

**ANÁLISIS COMPARATIVO DE LAS ESTRUCTURAS POBLACIONALES DE
LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ (ZEA MAYS) A PARTIR DE MARCADORES
MOLECULARES**

Trabajo Final de Grado
del alumno



**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.**

Pergamino,.....

**ANÁLISIS COMPARATIVO DE LAS ESTRUCTURAS POBLACIONALES DE
LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ (*ZEA MAYS*) A PARTIR DE MARCADORES
MOLECULARES**

Trabajo Final de Grado

del alumno

LEANDRO SOLMI

Aprobada por el Tribunal Evaluador

(Nombre y Apellido)
Evaluador

(Nombre y Apellido)
Evaluador

(Nombre y Apellido)
Evaluador

Antonio Diaz Paleo
Co-Director

Carla Delucchi
Director

**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales,
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires**

Pergamino,.....

Índice

- 1 Agradecimientos
- 2 Introducción
- 3 Hipótesis
- 4 Objetivo general
 - 4.1 Objetivos específicos
- 5 Materiales y métodos
 - 5.1 Germoplasma utilizado en el trabajo
 - 5.2 Genotipado de las muestras con SSR
 - 5.3 Genotipado de las muestras con SNP
 - 5.4 Análisis de los datos
 - 5.4.1 Filtrado y medidas de resumen
 - 5.4.2 Estructura poblacional
 - 5.4.2.1 Algoritmos bayesianos para inferir estructuración poblacional
 - 5.4.2.2 Análisis de conglomerados jerárquicos para inferir estructuración poblacional
 - 5.4.3 Comparación de los resultados obtenidos
6. Resultados
 - 6.1 Filtrado y medidas de resumen
 - 6.2 Algoritmos bayesianos para inferir estructuración poblacional
 - 6.3 Análisis de conglomerados jerárquicos para inferir estructuración poblacional
- 7 Discusión
- 8 Conclusión
- 9 Bibliografía de referencia
- 10 Anexo
 - 10.1 Anexo Protocolos
 - 10.2 Anexo Tablas
 - 10.3 Anexo Gráficos

1. Agradecimientos

Estos párrafos no son solo para agradecer a quienes me acompañaron en los últimos años durante mi formación profesional. Son para todas las personas que me ayudaron a formar la persona que soy hoy. A mi familia que me formó como persona. A mis maestras/os de primario y secundario, así como profesores de la universidad que me formaron como estudiante. Y a mis amigos, que me formaron como compañero.

La familia es primero, así que voy a comenzar por acá. Agradezco la familia que tengo. Y como diría el tío Néstor cada vez que un integrante nuevo se presenta, “en que lio te metiste”. Porque es así, un grupo de personas con personalidades totalmente distintas que se reúnen solo por relaciones sanguíneas. Es claro que la sangre no determina la familia, creo que es algo de la Genética, pero es un tema que prefiero no tocar ahora. Y con todas nuestras disparidades, elegimos viajar, posponer planes, levantarse con sueño, hacer lo que sea para poder juntarnos un rato. Y por eso les agradezco y les voy a estar agradecidos por siempre.

Después están los amigos, que son esa familia que uno elige. La verdad que tengo 7 hermanos que no los cambio por nada. Un grupo que se fue formando de a poco pero en cada juntada se hace más unidos. Son ese pulmón extra que a uno le hace falta para tomar aire, renovar energías y seguir esforzándose.

De la facultad, por su puesto agradezco la formación y a todos mis profesores a lo largo de estos años. Pero lo que más le agradezco son los amigos que me dejo. En mi cabeza tengo a mucho, pero Sofi, Tomi, Ani y Loren se han ganada una mención especial. Han hecho que estos años se hicieran mucho más fáciles de transitar y eso no es poca cosa, para nada.

Si bien es la mejor amiga que me dejo la universidad, ella se merece un párrafo aparte. Mai, mi novia, amiga, compañera de mates, de informes, de presentación, etc. En esa disparidad de personalidades, encontramos un complemento el uno con el otro, que no se ve muy seguido. Después de un día interminable y agotador, terminarlo con ella hace que el día siguiente sea mucho más fácil de comenzar. Por apoyarme en todas, compartir todo conmigo (sobre todo una cervecita artesanal) y darme fuerzas, estar acá es sin dudas en gran parte gracias a vos. Te amo.

2. Introducción

El maíz (*Zea mays*) es una gramínea anual, monoica, cuya inflorescencia femenina se ubica en posición axial (espiga) e inflorescencia masculina en la parte apical del tallo (panoja). Esta característica anatómica facilita la reproducción cruzada. Es una especie diploide, con una constitución cromosómica gamética $n = 10$. Originaria de México hace unos 9.000 años (Matsuoka *et al.* 2002), convirtiendo a dicho país en un centro de diversidad genética. Gracias a la tarea de los agricultores a través de los años, se generó un cultivo de gran versatilidad genética, con adaptabilidad a un amplio rango de ambientes, estreses abióticos y resistencia a insectos. Debido a esto y a sus múltiples utilidades, la producción mundial incrementó a lo largo de los años, sobre todo en nuestro país, registrándose en la campaña 2016/2017 valores que lo posicionan como cuarto productor y tercer exportador de maíz a nivel mundial (fao.org/faostat).

Mejoramiento genético en maíz

El punto de partida de los programas de mejoramiento genético es contar con poblaciones mejoradas y a partir de ellas, derivar líneas para la producción de híbridos. Se conoce como línea endocriada a un grupo de individuos genéticamente idénticos y homocigotas. Estas líneas muestran una disminución en cuanto a tamaño de planta y rendimiento de grano (depresión por endocría), pero los híbridos resultantes del cruzamiento entre ellas recuperan el vigor y exhibirán un rendimiento que podría ser menor, similar, o superior al de las poblaciones que dieron origen a las líneas (Eyherabide *et. al* 2010). Para no entorpecer el progreso genético de los productos de mejoramiento, es importante no perder variabilidad y en lo posible, aumentarla a lo largo del tiempo mediante la incorporación de materiales con diversos fondos genéticos. Esas nuevas entradas deberían incorporar nuevos alelos para caracteres de interés agronómico, frecuentemente relacionados a rendimiento, calidad de grano y resistencia a enfermedades y plagas.

Estudios de diversidad genética

El desarrollo de la biología molecular y las nuevas herramientas estadísticas en genómica y genética de poblaciones, han permitido explorar opciones para identificar y utilizar la variabilidad genética para la mejora de plantas (Aranguren-Méndez *et al.* 2005). A nivel molecular, esta variabilidad se distingue a través de marcadores moleculares. Siguiendo la nomenclatura tradicional de la genética mendeliana, las alternativas en las secuencias o longitud de cada marcador recibe el nombre de alelo. La presencia de alelos diferentes indica polimorfismo genético dentro de cada locus. Los marcadores moleculares ofrecen la posibilidad de detectar distinto número de alelos por locus y por lo tanto generan, en principio, distinto contenido de información polimórfica (PIC) (Botstein *et al.* 1980). Se establece que *loci* con valor PIC mayor a 0,5 son considerados altamente informativos, los que están entre valores de 0,5 y 0,25 medianamente informativos y los menores a 0,25 muy poco informativos.

En la actualidad, los marcadores moleculares son masivamente utilizados para la caracterización de poblaciones, en especial los de polimorfismo de nucleótido simple (*SNP, Single Nucleotide Polimorphysm*) y los microsatélites (*SSR, Simple Sequence Repeats*). Los marcadores SNP se originan por el cambio de una única base, son bialélicos, muy abundantes en todo el genoma y se los pueden encontrar tanto en regiones codificantes como no codificantes. Los SSR son secuencias cortas, generalmente de 2 a 6 pares de bases (pb) que se repiten en un número variable de veces. Están distribuidos por todo el genoma, pero mayormente en regiones no codificantes y suele haber un gran número de alelos por locus. Las características de los marcadores SSR y SNP están asociadas con los procesos de mutación propios de cada uno. Debido a que las mutaciones en los microsatélites suelen ser neutrales, su tasa de mutación (1×10^{-5}) (Kruglyak *et al.* 1998) es mucho más elevada que la registrada para los SNP (1×10^{-9}) (Martinez-Arias *et al.* 2001).

