46:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2474	100027019	pPt-27019_s	SNP 67:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2475	100027040	pPt-27040_s	SNP 35:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2476	100027163	pPt-27163_s	SNP 51:T>A	GL 07	N.O.	N.O.
2477	100027314	pPt-27314	DArT	GL 07	N.O.	N.O.

2478	100027544	pPt-27544_s	SNP 50:C>T	GL 07	N.O.	N.O.
2479	100027558	pPt-27558_s	SNP 33:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2480	100027665	pPt-27665_s	SNP 45:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2481	100027932	pPt-27932_s	SNP 35:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2482	100028178	pPt-28178	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2483	100028229	pPt-28229_s	SNP 46:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2484	100028553	pPt-28553_s	SNP 18:A>T	GL 07	N.O.	N.O.
2485	100028706	pPt-28706_s	SNP 12:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2486	100029352	pPt-29352_s	SNP 67:C>G	GL 07	N.O.	N.O.
2487	100029846	pPt-29846_s	SNP 13:C>T	GL 07	N.O.	N.O.
2488	100030134	pPt-30134_s	SNP 27:A>G	GL 07	N.O.	N.O.
2489	100030191	pPt-30191_s	SNP 45:A>C	GL 07	N.O.	N.O.
2490	100030688	pPt-30688_s	SNP 51:T>C	GL 07	N.O.	N.O.
2491	100035690	pPt-35690	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2492	100035703	pPt-35703	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
2493	100035735	pPt-35735	DArT	GL 07	N.O.	N.O.
<b>2494</b>	<b>PtTX3114</b>	<b>PtTX3114</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2495	100025053	pPt-25053	DArT	GL 08	0,00	N.O.
2496	100002094	pPt-02094_s	SNP 44:G>A	GL 08	3,35	N.O.
<b>2497</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_O</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2498	100018599	pPt-18599	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2499	100019869	pPt-19869	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
<b>2500</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_D</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2501	100019261	pPt-19261	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2502	100024798	pPt-24798	DArT	GL 08	17,69	N.O.
2503	100022068	pPt-22068_s	SNP 41:C>A	GL 08	20,63	N.O.
2504	100024557	pPt-24557	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2505	100019457	pPt-19457	DArT	GL 08	21,19	N.O.
2506	100022038	pPt-22038	DArT	GL 08	21,58	N.O.
2507	100000261	pPt-00261	DArT	GL 08	21,50	N.O.
2508	100030226	pPt-30226_s	SNP 26:G>A	GL 08	22,66	N.O.
2509	100027504	pPt-27504_s	SNP 18:A>G	GL 08	22,86	N.O.
2510	100002253	pPt-02253	DArT	GL 08	23,06	N.O.
2511	100015923	pPt-15923	DArT	GL 08	23,56	N.O.
2512	100018721	pPt-18721	DArT	GL 08	24,65	N.O.
2513	100028164	pPt-28164_s	SNP 11:G>A	GL 08	23,83	N.O.
2514	100030506	pPt-30506_s	SNP 15:C>T	GL 08	24,86	N.O.
2515	100019040	pPt-19040	DArT	GL 08	24,01	N.O.
2516	100029390	pPt-29390_s	SNP 65:T>C	GL 08	24,63	N.O.
2517	100021120	pPt-21120	DArT	GL 08	24,37	N.O.
2518	100018130	pPt-18130	DArT	GL 08	24,16	N.O.
2519	100023478	pPt-23478	DArT	GL 08	24,63	N.O.
2520	100014831	pPt-14831	DArT	GL 08	24,49	N.O.
2521	100018731	pPt-18731	DArT	GL 08	24,51	N.O.
2522	100021227	pPt-21227	DArT	GL 08	24,49	N.O.
2523	100035740	pPt-35740	DArT	GL 08	24,49	N.O.
2524	100019476	pPt-19476	DArT	GL 08	24,49	N.O.
2525	100000250	pPt-00250	DArT	GL 08	24,99	N.O.
2526	100017380	pPt-17380	DArT	GL 08	24,45	N.O.
2527	100028213	pPt-28213	DArT	GL 08	24,59	N.O.
2528	100023346	pPt-23346	DArT	GL 08	24,34	N.O.
2529	100017916	pPt-17916	DArT	GL 08	24,37	N.O.
2530	100017928	pPt-17928	DArT	GL 08	24,36	N.O.
2531	100003142	pPt-03142_s	SNP 23:T>G	GL 08	24,48	N.O.
<b>2532</b>	<b>PtTX2128</b>	<b>PtTX2128</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>24,33</b>	<b>N.O.</b>
2533	100022308	pPt-22308	DArT	GL 08	25,07	N.O.
2534	100021890	pPt-21890	DArT	GL 08	25,69	N.O.
2535	100021887	pPt-21887_s	SNP 11:C>T	GL 08	26,73	N.O.



2536	100018783	pPt-18783	DArT	GL 08	26,98	N.O.
2537	100017444	pPt-17444	DArT	GL 08	27,55	N.O.
2538	100021067	pPt-21067_s	SNP 56:C>G	GL 08	31,85	N.O.
2539	100018104	pPt-18104	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2540	100023382	pPt-23382	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2541	100024355	pPt-24355_s	SNP 61:C>G	GL 08	32,50	N.O.
2542	100024521	pPt-24521	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2543	100020206	pPt-20206	DArT	GL 08	33,42	N.O.
2544	100035815	pPt-35815	DArT	GL 08	33,64	N.O.
2545	100003329	pPt-03329_s	SNP 47:T>A	GL 08	34,86	N.O.
<b>2546</b>	<b>PtTX3123</b>	<b>PtTX3123_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2547	100027953	pPt-27953_s	SNP 53:C>G	GL 08	N.O.	N.O.
2548	100021357	pPt-21357	DArT	GL 08	39,54	N.O.
2549	100025802	pPt-25802_s	SNP 22:C>A	GL 08	N.O.	N.O.
2550	100001869	pPt-01869_s	SNP 26:C>T	GL 08	N.O.	N.O.
<b>2551</b>	<b>PtRIP_0852</b>	<b>PtRIP_0852</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2552	100020770	pPt-20770	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2553	100020888	pPt-20888	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2554	100023749	pPt-23749	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2555	100025142	pPt-25142	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2556	100018401	pPt-18401	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2557	100024858	pPt-24858	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2558	100029345	pPt-29345_s	SNP 21:T>C	GL 08	57,15	N.O.
2559	100024042	pPt-24042	DArT	GL 08	66,33	N.O.
2560	100024607	pPt-24607	DArT	GL 08	66,02	N.O.
2561	100025082	pPt-25082_s	SNP 66:G>T	GL 08	63,97	N.O.
2562	100020563	pPt-20563	DArT	GL 08	64,40	N.O.
2563	100022027	pPt-22027	DArT	GL 08	65,92	N.O.
2564	100000266	pPt-00266	DArT	GL 08	66,02	N.O.
2565	100023760	pPt-23760	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2566	100023270	pPt-23270	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2567	100022461	pPt-22461	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2568	100003128	pPt-03128_s	SNP 49:A>G	GL 08	72,41	N.O.
2569	100019478	pPt-19478	DArT	GL 08	72,10	N.O.
2570	100022357	pPt-22357	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2571	100028307	pPt-28307_s	SNP 20:C>T	GL 08	72,04	N.O.
2572	100030155	pPt-30155_s	SNP 34:T>G	GL 08	N.O.	N.O.
2573	100019571	pPt-19571	DArT	GL 08	74,38	N.O.
<b>2574</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_G</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2575	100023001	pPt-23001	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2576	100023289	pPt-23289_s	SNP 50:C>T	GL 08	77,84	N.O.
2577	100000093	pPt-00093	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2578	100028912	pPt-28912_s	SNP 29:G>T	GL 08	81,80	N.O.
<b>2579</b>	<b>PtTX3034</b>	<b>PtTX3034</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 08</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
2580	100001818	pPt-01818_s	SNP 5:T>C	GL 08	87,96	N.O.
2581	100014980	pPt-14980	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2582	100026689	pPt-26689_s	SNP 21:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2583	100000287	pPt-00287	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2584	100016961	pPt-16961	DArT	GL 08	92,86	N.O.
2585	100018296	pPt-18296	DArT	GL 08	97,34	N.O.
2586	100023416	pPt-23416	DArT	GL 08	97,57	N.O.
2587	100023358	pPt-23358	DArT	GL 08	97,83	N.O.
2588	100016775	pPt-16775	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2589	100016979	pPt-16979	DArT	GL 08	103,35	N.O.
2590	100018194	pPt-18194	DArT	GL 08	103,66	N.O.
2591	100020945	pPt-20945	DArT	GL 08	103,77	N.O.
2592	100029018	pPt-29018_s	SNP 13:C>A	GL 08	103,84	N.O.
2593	100020521	pPt-20521	DArT	GL 08	103,81	N.O.

2594	100019512	pPt-19512	DArT	GL 08	104,13	N.O.
2595	100000016	pPt-00016	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2596	100000039	pPt-00039	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2597	100000045	pPt-00045	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2598	100000136	pPt-00136	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2599	100000172	pPt-00172	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2600	100000216	pPt-00216	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2601	100000231	pPt-00231	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2602	100000330	pPt-00330	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2603	100000367	pPt-00367	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2604	100000370	pPt-00370	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2605	100000371	pPt-00371	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2606	100000374	pPt-00374	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2607	100000414	pPt-00414	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2608	100000426	pPt-00426	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2609	100000473	pPt-00473	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2610	100000492	pPt-00492	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2611	100000520	pPt-00520	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2612	100001096	pPt-01096	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2613	100001200	pPt-01200_s	SNP 54:T>A	GL 08	N.O.	N.O.
2614	100001208	pPt-01208_s	SNP 16:C>A	GL 08	N.O.	N.O.
2615	100001211	pPt-01211_s	SNP 54:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2616	100001285	pPt-01285_s	SNP 44:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2617	100001419	pPt-01419_s	SNP 12:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2618	100001971	pPt-01971_s	SNP 46:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2619	100002157	pPt-02157	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2620	100002203	pPt-02203_s	SNP 67:C>G	GL 08	N.O.	N.O.
2621	100002402	pPt-02402_s	SNP 7:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2622	100002511	pPt-02511_s	SNP 60:G>C	GL 08	N.O.	N.O.
2623	100002572	pPt-02572_s	SNP 30:C>T	GL 08	N.O.	N.O.
2624	100002624	pPt-02624_s	SNP 48:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2625	100002661	pPt-02661_s	SNP 52:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2626	100002718	pPt-02718_s	SNP 19:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2627	100002794	pPt-02794_s	SNP 36:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2628	100002811	pPt-02811_s	SNP 50:T>G	GL 08	N.O.	N.O.
2629	100002878	pPt-02878_s	SNP 63:A>C	GL 08	N.O.	N.O.
2630	100003237	pPt-03237_s	SNP 12:C>A	GL 08	N.O.	N.O.
2631	100003535	pPt-03535_s	SNP 53:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2632	100003767	pPt-03767_s	SNP 11:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2633	100003786	pPt-03786_s	SNP 67:C>T	GL 08	N.O.	N.O.
2634	100003944	pPt-03944_s	SNP 21:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2635	100005650	pPt-05650	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2636	100007174	pPt-07174	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2637	100013669	pPt-13669	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2638	100014937	pPt-14937	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2639	100015832	pPt-15832	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2640	100016544	pPt-16544	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2641	100016625	pPt-16625	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2642	100016709	pPt-16709	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2643	100016769	pPt-16769	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2644	100016805	pPt-16805	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2645	100016813	pPt-16813	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2646	100016912	pPt-16912	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2647	100016914	pPt-16914	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2648	100016946	pPt-16946	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2649	100017133	pPt-17133	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2650	100017165	pPt-17165	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2651	100017275	pPt-17275	DArT	GL 08	N.O.	N.O.

2652	100017281	pPt-17281	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2653	100017389	pPt-17389	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2654	100017391	pPt-17391	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2655	100017398	pPt-17398	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2656	100017544	pPt-17544	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2657	100017552	pPt-17552	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2658	100017585	pPt-17585	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2659	100017597	pPt-17597	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2660	100017782	pPt-17782	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2661	100017891	pPt-17891	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2662	100017972	pPt-17972	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2663	100018022	pPt-18022	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2664	100018065	pPt-18065	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2665	100018189	pPt-18189	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2666	100018190	pPt-18190	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2667	100018261	pPt-18261	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2668	100018321	pPt-18321	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2669	100018418	pPt-18418	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2670	100018433	pPt-18433	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2671	100018447	pPt-18447	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2672	100018543	pPt-18543	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2673	100018614	pPt-18614	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2674	100018666	pPt-18666	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2675	100018736	pPt-18736	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2676	100018788	pPt-18788	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2677	100018808	pPt-18808	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2678	100018937	pPt-18937	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2679	100018943	pPt-18943	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2680	100018953	pPt-18953	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2681	100018962	pPt-18962_s	SNP 28:C>T	GL 08	N.O.	N.O.
2682	100019124	pPt-19124	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2683	100019177	pPt-19177	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2684	100019189	pPt-19189	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2685	100019218	pPt-19218	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2686	100019252	pPt-19252	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2687	100019266	pPt-19266	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2688	100019305	pPt-19305	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2689	100019333	pPt-19333	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2690	100019454	pPt-19454	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2691	100019460	pPt-19460	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2692	100019536	pPt-19536	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2693	100019588	pPt-19588	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2694	100019593	pPt-19593	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2695	100019641	pPt-19641	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2696	100019660	pPt-19660_s	SNP 32:C>A	GL 08	N.O.	N.O.
2697	100019728	pPt-19728	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2698	100019731	pPt-19731	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2699	100019772	pPt-19772	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2700	100019792	pPt-19792	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2701	100019839	pPt-19839	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2702	100019861	pPt-19861_s	SNP 12:T>G	GL 08	N.O.	N.O.
2703	100019899	pPt-19899	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2704	100019906	pPt-19906	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2705	100020038	pPt-20038	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2706	100020040	pPt-20040	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2707	100020094	pPt-20094	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2708	100020110	pPt-20110	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2709	100020119	pPt-20119	DArT	GL 08	N.O.	N.O.

2710	100020173	pPt-20173	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2711	100020180	pPt-20180_s	SNP 53:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2712	100020230	pPt-20230	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2713	100020358	pPt-20358	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2714	100020420	pPt-20420	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2715	100020507	pPt-20507	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2716	100020555	pPt-20555	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2717	100020605	pPt-20605	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2718	100020627	pPt-20627	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2719	100020652	pPt-20652	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2720	100020678	pPt-20678	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2721	100020755	pPt-20755	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2722	100020779	pPt-20779	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2723	100020781	pPt-20781	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2724	100020800	pPt-20800	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2725	100020832	pPt-20832	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2726	100020838	pPt-20838	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2727	100020844	pPt-20844	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2728	100020875	pPt-20875	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2729	100021026	pPt-21026	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2730	100021028	pPt-21028	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2731	100021072	pPt-21072	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2732	100021145	pPt-21145	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2733	100021184	pPt-21184	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2734	100021221	pPt-21221	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2735	100021237	pPt-21237_s	SNP 6:A>C	GL 08	N.O.	N.O.
2736	100021264	pPt-21264	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2737	100021350	pPt-21350	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2738	100021399	pPt-21399	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2739	100021423	pPt-21423	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2740	100021427	pPt-21427	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2741	100021460	pPt-21460	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2742	100021485	pPt-21485	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2743	100021513	pPt-21513_s	SNP 20:C>A	GL 08	N.O.	N.O.
2744	100021523	pPt-21523	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2745	100021549	pPt-21549	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2746	100021581	pPt-21581	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2747	100021582	pPt-21582	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2748	100021584	pPt-21584	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2749	100021638	pPt-21638	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2750	100021642	pPt-21642	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2751	100021717	pPt-21717	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2752	100021807	pPt-21807	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2753	100021846	pPt-21846	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2754	100021856	pPt-21856	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2755	100021911	pPt-21911	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2756	100021919	pPt-21919	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2757	100021973	pPt-21973	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2758	100022005	pPt-22005	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2759	100022049	pPt-22049	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2760	100022050	pPt-22050	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2761	100022240	pPt-22240	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2762	100022278	pPt-22278	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2763	100022293	pPt-22293	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2764	100022361	pPt-22361	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2765	100022409	pPt-22409	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2766	100022431	pPt-22431	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2767	100022547	pPt-22547	DArT	GL 08	N.O.	N.O.