La estimación de diversidad genética, las relaciones de parentesco y la estructura poblacional dentro de una colección de germoplasma son informaciones útiles para

el mejoramiento vegetal, pudiéndose obtener a partir de marcadores moleculares. Existen variedad de situaciones y oportunidades en que se utilizan marcadores moleculares para entender los mecanismos genéticos y potenciar los programas de mejoramiento en maíz. Rief *et al.* (2003) encontraron que los SSR pueden ser una herramienta complementaria a los ensayos a campo para la identificación de grupos heteróticos, paso importante en la generación de híbridos de alto rendimiento, y que pueden ser utilizados para la introgresión sistemática de germoplasma exótico. Semagn *et al.* (2012) utilizaron los SNP para caracterizar un panel de líneas provenientes del sur y este de África. Los resultados les permitieron asistir en la selección de combinaciones parentales y de esta forma desarrollar futuras progenies con la máxima variabilidad genética para estudios de mapeo o selecciones adicionales.

Por otro lado, se han realizado numerosos trabajos que utilizaron tanto SSR como SNP para detectar relaciones de parentesco y estructura poblacional dentro de un conjunto de líneas de maíz. Pero no está esclarecido si las diferencias entre estos marcadores podrían verse reflejadas en resultados dispares, lo que otorgaría mayor relevancia la elección de uno u otro. Recientemente se publicaron estudios en los que comparaban la eficiencia de los marcadores moleculares SSR y SNP para poder inferir la estructura poblacional en líneas endocriadas de maíz (Hamblin *et al.* 2007; Van Inghelandt *et al.* 2010; Yang *et al.* 2011), donde hay disparidades entre sus conclusiones. Realizar más trabajos comparativos, utilizando diversos fondos genéticos, permitiría determinar si las diferencias entre los marcadores moleculares seleccionados, afectan los resultados obtenidos, y de ser así, en qué magnitud.

Estructura poblacional

La estructura genética de una población se caracteriza por las frecuencias génicas y genotípicas. *Población estructurada* hace referencia a la existencia de diversas clases de individuos, que corresponden a subpoblaciones producidas a partir de variables que modifican a la población. Dentro de tales variables, el origen de los individuos a partir de los fundadores de la población produce relaciones genealógicas que introducen diferencias entre subpoblaciones, por medio de

cambios en las frecuencias génicas y genotípicas. Los individuos pueden entonces agruparse a partir de la información alélica.

Métodos estadísticos utilizados para inferir estructuración

Peña *et al.* (2010) realizaron un estudio comparativo entre diferentes métodos utilizados para identificar sub-poblaciones, bajo dos escenarios biológicos de estructura poblacional generados por simulación: modelo de islas y modelo de contacto. Si bien para el modelo de contacto los resultados no fueron determinantes, pudieron establecer que los métodos de conglomerados jerárquicos UPGMA y el método bayesiano producían los mejores resultados en ambos escenarios biológicos. El primer método calcula una matriz de distancia entre cada uno de los individuos y luego esta matriz es representada gráficamente por un dendograma o un gráfico multidimensional. En cambio, el segundo asume un cierto número de grupos con valores paramétricos predeterminados y luego calcula la probabilidad que posee cada individuo de formar parte de estos grupos. STRUCTURE (Pritchard *et al.* 2000) es un programa que utiliza un método basado en modelado y estadística bayesiana para inferir el número de subpoblaciones y calcular las probabilidades de membresía o de pertenencia para cada individuo en dichas subpoblaciones.

De forma general, se asume un modelo en el que hay K sub-poblaciones (donde K puede ser desconocido), cada una de las cuales se caracteriza por un conjunto de frecuencias alélicas para cada locus. Los individuos son asignados probabilísticamente a una o más sub-poblaciones de acuerdo al grado de semejanza genética que manifiesta con el resto de los individuos de cada subpoblación. Se supone que dentro de las poblaciones, los *loci* están en equilibrio de Hardy-Weinberg. Inicialmente, este modelo fue creado para *loci* no ligados, pero luego fue ampliado y se incluyeron algoritmos que permiten usar *loci* ligados, teniendo en cuenta la distancia entre ellos (Falush *et al.* 2003). Ha sido utilizado en numerosos trabajos para determinar la estructura de poblaciones en maíz (Liu *et al.* 2003; Stich *et al.* 2005; Vigouroux *et al.* 2008) dando resultados exitosos.

Desequilibrio de ligamiento y mapeo de asociación

El desequilibrio de ligamiento (*LD, Linkage Disequilibrium*) también se conoce como desequilibrio de fase gamética, desequilibrio gamético y asociación alélica. En pocas palabras, LD es la "asociación no aleatoria de alelos en diferentes *loci*". Es la correlación entre polimorfismos (por ejemplo, SNP) que es causado por su historia compartida de mutación y la recombinación (Flint-Garcia *et al.* 2003).

El mapeo de asociación es utilizado para encontrar regiones genómicas implicadas en la expresión de caracteres cuantitativos (*QTL, Quantitative Trait Loci*). Analiza la presencia de desequilibrios de ligamiento originados en la proximidad física dentro de los cromosomas, en poblaciones constituidas por individuos con un linaje desconocido (Flint-Garcia *et al.* 2005). Es decir, la recombinación histórica, la evolución natural y la selección artificial son explotadas en el mapeo de asociación para detectar DL que persistan por asociación física en cromosomas. Utilizando al mismo tiempo información fenotípica de la población, podemos evaluar si ciertos alelos aparecen junto a determinados fenotipos, en una mayor proporción de lo que esperamos al azar. Es importante que las poblaciones sean caracterizadas de manera tal que permita suprimirse o considerar los factores genéticos poblacionales que aumentan los DL, que no son ocasionados por ligamiento físico. Dentro de dichos factores, la presencia de estructuras poblacionales no detectadas (Pritchard *et al.* 2001) y los parentescos familiares (Stich *et al.* 2005) aumentan los DL. Yu *et al.* (2006) generaron un modelo mixto unificado (Q + K), el cual tiene en cuenta diferentes niveles de relaciones entre los individuos que conformaban el panel de estudio con el fin de mejorar las estimaciones en análisis de mapeo de asociación. Con el uso de marcadores moleculares, calcularon la matriz de parentesco (K) y la de estructura poblacional (Q) que les permitió disminuir tanto los errores de tipo 1 como los de tipo 2, mejorar la detección de SNP asociados a los caracteres estudiados y la estimación de sus efectos.

En esta tesina se hizo énfasis en la importancia de conocer la estructura poblacional dentro de un panel de líneas utilizadas para el mejoramiento. Dentro del trabajo se evaluó a los marcadores SSR y SNP como fuentes de información genotípica para realizar análisis de estructuración poblacional utilizando un método bayesiano, a

través del programa STRUCTURE y el método de conglomerados jerárquicos UPGMA, con el programa InfoGen (Balzarini y Di Renzo 2004). La población de estudio está constituida por 157 líneas endocriadas pertenecientes al Programa de Mejoramiento de Maíz, de la Estación Experimental Agropecuaria del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria Pergamino (EEA INTA Pergamino). La información sobre estructura de la población formada por estas líneas de maíz será importante para realizar mapeo de asociación en ensayos posteriores. La obtención de los datos, como así también su análisis posterior, se realizó en el Laboratorio de Biotecnología, EEA INTA Pergamino con la colaboración del personal técnico e investigadores.

2. Hipótesis

Los marcadores SSR y SNP presentan características distintas en cuanto a polimorfismo y abundancia en el genoma de maíz, consecuentemente, se espera obtener diferentes agrupamientos si se los utiliza en el análisis de la estructura de una población de líneas endocriadas de maíz.

4. Objetivos

4.1 Objetivo general

Realizar un análisis comparativo de los resultados de estructura poblacional obtenidos a partir de SSR y SNP en una población de líneas endocriadas de maíz.

4.2 Objetivos específicos

- Agrupar las líneas en base a su información genotípica generada con SSR y SNP, mediante un método bayesiano a través del programa STRUCTURE.
- Evaluar la influencia de cambios en los valores de parámetros del programa STRUCTURE en los resultados de estructura poblacional.
- Agrupar las líneas en base a su información genotípica generada con SSR y SNP mediante el método de conglomerados jerárquicos UPGMA
- Comparar la proporción entre el número de SSR y SNP utilizados en el análisis, requeridos para obtener resultados similares en cuanto al número de subpoblaciones y su conformación.

5. Materiales y métodos

5.1 Germoplasma utilizado en el trabajo

Se seleccionó un panel de 157 líneas de maíz, todas incluidas en el Programa de Mejoramiento Genético de la Estación Experimental de INTA, Pergamino (*Anexo - Tabla 1*). La elección del material de estudio se realizó con la intención de capturar la mayor variabilidad genotípica y fenotípica disponible dentro del programa y caracterizadas con marcadores moleculares del tipo SSR y SNP.

5.2 Genotipado de la muestras con SSR

Se emplearon 50 marcadores del tipo microsatélite (*Simple Sequence Repeats, SSR*) distribuidos uniformemente a lo largo del genoma de maíz para caracterizar molecularmente a las líneas (*Anexo - Tabla 2*).

Del total de líneas incluidas en el análisis, 98 fueron genotipadas en el año 2016 junto al equipo técnico del Laboratorio de Biotecnología de la Estación Experimental Agropecuaria de INTA, Pergamino. Para el resto de las 59 líneas, la información genotípica ya estaba disponible gracias a un trabajo previo realizado en las mismas instalaciones (Olmos *et al.* 2012). Todo el genotipado con SSR se llevó adelante con un mismo protocolo implementado por Olmos *et al.* (2012), excepto por una modificación en la etapa de revelado de los geles de poliacrilamida.

Las extracciones de ADN se realizaron mediante el método CTAB + SDS (Kleinhofs *et al.* 1993). La cantidad y calidad de ADN obtenido fue determinado en geles de agarosa al 0.8%, mediante tinción con bromuro de etidio. Se realizaron las diluciones de trabajo correspondientes y el resto se conservó como reserva a – 20°C.

Se utilizó la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la amplificación de los 50 SSR con cebadores o *primers* específico (*Anexo Tablas – Tabla 1*), siguiendo el perfil de termociclado habitualmente aplicado en el Laboratorio de Biotecnología EEA INTA, Pergamino (*Anexo Protocolos – Protocolo*

1). Los fragmentos amplificados fueron separados mediante electroforesis vertical en gel de poliacrilamida 6% (w/v), a potencia constante (en Watts) y en condiciones desnaturizantes. La tinción de los fragmentos se hizo con nitrato de plata de acuerdo al protocolo de (Benbouza *et al.* 2006). Los resultados se evaluaron visualmente, colocando los vidrios sobre un transiluminador de luz blanca. Para cada marcador, los alelos fueron designados según la distancia recorrida en el gel. El tamaño molecular de cada alelo fue estimado mediante la forma local del algoritmo de los recíprocos (Elder y Southern 1987), tendiendo como referencia un indicador de peso molecular.

5.3 Genotipado de las muestras con SNP

El genotipado de las 157 líneas con SNP se llevó adelante utilizando el chip *MaizeSNP50* de Illumina, provisto por la empresa (Illumina, USA). Los datos generados fueron compartidos por INTA y la empresa Syngenta, en el marco de un convenio que involucra a las dos entidades. En total se obtuvieron datos de 56.658 *loci* de SNP distribuidos a lo largo del genoma. La localización de cada SNP se obtuvo de los trabajos ya mencionados de Ganai *et al.* 2011; Cook *et al.* 2012 basados en la primera versión de mapa de referencia de la línea B73 (<http://cbsusrv04.tc.cornell.edu/users/panzea/filegateway.aspx?category=Genotypes>).

5.4 Análisis de datos

5.4.1 Filtrado y medidas de resumen de los datos

Una vez recolectados los datos genotípicos de los marcadores moleculares, se generaron las matrices individuo por marcador ($n \times m$) que serán utilizadas como planillas base a lo largo del trabajo. Los marcadores SNP fueron previamente filtrados, eliminando aquellos *loci* de calidad y variabilidad baja utilizando el programa Tassel 5 (Bradbury *et al.* 2007). Seguido a esto, se realizó un filtrado por

posición (Reuscher et al. 2015) con el mismo programa con el objetivo de mantener una distancia entre *loci* adyacentes uniforme y seleccionar 1000, 500 o 250 SNP, según la distancia mínima que fijábamos. A mayor distancia mínima entre *loci* adyacentes, menor número de SNP totales se van a seleccionar.

Como medias de resumen para describir la variabilidad genética encontrada se calculó el número de alelos totales, el número de alelos por locus, y el contenido de información polimórfica (PIC) promedio y el rango del mismo, para las diferentes planillas de datos. Estos cálculos se realizaron con el programa InfoGen mediante el comando de variabilidad genética, con PIC definido como:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^l p_i^2 - 2 \sum_{i=2}^l \sum_{j=1}^{i-1} (p_i^2 p_j^2)$$

5.4.2 Estructura poblacional

Se ensayaron agrupamientos con 50 microsatélites, 250, 500 y 1000 SNP. Paralelamente, se efectuó un análisis de estructura poblacional con 50 SSR y 1000 SNP, utilizados de forma conjunta para establecer los perfiles moleculares de las líneas.

5.4.2.1 Algoritmos bayesianos para inferir estructuración

El programa STRUCTURE 2.3.4 fue utilizado para determinar la estructura poblacional dentro del panel de líneas de maíz. Los parámetros considerados en el análisis fueron: el número de iteraciones “longitud” de *burn-in*, número de iteraciones MCMC (*Monte Carlo Markov Chain*) y el número de *runs* (repeticiones, *r*) para cada valor K de subpoblaciones. El *burn-in* corresponde al período en el que se correrá la simulación previo a la recolección de datos para minimizar el error de la configuración inicial (MCMC). Por lo que cada resultado obtenido en el análisis está caracterizado por los valores paramétricos utilizados y el número de repeticiones independientes que se corrió el programa.

Se cargaron los resultados en el programa STRUCTURE HARVESTER (Earl y von

Holdt 2011) y se calcularon los valores de verosimilitud a través de múltiples valores de K mediante el método de Evanno *et al.* (2005), para detectar el número de grupos (subpoblaciones) que mejor se adaptan a los datos. Una vez determinado el valor de K más probable, se obtienen r matrices Q , $n \times k$ (siendo r número de repeticiones, n número de individuos y k número de subpoblaciones). En el cuerpo de las mismas, se encuentra la probabilidad posterior para cada individuo de formar parte de las distintas subpoblaciones (q , también llamado valor de membresía).

El programa CLUMPP (Jakobsson y Rosenberg 2007) se utilizó para obtener la matriz Q ajustada entre repeticiones sucesivas, ya que estas son independiente unas de otras y por lo tanto, muestran desviaciones en los resultados obtenidos.