2768	100022576	pPt-22576	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2769	100022613	pPt-22613	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2770	100022638	pPt-22638	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2771	100022653	pPt-22653	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2772	100022656	pPt-22656	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2773	100022691	pPt-22691	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2774	100022736	pPt-22736	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2775	100022752	pPt-22752	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2776	100022764	pPt-22764	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2777	100022811	pPt-22811_s	SNP 6:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2778	100022869	pPt-22869	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2779	100022895	pPt-22895_s	SNP 24:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2780	100022927	pPt-22927	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2781	100022939	pPt-22939	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2782	100022966	pPt-22966	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2783	100022969	pPt-22969	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2784	100023052	pPt-23052	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2785	100023073	pPt-23073	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2786	100023111	pPt-23111	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2787	100023126	pPt-23126	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2788	100023128	pPt-23128	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2789	100023139	pPt-23139	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2790	100023188	pPt-23188	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2791	100023216	pPt-23216	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2792	100023244	pPt-23244	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2793	100023306	pPt-23306_s	SNP 56:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2794	100023333	pPt-23333	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2795	100023352	pPt-23352	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2796	100023408	pPt-23408	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2797	100023461	pPt-23461	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2798	100023519	pPt-23519	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2799	100023534	pPt-23534	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2800	100023543	pPt-23543	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2801	100023566	pPt-23566	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2802	100023683	pPt-23683	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2803	100023688	pPt-23688	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2804	100023817	pPt-23817	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2805	100023828	pPt-23828	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2806	100023845	pPt-23845	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2807	100023900	pPt-23900_s	SNP 6:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2808	100023906	pPt-23906	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2809	100023922	pPt-23922	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2810	100023926	pPt-23926	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2811	100023941	pPt-23941	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2812	100023949	pPt-23949	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2813	100023978	pPt-23978	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2814	100023988	pPt-23988	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2815	100024037	pPt-24037	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2816	100024180	pPt-24180	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2817	100024187	pPt-24187	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2818	100024268	pPt-24268	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2819	100024294	pPt-24294	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2820	100024405	pPt-24405	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2821	100024430	pPt-24430	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2822	100024431	pPt-24431	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2823	100024440	pPt-24440_s	SNP 14:G>C	GL 08	N.O.	N.O.
2824	100024446	pPt-24446	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2825	100024459	pPt-24459	DArT	GL 08	N.O.	N.O.

2826	100024499	pPt-24499	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2827	100024519	pPt-24519_s	SNP 33:C>A	GL 08	N.O.	N.O.
2828	100024528	pPt-24528	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2829	100024581	pPt-24581	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2830	100024605	pPt-24605	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2831	100024613	pPt-24613	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2832	100024621	pPt-24621_s	SNP 51:C>G	GL 08	N.O.	N.O.
2833	100024691	pPt-24691	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2834	100024724	pPt-24724	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2835	100024736	pPt-24736_s	SNP 27:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2836	100024751	pPt-24751	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2837	100024753	pPt-24753	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2838	100024789	pPt-24789_s	SNP 57:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2839	100024801	pPt-24801	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2840	100024823	pPt-24823	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2841	100024825	pPt-24825	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2842	100024859	pPt-24859	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2843	100024861	pPt-24861	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2844	100024879	pPt-24879	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2845	100024916	pPt-24916	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2846	100024935	pPt-24935	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2847	100024942	pPt-24942	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2848	100024983	pPt-24983	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2849	100024986	pPt-24986	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2850	100024992	pPt-24992	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2851	100025009	pPt-25009_s	SNP 35:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2852	100025034	pPt-25034	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2853	100025103	pPt-25103	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2854	100025119	pPt-25119	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2855	100025262	pPt-25262	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2856	100025308	pPt-25308	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2857	100025357	pPt-25357	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2858	100025490	pPt-25490_s	SNP 60:C>G	GL 08	N.O.	N.O.
2859	100025563	pPt-25563	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2860	100025637	pPt-25637	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2861	100026136	pPt-26136_s	SNP 30:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2862	100026330	pPt-26330_s	SNP 47:A>C	GL 08	N.O.	N.O.
2863	100026408	pPt-26408_s	SNP 21:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2864	100026462	pPt-26462_s	SNP 13:C>T	GL 08	N.O.	N.O.
2865	100026472	pPt-26472_s	SNP 42:T>A	GL 08	N.O.	N.O.
2866	100026686	pPt-26686_s	SNP 44:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2867	100026933	pPt-26933_s	SNP 43:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2868	100026983	pPt-26983_s	SNP 12:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2869	100027232	pPt-27232_s	SNP 68:A>T	GL 08	N.O.	N.O.
2870	100027298	pPt-27298_s	SNP 39:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2871	100027376	pPt-27376_s	SNP 45:T>G	GL 08	N.O.	N.O.
2872	100027377	pPt-27377_s	SNP 11:G>C	GL 08	N.O.	N.O.
2873	100027579	pPt-27579_s	SNP 51:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2874	100027603	pPt-27603_s	SNP 27:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2875	100027755	pPt-27755_s	SNP 41:C>T	GL 08	N.O.	N.O.
2876	100027848	pPt-27848_s	SNP 46:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2877	100028136	pPt-28136_s	SNP 24:G>T	GL 08	N.O.	N.O.
2878	100028526	pPt-28526_s	SNP 64:A>C	GL 08	N.O.	N.O.
2879	100028587	pPt-28587_s	SNP 55:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2880	100028630	pPt-28630_s	SNP 32:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2881	100028907	pPt-28907_s	SNP 64:A>G	GL 08	N.O.	N.O.
2882	100029150	pPt-29150_s	SNP 54:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2883	100029420	pPt-29420_s	SNP 14:C>A	GL 08	N.O.	N.O.

2884	100029479	pPt-29479_s	SNP 27:A>C	GL 08	N.O.	N.O.
2885	100029689	pPt-29689_s	SNP 37:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2886	100030015	pPt-30015_s	SNP 34:G>A	GL 08	N.O.	N.O.
2887	100030372	pPt-30372_s	SNP 24:T>C	GL 08	N.O.	N.O.
2888	100035687	pPt-35687	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2889	100035741	pPt-35741	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2890	100035789	pPt-35789	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2891	100035831	pPt-35831	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2892	100035850	pPt-35850	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2893	100035877	pPt-35877	DArT	GL 08	N.O.	N.O.
2894	100019327	pPt-19327	DArT	GL 09	0,00	0,00
2895	100003399	pPt-03399_s	SNP 18:A>G	GL 09	N.O.	0,37
2896	100021809	pPt-21809	DArT	GL 09	N.O.	0,83
2897	100024747	pPt-24747	DArT	GL 09	N.O.	2,26
2898	100024770	pPt-24770	DArT	GL 09	N.O.	2,70
2899	100023493	pPt-23493	DArT	GL 09	N.O.	4,73
2900	100019893	pPt-19893	DArT	GL 09	N.O.	4,99
2901	100022618	pPt-22618	DArT	GL 09	N.O.	5,11
2902	100020760	pPt-20760	DArT	GL 09	N.O.	5,22
2903	100017351	pPt-17351	DArT	GL 09	N.O.	5,23
2904	100020596	pPt-20596	DArT	GL 09	N.O.	5,25
2905	100022255	pPt-22255	DArT	GL 09	N.O.	5,47
2906	100002907	pPt-02907_s	SNP 22:A>G	GL 09	5,91	5,52
2907	100000291	pPt-00291	DArT	GL 09	N.O.	5,61
2908	100024545	pPt-24545	DArT	GL 09	N.O.	5,62
2909	100022242	pPt-22242	DArT	GL 09	N.O.	5,62
2910	100035663	pPt-35663	DArT	GL 09	N.O.	5,63
2911	100020589	pPt-20589	DArT	GL 09	N.O.	5,63
2912	100023182	pPt-23182	DArT	GL 09	N.O.	5,86
2913	100003152	pPt-03152_s	SNP 55:T>G	GL 09	N.O.	6,01
2914	100018376	pPt-18376	DArT	GL 09	N.O.	6,18
2915	100000013	pPt-00013	DArT	GL 09	N.O.	7,28
2916	100001830	pPt-01830_s	SNP 24:T>A	GL 09	N.O.	7,53
2917	100022117	pPt-22117	DArT	GL 09	N.O.	7,91
2918	100020671	pPt-20671	DArT	GL 09	N.O.	8,17
2919	100021922	pPt-21922	DArT	GL 09	N.O.	8,17
2920	100022663	pPt-22663	DArT	GL 09	N.O.	8,18
2921	100003781	pPt-03781_s	SNP 11:C>T	GL 09	N.O.	8,39
2922	100017672	pPt-17672_s	SNP 6:T>C	GL 09	N.O.	8,78
2923	100024441	pPt-24441_s	SNP 62:G>T	GL 09	N.O.	8,97
2924	100014987	pPt-14987	DArT	GL 09	N.O.	9,08
2925	100015579	pPt-15579	DArT	GL 09	N.O.	9,08
2926	100023014	pPt-23014	DArT	GL 09	N.O.	9,08
2927	100019451	pPt-19451_s	SNP 47:A>T	GL 09	N.O.	9,15
2928	100015984	pPt-15984	DArT	GL 09	N.O.	9,16
2929	100024562	pPt-24562	DArT	GL 09	N.O.	9,46
2930	100022189	pPt-22189	DArT	GL 09	N.O.	10,76
2931	100019112	pPt-19112	DArT	GL 09	N.O.	10,85
2932	100022221	pPt-22221	DArT	GL 09	N.O.	11,08
2933	100022614	pPt-22614	DArT	GL 09	N.O.	11,26
2934	100027881	pPt-27881_s	SNP 21:G>A	GL 09	N.O.	11,72
2935	100022587	pPt-22587	DArT	GL 09	N.O.	11,92
2936	100022001	pPt-22001	DArT	GL 09	N.O.	11,93
2937	100018821	pPt-18821	DArT	GL 09	N.O.	12,61
2938	100030135	pPt-30135_s	SNP 19:G>C	GL 09	N.O.	13,26
2939	100025632	pPt-25632	DArT	GL 09	N.O.	13,49
2940	100020229	pPt-20229	DArT	GL 09	N.O.	13,50
2941	100025526	pPt-25526	DArT	GL 09	N.O.	13,58

2942	100019659	pPt-19659	DArT	GL 09	N.O.	13,66
2943	100017170	pPt-17170	DArT	GL 09	N.O.	13,73
2944	100024153	pPt-24153	DArT	GL 09	N.O.	13,85
2945	100023872	pPt-23872	DArT	GL 09	N.O.	13,92
2946	100025073	pPt-25073_s	SNP 50:T>C	GL 09	N.O.	14,56
2947	100020538	pPt-20538	DArT	GL 09	N.O.	14,99
2948	100021017	pPt-21017	DArT	GL 09	N.O.	15,22
2949	100018480	pPt-18480	DArT	GL 09	N.O.	15,46
2950	100024997	pPt-24997	DArT	GL 09	N.O.	15,59
2951	100025937	pPt-25937	DArT	GL 09	N.O.	15,95
2952	100015833	pPt-15833	DArT	GL 09	N.O.	16,90
2953	100020911	pPt-20911	DArT	GL 09	N.O.	16,92
2954	100019144	pPt-19144	DArT	GL 09	N.O.	16,93
2955	100022875	pPt-22875	DArT	GL 09	N.O.	17,40
2956	100004248	pPt-04248	DArT	GL 09	N.O.	19,48
2957	100002225	pPt-02225_s	SNP 59:A>G	GL 09	N.O.	21,44
2958	100020723	pPt-20723	DArT	GL 09	N.O.	21,70
2959	100024726	pPt-24726_s	SNP 28:G>C	GL 09	N.O.	22,17
2960	100014118	pPt-14118	DArT	GL 09	N.O.	22,54
2961	100018250	pPt-18250_s	SNP 35:G>A	GL 09	N.O.	22,88
2962	100030197	pPt-30197_s	SNP 50:G>C	GL 09	N.O.	24,76
2963	100023097	pPt-23097	DArT	GL 09	N.O.	26,20
2964	100029169	pPt-29169_s	SNP 37:C>T	GL 09	N.O.	27,01
2965	100001394	pPt-01394_s	SNP 15:T>A	GL 09	N.O.	27,57
2966	100022328	pPt-22328	DArT	GL 09	N.O.	27,91
2967	100023976	pPt-23976	DArT	GL 09	N.O.	27,92
2968	100016962	pPt-16962	DArT	GL 09	N.O.	27,93
2969	100025282	pPt-25282	DArT	GL 09	N.O.	28,24
2970	100029071	pPt-29071_s	SNP 10:C>A	GL 09	N.O.	28,40
2971	100027042	pPt-27042_s	SNP 55:C>T	GL 09	N.O.	28,62
2972	100024059	pPt-24059	DArT	GL 09	N.O.	28,73
2973	100017467	pPt-17467	DArT	GL 09	N.O.	28,74
2974	100024155	pPt-24155	DArT	GL 09	N.O.	28,97
2975	100022880	pPt-22880	DArT	GL 09	N.O.	31,12
2976	100019527	pPt-19527	DArT	GL 09	N.O.	31,83
2977	100018116	pPt-18116	DArT	GL 09	N.O.	32,03
2978	100026542	pPt-26542_s	SNP 26:A>G	GL 09	34,00	32,25
2979	100020761	pPt-20761	DArT	GL 09	34,55	32,44
2980	100027917	pPt-27917_s	SNP 61:A>C	GL 09	36,12	34,47
2981	100013769	pPt-13769	DArT	GL 09	N.O.	34,61
2982	100021030	pPt-21030	DArT	GL 09	36,42	34,63
2983	100013770	pPt-13770	DArT	GL 09	36,55	34,71
2984	100003099	pPt-03099_s	SNP 30:G>A	GL 09	39,26	35,02
2985	100024856	pPt-24856	DArT	GL 09	37,59	35,41
2986	100028228	pPt-28228_s	SNP 19:T>C	GL 09	39,38	35,71
2987	100002696	pPt-02696_s	SNP 42:A>C	GL 09	37,75	35,88
2988	100018386	pPt-18386	DArT	GL 09	39,13	35,95
2989	100002963	pPt-02963_s	SNP 18:G>T	GL 09	39,89	36,15
2990	100016640	pPt-16640	DArT	GL 09	38,04	36,39
2991	100020757	pPt-20757	DArT	GL 09	38,23	36,41
2992	100023338	pPt-23338	DArT	GL 09	39,77	36,72
2993	100003364	pPt-03364_s	SNP 13:T>C	GL 09	38,01	36,87
2994	100017432	pPt-17432	DArT	GL 09	38,68	37,08
2995	100014902	pPt-14902	DArT	GL 09	38,59	37,11
2996	100029554	pPt-29554_s	SNP 13:A>T	GL 09	38,68	37,20
2997	100018875	pPt-18875	DArT	GL 09	38,78	37,23
2998	100020698	pPt-20698	DArT	GL 09	38,83	37,24
2999	100000292	pPt-00292	DArT	GL 09	39,13	37,36



3000	100021018	pPt-21018	DArT	GL 09	38,83	37,43
3001	100018708	pPt-18708	DArT	GL 09	38,85	37,47
3002	100000154	pPt-00154	DArT	GL 09	38,91	37,52
3003	100027998	pPt-27998_s	SNP 62:G>C	GL 09	38,47	37,77
3004	100019651	pPt-19651	DArT	GL 09	39,08	37,88
3005	100021902	pPt-21902	DArT	GL 09	39,08	37,90
3006	100024231	pPt-24231	DArT	GL 09	39,12	37,91
3007	100018007	pPt-18007	DArT	GL 09	40,96	38,95
3008	100021185	pPt-21185	DArT	GL 09	N.O.	39,76
3009	100016543	pPt-16543	DArT	GL 09	N.O.	41,00
3010	100020161	pPt-20161	DArT	GL 09	N.O.	41,19
3011	100027673	pPt-27673_s	SNP 6:C>T	GL 09	45,26	43,12
3012	100020055	pPt-20055	DArT	GL 09	N.O.	43,63
3013	100000211	pPt-00211	DArT	GL 09	N.O.	43,98
3014	100027811	pPt-27811_s	SNP 18:G>A	GL 09	N.O.	44,28
3015	100020177	pPt-20177	DArT	GL 09	N.O.	44,40
3016	100021504	pPt-21504	DArT	GL 09	46,79	44,81
3017	100023462	pPt-23462	DArT	GL 09	N.O.	45,11
3018	100024015	pPt-24015	DArT	GL 09	N.O.	45,55
3019	100003104	pPt-03104_s	SNP 29:C>T	GL 09	N.O.	45,66
3020	100020677	pPt-20677	DArT	GL 09	47,93	45,78
3021	100029164	pPt-29164_s	SNP 63:C>A	GL 09	N.O.	45,94
3022	100018403	pPt-18403	DArT	GL 09	N.O.	46,48
3023	100002430	pPt-02430_s	SNP 21:C>G	GL 09	N.O.	46,59
3024	100023007	pPt-23007	DArT	GL 09	48,87	46,77
3025	100027800	pPt-27800_s	SNP 36:T>C	GL 09	49,01	47,19
3026	100017466	pPt-17466	DArT	GL 09	50,33	48,37
3027	100019190	pPt-19190	DArT	GL 09	N.O.	48,40
<b>3028</b>	<b>PtRIP_0388</b>	<b>PtRIP_0388</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 09</b>	<b>N.O.</b>	<b>49,37</b>
3029	100000055	pPt-00055	DArT	GL 09	N.O.	50,47
3030	100022439	pPt-22439	DArT	GL 09	N.O.	51,10
3031	100017932	pPt-17932	DArT	GL 09	53,47	51,34
3032	100017927	pPt-17927	DArT	GL 09	N.O.	51,64
3033	100035775	pPt-35775	DArT	GL 09	N.O.	52,47
3034	100021308	pPt-21308	DArT	GL 09	N.O.	57,57
3035	100027026	pPt-27026_s	SNP 40:A>C	GL 09	61,43	58,19
3036	100024957	pPt-24957_s	SNP 54:G>A	GL 09	N.O.	59,49
3037	100024402	pPt-24402	DArT	GL 09	N.O.	59,91
3038	100023190	pPt-23190_s	SNP 68:G>C	GL 09	N.O.	60,41
3039	100022511	pPt-22511	DArT	GL 09	N.O.	62,12
3040	100021824	pPt-21824_s	SNP 14:A>T	GL 09	N.O.	62,65
3041	100023586	pPt-23586	DArT	GL 09	N.O.	63,29
3042	100002844	pPt-02844_s	SNP 54:G>C	GL 09	N.O.	64,28
3043	100019557	pPt-19557	DArT	GL 09	N.O.	64,50
3044	100021759	pPt-21759	DArT	GL 09	N.O.	64,93
3045	100024063	pPt-24063_s	SNP 61:G>C	GL 09	N.O.	65,21
3046	100023363	pPt-23363	DArT	GL 09	N.O.	65,60
3047	100025690	pPt-25690_s	SNP 35:T>C	GL 09	N.O.	66,85
3048	100035802	pPt-35802	DArT	GL 09	N.O.	71,66
3049	100019648	pPt-19648	DArT	GL 09	75,35	72,29
3050	100000149	pPt-00149	DArT	GL 09	N.O.	73,40
3051	100000248	pPt-00248	DArT	GL 09	N.O.	74,11
3052	100024968	pPt-24968	DArT	GL 09	78,32	75,71
3053	100026755	pPt-26755_s	SNP 36:T>A	GL 09	79,19	76,43
3054	100026206	pPt-26206_s	SNP 48:A>T	GL 09	80,08	77,13
3055	100018432	pPt-18432	DArT	GL 09	81,33	77,51
3056	100023727	pPt-23727	DArT	GL 09	80,36	77,55
3057	100001723	pPt-01723_s	SNP 22:C>T	GL 09	80,65	77,72