5.4.2.2 Análisis de conglomerados jerárquicos para inferir estructuración

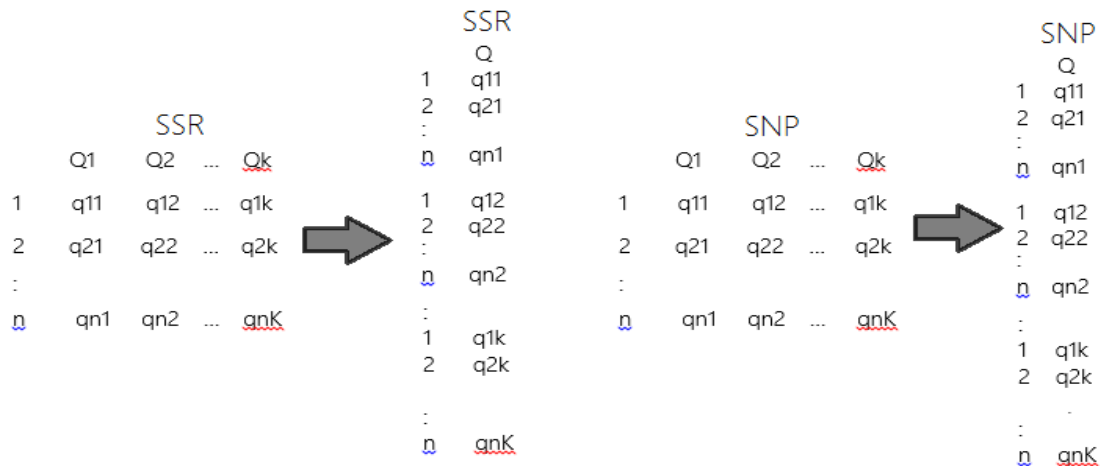
Previo al análisis, todas las matrices individuos por marcador ($n \times m$) fueron codificadas en forma binaria, otorgando el valor 1 para presencia de alelo y 0 para la ausencia del mismo. Las nuevas matrices tendrán la estructura $n \times a$ (siendo n número de individuos y a la sumatoria de todos los alelos a través de los loci analizados).

El programa Info-Gen fue utilizado en esta etapa del trabajo. Se seleccionó el índice de similitud de Jaccard y $D = \sqrt{1 - S}$ para expresar la métrica de similitud como una métrica de distancia. Se obtuvo entonces una matriz $n \times n$ y en el cuerpo de la misma las distancias genéticas entre pares de individuos. Con esta matriz se realizó el análisis de conglomerados o agrupamiento jerárquico mediante el algoritmo UPGMA (*unweighted pair-group arithmetic average method*), generando un dendrograma como resultado final.

5.4.3 Comparación de los resultados

Para llevar a cabo una comparación entre los resultados obtenidos a partir del método bayesiano entre las matrices genéticas utilizadas, se realizaron análisis de correlación entre pares de matrices Q . Previo al análisis de correlaciones, las

matrices $n \times k$ se linealizaron con el fin de generar matrices de una columna y $n \times k$ filas. Debajo se esquematiza como fue la conversión, donde las columnas representan las subpoblación (Q_k), las filas los individuos (n) y en el cuerpo de la matriz los valores de membresía (qnk).



El programa SAS (SAS® Studio, SAS University Edition, <http://localhost:10080/SASInformationCenter/index.html>) se utilizó para calcular la correlación de Pearson entre matrices y generar los gráficos de dispersión para cada comparación, con la sentencia PROC CORR.

En cuanto a los resultados obtenidos a partir del método de conglomeración jerárquica, se estimó la correlación existente entre matrices de distancia generadas a partir de los distintos datos genotípicos. Se determinó como estrategia comparativa llevar a cabo un test de Mantel entre las matrices de distancia. Si bien el test de Mantel es usualmente utilizado para determinar si existe relación entre una matriz de distancias genéticas y una de distancias geográficas, también puede ser utilizado para comparar dos matrices de distancia genética que son generadas a partir de diferentes datos genotípicos (Hamblin *et al.* 2007). El programa InfoGen fue utilizado en esta instancia tanto para el cálculo de correlaciones como para realizar los gráficos de dispersión.

6. Resultados

El panel de 157 líneas de maíz fue genotipado con 50 microsatélites (*Anexo Tablas – Tabla 2*) y con un total de 56.658 *loci* de SNP (*MaizeSNP50 BeadChip* de Illumina, Illumina USA) distribuidos homogéneamente a lo largo de los 10 cromosomas.

6.1 Filtrado y medidas de resumen de los datos

Para la generación de los grupos de marcadores SNP fue necesario realizar un filtrado, teniendo en cuenta la calidad, la variabilidad y la cantidad. Primeramente, se eliminaron *loci* con un porcentaje mayor al 3% de datos faltantes, 7% de heterocigosidad y una frecuencia alélica menor (MAF) a 0,2 (*Gráfico 1*). Posterior a esto, se realizó un filtrado por posición con el objetivo seleccionar 1000, 500 ó 250 SNP distribuidos homogéneamente a lo largo de todo el genoma (*Gráfico 2*). Se puede observar que los cromosomas no están representados de la misma manera, por lo que el cromosoma 1 acumula el doble de *loci* que los cromosomas 9 ó 10. Si bien esto es originado por el diseño de la plataforma de secuenciación (*MaizeSNP50*), se fundamenta en que los primeros cromosomas son de mayor tamaño y poseen un número superior de anotaciones génicas.

Como medidas de resumen para describir la variabilidad genética se calculó el número de alelos totales, el número de alelos por locus, y el contenido de información polimórfica (PIC) promedio y el rango del mismo (*Tabla 1*). Se puede ver una diferencia significativa en el número de alelos por locus de los SSR, que es igual a 7 (con un rango de 2 a 22 alelos/locus) en comparación a los marcadores bialélicos SNP. Y esto se ve reflejado en el PIC, que tiene un valor promedio de 0,64 (con rango de 0,35 a 0,91) para los SSR. Mucho más elevado al 0,34 (rango entre 0,27 y 0,37) que se registró para los SNP.

Gráfico 1. Filtrado de datos para proporción de datos faltantes menor a 0,03 (a); frecuencia de alelo menor a 0,2 (b) y proporción de heterocigosidad menor a 0,07 (c)

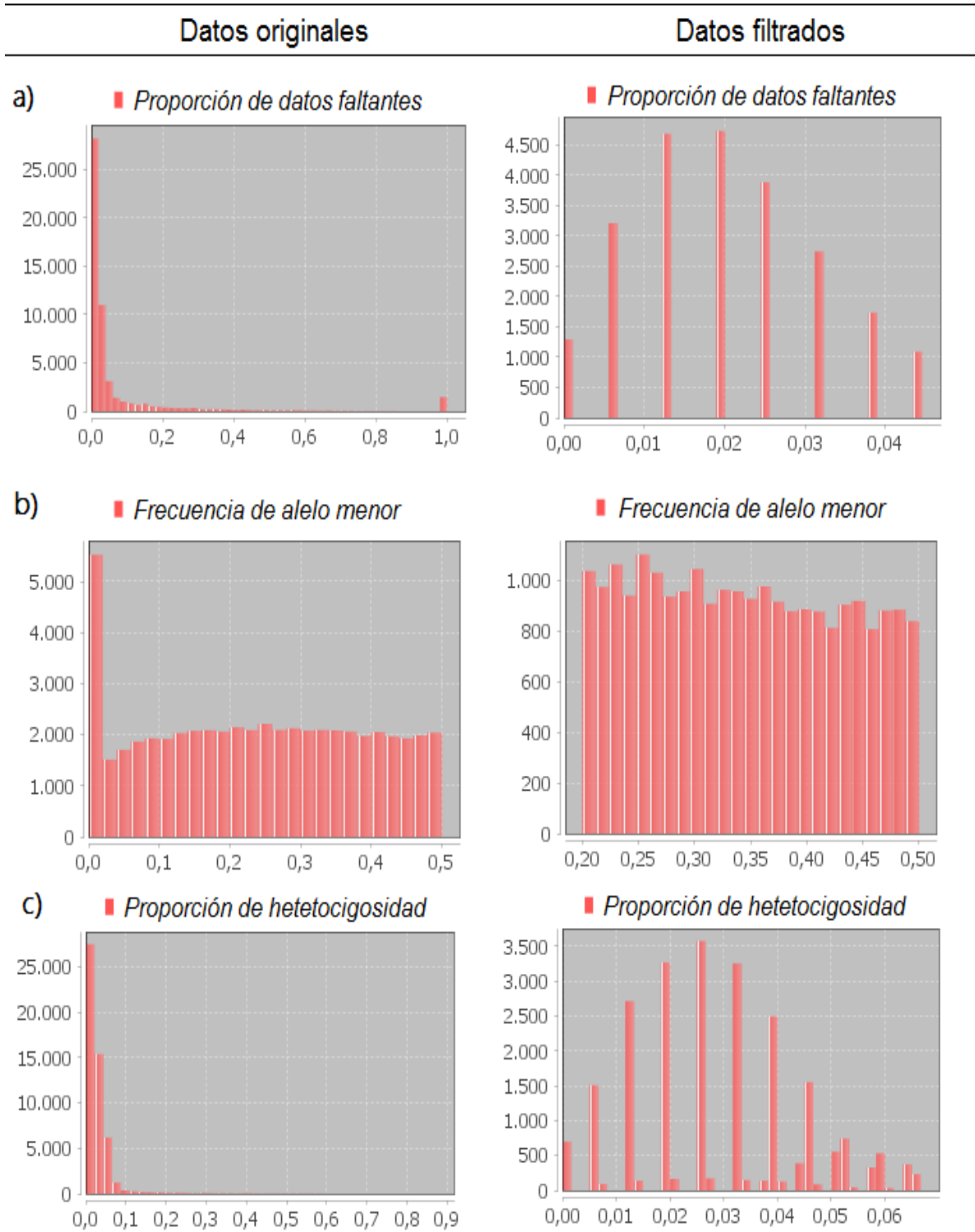


Tabla 1. Contenido de información polimórfica de los marcadores

Marcador	Loci	Alelos	Alelos/Locus	PIC (rango)
SSR	50	350	7	0,64 (0,35 - 0,91)
	250	500	2	0,34 (0,27 - 0,37)
SNP	500	1000	2	0,34 (0,27 - 0,37)
	1000	2000	2	0,34 (0,27 - 0,37)

No se observan diferencias en los perfiles de información polimórfica en relación al aumento del número de *loci* SNP considerados. Al incrementar el número de SNP, se está evaluando si existe una proporción SSR:SNP que minimice el efecto de la diferencia de PIC por locus que hay entre los marcadores. Las proporciones analizadas fueron 1:5 (para 250 SNP), 1:10 (para 500 SNP) y 1:20 para (1000 SNP).

6.2 Algoritmo bayesiano para inferir estructuración poblacional

Fue utilizado el programa Structure 2.3.4 con el objetivo de probar el método bayesiano como herramienta genómica para la inferencia de estructuración poblacional. Para todos los grupos de marcadores utilizados en el presente trabajo (50 SSR, 250 SNP, 500 SNP y 1000 SNP) se realizaron corridas con valores de 10.000, 50.000 y 100.000 iteraciones, tanto para *burn-in* como en el procedimiento MCMC. La cantidad de subpoblaciones (K) probadas fue de 5 a 11, ya que en trabajos preliminares (*Información no incluida*), sumado a la información de *pedigree* que se disponía de las líneas, se esperaba encontrar entre 6 y 10 grupos dentro del panel.

Número de subpoblaciones más probable

Como primera observación general, se encontró que la longitud del *burn-in* así como el número de iteraciones MCMC, tuvieron un gran impacto en el resultado final. Los resultados obtenidos no tenían una congruencia entre ellos cuando se utilizaron valores bajos para estos parámetros. En cambio, cuando se elevaron a 100.000, en todos, excepto para 250 SNP, el valor más probable de K se unificó en 8 (*Tabla 1*).

El hecho que la matriz de datos de 250 SNP se haya comportado de forma diferencial al resto, se puede deber a que contiene una cantidad insuficiente de información para poder caracterizar las líneas, dificultando al programa definir el número de agrupamientos.

Tabla 2. K verdadero según los valores paramétricos utilizados

Grupos de marcadores	Iteraciones y nº de repeticiones	K más probable
50 SSR	10.000 (5 rep.)	7
	50.000 (5 rep.)	8
	100.000 (5 rep.)	8
250 SNP	10.000 (5 rep.)	6
	50.000 (5 rep.)	9
	100.000 (5 rep.)	10
500 SNP	10.000 (5 rep.)	7
	50.000 (5 rep.)	8
	100.000 (5 rep.)	8
1000 SNP	10.000 (5 rep.)	10
	50.000 (5 rep.)	9
	100.000 (5 rep.)	8

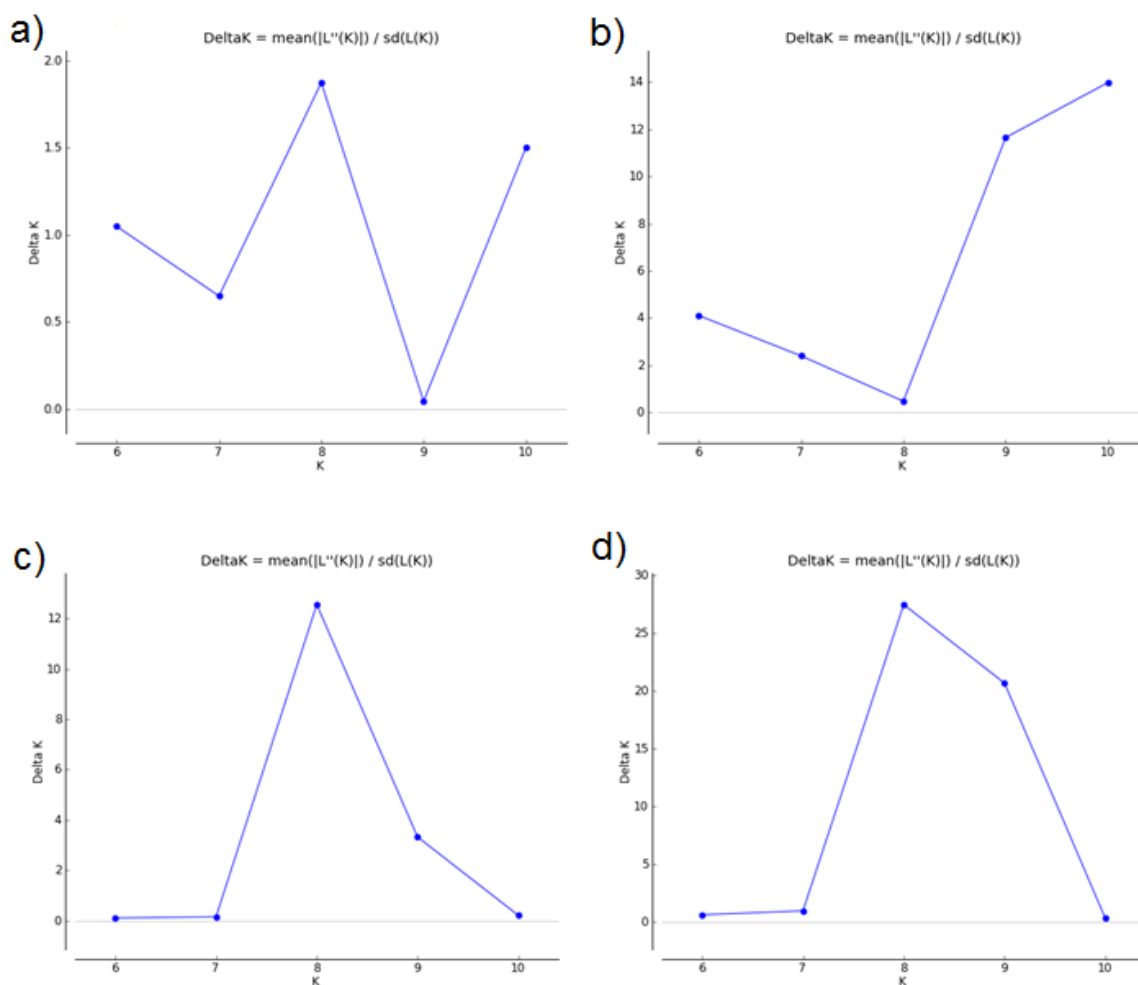
Como se observa en la *Tabla 2*, para cada parámetro probado se realizaron 5 corridas (repeticiones, *r*) independientes con el fin de disminuir el error. El K resultante que se visualiza en la tabla, surge del delta K que es calculado mediante el método de Evanno *et al.* (2005) (*Tabla 3 y Gráfico 3*), como se explicó en la sección de *Materiales y Métodos* con el programa *online* Harvester. Conociendo la influencia de los valores paramétricos en el resultado final, para continuos análisis se utilizaron solo las corridas con valores paramétricos más elevados y se estableció el valor más probable para *K* igual a 8.