3058	100024242	pPt-24242	DArT	GL 09	80,91	77,83
3059	100018833	pPt-18833	DArT	GL 09	80,84	77,94
3060	100018490	pPt-18490	DArT	GL 09	80,77	77,95
3061	100020897	pPt-20897	DArT	GL 09	80,89	77,95
3062	100022078	pPt-22078	DArT	GL 09	80,90	77,95
3063	100024561	pPt-24561	DArT	GL 09	80,90	77,96
3064	100020972	pPt-20972	DArT	GL 09	81,00	78,03
<b>3065</b>	<b>PtTX2123</b>	<b>PtTX2123</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 09</b>	<b>81,08</b>	<b>78,08</b>
3066	100022716	pPt-22716	DArT	GL 09	81,17	78,26
3067	100023766	pPt-23766	DArT	GL 09	81,64	78,58
3068	100019138	pPt-19138	DArT	GL 09	N.O.	78,68
3069	100025041	pPt-25041	DArT	GL 09	N.O.	78,70
3070	100016558	pPt-16558	DArT	GL 09	N.O.	80,38
3071	100017465	pPt-17465	DArT	GL 09	83,68	80,63
3072	100013766	pPt-13766	DArT	GL 09	84,62	81,69
3073	100002356	pPt-02356_s	SNP 8:C>G	GL 09	84,57	81,78
3074	100022726	pPt-22726	DArT	GL 09	N.O.	81,78
3075	100019749	pPt-19749	DArT	GL 09	84,90	82,04
3076	100021193	pPt-21193	DArT	GL 09	85,84	82,84
3077	100020742	pPt-20742	DArT	GL 09	86,04	82,86
3078	100002088	pPt-02088_s	SNP 39:A>G	GL 09	86,73	83,02
3079	100020188	pPt-20188	DArT	GL 09	86,08	83,24
3080	100018192	pPt-18192	DArT	GL 09	86,27	83,38
3081	100025238	pPt-25238	DArT	GL 09	86,44	83,42
3082	100019007	pPt-19007	DArT	GL 09	86,33	83,42
3083	100024041	pPt-24041	DArT	GL 09	87,37	83,71
3084	100021305	pPt-21305	DArT	GL 09	86,85	83,79
3085	100016785	pPt-16785	DArT	GL 09	87,04	84,01
3086	100022519	pPt-22519_s	SNP 41:C>T	GL 09	N.O.	84,21
3087	100019570	pPt-19570	DArT	GL 09	87,26	84,47
3088	100016171	pPt-16171	DArT	GL 09	N.O.	84,82
3089	100020482	pPt-20482	DArT	GL 09	N.O.	84,83
3090	100023537	pPt-23537_s	SNP 31:G>A	GL 09	N.O.	84,99
3091	100027233	pPt-27233_s	SNP 45:T>G	GL 09	88,93	85,16
3092	100000044	pPt-00044	DArT	GL 09	N.O.	85,43
3093	100022146	pPt-22146	DArT	GL 09	N.O.	85,47
3094	100020353	pPt-20353	DArT	GL 09	N.O.	85,48
3095	100021892	pPt-21892	DArT	GL 09	88,31	85,62
3096	100018954	pPt-18954	DArT	GL 09	N.O.	86,08
3097	100022679	pPt-22679	DArT	GL 09	N.O.	86,45
3098	100027014	pPt-27014_s	SNP 25:A>T	GL 09	N.O.	86,69
3099	100025174	pPt-25174_s	SNP 14:T>C	GL 09	N.O.	86,92
3100	100018206	pPt-18206_s	SNP 56:A>T	GL 09	N.O.	87,08
3101	100019784	pPt-19784	DArT	GL 09	N.O.	87,22
3102	100022825	pPt-22825	DArT	GL 09	N.O.	87,67
3103	100024824	pPt-24824	DArT	GL 09	N.O.	88,42
3104	100025022	pPt-25022	DArT	GL 09	N.O.	88,89
3105	100016725	pPt-16725	DArT	GL 09	N.O.	88,96
3106	100018767	pPt-18767	DArT	GL 09	N.O.	88,99
3107	100030617	pPt-30617_s	SNP 42:A>G	GL 09	N.O.	89,13
3108	100020142	pPt-20142	DArT	GL 09	N.O.	89,35
3109	100025534	pPt-25534_s	SNP 57:C>T	GL 09	N.O.	89,61
3110	100003524	pPt-03524_s	SNP 17:C>T	GL 09	N.O.	90,23
3111	100020340	pPt-20340	DArT	GL 09	N.O.	90,47
3112	100022148	pPt-22148	DArT	GL 09	N.O.	90,56
3113	100000140	pPt-00140	DArT	GL 09	N.O.	90,58
3114	100019175	pPt-19175	DArT	GL 09	N.O.	90,59
3115	100019658	pPt-19658	DArT	GL 09	N.O.	90,71

3116	100024218	pPt-24218	DArT	GL 09	N.O.	91,01
3117	100022963	pPt-22963	DArT	GL 09	N.O.	91,20
3118	100025189	pPt-25189_s	SNP 58:A>G	GL 09	N.O.	91,27
3119	100024907	pPt-24907_s	SNP 9:G>A	GL 09	N.O.	91,64
3120	100003261	pPt-03261_s	SNP 8:C>A	GL 09	N.O.	91,85
3121	100020395	pPt-20395	DArT	GL 09	N.O.	92,03
3122	100000436	pPt-00436	DArT	GL 09	94,52	92,35
3123	100017920	pPt-17920	DArT	GL 09	N.O.	94,25
<b>3124</b>	<b>PtSIFG_0737</b>	<b>PtSIFG_0737</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
<b>3125</b>	<b>PtRIP_0376</b>	<b>PtRIP_0376_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3126	100024649	pPt-24649_s	SNP 40:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3127	100027382	pPt-27382_s	SNP 11:A>C	GL 10	0,00	N.O.
3128	100020347	pPt-20347	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
<b>3129</b>	<b>PtSIFG_0371</b>	<b>PtSIFG_0371</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>0,93</b>	<b>N.O.</b>
3130	100020411	pPt-20411	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3131	100023891	pPt-23891	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3132	100018965	pPt-18965	DArT	GL 10	1,14	N.O.
3133	100000109	pPt-00109	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
<b>3134</b>	<b>PtTX3018</b>	<b>PtTX3018</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3135	100019318	pPt-19318	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3136	100023168	pPt-23168	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3137	100021073	pPt-21073	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3138	100021776	pPt-21776	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3139	100025114	pPt-25114	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3140	100027619	pPt-27619_s	SNP 68:G>C	GL 10	1,98	N.O.
<b>3141</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_E</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3142	100023602	pPt-23602	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3143	100024524	pPt-24524_s	SNP 42:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3144	100018982	pPt-18982	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3145	100017186	pPt-17186	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3146	100020564	pPt-20564	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
<b>3147</b>	<b>PtTX4183</b>	<b>PtTX4183_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
<b>3148</b>	<b>PtRIP_0255</b>	<b>PtRIP_0255</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3149	100019793	pPt-19793_s	SNP 10:A>G	GL 10	16,43	N.O.
3150	100020092	pPt-20092_s	SNP 47:G>T	GL 10	17,58	N.O.
3151	100030032	pPt-30032_s	SNP 42:C>G	GL 10	17,62	N.O.
3152	100020417	pPt-20417	DArT	GL 10	18,05	N.O.
3153	100024714	pPt-24714	DArT	GL 10	18,06	N.O.
3154	100019363	pPt-19363	DArT	GL 10	18,09	N.O.
3155	100024805	pPt-24805	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3156	100024582	pPt-24582	DArT	GL 10	19,77	N.O.
3157	100000398	pPt-00398	DArT	GL 10	22,82	N.O.
3158	100002325	pPt-02325	DArT	GL 10	23,39	N.O.
3159	100028595	pPt-28595_s	SNP 9:A>G	GL 10	22,81	N.O.
3160	100023328	pPt-23328	DArT	GL 10	24,55	N.O.
3161	100022485	pPt-22485	DArT	GL 10	22,59	N.O.
3162	100023664	pPt-23664	DArT	GL 10	28,47	N.O.
<b>3163</b>	<b>PtRIP_0367</b>	<b>PtRIP_0367</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>31,56</b>	<b>N.O.</b>
<b>3164</b>	<b>PtTX4221</b>	<b>PtTX4221</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3165	100022584	pPt-22584_s	SNP 48:A>G	GL 10	38,13	N.O.
3166	100021436	pPt-21436	DArT	GL 10	45,06	N.O.
3167	100018484	pPt-18484	DArT	GL 10	44,93	N.O.
3168	100020774	pPt-20774	DArT	GL 10	45,25	N.O.
3169	100018441	pPt-18441	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3170	100020439	pPt-20439	DArT	GL 10	47,23	N.O.
3171	100021104	pPt-21104	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3172	100004054	pPt-04054_s	SNP 33:G>T	GL 10	50,31	N.O.
<b>3173</b>	<b>PtRIP_0376</b>	<b>PtRIP_0376_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>

3174	100024800	pPt-24800_s	SNP 38:C>T	GL 10	50,98	N.O.
<b>3175</b>	<b>PtRIP_0165</b>	<b>PtRIP_0165</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
<b>3176</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_I</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3177	100016854	pPt-16854	DArT	GL 10	53,25	N.O.
3178	100020451	pPt-20451_s	SNP 32:T>C	GL 10	53,10	N.O.
3179	100022108	pPt-22108	DArT	GL 10	53,84	N.O.
3180	100017838	pPt-17838	DArT	GL 10	53,90	N.O.
3181	100025630	pPt-25630_s	SNP 51:C>T	GL 10	52,73	N.O.
3182	100025349	pPt-25349	DArT	GL 10	57,35	N.O.
3183	100023051	pPt-23051	DArT	GL 10	57,78	N.O.
3184	100021263	pPt-21263	DArT	GL 10	57,94	N.O.
<b>3185</b>	<b>PtTX3043</b>	<b>PtTX3043_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3186	100019191	pPt-19191	DArT	GL 10	64,20	N.O.
3187	100022137	pPt-22137	DArT	GL 10	68,85	N.O.
3188	100024576	pPt-24576_s	SNP 8:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3189	100024413	pPt-24413	DArT	GL 10	72,03	N.O.
3190	100030371	pPt-30371_s	SNP 12:T>C	GL 10	72,18	N.O.
3191	100001887	pPt-01887_s	SNP 6:C>T	GL 10	72,11	N.O.
3192	100025241	pPt-25241	DArT	GL 10	72,40	N.O.
3193	100021378	pPt-21378	DArT	GL 10	72,58	N.O.
3194	100019167	pPt-19167	DArT	GL 10	72,54	N.O.
3195	100000107	pPt-00107	DArT	GL 10	72,73	N.O.
3196	100023397	pPt-23397	DArT	GL 10	72,69	N.O.
3197	100000421	pPt-00421	DArT	GL 10	73,72	N.O.
3198	100000528	pPt-00528_s	SNP 34:C>G	GL 10	74,26	N.O.
3199	100022566	pPt-22566	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3200	100035661	pPt-35661	DArT	GL 10	74,73	N.O.
3201	100017756	pPt-17756	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3202	100027364	pPt-27364_s	SNP 41:G>T	GL 10	75,28	N.O.
3203	100018582	pPt-18582	DArT	GL 10	75,68	N.O.
3204	100019855	pPt-19855	DArT	GL 10	75,72	N.O.
3205	100035677	pPt-35677	DArT	GL 10	76,52	N.O.
3206	100019543	pPt-19543	DArT	GL 10	77,44	N.O.
3207	100001421	pPt-01421_s	SNP 29:T>G	GL 10	77,70	N.O.
3208	100023871	pPt-23871	DArT	GL 10	78,58	N.O.
<b>3209</b>	<b>PtRIP_0171</b>	<b>PtRIP_0171</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>78,47</b>	<b>N.O.</b>
3210	100026027	pPt-26027_s	SNP 21:C>A	GL 10	78,77	N.O.
3211	100023210	pPt-23210	DArT	GL 10	78,84	N.O.
3212	100025408	pPt-25408	DArT	GL 10	78,95	N.O.
3213	100018501	pPt-18501	DArT	GL 10	79,09	N.O.
3214	100016472	pPt-16472	DArT	GL 10	79,10	N.O.
3215	100017190	pPt-17190	DArT	GL 10	79,16	N.O.
3216	100023252	pPt-23252	DArT	GL 10	79,23	N.O.
<b>3217</b>	<b>PtRIP_0629</b>	<b>PtRIP_0629_C</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>79,23</b>	<b>N.O.</b>
3218	100016687	pPt-16687	DArT	GL 10	79,27	N.O.
3219	100018323	pPt-18323	DArT	GL 10	79,30	N.O.
3220	100019777	pPt-19777	DArT	GL 10	79,29	N.O.
3221	100024211	pPt-24211	DArT	GL 10	79,27	N.O.
3222	100002740	pPt-02740_s	SNP 23:C>A	GL 10	79,20	N.O.
3223	100023141	pPt-23141	DArT	GL 10	79,23	N.O.
3224	100017812	pPt-17812	DArT	GL 10	79,41	N.O.
3225	100021842	pPt-21842	DArT	GL 10	79,42	N.O.
3226	100014795	pPt-14795	DArT	GL 10	79,45	N.O.
3227	100019096	pPt-19096	DArT	GL 10	79,23	N.O.
3228	100026675	pPt-26675_s	SNP 62:C>T	GL 10	79,50	N.O.
3229	100017880	pPt-17880	DArT	GL 10	79,75	N.O.
3230	100018174	pPt-18174	DArT	GL 10	79,75	N.O.
3231	100023271	pPt-23271	DArT	GL 10	80,47	N.O.

3232	100023147	pPt-23147	DArT	GL 10	80,59	N.O.
3233	100022577	pPt-22577	DArT	GL 10	80,55	N.O.
3234	100021396	pPt-21396	DArT	GL 10	80,58	N.O.
3235	100002172	pPt-02172_s	SNP 31:C>T	GL 10	80,75	N.O.
3236	100030816	pPt-30816_s	SNP 37:G>A	GL 10	81,19	N.O.
3237	100020933	pPt-20933	DArT	GL 10	81,49	N.O.
3238	100024253	pPt-24253	DArT	GL 10	81,69	N.O.
3239	100000199	pPt-00199	DArT	GL 10	81,75	N.O.
3240	100026932	pPt-26932_s	SNP 31:G>C	GL 10	82,02	N.O.
3241	100019375	pPt-19375	DArT	GL 10	82,29	N.O.
3242	100017322	pPt-17322	DArT	GL 10	82,43	N.O.
3243	100018830	pPt-18830	DArT	GL 10	82,61	N.O.
3244	100018926	pPt-18926	DArT	GL 10	82,61	N.O.
3245	100020609	pPt-20609	DArT	GL 10	83,50	N.O.
3246	100028090	pPt-28090_s	SNP 26:A>G	GL 10	83,97	N.O.
3247	100016907	pPt-16907	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3248	100027716	pPt-27716_s	SNP 31:T>C	GL 10	87,73	N.O.
3249	100018313	pPt-18313	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3250	100021452	pPt-21452	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3251	100018927	pPt-18927	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3252	100024018	pPt-24018_s	SNP 68:T>G	GL 10	N.O.	N.O.
3253	100028088	pPt-28088	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3254	100002988	pPt-02988_s	SNP 59:C>A	GL 10	N.O.	N.O.
<b>3255</b>	<b>PtSIFG_0745</b>	<b>PtSIFG_0745</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3256	100018031	pPt-18031	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3257	100019500	pPt-19500	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
<b>3258</b>	<b>PtTX3127</b>	<b>PtTX3127_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 10</b>	<b>N.O.</b>	<b>N.O.</b>
3259	100000121	pPt-00121	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3260	100000131	pPt-00131	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3261	100000155	pPt-00155	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3262	100000183	pPt-00183	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3263	100000206	pPt-00206	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3264	100000271	pPt-00271	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3265	100000279	pPt-00279	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3266	100000327	pPt-00327	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3267	100000338	pPt-00338	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3268	100000384	pPt-00384	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3269	100000390	pPt-00390	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3270	100000419	pPt-00419	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3271	100000428	pPt-00428	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3272	100000521	pPt-00521	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3273	100000603	pPt-00603_s	SNP 68:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3274	100000765	pPt-00765_s	SNP 34:C>A	GL 10	N.O.	N.O.
3275	100001633	pPt-01633_s	SNP 8:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3276	100001682	pPt-01682_s	SNP 43:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3277	100002056	pPt-02056_s	SNP 18:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3278	100002437	pPt-02437_s	SNP 57:C>G	GL 10	N.O.	N.O.
3279	100002561	pPt-02561_s	SNP 43:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3280	100002701	pPt-02701_s	SNP 38:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3281	100002770	pPt-02770_s	SNP 29:T>G	GL 10	N.O.	N.O.
3282	100002783	pPt-02783_s	SNP 51:A>C	GL 10	N.O.	N.O.
3283	100002785	pPt-02785_s	SNP 37:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3284	100002957	pPt-02957_s	SNP 41:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3285	100002998	pPt-02998_s	SNP 26:C>T	GL 10	N.O.	N.O.
3286	100003055	pPt-03055_s	SNP 48:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3287	100003216	pPt-03216_s	SNP 22:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3288	100003424	pPt-03424_s	SNP 43:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3289	100003492	pPt-03492_s	SNP 63:T>G	GL 10	N.O.	N.O.