Tabla 2. Cálculo mediante el método de Evanno *et. al* para la Matriz de 50 SSR y 100.000 para valores paramétricos

# K	Reps	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln''(K)	Delta K
5	5	-18325,62	39,9107	NC	NC	NC
6	5	-17691,72	91,1621	633,9	95,52	1,047803
7	5	-17153,34	189,1473	538,38	122,78	0,649124
8	5	-16492,18	111,3771	661,16	208,5	1,872019
9	5	-16039,52	46,3887	452,66	2,14	0,046132
10	5	-15589	64,5386	450,52	96,72	1,498638
11	5	-15235,2	12,099	353,8	NC	NC

Referencia: NC, no calculado; celdas en rojo indican el valor más probable para K, igual a 8

Gráfico 3. Delta K (ΔK), con valores para valores paramétricos de 100.000 para 50 SSR (a), 250 SNP (b), 500 SNP (c) y 1000 SNP (d) calculado mediante el método de Evanno *et. al.* (2005)



Caracterización del material genético que forman parte de las subpoblaciones

Para conocer la estructura poblacional de un conjunto de individuos, se comienza por determinar el número de subpoblaciones existentes. Algo más complejo es comprender cómo están conformados esos grupos, si son congruentes con la información de *pedigree* y, sobre todo, si hay diferencias significativas entre los agrupamientos según las matrices utilizadas.

A partir de cada corrida (n), se obtuvo una matriz Q ($n \times k$) en la cual, las filas contienen las líneas y las columnas cada una de las 8 subpoblaciones. En el cuerpo de la matriz se encuentra la probabilidad de membresía de cada línea dentro de los diferentes grupos. Con el fin de visualizar de una forma más sencilla como están conformados los grupos, y no mediante matrices muy extensas, el software Strucutre 2.3.4 permite graficar al panel en forma de columnas, donde cada una representa una línea (*Gráficos 4, 5, 6 y 7*). Los gráficos son generados a partir de la matriz Q ajustada, que resulta de las 5 repeticiones que se realizaron para cada grupo de marcador, calculada con el programa CLUMPP. Cuando se analiza cómo están conformados los agrupamientos, se considera que una línea es asignada a un grupo, si el valor de membresía es mayor o igual a 0,7. En caso de no cumplir dicha condición para ninguno de los grupos, será asignada a un grupo extra denominado *mezcla*. Las columnas se pintan de un color dependiendo a que población pertenezcan o de varios colores en los casos que una línea comparta cierta fracción de su genoma con varias subpoblaciones (modelo de ancestría mezcla o *admixture*).

Gráfico 4. Representación de la matriz Q ajustada de K=8 generada con 50 SSR y valores paramétricos de 100.000

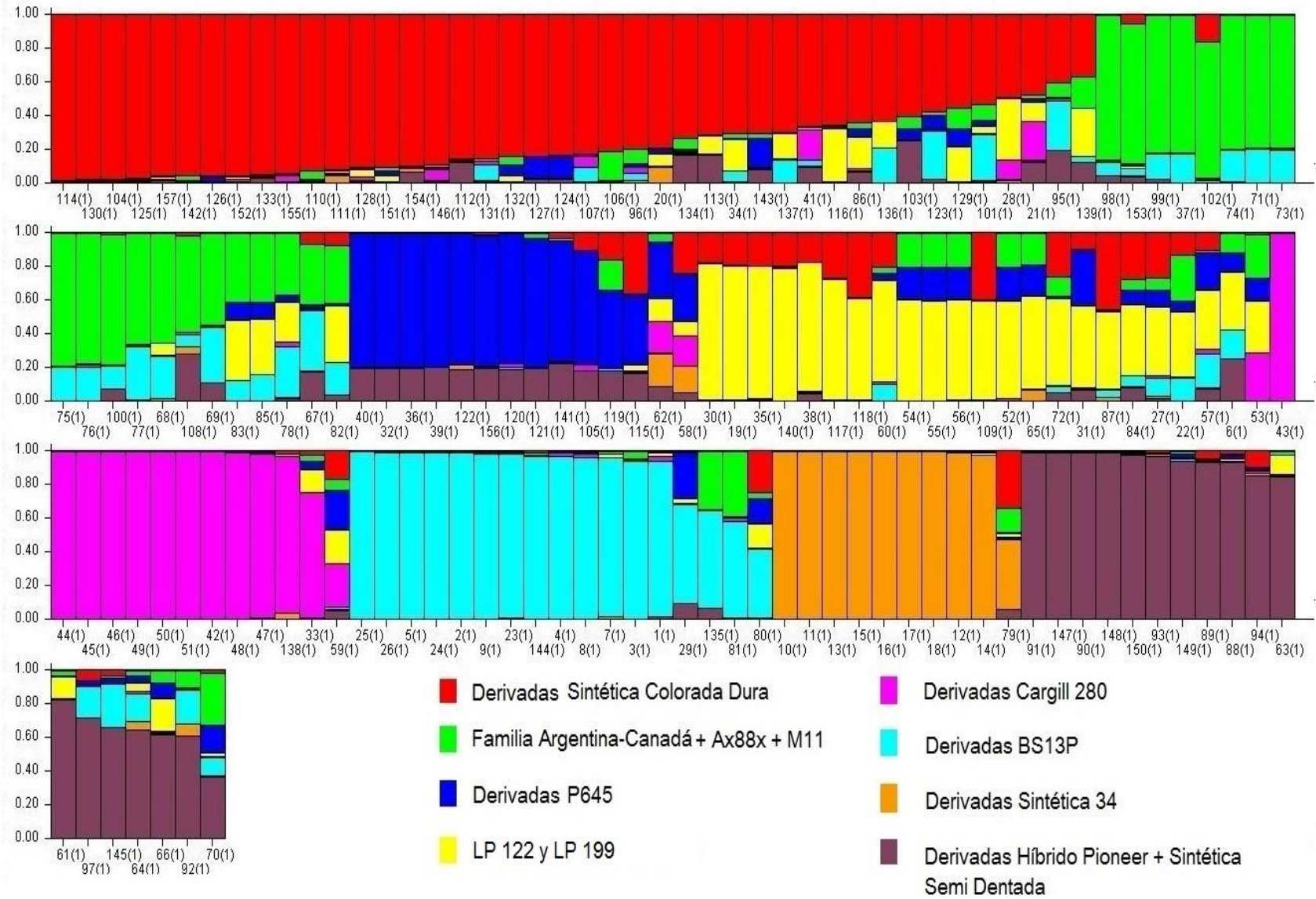


Gráfico 5. Representación de la matriz Q ajustada de K=8 generada con 250 SNP y valores paramétricos de 100.000