3290	100003608	pPt-03608_s	SNP 28:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3291	100003699	pPt-03699_s	SNP 60:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3292	100003706	pPt-03706_s	SNP 7:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3293	100003729	pPt-03729_s	SNP 33:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3294	100003731	pPt-03731_s	SNP 16:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3295	100003900	pPt-03900_s	SNP 31:A>C	GL 10	N.O.	N.O.
3296	100003992	pPt-03992_s	SNP 39:C>T	GL 10	N.O.	N.O.
3297	100003996	pPt-03996_s	SNP 40:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3298	100004798	pPt-04798	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3299	100006141	pPt-06141	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3300	100006838	pPt-06838	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3301	100008671	pPt-08671	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3302	100013687	pPt-13687	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3303	100014211	pPt-14211	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3304	100015705	pPt-15705	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3305	100015978	pPt-15978	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3306	100016105	pPt-16105	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3307	100016222	pPt-16222	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3308	100016356	pPt-16356	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3309	100016670	pPt-16670	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3310	100016708	pPt-16708	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3311	100016780	pPt-16780_s	SNP 21:C>T	GL 10	N.O.	N.O.
3312	100016812	pPt-16812	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3313	100017105	pPt-17105	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3314	100017182	pPt-17182	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3315	100017210	pPt-17210	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3316	100017342	pPt-17342	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3317	100017359	pPt-17359	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3318	100017377	pPt-17377	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3319	100017400	pPt-17400	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3320	100017417	pPt-17417	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3321	100017490	pPt-17490	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3322	100017541	pPt-17541	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3323	100017594	pPt-17594	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3324	100017690	pPt-17690	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3325	100017699	pPt-17699	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3326	100017740	pPt-17740	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3327	100017764	pPt-17764	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3328	100017865	pPt-17865	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3329	100017978	pPt-17978	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3330	100018000	pPt-18000	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3331	100018013	pPt-18013	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3332	100018028	pPt-18028	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3333	100018103	pPt-18103	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3334	100018129	pPt-18129	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3335	100018240	pPt-18240	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3336	100018339	pPt-18339	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3337	100018362	pPt-18362	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3338	100018498	pPt-18498	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3339	100018513	pPt-18513	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3340	100018554	pPt-18554	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3341	100018573	pPt-18573	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3342	100018602	pPt-18602	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3343	100018648	pPt-18648	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3344	100018659	pPt-18659	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3345	100018750	pPt-18750	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3346	100018803	pPt-18803	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3347	100018815	pPt-18815	DArT	GL 10	N.O.	N.O.

3348	100018817	pPt-18817	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3349	100018868	pPt-18868	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3350	100018877	pPt-18877	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3351	100018893	pPt-18893	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3352	100018905	pPt-18905	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3353	100018960	pPt-18960	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3354	100019163	pPt-19163	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3355	100019321	pPt-19321	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3356	100019343	pPt-19343	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3357	100019377	pPt-19377	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3358	100019395	pPt-19395	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3359	100019417	pPt-19417	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3360	100019604	pPt-19604	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3361	100019624	pPt-19624	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3362	100019786	pPt-19786	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3363	100019804	pPt-19804	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3364	100019809	pPt-19809	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3365	100019864	pPt-19864	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3366	100019872	pPt-19872	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3367	100019875	pPt-19875	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3368	100020023	pPt-20023_s	SNP 68:C>G	GL 10	N.O.	N.O.
3369	100020097	pPt-20097	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3370	100020192	pPt-20192	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3371	100020221	pPt-20221	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3372	100020299	pPt-20299	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3373	100020300	pPt-20300	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3374	100020348	pPt-20348	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3375	100020367	pPt-20367	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3376	100020373	pPt-20373	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3377	100020405	pPt-20405	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3378	100020415	pPt-20415	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3379	100020461	pPt-20461	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3380	100020505	pPt-20505	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3381	100020523	pPt-20523	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3382	100020532	pPt-20532	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3383	100020540	pPt-20540	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3384	100020607	pPt-20607	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3385	100020608	pPt-20608	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3386	100020624	pPt-20624	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3387	100020629	pPt-20629	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3388	100020649	pPt-20649	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3389	100020673	pPt-20673	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3390	100020694	pPt-20694	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3391	100020729	pPt-20729	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3392	100020808	pPt-20808	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3393	100020815	pPt-20815	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3394	100020847	pPt-20847	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3395	100020971	pPt-20971	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3396	100020977	pPt-20977	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3397	100020998	pPt-20998	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3398	100021027	pPt-21027	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3399	100021088	pPt-21088	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3400	100021103	pPt-21103	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3401	100021128	pPt-21128	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3402	100021143	pPt-21143	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3403	100021172	pPt-21172	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3404	100021197	pPt-21197	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3405	100021239	pPt-21239	DArT	GL 10	N.O.	N.O.

3406	100021341	pPt-21341	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3407	100021347	pPt-21347	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3408	100021437	pPt-21437	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3409	100021459	pPt-21459	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3410	100021501	pPt-21501	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3411	100021517	pPt-21517	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3412	100021530	pPt-21530_s	SNP 52:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3413	100021533	pPt-21533	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3414	100021607	pPt-21607_s	SNP 45:C>T	GL 10	N.O.	N.O.
3415	100021618	pPt-21618	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3416	100021652	pPt-21652	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3417	100021659	pPt-21659	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3418	100021688	pPt-21688	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3419	100021704	pPt-21704	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3420	100021727	pPt-21727	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3421	100021748	pPt-21748	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3422	100021760	pPt-21760	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3423	100021780	pPt-21780	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3424	100021799	pPt-21799	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3425	100021811	pPt-21811	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3426	100021872	pPt-21872	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3427	100021897	pPt-21897	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3428	100021898	pPt-21898	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3429	100021924	pPt-21924	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3430	100021998	pPt-21998	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3431	100022033	pPt-22033	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3432	100022039	pPt-22039	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3433	100022070	pPt-22070	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3434	100022125	pPt-22125	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3435	100022145	pPt-22145	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3436	100022186	pPt-22186	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3437	100022203	pPt-22203	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3438	100022300	pPt-22300	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3439	100022338	pPt-22338	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3440	100022422	pPt-22422	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3441	100022452	pPt-22452	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3442	100022462	pPt-22462	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3443	100022516	pPt-22516	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3444	100022518	pPt-22518	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3445	100022523	pPt-22523	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3446	100022546	pPt-22546	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3447	100022598	pPt-22598	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3448	100022629	pPt-22629	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3449	100022665	pPt-22665	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3450	100022721	pPt-22721	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3451	100022788	pPt-22788	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3452	100022819	pPt-22819	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3453	100022908	pPt-22908	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3454	100022917	pPt-22917_s	SNP 16:A>T	GL 10	N.O.	N.O.
3455	100022940	pPt-22940	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3456	100022957	pPt-22957	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3457	100023040	pPt-23040	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3458	100023055	pPt-23055	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3459	100023060	pPt-23060	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3460	100023075	pPt-23075	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3461	100023115	pPt-23115	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3462	100023124	pPt-23124_s	SNP 54:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3463	100023130	pPt-23130	DArT	GL 10	N.O.	N.O.



3464	100023145	pPt-23145	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3465	100023170	pPt-23170	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3466	100023229	pPt-23229	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3467	100023258	pPt-23258	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3468	100023263	pPt-23263	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3469	100023327	pPt-23327	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3470	100023350	pPt-23350	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3471	100023391	pPt-23391	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3472	100023417	pPt-23417	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3473	100023431	pPt-23431	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3474	100023440	pPt-23440	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3475	100023445	pPt-23445_s	SNP 62:A>T	GL 10	N.O.	N.O.
3476	100023520	pPt-23520	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3477	100023555	pPt-23555_s	SNP 14:C>G	GL 10	N.O.	N.O.
3478	100023563	pPt-23563	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3479	100023599	pPt-23599	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3480	100023616	pPt-23616	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3481	100023628	pPt-23628	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3482	100023631	pPt-23631	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3483	100023646	pPt-23646_s	SNP 30:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3484	100023764	pPt-23764	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3485	100023798	pPt-23798	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3486	100023804	pPt-23804	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3487	100023820	pPt-23820_s	SNP 46:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3488	100023857	pPt-23857	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3489	100023896	pPt-23896_s	SNP 47:C>A	GL 10	N.O.	N.O.
3490	100023920	pPt-23920	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3491	100024066	pPt-24066	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3492	100024077	pPt-24077	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3493	100024138	pPt-24138	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3494	100024154	pPt-24154	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3495	100024182	pPt-24182	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3496	100024206	pPt-24206	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3497	100024248	pPt-24248	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3498	100024252	pPt-24252	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3499	100024318	pPt-24318	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3500	100024393	pPt-24393	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3501	100024408	pPt-24408	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3502	100024418	pPt-24418	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3503	100024422	pPt-24422	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3504	100024471	pPt-24471	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3505	100024498	pPt-24498	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3506	100024604	pPt-24604	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3507	100024626	pPt-24626	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3508	100024653	pPt-24653	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3509	100024756	pPt-24756	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3510	100024892	pPt-24892_s	SNP 47:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3511	100024991	pPt-24991	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3512	100025160	pPt-25160	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3513	100025230	pPt-25230	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3514	100025233	pPt-25233	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3515	100025260	pPt-25260_s	SNP 51:T>A	GL 10	N.O.	N.O.
3516	100025285	pPt-25285_s	SNP 14:A>T	GL 10	N.O.	N.O.
3517	100025292	pPt-25292	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3518	100025316	pPt-25316	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3519	100025467	pPt-25467_s	SNP 17:T>G	GL 10	N.O.	N.O.
3520	100025476	pPt-25476_s	SNP 14:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3521	100025519	pPt-25519	DArT	GL 10	N.O.	N.O.

3522	100025674	pPt-25674	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3523	100026630	pPt-26630_s	SNP 33:C>T	GL 10	N.O.	N.O.
3524	100026660	pPt-26660_s	SNP 27:C>A	GL 10	N.O.	N.O.
3525	100027048	pPt-27048_s	SNP 63:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3526	100027058	pPt-27058_s	SNP 31:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3527	100027067	pPt-27067_s	SNP 58:C>G	GL 10	N.O.	N.O.
3528	100027442	pPt-27442_s	SNP 32:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3529	100027508	pPt-27508_s	SNP 30:T>C	GL 10	N.O.	N.O.
3530	100027889	pPt-27889	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3531	100028115	pPt-28115_s	SNP 29:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3532	100028239	pPt-28239_s	SNP 31:A>T	GL 10	N.O.	N.O.
3533	100028431	pPt-28431	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3534	100028469	pPt-28469_s	SNP 68:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3535	100028616	pPt-28616_s	SNP 44:T>G	GL 10	N.O.	N.O.
3536	100029195	pPt-29195_s	SNP 35:A>C	GL 10	N.O.	N.O.
3537	100029199	pPt-29199_s	SNP 27:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3538	100029411	pPt-29411_s	SNP 41:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3539	100029907	pPt-29907_s	SNP 64:A>G	GL 10	N.O.	N.O.
3540	100030094	pPt-30094_s	SNP 18:G>T	GL 10	N.O.	N.O.
3541	100030320	pPt-30320_s	SNP 26:G>C	GL 10	N.O.	N.O.
3542	100030999	pPt-30999_s	SNP 64:G>A	GL 10	N.O.	N.O.
3543	100031018	pPt-31018_s	SNP 8:C>T	GL 10	N.O.	N.O.
3544	100035658	pPt-35658	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3545	100035714	pPt-35714	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3546	100035722	pPt-35722	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3547	100035739	pPt-35739	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3548	100035752	pPt-35752	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3549	100035769	pPt-35769	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3550	100035796	pPt-35796	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3551	100035875	pPt-35875	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
3552	100035878	pPt-35878	DArT	GL 10	N.O.	N.O.
<b>3553</b>	<b>PtTX3117</b>	<b>PtTX3117</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 11</b>	<b>N.O.</b>	<b>0,00</b>
3554	100030354	pPt-30354_s	SNP 68:G>A	GL 11	N.O.	0,55
3555	100029127	pPt-29127_s	SNP 59:C>A	GL 11	N.O.	0,69
3556	100025102	pPt-25102	DArT	GL 11	N.O.	1,02
3557	100028111	pPt-28111_s	SNP 54:T>G	GL 11	N.O.	1,24
3558	100026210	pPt-26210_s	SNP 8:G>A	GL 11	N.O.	1,57
3559	100016570	pPt-16570	DArT	GL 11	N.O.	1,92
3560	100024929	pPt-24929_s	SNP 60:G>T	GL 11	N.O.	2,10
3561	100035794	pPt-35794	DArT	GL 11	N.O.	2,16
3562	100025205	pPt-25205	DArT	GL 11	N.O.	2,24
3563	100025211	pPt-25211	DArT	GL 11	N.O.	2,39
3564	100035662	pPt-35662	DArT	GL 11	0,00	2,40
3565	100021876	pPt-21876	DArT	GL 11	N.O.	2,57
3566	100020924	pPt-20924	DArT	GL 11	N.O.	3,40
3567	100022272	pPt-22272	DArT	GL 11	1,37	3,65
3568	100022043	pPt-22043_s	SNP 61:A>G	GL 11	N.O.	3,99
3569	100019922	pPt-19922	DArT	GL 11	1,82	4,25
3570	100027968	pPt-27968_s	SNP 56:C>A	GL 11	2,19	4,41
3571	100019496	pPt-19496	DArT	GL 11	N.O.	4,51
3572	100023923	pPt-23923	DArT	GL 11	N.O.	4,57
3573	100035748	pPt-35748	DArT	GL 11	2,92	5,22
3574	100025087	pPt-25087	DArT	GL 11	3,29	5,45
3575	100022416	pPt-22416	DArT	GL 11	3,33	5,45
3576	100022215	pPt-22215	DArT	GL 11	3,36	5,48
3577	100021822	pPt-21822	DArT	GL 11	3,08	5,50
3578	100021749	pPt-21749	DArT	GL 11	2,78	5,75
3579	100028786	pPt-28786_s	SNP 47:C>G	GL 11	3,29	5,95