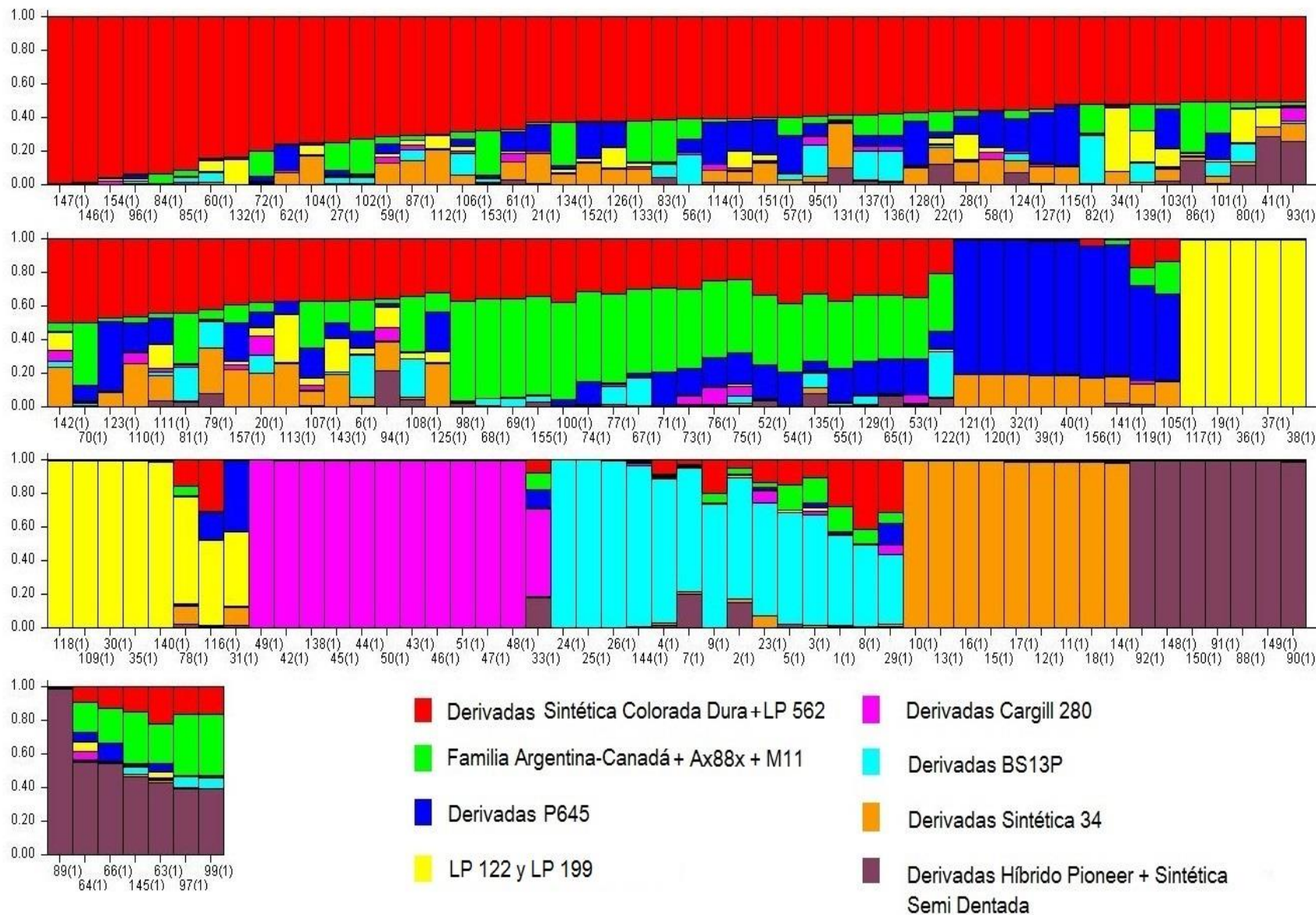


Gráfico 6. Representación de la matriz Q ajustada de K=8 generada con 500 SNP y valores paramétricos de 100.000

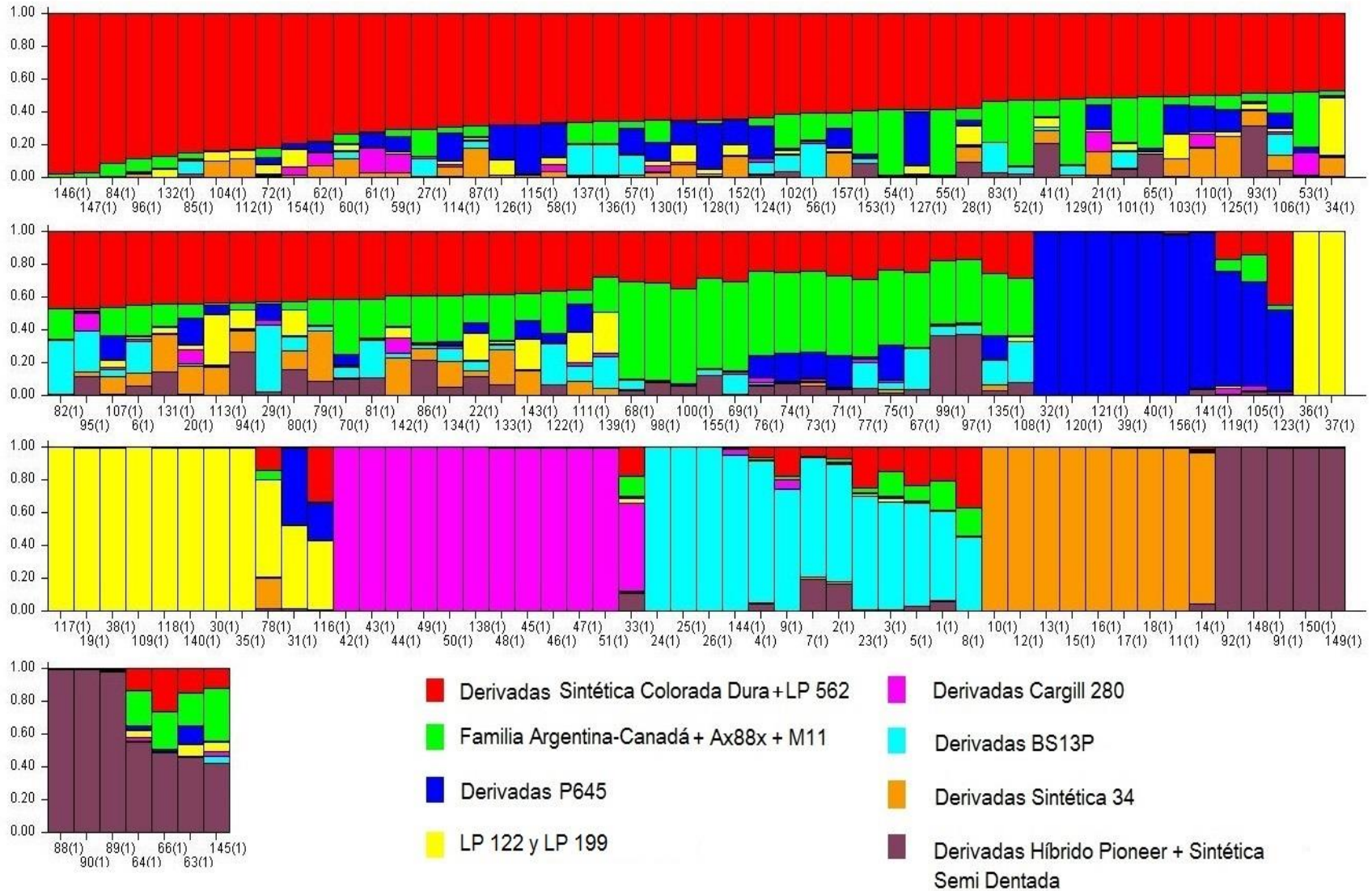
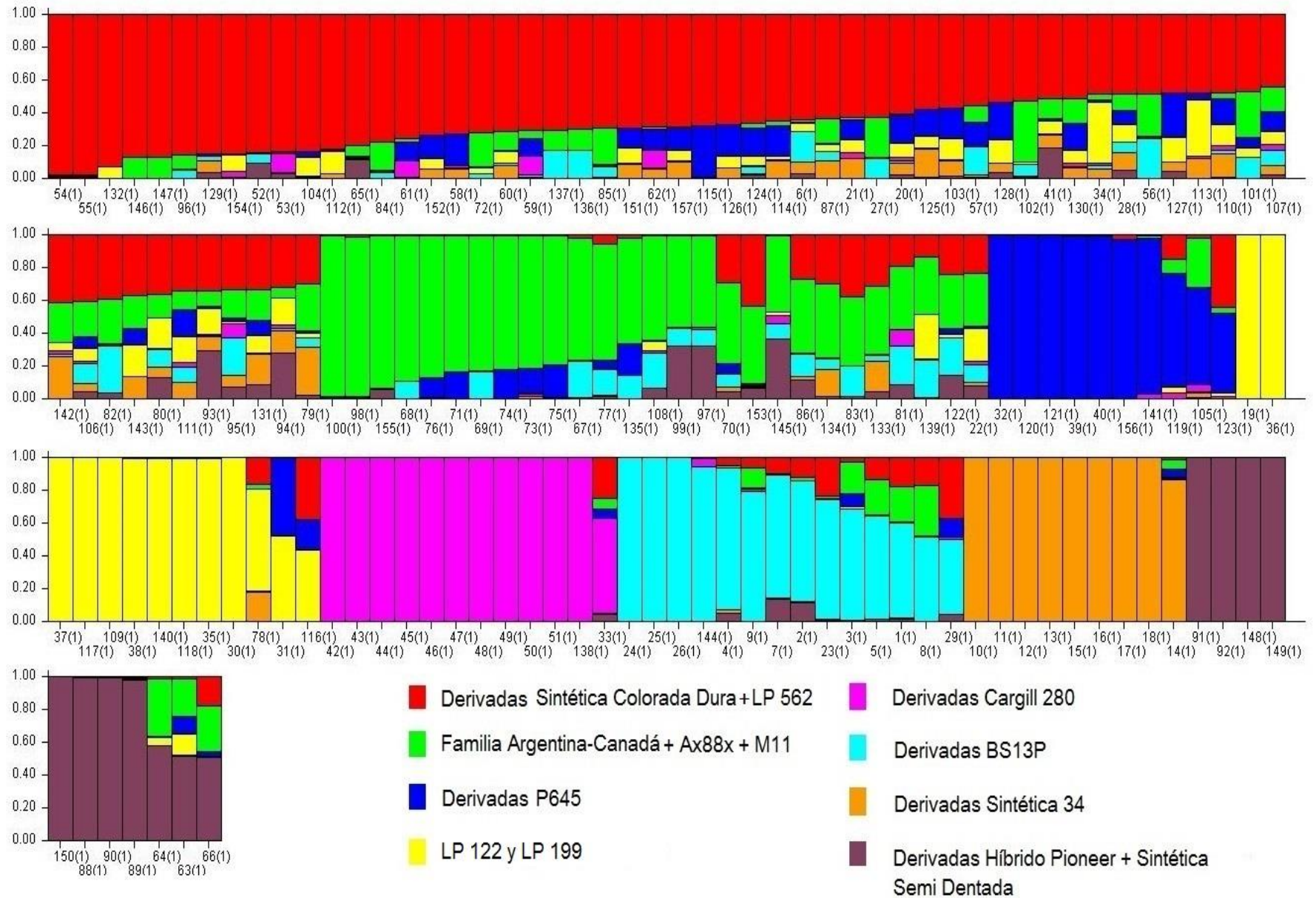