3580	100021865	pPt-21865	DArT	GL 11	4,58	6,52
3581	100019103	pPt-19103	DArT	GL 11	4,50	6,81
3582	100025193	pPt-25193	DArT	GL 11	3,80	6,98
3583	100024567	pPt-24567	DArT	GL 11	5,04	7,38
3584	100027113	pPt-27113_s	SNP 15:T>C	GL 11	4,84	7,67
3585	100018804	pPt-18804	DArT	GL 11	7,12	9,21
<b>3586</b>	<b>PtTX3029</b>	<b>PtTX3029_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 11</b>	<b>7,75</b>	<b>10,11</b>
3587	100020072	pPt-20072	DArT	GL 11	8,36	10,61
3588	100000017	pPt-00017	DArT	GL 11	8,85	10,99
3589	100020454	pPt-20454	DArT	GL 11	9,94	12,04
3590	100035829	pPt-35829	DArT	GL 11	10,46	12,94
3591	100024420	pPt-24420	DArT	GL 11	11,49	13,90
3592	100021043	pPt-21043	DArT	GL 11	12,70	15,16
3593	100024142	pPt-24142	DArT	GL 11	13,85	15,99
3594	100021397	pPt-21397	DArT	GL 11	14,28	16,48
3595	100018668	pPt-18668	DArT	GL 11	N.O.	16,54
3596	100020368	pPt-20368	DArT	GL 11	14,63	16,82
3597	100019921	pPt-19921	DArT	GL 11	14,74	16,95
3598	100003063	pPt-03063_s	SNP 8:C>T	GL 11	14,98	17,49
3599	100017906	pPt-17906	DArT	GL 11	16,76	18,89
3600	100022211	pPt-22211	DArT	GL 11	17,84	19,92
3601	100020241	pPt-20241	DArT	GL 11	18,40	20,68
3602	100020294	pPt-20294_s	SNP 51:A>T	GL 11	18,56	20,85
3603	100018959	pPt-18959	DArT	GL 11	18,85	21,17
3604	100003522	pPt-03522_s	SNP 18:A>C	GL 11	19,23	21,36
3605	100030334	pPt-30334_s	SNP 41:A>G	GL 11	19,06	21,68
3606	100035720	pPt-35720	DArT	GL 11	20,72	22,83
3607	100003723	pPt-03723_s	SNP 52:C>T	GL 11	20,86	23,02
3608	100000269	pPt-00269	DArT	GL 11	20,96	23,23
3609	100024632	pPt-24632	DArT	GL 11	21,08	23,43
3610	100000004	pPt-00004	DArT	GL 11	21,30	23,53
3611	100021325	pPt-21325	DArT	GL 11	21,63	23,85
3612	100020862	pPt-20862	DArT	GL 11	21,67	23,92
3613	100035675	pPt-35675	DArT	GL 11	23,71	26,04
3614	100000333	pPt-00333	DArT	GL 11	24,60	26,85
3615	100020426	pPt-20426	DArT	GL 11	25,03	27,49
3616	100025497	pPt-25497	DArT	GL 11	25,60	27,85
3617	100019975	pPt-19975	DArT	GL 11	25,84	28,05
3618	100023672	pPt-23672	DArT	GL 11	25,79	28,20
3619	100020433	pPt-20433	DArT	GL 11	26,98	29,24
3620	100023334	pPt-23334	DArT	GL 11	27,09	29,63
<b>3621</b>	<b>PtTX3125</b>	<b>PtTX3125_B</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 11</b>	<b>28,42</b>	<b>30,69</b>
3622	100025976	pPt-25976_s	SNP 8:C>A	GL 11	28,87	30,99
3623	100025436	pPt-25436	DArT	GL 11	28,69	31,27
3624	100018861	pPt-18861	DArT	GL 11	29,35	31,56
3625	100019903	pPt-19903_s	SNP 8:C>T	GL 11	29,43	31,89
3626	100024644	pPt-24644	DArT	GL 11	31,57	33,72
3627	100002014	pPt-02014_s	SNP 36:T>C	GL 11	31,80	34,12
3628	100003601	pPt-03601_s	SNP 47:G>C	GL 11	32,31	34,72
3629	100018692	pPt-18692	DArT	GL 11	32,54	34,87
3630	100022113	pPt-22113	DArT	GL 11	33,33	35,68
3631	100021198	pPt-21198	DArT	GL 11	33,47	35,79
3632	100020501	pPt-20501	DArT	GL 11	33,61	35,96
3633	100016555	pPt-16555	DArT	GL 11	33,75	36,02
3634	100022295	pPt-22295	DArT	GL 11	33,86	36,18
3635	100017893	pPt-17893	DArT	GL 11	34,30	36,55
3636	100028472	pPt-28472_s	SNP 14:A>G	GL 11	34,67	37,07
3637	100000035	pPt-00035	DArT	GL 11	36,30	38,54

3638	100027331	pPt-27331_s	SNP 11:A>C	GL 11	36,79	39,17
3639	100023233	pPt-23233	DArT	GL 11	37,51	39,88
3640	100022899	pPt-22899	DArT	GL 11	37,87	40,15
3641	100018004	pPt-18004	DArT	GL 11	37,96	40,26
3642	100017278	pPt-17278	DArT	GL 11	38,15	40,46
3643	100003410	pPt-03410_s	SNP 60:T>C	GL 11	37,98	40,47
3644	100019265	pPt-19265	DArT	GL 11	38,09	40,49
3645	100025383	pPt-25383_s	SNP 50:G>A	GL 11	39,35	41,56
3646	100024067	pPt-24067_s	SNP 44:C>T	GL 11	39,48	41,74
3647	100020301	pPt-20301	DArT	GL 11	39,55	41,89
3648	100024468	pPt-24468	DArT	GL 11	39,69	42,02
3649	100018906	pPt-18906	DArT	GL 11	39,79	42,10
3650	100023568	pPt-23568	DArT	GL 11	39,72	42,29
3651	100027640	pPt-27640_s	SNP 57:A>G	GL 11	40,08	42,49
3652	100021187	pPt-21187_s	SNP 12:C>G	GL 11	41,28	43,42
3653	100021660	pPt-21660_s	SNP 30:C>T	GL 11	41,56	43,75
3654	100027383	pPt-27383_s	SNP 57:C>T	GL 11	41,65	44,04
3655	100020194	pPt-20194	DArT	GL 11	41,84	44,18
3656	100019490	pPt-19490	DArT	GL 11	42,07	44,36
3657	100024165	pPt-24165	DArT	GL 11	42,20	44,47
3658	100017833	pPt-17833	DArT	GL 11	42,26	44,58
3659	100029538	pPt-29538_s	SNP 27:G>A	GL 11	42,30	44,62
3660	100002672	pPt-02672_s	SNP 38:G>T	GL 11	42,83	45,15
3661	100020736	pPt-20736	DArT	GL 11	43,39	45,71
3662	100022922	pPt-22922	DArT	GL 11	43,59	45,91
3663	100024901	pPt-24901	DArT	GL 11	44,05	46,37
3664	100019783	pPt-19783	DArT	GL 11	44,14	46,63
3665	100014474	pPt-14474	DArT	GL 11	44,89	47,24
3666	100017748	pPt-17748	DArT	GL 11	45,08	47,38
3667	100030687	pPt-30687_s	SNP 35:C>A	GL 11	45,22	47,60
3668	100020223	pPt-20223	DArT	GL 11	45,57	47,84
3669	100023465	pPt-23465	DArT	GL 11	45,64	47,98
3670	100022941	pPt-22941	DArT	GL 11	45,90	48,10
3671	100027729	pPt-27729_s	SNP 41:T>G	GL 11	46,02	48,26
3672	100025361	pPt-25361_s	SNP 7:T>C	GL 11	46,13	48,57
3673	100016464	pPt-16464	DArT	GL 11	46,42	48,90
3674	100023839	pPt-23839	DArT	GL 11	46,83	49,27
3675	100024538	pPt-24538_s	SNP 7:C>T	GL 11	48,85	51,02
3676	100035704	pPt-35704	DArT	GL 11	48,92	51,23
3677	100000323	pPt-00323	DArT	GL 11	49,47	51,48
3678	100002372	pPt-02372_s	SNP 65:C>A	GL 11	49,66	51,96
3679	100024280	pPt-24280	DArT	GL 11	49,70	52,05
3680	100003711	pPt-03711_s	SNP 9:G>C	GL 11	49,93	52,17
3681	100021747	pPt-21747	DArT	GL 11	50,00	52,31
3682	100016533	pPt-16533	DArT	GL 11	50,14	52,45
3683	100018088	pPt-18088	DArT	GL 11	50,29	52,59
3684	100025153	pPt-25153	DArT	GL 11	50,31	52,61
3685	100019961	pPt-19961	DArT	GL 11	50,34	52,69
3686	100000533	pPt-00533	DArT	GL 11	50,43	52,73
3687	100024429	pPt-24429	DArT	GL 11	50,55	52,85
3688	100019898	pPt-19898	DArT	GL 11	51,37	53,67
3689	100020719	pPt-20719	DArT	GL 11	51,53	53,79
3690	100020868	pPt-20868	DArT	GL 11	51,65	53,94
3691	100018198	pPt-18198	DArT	GL 11	51,69	54,10
3692	100018641	pPt-18641	DArT	GL 11	N.O.	54,95
3693	100018273	pPt-18273	DArT	GL 11	53,29	55,75
3694	100018076	pPt-18076	DArT	GL 11	53,89	56,35
3695	100019003	pPt-19003	DArT	GL 11	54,08	56,40

3696	100023567	pPt-23567	DArT	GL 11	54,25	56,60
3697	100017188	pPt-17188	DArT	GL 11	54,51	56,97
3698	100023883	pPt-23883	DArT	GL 11	54,65	57,00
3699	100021986	pPt-21986	DArT	GL 11	54,81	57,24
3700	100016825	pPt-16825	DArT	GL 11	54,90	57,27
3701	100018322	pPt-18322	DArT	GL 11	55,43	57,83
3702	100022131	pPt-22131	DArT	GL 11	55,63	57,92
3703	100022375	pPt-22375	DArT	GL 11	56,05	58,42
3704	100014544	pPt-14544	DArT	GL 11	56,84	59,36
3705	100021462	pPt-21462_s	SNP 51:G>A	GL 11	59,36	61,83
3706	100022451	pPt-22451_s	SNP 23:C>T	GL 11	60,15	62,31
3707	100020759	pPt-20759	DArT	GL 11	60,20	62,61
3708	100018845	pPt-18845	DArT	GL 11	60,34	62,78
3709	100019077	pPt-19077	DArT	GL 11	60,47	62,86
3710	100017452	pPt-17452	DArT	GL 11	60,61	62,95
3711	100021318	pPt-21318	DArT	GL 11	60,68	63,02
3712	100023065	pPt-23065	DArT	GL 11	60,57	63,18
3713	100021869	pPt-21869	DArT	GL 11	60,90	63,33
3714	100018559	pPt-18559	DArT	GL 11	61,50	63,79
3715	100021117	pPt-21117	DArT	GL 11	61,76	64,08
3716	100018864	pPt-18864	DArT	GL 11	61,82	64,09
3717	100021700	pPt-21700	DArT	GL 11	61,94	64,39
3718	100018539	pPt-18539	DArT	GL 11	62,25	64,61
3719	100022989	pPt-22989	DArT	GL 11	62,96	65,28
3720	100003507	pPt-03507_s	SNP 29:G>A	GL 11	64,28	66,73
3721	100023830	pPt-23830	DArT	GL 11	65,56	67,90
3722	100000175	pPt-00175	DArT	GL 11	66,27	68,66
3723	100024716	pPt-24716_s	SNP 43:G>C	GL 11	67,56	69,94
3724	100017614	pPt-17614	DArT	GL 11	69,54	71,92
<b>3725</b>	<b>PtTX3043</b>	<b>PtTX3043_D</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 11</b>	<b>69,68</b>	<b>72,06</b>
3726	100022463	pPt-22463	DArT	GL 11	69,75	72,13
3727	100018081	pPt-18081	DArT	GL 11	72,92	75,30
3728	100019719	pPt-19719	DArT	GL 11	73,17	75,55
3729	100024254	pPt-24254	DArT	GL 11	73,23	75,61
3730	100003353	pPt-03353_s	SNP 34:T>C	GL 11	75,10	77,48
3731	100019715	pPt-19715	DArT	GL 11	75,49	77,87
3732	100017981	pPt-17981	DArT	GL 11	76,52	78,90
3733	100018307	pPt-18307	DArT	GL 11	76,58	78,97
3734	100027215	pPt-27215_s	SNP 51:A>T	GL 11	76,82	79,20
3735	100017327	pPt-17327	DArT	GL 11	77,19	79,57
3736	100022737	pPt-22737	DArT	GL 11	77,21	79,59
3737	100027576	pPt-27576_s	SNP 22:A>G	GL 11	77,65	80,03
3738	100022995	pPt-22995	DArT	GL 11	78,30	80,67
<b>3739</b>	<b>PtTX3081</b>	<b>PtTX3081</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 11</b>	<b>80,65</b>	<b>83,01</b>
3740	100003605	pPt-03605_s	SNP 19:G>A	GL 12	0,00	0,00
3741	100019430	pPt-19430	DArT	GL 12	0,57	0,39
3742	100019184	pPt-19184	DArT	GL 12	0,59	0,45
3743	100003919	pPt-03919_s	SNP 21:A>C	GL 12	N.O.	0,66
3744	100017973	pPt-17973	DArT	GL 12	0,89	0,78
3745	100022258	pPt-22258	DArT	GL 12	N.O.	0,93
3746	100018221	pPt-18221	DArT	GL 12	1,25	1,16
3747	100018911	pPt-18911	DArT	GL 12	1,27	1,19
3748	100002139	pPt-02139_s	SNP 58:C>A	GL 12	0,37	1,57
3749	100025740	pPt-25740	DArT	GL 12	2,23	2,16
3750	100020349	pPt-20349	DArT	GL 12	2,45	2,40
3751	100019100	pPt-19100	DArT	GL 12	2,45	2,41
3752	100020498	pPt-20498	DArT	GL 12	2,53	2,50
3753	100019196	pPt-19196	DArT	GL 12	2,53	2,51

3754	100023483	pPt-23483	DArT	GL 12	2,50	2,54
3755	100018271	pPt-18271	DArT	GL 12	2,51	2,54
3756	100021307	pPt-21307	DArT	GL 12	2,50	2,54
3757	100019686	pPt-19686	DArT	GL 12	2,53	2,58
3758	100019609	pPt-19609	DArT	GL 12	2,41	2,69
3759	100023269	pPt-23269_s	SNP 8:G>C	GL 12	2,44	2,72
3760	100023114	pPt-23114	DArT	GL 12	3,84	3,72
3761	100029539	pPt-29539_s	SNP 39:A>G	GL 12	4,11	4,08
3762	100021465	pPt-21465_s	SNP 60:A>T	GL 12	4,41	4,43
3763	100017901	pPt-17901	DArT	GL 12	5,01	5,16
3764	100019563	pPt-19563	DArT	GL 12	6,35	6,42
3765	100029781	pPt-29781_s	SNP 39:C>T	GL 12	7,96	7,64
3766	100023524	pPt-23524	DArT	GL 12	8,05	8,06
3767	100013765	pPt-13765	DArT	GL 12	8,06	8,10
3768	100020600	pPt-20600	DArT	GL 12	8,23	8,35
3769	100020445	pPt-20445	DArT	GL 12	8,47	8,49
3770	100023048	pPt-23048	DArT	GL 12	8,74	8,88
3771	100003916	pPt-03916_s	SNP 38:C>T	GL 12	N.O.	15,54
3772	100000102	pPt-00102	DArT	GL 12	N.O.	16,61
3773	100020344	pPt-20344	DArT	GL 12	N.O.	17,34
3774	100021306	pPt-21306_s	SNP 10:C>T	GL 12	17,58	17,66
3775	100027198	pPt-27198_s	SNP 17:C>A	GL 12	17,97	17,87
3776	100020618	pPt-20618	DArT	GL 12	N.O.	18,08
3777	100019287	pPt-19287	DArT	GL 12	N.O.	18,35
3778	100028696	pPt-28696_s	SNP 12:C>G	GL 12	N.O.	19,01
3779	100027866	pPt-27866_s	SNP 12:G>T	GL 12	N.O.	21,84
3780	100022009	pPt-22009	DArT	GL 12	22,11	22,25
<b>3781</b>	<b>PtTX3021</b>	<b>PtTX3021_F</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 12</b>	<b>23,20</b>	<b>23,32</b>
3782	100002472	pPt-02472_s	SNP 8:A>C	GL 12	N.O.	24,89
3783	100021522	pPt-21522_s	SNP 20:C>A	GL 12	25,72	25,85
3784	100019690	pPt-19690	DArT	GL 12	25,96	26,16
3785	100017379	pPt-17379	DArT	GL 12	25,96	26,26
3786	100020751	pPt-20751	DArT	GL 12	26,35	26,51
3787	100002537	pPt-02537_s	SNP 34:A>G	GL 12	N.O.	28,05
3788	100029066	pPt-29066_s	SNP 13:C>G	GL 12	28,17	28,53
3789	100021626	pPt-21626	DArT	GL 12	N.O.	28,62
3790	100028013	pPt-28013_s	SNP 24:C>T	GL 12	N.O.	28,76
3791	100002398	pPt-02398_s	SNP 46:G>A	GL 12	28,70	28,97
3792	100023931	pPt-23931_s	SNP 27:G>A	GL 12	28,86	29,14
3793	100021693	pPt-21693	DArT	GL 12	28,95	29,32
3794	100018574	pPt-18574	DArT	GL 12	32,03	29,59
3795	100024587	pPt-24587	DArT	GL 12	N.O.	30,29
3796	100030108	pPt-30108_s	SNP 16:G>A	GL 12	31,99	30,48
3797	100018163	pPt-18163	DArT	GL 12	31,90	30,81
3798	100029389	pPt-29389_s	SNP 34:G>C	GL 12	N.O.	31,00
3799	100002470	pPt-02470_s	SNP 16:C>A	GL 12	31,73	31,10
3800	100023802	pPt-23802	DArT	GL 12	30,56	31,25
3801	100024687	pPt-24687	DArT	GL 12	30,93	31,39
3802	100016326	pPt-16326	DArT	GL 12	31,86	31,48
3803	100019950	pPt-19950	DArT	GL 12	31,09	31,52
3804	100023915	pPt-23915	DArT	GL 12	31,05	31,59
3805	100020157	pPt-20157	DArT	GL 12	31,69	31,69
3806	100019296	pPt-19296	DArT	GL 12	31,29	31,70
3807	100024636	pPt-24636_s	SNP 6:G>A	GL 12	30,80	31,85
3808	100022135	pPt-22135	DArT	GL 12	30,66	31,94
3809	100027348	pPt-27348	DArT	GL 12	31,30	32,01
3810	100020407	pPt-20407	DArT	GL 12	31,43	32,02
3811	100017258	pPt-17258	DArT	GL 12	31,47	32,03

3812	100016704	pPt-16704	DArT	GL 12	31,54	32,10
3813	100022750	pPt-22750	DArT	GL 12	31,48	32,11
3814	100021456	pPt-21456	DArT	GL 12	31,54	32,13
3815	100022458	pPt-22458	DArT	GL 12	31,39	32,13
3816	100018463	pPt-18463	DArT	GL 12	31,57	32,17
3817	100024055	pPt-24055	DArT	GL 12	31,50	32,18
3818	100019513	pPt-19513	DArT	GL 12	31,66	32,22
3819	100000359	pPt-00359	DArT	GL 12	31,58	32,23
3820	100006357	pPt-06357	DArT	GL 12	32,31	32,34
3821	100024833	pPt-24833	DArT	GL 12	31,66	32,48
3822	100021471	pPt-21471	DArT	GL 12	31,37	32,57
3823	100024708	pPt-24708	DArT	GL 12	33,05	32,79
3824	100029036	pPt-29036_s	SNP 67:G>C	GL 12	32,87	33,06
3825	100018710	pPt-18710_s	SNP 13:G>A	GL 12	33,30	33,46
3826	100022223	pPt-22223	DArT	GL 12	N.O.	34,63
3827	100024523	pPt-24523	DArT	GL 12	N.O.	34,73
3828	100027882	pPt-27882_s	SNP 15:C>G	GL 12	N.O.	34,89
3829	100021728	pPt-21728	DArT	GL 12	N.O.	35,33
3830	100026882	pPt-26882_s	SNP 41:T>C	GL 12	N.O.	35,56
3831	100003305	pPt-03305_s	SNP 6:G>A	GL 12	N.O.	35,83
3832	100000030	pPt-00030	DArT	GL 12	N.O.	35,97
3833	100020634	pPt-20634	DArT	GL 12	N.O.	36,01
3834	100023171	pPt-23171	DArT	GL 12	N.O.	36,11
3835	100000366	pPt-00366	DArT	GL 12	N.O.	36,20
<b>3836</b>	<b>PtTX4183</b>	<b>PtTX4183_A</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 12</b>	<b>35,82</b>	<b>36,22</b>
3837	100024298	pPt-24298	DArT	GL 12	N.O.	36,50
3838	100021146	pPt-21146_s	SNP 68:C>T	GL 12	N.O.	36,77
3839	100022486	pPt-22486	DArT	GL 12	N.O.	37,15
3840	100021446	pPt-21446	DArT	GL 12	37,28	37,60
3841	100001440	pPt-01440_s	SNP 11:G>C	GL 12	N.O.	38,66
3842	100026748	pPt-26748_s	SNP 57:A>C	GL 12	N.O.	40,02
3843	100019664	pPt-19664	DArT	GL 12	N.O.	41,83
3844	100021001	pPt-21001	DArT	GL 12	N.O.	41,84
3845	100019816	pPt-19816	DArT	GL 12	N.O.	43,83
3846	100000179	pPt-00179	DArT	GL 12	N.O.	45,16
3847	100019901	pPt-19901	DArT	GL 12	N.O.	45,81
3848	100002057	pPt-02057_s	SNP 44:C>G	GL 12	N.O.	46,29
3849	100022647	pPt-22647	DArT	GL 12	N.O.	47,07
3850	100016895	pPt-16895	DArT	GL 12	N.O.	47,21
3851	100019294	pPt-19294	DArT	GL 12	N.O.	47,81
3852	100018012	pPt-18012	DArT	GL 12	N.O.	51,53
3853	100024089	pPt-24089_s	SNP 37:A>C	GL 12	N.O.	52,13
<b>3854</b>	<b>PtRIP_0079</b>	<b>PtRIP_0079</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 12</b>	<b>N.O.</b>	<b>53,18</b>
3855	100025106	pPt-25106_s	SNP 56:C>G	GL 12	N.O.	53,65
3856	100022591	pPt-22591	DArT	GL 12	N.O.	54,00
<b>3857</b>	<b>PtRIP_0031</b>	<b>PtRIP_0031</b>	<b>SSR</b>	<b>GL 12</b>	<b>N.O.</b>	<b>54,19</b>
3858	100021032	pPt-21032	DArT	GL 12	N.O.	54,40
3859	100025512	pPt-25512_s	SNP 64:T>G	GL 12	N.O.	54,58
3860	100023767	pPt-23767	DArT	GL 12	N.O.	54,65
3861	100022745	pPt-22745	DArT	GL 12	N.O.	54,91
3862	100020284	pPt-20284	DArT	GL 12	N.O.	55,31
3863	100022729	pPt-22729	DArT	GL 12	N.O.	55,57
3864	100026855	pPt-26855_s	SNP 40:C>T	GL 12	N.O.	55,87
3865	100021719	pPt-21719	DArT	GL 12	N.O.	56,25
3866	100018218	pPt-18218	DArT	GL 12	N.O.	56,58
3867	100025748	pPt-25748_s	SNP 59:T>C	GL 12	N.O.	57,14
3868	100019983	pPt-19983	DArT	GL 12	N.O.	59,42
3869	100019541	pPt-19541	DArT	GL 12	N.O.	59,60

3870	100017943	pPt-17943	DArT	GL 12	N.O.	60,54
3871	100021042	pPt-21042	DArT	GL 12	N.O.	60,80
3872	100002268	pPt-02268_s	SNP 7:T>C	GL 12	N.O.	61,92
3873	100020450	pPt-20450	DArT	GL 12	N.O.	64,23
3874	100017510	pPt-17510	DArT	GL 12	N.O.	64,36
3875	100018896	pPt-18896	DArT	GL 12	N.O.	64,36
3876	100000201	pPt-00201	DArT	GL 12	N.O.	66,67
3877	100002577	pPt-02577_s	SNP 18:T>C	GL 12	N.O.	67,18
3878	100001749	pPt-01749_s	SNP 22:C>G	GL 12	N.O.	67,57
3879	100017549	pPt-17549	DArT	GL 12	N.O.	68,28
3880	100000253	pPt-00253	DArT	GL 12	N.O.	68,73
3881	100020225	pPt-20225	DArT	GL 12	N.O.	68,87
3882	100022132	pPt-22132	DArT	GL 12	N.O.	68,96
3883	100024586	pPt-24586_s	SNP 66:G>C	GL 12	68,28	69,03
3884	100025509	pPt-25509_s	SNP 5:A>G	GL 12	N.O.	69,44
3885	100018831	pPt-18831	DArT	GL 12	N.O.	70,46
3886	100002969	pPt-02969_s	SNP 44:A>G	GL 12	70,68	71,27
3887	100021512	pPt-21512	DArT	GL 12	N.O.	71,81
3888	100017191	pPt-17191	DArT	GL 12	75,18	75,44
3889	100024133	pPt-24133	DArT	GL 12	N.O.	76,04
3890	100024102	pPt-24102	DArT	GL 12	N.O.	76,57
3891	100003484	pPt-03484_s	SNP 52:G>C	GL 12	81,62	83,53
3892	100001987	pPt-01987_s	SNP 50:C>T	GL 12	83,60	84,78
3893	100020071	pPt-20071	DArT	GL 12	87,74	88,64
3894	100023695	pPt-23695	DArT	GL 12	87,57	88,71
3895	100018066	pPt-18066	DArT	GL 12	87,91	88,97
3896	100017837	pPt-17837	DArT	GL 12	89,84	90,80
3897	100024271	pPt-24271_s	SNP 32:C>T	GL 12	91,94	92,56
3898	100024553	pPt-24553	DArT	GL 12	91,57	93,12
3899	100024947	pPt-24947_s	SNP 12:C>T	GL 12	97,22	94,75
3900	100019036	pPt-19036	DArT	GL 12	94,28	95,39
3901	100018043	pPt-18043_s	SNP 9:G>T	GL 12	94,75	96,01
3902	100019314	pPt-19314	DArT	GL 12	96,73	98,16
3903	100019315	pPt-19315	DArT	GL 12	96,93	98,47
3904	100021818	pPt-21818	DArT	GL 12	97,21	98,70
3905	100022849	pPt-22849	DArT	GL 12	97,16	98,91
3906	100022270	pPt-22270	DArT	GL 12	N.O.	99,85
3907	100022817	pPt-22817	DArT	GL 12	N.O.	99,86
3908	100020920	pPt-20920	DArT	GL 12	N.O.	99,89
3909	100022318	pPt-22318	DArT	GL 12	N.O.	99,89
3910	100019350	pPt-19350	DArT	GL 12	99,15	100,32
3911	100001461	pPt-01461_s	SNP 32:G>A	GL 12	N.O.	100,78
3912	100022266	pPt-22266	DArT	GL 12	N.O.	100,94
3913	100018295	pPt-18295	DArT	GL 12	N.O.	100,97
3914	100021565	pPt-21565_s	SNP 12:A>T	GL 12	100,14	101,06
3915	100024631	pPt-24631_s	SNP 38:A>C	GL 12	100,13	101,08
3916	100024021	pPt-24021	DArT	GL 12	N.O.	101,12
3917	100019390	pPt-19390	DArT	GL 12	N.O.	101,15
3918	100022434	pPt-22434	DArT	GL 12	N.O.	101,22
3919	100019059	pPt-19059	DArT	GL 12	N.O.	101,26
3920	100027086	pPt-27086_s	SNP 12:C>T	GL 12	N.O.	101,32
3921	100022617	pPt-22617	DArT	GL 12	N.O.	101,43
3922	100002306	pPt-02306_s	SNP 20:A>C	GL 12	N.O.	101,63
3923	100019371	pPt-19371	DArT	GL 12	N.O.	101,75
3924	100018517	pPt-18517	DArT	GL 12	N.O.	101,81
3925	100024792	pPt-24792	DArT	GL 12	N.O.	102,15
3926	100025414	pPt-25414	DArT	GL 12	N.O.	102,35
3927	100016287	pPt-16287	DArT	GL 12	N.O.	102,39



3928	100019913	pPt-19913	DArT	GL 12	N.O.	102,74
3929	100023371	pPt-23371_s	SNP 26:G>A	GL 12	102,89	103,49
3930	100020656	pPt-20656_s	SNP 38:T>G	GL 12	N.O.	104,97
3931	100021196	pPt-21196	DArT	GL 12	N.O.	105,97
3932	100003205	pPt-03205_s	SNP 50:A>T	GL 12	N.O.	106,40
3933	100018483	pPt-18483	DArT	GL 12	N.O.	106,56
3934	100022859	pPt-22859	DArT	GL 12	N.O.	107,72
3935	100018216	pPt-18216	DArT	GL 12	N.O.	107,93
3936	100021333	pPt-21333	DArT	GL 12	N.O.	108,09
3937	100019970	pPt-19970	DArT	GL 12	N.O.	108,34
3938	100000476	pPt-00476	DArT	GL 12	N.O.	108,75
3939	100025118	pPt-25118	DArT	GL 12	N.O.	109,33
3940	100029166	pPt-29166_s	SNP 63:A>G	GL 12	N.O.	109,44
3941	100019887	pPt-19887	DArT	GL 12	N.O.	109,46
3942	100024565	pPt-24565	DArT	GL 12	N.O.	109,52
3943	100018084	pPt-18084	DArT	GL 12	N.O.	109,65
3944	100000162	pPt-00162	DArT	GL 12	N.O.	109,66
3945	100028832	pPt-28832_s	SNP 9:T>G	GL 12	N.O.	109,67
3946	100021673	pPt-21673	DArT	GL 12	N.O.	109,68
3947	100020183	pPt-20183	DArT	GL 12	N.O.	109,72
3948	100019945	pPt-19945	DArT	GL 12	N.O.	109,96
3949	100000432	pPt-00432	DArT	GL 12	109,32	110,01
3950	100018706	pPt-18706	DArT	GL 12	N.O.	110,05
3951	100023733	pPt-23733	DArT	GL 12	N.O.	110,07
3952	100024835	pPt-24835	DArT	GL 12	N.O.	110,39
3953	100028163	pPt-28163_s	SNP 52:C>G	GL 12	N.O.	111,46
<b>Total</b>					<b>1215,98</b>	<b>1226,47</b>

<sup>a</sup> **Natureza dos marcadores:** DArT – *in silico* DArT genotipagem por sequenciamento; SNP – posição do SNP na sequência de 69 bases da genotipagem por sequenciamento : variação da base nitrogenada; SSR – marcador microsatélite.

**Tabela suplementar 3.4** – Relação dos 394 alinhamentos válidos entre 76 marcadores DArT-seq (62 *in silico* DArT e 14 SNPs) e 75 clones BACs, utilizando o programa BLAST (parâmetros utilizados: *task=blastn, gapopen=5, gapextended 2, penalty 3, reward 2*). Alinhamentos válidos foram considerados admitindo-se um valor de *bitscore* superior a 40 e percentual de identidade do segmento alinhado superior a 75%. Posição dos marcadores no mapa genético (*second round* e *third round*) em centiMorgan (cM). N.O - Marcadores agrupados, mas não ordenados.

Clone PT_7Ba	Marcadores DArT-seq	Grupo de ligação	Ordenamento ao mapa genético		% de identidad e	comprimento do alinhamento	mismatches	gap opens	posição do alinhamento				E-value	bitscore
			"second round" (cM)	"third round" (cM)					marcador DArT-seq		clone PT_7Ba			
									início	final	início	final		
AC241263	pPt-21440	GL 02	N.O.	N.O.	82,09	67	12	0	1	67	16545	16479	2E-12	68
AC241264	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	90,16	61	6	0	9	69	30213	30273	2E-17	84,2
AC241264	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	87,5	64	8	0	3	66	30255	30318	3E-16	80,6
AC241264	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	75,86	58	14	0	3	60	30520	30577	7E-05	42,8
AC241265	pPt-22025	GL 02	7,241	N.O.	92,86	42	2	1	29	69	54185	54144	1E-09	59
AC241265	pPt-22025	GL 02	7,241	N.O.	92,86	42	2	1	29	69	58744	58703	1E-09	59
AC241265	pPt-23602	GL 10	N.O.	N.O.	98,55	69	1	0	1	69	68268	68336	3E-28	120
AC241265	pPt-23602	GL 10	N.O.	N.O.	98,55	69	1	0	1	69	74463	74395	3E-28	120
AC241266	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	83,33	66	11	0	4	69	48659	48724	5E-13	69,8
AC241266	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	85,07	67	9	1	3	69	48706	48771	4E-14	73,4
AC241266	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	84,62	39	6	0	6	44	58349	58387	2E-05	44,6
AC241266	pPt-21998	GL 10	N.O.	N.O.	84,09	44	5	2	24	67	67836	67795	3E-04	41
AC241266	pPt-18959	GL 11	18,846	21,17	92,86	28	2	0	4	31	24923	24896	7E-05	42,8
AC241267	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	85,07	67	10	0	3	69	26206	26140	4E-15	77
AC241267	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	83,58	67	11	0	3	69	65047	64981	2E-13	71,6
AC241267	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	75,86	58	14	0	3	60	25940	25883	7E-05	42,8
AC241267	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	75,86	58	14	0	3	60	25940	25883	7E-05	42,8
AC241267	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	77,59	58	13	0	3	60	26126	26069	6E-06	46,4

AC241267	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	79,31	58	12	0	3	60	26126	26069	1E-07	51,8
AC241268	pPt-20350	GL 07	99,075	N.O.	82,61	46	8	0	7	52	4204	4249	2E-06	48,2
AC241270	pPt-00120	GL 05	N.O.	25,982	100	23	0	0	37	59	8985	9007	7E-05	42,8
AC241273	pPt-00677_s	GL 05	N.O.	33,029	80	65	13	0	1	65	52146	52082	1E-09	59
AC241274	pPt-23032	GL 02	69,311	N.O.	81,08	74	9	3	1	69	79590	79663	8E-11	62,6
AC241276	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	91,38	58	5	0	10	67	2521	2578	8E-17	82,4
AC241276	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	78,79	66	14	0	3	68	59739	59674	3E-09	57,2
AC241276	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	98,48	66	1	0	4	69	2563	2628	1E-26	114
AC241276	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	80,6	67	13	0	3	69	16956	17022	8E-11	62,6
AC241276	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	86,36	66	8	1	4	69	59690	59626	1E-14	75,2
AC241276	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	79,69	64	13	0	4	67	2643	2706	3E-09	57,2
AC241276	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	79,69	64	13	0	4	67	2643	2706	3E-09	57,2
AC241277	pPt-25046	GL 03	N.O.	50,229	81,82	66	12	0	1	66	48596	48661	6E-12	66,2
AC241277	pPt-25046	GL 03	N.O.	50,229	80,3	66	13	0	1	66	67166	67231	3E-10	60,8
AC241279	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	83,02	53	9	0	3	55	21125	21177	1E-08	55,4
AC241279	pPt-01682_s	GL 10	N.O.	N.O.	88,89	36	4	0	34	69	19284	19249	2E-06	48,2
AC241279	pPt-22629	GL 10	N.O.	N.O.	82,14	56	5	2	5	60	36727	36777	1E-07	51,8
AC241280	pPt-23406	GL 02	N.O.	N.O.	96,55	29	1	0	40	68	19319	19347	2E-06	48,2
AC241280	pPt-15206	GL 06	N.O.	25,105	88,89	63	7	0	1	63	6987	7049	8E-17	82,4
AC241280	pPt-25537	GL 06	N.O.	24,514	85,51	69	10	0	1	69	6990	6922	3E-16	80,6
AC241280	pPt-02094_s	GL 08	3,346	N.O.	91,18	34	2	1	11	43	18212	18179	2E-05	44,6
AC241281	pPt-18641	GL 11	N.O.	54,95	85,71	35	5	0	4	38	10921	10887	3E-04	41
AC241284	pPt-29072_s	GL 04	N.O.	63,47	93,94	33	2	0	1	33	66120	66152	1E-07	51,8
AC241285	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	87,88	66	8	0	3	68	86595	86530	2E-17	84,2
AC241285	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	85,07	67	10	0	3	69	86547	86481	4E-15	77
AC241285	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,92	65	15	0	3	67	86467	86403	5E-07	50
AC241285	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	78,46	65	14	0	3	67	86467	86403	1E-08	55,4
AC241287	pPt-22025	GL 02	7,241	N.O.	87,5	40	3	2	31	69	16975	16937	7E-05	42,8
AC241287	pPt-22025	GL 02	7,241	N.O.	87,88	33	4	0	1	33	17027	16995	7E-05	42,8
AC241288	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	89,39	66	7	0	3	68	49271	49206	2E-18	87,8
AC241288	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	83,61	61	10	0	9	69	106752	106812	6E-12	66,2
AC241288	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	83,61	61	10	0	9	69	129254	129314	6E-12	66,2
AC241288	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	94,03	67	4	0	3	69	49223	49157	3E-23	104

AC241288	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	83,58	67	11	0	3	69	106794	106860	2E-13	71,6
AC241288	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	84,48	58	9	0	3	60	129296	129353	2E-11	64,4
AC241289	pPt-02414_s	GL 01	N.O.	N.O.	92,59	27	2	0	29	55	48150	48176	3E-04	41
AC241289	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	86,57	67	9	0	3	69	83581	83647	3E-16	80,6
AC241289	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,92	65	13	1	3	67	83661	83723	2E-06	48,2
AC241289	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	76,92	65	13	1	3	67	83661	83723	2E-06	48,2
AC241289	pPt-18313	GL 10	N.O.	N.O.	91,3	46	3	1	14	59	58196	58240	8E-11	62,6
AC241289	pPt-23263	GL 10	N.O.	N.O.	80,3	66	11	1	3	68	58374	58311	1E-09	59
AC241292	pPt-20593	GL 03	104,71	103,023	89,06	64	7	0	6	69	76209	76272	2E-17	84,2
AC241292	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	86,21	58	8	0	10	67	84907	84964	5E-13	69,8
AC241292	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	92,54	67	5	0	3	69	110370	110304	1E-21	98,7
AC241292	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85	60	8	1	10	69	124957	124899	2E-11	64,4
AC241292	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	91,04	67	6	0	3	69	84948	85014	1E-20	95,1
AC241292	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	88,06	67	8	0	3	69	110322	110256	7E-18	86
AC241292	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	83,58	67	11	0	3	69	124917	124851	2E-13	71,6
AC241292	pPt-24491	GL 07	N.O.	N.O.	78,69	61	13	0	9	69	78770	78710	1E-07	51,8
AC241292	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	78,18	55	12	0	6	60	85217	85271	6E-06	46,4
AC241292	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	80	55	11	0	6	60	85217	85271	5E-07	50
AC241292	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	88,33	60	7	0	3	62	110242	110183	4E-15	77
AC241292	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	86,67	60	8	0	3	62	110242	110183	4E-14	73,4
AC241292	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	75,38	65	16	0	3	67	124649	124585	6E-06	46,4
AC241292	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	75,38	65	16	0	3	67	124649	124585	6E-06	46,4
AC241292	pPt-24901	GL 11	44,052	46,373	90,62	32	3	0	38	69	25874	25843	2E-05	44,6
AC241293	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	80,3	66	13	0	3	68	59134	59199	3E-10	60,8
AC241293	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	87,88	66	8	0	4	69	59183	59248	2E-17	84,2
AC241293	pPt-02667_s	GL 07	15,781	N.O.	78,43	51	11	0	14	64	43602	43652	7E-05	42,8
AC241293	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	79,31	58	12	0	3	60	59446	59503	1E-07	51,8
AC241293	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	79,31	58	12	0	3	60	59446	59503	1E-07	51,8
AC241293	pPt-02667_s	GL 07	15,781	N.O.	80,39	51	10	0	14	64	69939	69989	2E-06	48,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,18	34	3	0	1	34	5212	5179	2E-06	48,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	5432	5372	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	96,72	61	2	0	1	61	5624	5564	9E-23	102
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	5816	5756	5E-20	93,3

AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	6008	5948	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	90,16	61	6	0	1	61	6184	6124	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	6376	6316	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	6568	6508	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	6760	6700	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	6952	6894	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	87,72	57	7	0	1	57	7144	7088	2E-13	71,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	7336	7278	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	87,72	57	7	0	3	59	7513	7457	2E-13	71,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	7761	7703	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	8060	8002	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,22	59	4	0	1	59	8345	8287	6E-19	89,7
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	8534	8476	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	8777	8719	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	94,12	34	2	0	1	34	31031	30998	4E-08	53,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	96,72	61	2	0	1	61	31250	31190	9E-23	102
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	96,72	61	2	0	1	61	31442	31382	9E-23	102
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	31634	31574	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	31810	31750	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	32002	31942	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	32193	32133	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	32385	32325	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	90,16	61	6	0	1	61	32577	32517	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	32769	32711	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	32961	32903	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	33153	33095	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	33345	33287	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	33537	33479	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	5	1	1	59	33848	33791	4E-15	77
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	34040	33982	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	34286	34228	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	34532	34474	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	34831	34773	3E-16	80,6

AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,23	57	5	0	1	57	35103	35047	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	35279	35221	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	35509	35451	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	97,06	34	1	0	1	34	68306	68273	3E-09	57,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	68526	68466	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	68705	68645	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	68897	68837	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	69089	69029	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	69265	69205	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	69457	69397	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	69649	69589	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	69841	69781	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	3	61	70031	69973	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	70225	70167	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	86,21	58	8	0	1	58	70426	70369	5E-13	69,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	86,44	59	8	0	1	59	70618	70560	2E-13	71,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	70810	70752	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	87,93	58	7	0	1	58	71002	70945	4E-14	73,4
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	71194	71136	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	86,44	59	7	1	1	59	71533	71476	2E-12	68
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	71725	71667	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	6	1	1	59	72076	72019	2E-13	71,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,22	59	4	0	1	59	72268	72210	6E-19	89,7
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	72760	72702	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	73059	73001	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	73331	73273	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	73534	73476	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	73710	73652	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	84,75	59	9	0	1	59	73940	73882	6E-12	66,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	97,06	34	1	0	1	34	76413	76380	3E-09	57,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	76633	76573	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,33	60	4	0	1	60	76812	76753	2E-19	91,5
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	77004	76944	5E-20	93,3

AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	90,16	61	6	0	1	61	77196	77136	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	77372	77312	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	77564	77504	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	77756	77696	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	77948	77888	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,66	58	6	0	1	58	78213	78156	1E-15	78,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	78443	78385	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	97,06	34	1	0	1	34	100573	100540	3E-09	57,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	96,72	61	2	0	1	61	100793	100733	9E-23	102
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	100985	100925	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	101177	101117	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	101383	101323	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	101559	101499	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	90,16	61	6	0	1	61	101751	101691	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,44	61	4	0	1	61	101943	101883	5E-20	93,3
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	102135	102075	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,52	61	7	0	1	61	102327	102267	1E-15	78,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	102519	102461	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	102711	102653	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	102903	102845	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	103095	103037	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,22	59	4	0	1	59	103287	103229	6E-19	89,7
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	103479	103421	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	103671	103613	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	103863	103805	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	104055	103997	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	104247	104189	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,66	58	6	0	1	58	104653	104596	1E-15	78,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	104899	104841	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	105184	105126	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	105456	105398	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	105659	105601	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	86,44	59	8	0	1	59	105808	105750	2E-13	71,6

AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	86,21	58	8	0	1	58	106038	105981	5E-13	69,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	94,12	34	2	0	1	34	126821	126788	4E-08	53,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	127041	126981	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	127233	127173	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	90,16	61	6	0	1	61	127425	127365	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	1	61	127617	127557	2E-18	87,8
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	95,08	61	3	0	1	61	127808	127748	4E-21	96,9
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,57	35	4	0	3	37	128213	128179	6E-06	46,4
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	89,83	59	6	0	1	59	128461	128403	3E-16	80,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	1	59	128760	128702	1E-14	75,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	93,22	59	4	0	1	59	129032	128974	6E-19	89,7
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,53	59	5	0	1	59	129249	129191	2E-17	84,2
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	86,44	59	8	0	1	59	129411	129353	2E-13	71,6
AC241294	pPt-14980	GL 08	N.O.	N.O.	91,38	58	5	0	1	58	129614	129557	8E-17	82,4
AC241295	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,07	67	10	0	3	69	51381	51315	4E-15	77
AC241295	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	88,06	67	8	0	3	69	51333	51267	7E-18	86
AC241295	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	77,42	62	14	0	5	66	51251	51190	5E-07	50
AC241297	pPt-19718_s	GL 07	35,367	N.O.	96,67	60	1	1	1	60	113146	113088	4E-21	96,9
AC241298	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,25	61	9	0	8	68	114586	114526	5E-13	69,8
AC241298	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	91,04	67	6	0	3	69	114543	114477	1E-20	95,1
AC241298	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	76,67	60	14	0	3	62	114463	114404	6E-06	46,4
AC241302	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,48	62	9	0	8	69	50662	50601	2E-13	71,6
AC241302	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,42	66	5	0	4	69	50618	50553	4E-21	96,9
AC241302	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	87,69	65	8	0	3	67	50539	50475	8E-17	82,4
AC241302	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	87,69	65	8	0	3	67	50539	50475	8E-17	82,4
AC241303	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	84,62	65	10	0	3	67	92014	91950	4E-14	73,4
AC241303	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	84,62	65	10	0	3	67	101304	101368	4E-14	73,4
AC241303	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,42	66	5	0	3	68	91966	91901	4E-21	96,9
AC241303	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	91,04	67	6	0	3	69	101352	101418	1E-20	95,1
AC241303	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	77,19	57	13	0	4	60	101433	101489	2E-05	44,6
AC241303	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	77,19	57	13	0	4	60	101433	101489	2E-05	44,6
AC241304	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	86,36	66	9	0	4	69	65862	65797	1E-15	78,8
AC241305	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	84,62	65	10	0	3	67	12986	13050	4E-14	73,4



AC241305	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	91,04	67	6	0	3	69	23655	23721	1E-20	95,1
AC241305	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,54	67	5	0	3	69	13034	13100	1E-21	98,7
AC241305	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	86,57	67	9	0	3	69	23703	23769	3E-16	80,6
AC241305	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,92	65	15	0	3	67	13114	13178	5E-07	50
AC241305	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	76,92	65	15	0	3	67	13114	13178	5E-07	50
AC241305	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	88,52	61	7	0	3	63	23783	23843	1E-15	78,8
AC241305	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	88,52	61	7	0	3	63	23783	23843	1E-15	78,8
AC241306	pPt-29072_s	GL 04	N.O.	63,47	92,59	27	2	0	7	33	30302	30328	3E-04	41
AC241307	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	90,77	65	6	0	3	67	59362	59298	2E-19	91,5
AC241307	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,54	67	5	0	3	69	59314	59248	1E-21	98,7
AC241307	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	91,8	61	5	0	3	63	59234	59174	2E-18	87,8
AC241307	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	91,8	61	5	0	3	63	59234	59174	2E-18	87,8
AC241308	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	84,06	69	11	0	1	69	23632	23700	1E-14	75,2
AC241308	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	90,77	65	6	0	3	67	23682	23746	2E-19	91,5
AC241308	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	78,46	65	14	0	3	67	23762	23826	1E-08	55,4
AC241308	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	80	65	13	0	3	67	23762	23826	1E-09	59
AC241309	pPt-13677	GL 01	76,306	N.O.	78,57	56	9	2	9	64	96070	96018	3E-04	41
AC241309	pPt-13674	GL 01	76,168	N.O.	77,42	62	11	2	3	64	96076	96018	7E-05	42,8
AC241309	pPt-15151	GL 01	1,62	N.O.	81,67	60	11	0	3	62	96076	96017	1E-09	59
AC241309	pPt-22415	GL 01	76,171	N.O.	77,78	54	9	1	19	69	96093	96146	7E-05	42,8
AC241309	pPt-00251	GL 01	75,993	N.O.	76,47	68	16	0	1	68	96544	96477	1E-07	51,8
AC241309	pPt-19805	GL 01	N.O.	N.O.	92,54	67	5	0	1	67	96544	96478	1E-21	98,7
AC241310	pPt-25637	GL 08	N.O.	N.O.	82,61	69	12	0	1	69	113256	113324	2E-13	71,6
AC241310	pPt-20142	GL 09	N.O.	89,352	93,1	29	1	1	1	28	33727	33755	3E-04	41
AC241310	pPt-20142	GL 09	N.O.	89,352	93,1	29	1	1	1	28	139814	139842	3E-04	41
AC241311	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	86,57	67	9	0	3	69	92411	92477	3E-16	80,6
AC241311	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	90,91	66	6	0	4	69	114484	114419	5E-20	93,3
AC241311	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,07	67	10	0	3	69	119764	119830	4E-15	77
AC241311	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	91,04	67	6	0	3	69	92459	92525	1E-20	95,1
AC241311	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	88,06	67	8	0	3	69	114437	114371	7E-18	86
AC241311	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,54	67	5	0	3	69	119812	119878	1E-21	98,7
AC241311	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	79,59	49	10	0	4	52	92540	92588	2E-05	44,6
AC241311	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	81,63	49	9	0	4	52	92540	92588	2E-06	48,2

AC241311	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	4	62	114356	114298	1E-14	75,2
AC241311	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	91,53	59	5	0	4	62	114356	114298	2E-17	84,2
AC241311	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	78,33	60	13	0	3	62	119892	119951	5E-07	50
AC241311	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	78,33	60	13	0	3	62	119892	119951	5E-07	50
AC241311	pPt-02094_s	GL 08	3,346	N.O.	90,62	32	2	1	37	68	74449	74419	3E-04	41
AC241312	pPt-21440	GL 02	N.O.	N.O.	79,71	69	14	0	1	69	33575	33643	8E-11	62,6
AC241313	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	88,06	67	8	0	3	69	139756	139822	7E-18	86
AC241313	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	89,55	67	7	0	3	69	139804	139870	6E-19	89,7
AC241313	pPt-25802_s	GL 08	N.O.	N.O.	92,59	27	2	0	14	40	25700	25674	3E-04	41
AC241314	pPt-18370	GL 02	N.O.	N.O.	85,29	68	10	0	2	69	87721	87654	1E-15	78,8
AC241314	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	80,77	52	10	0	10	61	58749	58800	5E-07	50
AC241314	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	80,77	52	10	0	10	61	58749	58800	5E-07	50
AC241315	pPt-22754	GL 02	N.O.	N.O.	92,59	27	2	0	36	62	78119	78145	3E-04	41
AC241315	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	91,67	60	5	0	8	67	3160	3101	7E-18	86
AC241315	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	79,66	59	12	0	10	68	115317	115259	4E-08	53,6
AC241315	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	93,85	65	4	0	3	67	3117	3053	3E-22	100
AC241315	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	81,82	66	12	0	4	69	115275	115210	6E-12	66,2
AC241315	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	79,17	48	10	0	4	51	115195	115148	7E-05	42,8
AC241316	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	78,12	64	14	0	4	67	57776	57713	4E-08	53,6
AC241316	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	84,38	64	10	0	6	69	57726	57663	2E-13	71,6
AC241316	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,19	63	15	0	5	67	57647	57585	6E-06	46,4
AC241316	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	77,78	63	14	0	5	67	57647	57585	1E-07	51,8
AC241318	pPt-16221	GL 04	N.O.	66,253	84,91	53	7	1	4	55	38957	38905	3E-09	57,2
AC241318	pPt-16221	GL 04	N.O.	66,253	84,91	53	7	1	4	55	139187	139135	3E-09	57,2
AC241319	pPt-19011	GL 05	N.O.	25,452	80,36	56	11	0	8	63	135485	135430	1E-07	51,8
AC241320	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	84,62	65	10	0	3	67	56017	55953	4E-14	73,4
AC241320	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	93,85	65	4	0	5	69	55967	55903	3E-22	100
AC241320	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	80,77	52	6	2	3	52	55889	55840	2E-05	44,6
AC241320	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	80	50	10	0	3	52	55889	55840	6E-06	46,4
AC241321	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	82,09	67	12	0	3	69	50406	50340	2E-12	68
AC241321	pPt-01869_s	GL 08	N.O.	N.O.	86,67	45	6	0	5	49	94395	94351	1E-08	55,4
AC241321	pPt-25041	GL 09	N.O.	78,699	92,59	27	2	0	23	49	132140	132166	3E-04	41
AC241321	pPt-20344	GL 12	N.O.	17,338	91,18	34	3	0	1	34	13350	13383	2E-06	48,2

AC241325	pPt-22025	GL 02	7,241	N.O.	80,82	73	7	4	1	69	6251	6320	3E-09	57,2
AC241325	pPt-22025	GL 02	7,241	N.O.	89,04	73	2	3	1	69	10937	11007	2E-18	87,8
AC241325	pPt-23567	GL 11	54,246	56,602	78,12	64	8	1	6	69	13277	13334	4E-08	53,6
AC241326	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	84,62	65	10	0	3	67	114806	114742	4E-14	73,4
AC241326	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,42	66	5	0	4	69	114757	114692	4E-21	96,9
AC241326	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	81,36	59	11	0	3	61	114678	114620	3E-09	57,2
AC241326	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	81,36	59	11	0	3	61	114678	114620	3E-09	57,2
AC241327	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	88,06	67	8	0	3	69	29076	29010	7E-18	86
AC241327	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	80,6	67	13	0	3	69	74105	74171	8E-11	62,6
AC241327	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	89,55	67	7	0	3	69	29028	28962	6E-19	89,7
AC241327	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	88,33	60	7	0	10	69	74160	74219	4E-15	77
AC241327	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,27	59	14	0	3	61	28948	28890	2E-05	44,6
AC241327	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	76,27	59	14	0	3	61	28948	28890	2E-05	44,6
AC241327	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	89,36	47	5	0	3	49	74233	74279	8E-11	62,6
AC241327	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	91,49	47	4	0	3	49	74233	74279	2E-12	68
AC241327	pPt-15832	GL 08	N.O.	N.O.	92,68	41	3	0	26	66	494	534	3E-10	60,8
AC241327	pPt-28526_s	GL 08	N.O.	N.O.	76,92	65	5	1	1	65	709	655	1E-08	55,4
AC241327	pPt-23416	GL 08	97,573	N.O.	98,36	61	1	0	1	61	865	925	7E-24	105
AC241327	pPt-22638	GL 08	N.O.	N.O.	86,96	46	6	0	12	57	20996	20951	3E-09	57,2
AC241328	pPt-22343_s	GL 05	N.O.	29,661	100	69	0	0	1	69	7437	7369	8E-30	125
AC241329	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,07	67	10	0	3	69	56395	56461	4E-15	77
AC241329	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,42	66	5	0	4	69	56444	56509	4E-21	96,9
AC241329	pPt-19867	GL 05	N.O.	77,647	88	50	6	0	1	50	5982	6031	2E-11	64,4
AC241329	pPt-19210_s	GL 05	N.O.	78,431	96,67	60	2	0	1	60	7831	7890	3E-22	100
AC241329	pPt-22042	GL 05	78,906	77,682	89,86	69	7	0	1	69	8036	7968	5E-20	93,3
AC241329	pPt-21754	GL 05	78,895	77,714	97,1	69	2	0	1	69	24477	24409	4E-27	116
AC241329	pPt-21754	GL 05	78,895	77,714	97,1	69	2	0	1	69	67944	67876	4E-27	116
AC241329	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	83,08	65	11	0	3	67	56522	56586	2E-12	68
AC241329	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	84,62	65	10	0	3	67	56522	56586	4E-14	73,4
AC241331	pPt-18854	GL 01	N.O.	N.O.	88,24	34	4	0	1	34	107544	107577	2E-05	44,6
AC241333	pPt-18370	GL 02	N.O.	N.O.	91,3	69	6	0	1	69	85361	85293	1E-21	98,7
AC241334	pPt-20815	GL 10	N.O.	N.O.	86,05	43	5	1	1	42	40280	40322	2E-06	48,2
AC241334	pPt-25241	GL 10	72,396	N.O.	86,84	38	4	1	7	43	40285	40322	7E-05	42,8

AC241334	pPt-24901	GL 11	44,052	46,373	87,5	32	4	0	38	69	17138	17169	3E-04	41
AC241335	pPt-23814	GL 02	N.O.	N.O.	96,15	26	1	0	39	64	92361	92336	7E-05	42,8
AC241335	pPt-24463	GL 07	35,371	N.O.	76,92	65	15	0	3	67	4374	4438	5E-07	50
AC241335	pPt-24593	GL 07	N.O.	N.O.	84,31	51	8	0	19	69	4465	4415	3E-09	57,2
AC241335	pPt-25154	GL 07	N.O.	N.O.	89,19	37	4	0	17	53	4467	4431	5E-07	50
AC241335	pPt-24593	GL 07	N.O.	N.O.	92,45	53	4	0	1	53	4516	4464	1E-15	78,8
AC241335	pPt-25154	GL 07	N.O.	N.O.	100	69	0	0	1	69	4516	4448	8E-30	125
AC241335	pPt-24593	GL 07	N.O.	N.O.	84,48	58	9	0	12	69	90388	90445	2E-11	64,4
AC241335	pPt-25154	GL 07	N.O.	N.O.	90,48	42	4	0	12	53	90388	90429	1E-09	59
AC241335	pPt-24463	GL 07	35,371	N.O.	76,81	69	16	0	1	69	90488	90420	4E-08	53,6
AC241335	pPt-24901	GL 11	44,052	46,373	90,91	33	3	0	37	69	84405	84373	6E-06	46,4
AC241336	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	81,36	59	11	0	9	67	29411	29469	3E-09	57,2
AC241336	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	79,25	53	10	1	3	55	29453	29504	7E-05	42,8
AC241336	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	76,56	64	15	0	6	69	45627	45564	2E-06	48,2
AC241336	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,19	63	14	1	5	67	29534	29595	7E-05	42,8
AC241336	pPt-21717	GL 08	N.O.	N.O.	91,89	37	3	0	22	58	87050	87014	4E-08	53,6
AC241337	pPt-29072_s	GL 04	N.O.	63,47	92,59	27	2	0	7	33	7838	7864	3E-04	41
AC241338	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	86,67	60	8	0	10	69	46102	46043	4E-14	73,4
AC241338	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	88,06	67	8	0	3	69	46061	45995	7E-18	86
AC241340	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	86,44	59	8	0	9	67	46155	46097	2E-13	71,6
AC241340	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	94,03	67	4	0	3	69	46113	46047	3E-23	104
AC241340	pPt-00132	GL 06	N.O.	11,576	84,09	44	6	1	2	45	107614	107656	2E-05	44,6
AC241341	pPt-21440	GL 02	N.O.	N.O.	83,58	67	11	0	1	67	44045	43979	2E-13	71,6
AC241342	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,07	67	10	0	3	69	54086	54020	4E-15	77
AC241342	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	89,55	67	7	0	3	69	54038	53972	6E-19	89,7
AC241343	pPt-23567	GL 11	54,246	56,602	84	50	8	0	6	55	12577	12626	1E-08	55,4
AC241345	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	81,36	59	8	1	10	68	24224	24279	1E-08	55,4
AC241345	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	80,33	61	12	0	6	66	64058	64118	3E-09	57,2
AC241345	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	85,07	67	10	0	3	69	24262	24328	4E-15	77
AC241345	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	77,78	63	13	1	5	67	64185	64246	2E-06	48,2
AC241346	pPt-21884	GL 04	N.O.	26,376	90,32	31	3	0	26	56	113785	113815	7E-05	42,8
AC241348	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	87,69	65	8	0	3	67	34548	34612	8E-17	82,4
AC241348	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	89,55	67	7	0	3	69	34596	34662	6E-19	89,7

AC241348	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	76,92	65	15	0	3	67	34676	34740	5E-07	50
AC241348	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	76,92	65	15	0	3	67	34676	34740	5E-07	50
AC241348	pPt-24901	GL 11	44,052	46,373	87,5	32	4	0	38	69	43802	43833	3E-04	41
AC241349	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	79,37	63	13	0	3	65	58489	58427	1E-08	55,4
AC241349	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	86,57	67	9	0	3	69	58441	58375	3E-16	80,6
AC241349	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	75,86	58	14	0	3	60	58180	58123	7E-05	42,8
AC241350	pPt-23588	GL 03	N.O.	22,993	84,62	39	0	2	2	39	47710	47743	3E-04	41
AC241352	pPt-16921	GL 07	N.O.	N.O.	80,39	51	9	1	6	55	37277	37327	2E-05	44,6
AC241353	pPt-19314	GL 12	96,73	98,163	77,59	58	13	0	1	58	82974	83031	6E-06	46,4
AC241354	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	89,86	69	7	0	1	69	96756	96688	5E-20	93,3
AC241354	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	94,03	67	4	0	3	69	96706	96640	3E-23	104
AC241354	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	83,33	48	8	0	3	50	96626	96579	1E-07	51,8
AC241354	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	85,42	48	7	0	3	50	96626	96579	1E-08	55,4
AC241355	pPt-18370	GL 02	N.O.	N.O.	91,3	69	6	0	1	69	63685	63753	1E-21	98,7
AC241355	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	87,1	62	8	0	8	69	100672	100611	4E-15	77
AC241355	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,42	66	4	1	4	69	100628	100564	5E-20	93,3
AC241355	pPt-22285	GL 05	N.O.	66,231	81,67	60	11	0	3	62	66490	66549	1E-09	59
AC241355	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	76,67	60	14	0	3	62	100550	100491	6E-06	46,4
AC241355	pPt-20875	GL 08	N.O.	N.O.	83,33	66	11	0	4	69	66621	66556	5E-13	69,8
AC241355	pPt-20875	GL 08	N.O.	N.O.	88,24	34	4	0	3	36	66663	66630	2E-05	44,6
AC241356	pPt-00433	GL 01	N.O.	N.O.	93,1	29	1	1	38	66	83779	83806	3E-04	41
AC241357	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	85,07	67	10	0	1	67	87671	87737	4E-15	77
AC241357	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,54	67	5	0	3	69	87721	87787	1E-21	98,7
AC241357	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	80	50	10	0	3	52	87801	87850	6E-06	46,4
AC241357	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	82	50	9	0	3	52	87801	87850	5E-07	50
AC241357	pPt-00287	GL 08	N.O.	N.O.	83,93	56	9	0	14	69	4573	4628	3E-10	60,8
AC241357	pPt-26689_s	GL 08	N.O.	N.O.	98,36	61	1	0	1	61	29188	29248	7E-24	105
AC241358	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	89,55	67	7	0	3	69	108646	108580	6E-19	89,7
AC241358	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,54	67	5	0	3	69	108598	108532	1E-21	98,7
AC241359	pPt-24075	GL 02	N.O.	N.O.	85,45	55	8	0	12	66	89895	89949	2E-11	64,4
AC241359	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	86,67	60	8	0	8	67	108893	108834	4E-14	73,4
AC241359	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	92,54	67	5	0	3	69	108850	108784	1E-21	98,7
AC241359	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	78,46	65	14	0	3	67	108770	108706	1E-08	55,4

AC241359	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	78,46	65	14	0	3	67	108770	108706	1E-08	55,4
AC241360	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	93,33	60	4	0	10	69	17619	17560	2E-19	91,5
AC241360	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	78,18	55	12	0	15	69	56124	56070	6E-06	46,4
AC241360	pPt-29413_s	GL 03	102,45	100,896	94,03	67	4	0	3	69	83323	83257	3E-23	104
AC241360	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	91,04	67	6	0	3	69	17578	17512	1E-20	95,1
AC241360	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	80	65	13	0	5	69	56086	56022	1E-09	59
AC241360	pPt-23225	GL 04	81,932	79,528	91,04	67	6	0	3	69	83275	83209	1E-20	95,1
AC241360	pPt-00120	GL 05	N.O.	25,982	86,11	36	3	1	25	58	12914	12949	3E-04	41
AC241360	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	88,33	60	7	0	4	63	17497	17438	4E-15	77
AC241360	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	88,33	60	7	0	4	63	17497	17438	4E-15	77
AC241360	pPt-20577	GL 07	N.O.	N.O.	88,14	59	7	0	3	61	83195	83137	1E-14	75,2
AC241360	pPt-21629	GL 07	18,667	N.O.	86,44	59	8	0	3	61	83195	83137	2E-13	71,6
AC241362	pPt-18370	GL 02	N.O.	N.O.	91,3	69	6	0	1	69	5432	5500	1E-21	98,7

**Tabela Suplementar 3.5** – Relação dos 75 clones BACs com alinhamento válido nos marcadores DArT-seq e seus respectivos grupos de ligação.

Clone BAC PT_7Ba	# alinhamentos	Grupos de ligação	# DArT-seq	Marcadores DArT-seq alinhados
AC241331	1	01	1	pPt-18854
AC241356	1	01	1	pPt-00433
AC241333	1	02	1	pPt-18370
AC241362	1	02	1	pPt-18370
AC241263	1	02	1	pPt-21440
AC241312	1	02	1	pPt-21440
AC241341	1	02	1	pPt-21440
AC241287	2	02	1	pPt-22025
AC241274	1	02	1	pPt-23032
AC241350	1	03	1	pPt-23588
AC241277	2	03	1	pPt-25046
AC241318	2	04	1	pPt-16221
AC241346	1	04	1	pPt-21884
AC241304	1	04	1	pPt-23225
AC241284	1	04	1	pPt-29072_s
AC241306	1	04	1	pPt-29072_s
AC241337	1	04	1	pPt-29072_s
AC241270	1	05	1	pPt-00120
AC241273	1	05	1	pPt-00677_s
AC241319	1	05	1	pPt-19011
AC241328	1	05	1	pPt-22343_s
AC241352	1	07	1	pPt-16921
AC241297	1	07	1	pPt-19718_s
AC241268	1	07	1	pPt-20350
AC241294	117	08	1	pPt-14980
AC241281	1	11	1	pPt-18641
AC241343	1	11	1	pPt-23567
AC241353	1	12	1	pPt-19314
AC241338	2	03; 04	2	pPt-29413_s; pPt-23225
AC241342	2	03; 04	2	pPt-29413_s; pPt-23225
AC241358	2	03; 04	2	pPt-29413_s; pPt-23225
AC241310	3	08; 09	2	pPt-25637; pPt-20142
AC241325	3	02; 11	2	pPt-23567; pPt-22025
AC241265	4	02; 10	2	pPt-22025; pPt-23602
AC241288	6	03,04	2	pPt-29413_s; pPt-23225
AC241264	3	07; 04; 03	3	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629
AC241279	3	04; 08; 10	3	pPt-22629; pPt-01682_s; pPt-23225
AC241295	3	03; 04; 07	3	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629
AC241298	3	03; 04; 07	3	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629
AC241313	3	03; 04; 08	3	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-25802_s
AC241314	3	02; 07	3	pPt-18370; pPt-21629; pPt-20577
AC241334	3	10; 11	3	pPt-20815; pPt-25241; pPt-24901
AC241340	3	03; 04; 06	3	pPt-00132; pPt-29413_s; pPt-23225
AC241349	3	03; 04; 07	3	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629
AC241345	4	03; 04; 07	3	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-20577
AC241267	6	04; 07	3	pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577

AC241280	4	02,06	4	pPt-25537; pPt-23406; pPt-15206; pPt-02094_s
AC241285	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241302	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241307	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241308	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241316	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241320	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241321	4	04; 08; 09; 12	4	pPt-23225; pPt-25041; pPt-01869_s; pPt-20344
AC241326	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241354	4	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241266	5	03; 04; 10; 11	4	pPt-21998; pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-18959
AC241336	5	03; 04; 07; 08	4	pPt-21717; pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-20577
AC241315	6	02; 03; 04; 07	4	pPt-22754; pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-20577
AC241276	7	03; 04,07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241305	8	03; 04; 07	4	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241348	5	03; 04; 07; 11	5	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-24901; pPt-21629; pPt-20577
AC241359	5	02; 03; 04; 07	5	pPt-24075; pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241293	6	03; 04; 07	5	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577; pPt-02667_s
AC241303	6	03; 04,07	5	pPt-29413_s; pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241335	10	02; 07; 11	5	pPt-23814; pPt-24593; pPt-25154; pPt-24901; pPt-24463
AC241360	11	03; 04; 05; 07	5	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-00120; pPt-21629; pPt-20577
AC241311	13	03; 04; 07; 08	5	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577; pPt-02094_s
AC241289	6	01; 04; 07; 10	6	pPt-02414_s; pPt-23263; pPt-18313; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241309	6	01	6	pPt-13677; pPt-22415; pPt-13674; pPt-00251; pPt-19805; pPt-15151
AC241357	6	03; 04; 07; 08	6	pPt-29413_s; pPt-00287; pPt-26689_s; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577
AC241355	7	02; 03; 04; 05; 07; 08	6	pPt-20875; pPt-22285; pPt-29413_s; pPt-18370; pPt-23225; pPt-21629
AC241292	15	03; 04; 07; 11	7	pPt-24491; pPt-20593; pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-24901; pPt-21629; pPt-20577
AC241329	9	03; 04; 05; 07	8	pPt-29413_s; pPt-23225; pPt-19210_s; pPt-21754; pPt-19867; pPt-22042; pPt-21629; pPt-20577
AC241327	12	03; 04; 07; 08	8	pPt-22638; pPt-15832; pPt-28526_s; pPt-29413_s; pPt-23416; pPt-23225; pPt-21629; pPt-20577