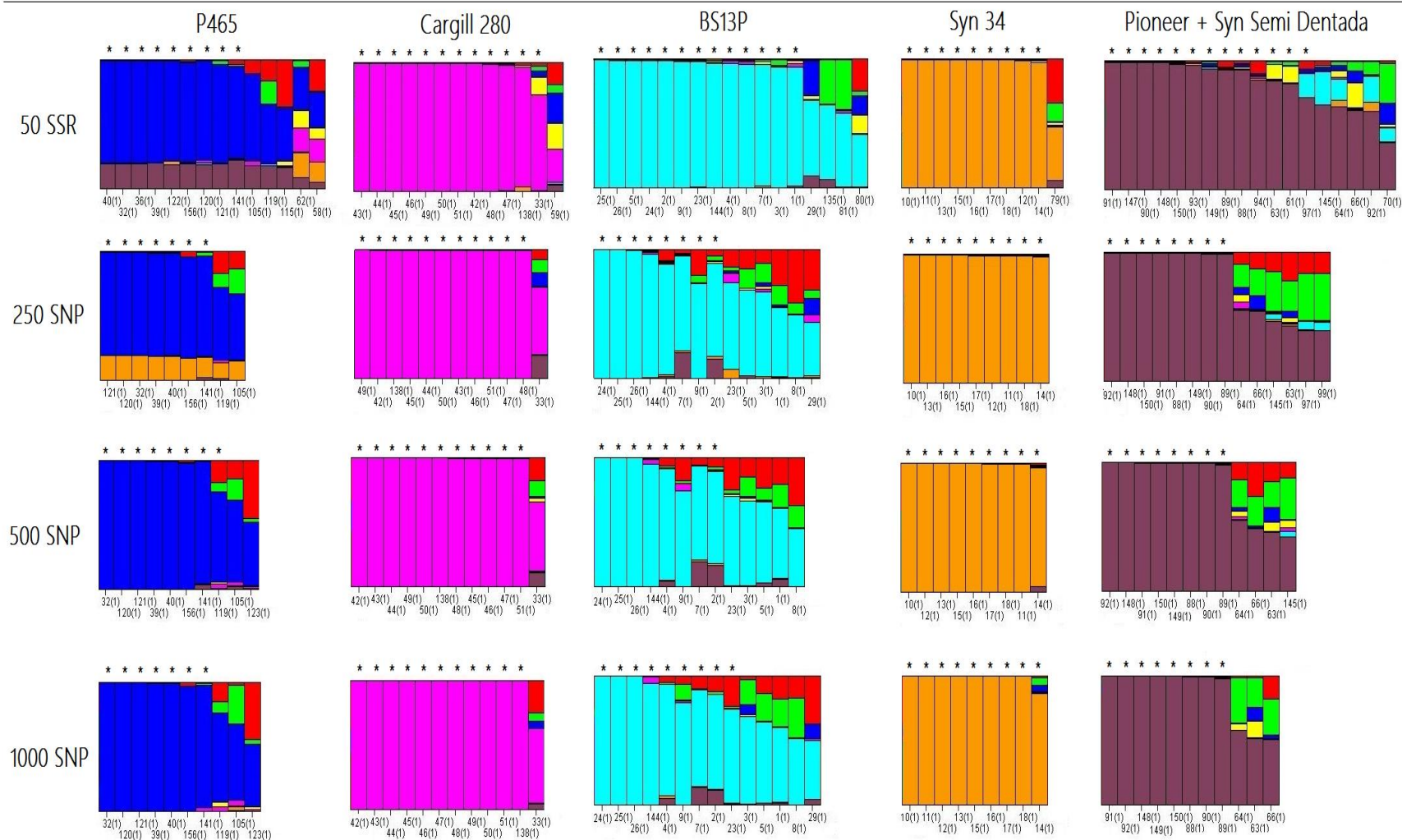
Gráfico 7. Representación de la matriz Q ajustada de K=8 generada con 1000 SNP y valores paramétricos de 100.000



Independientemente del tipo de marcador utilizado, las subpoblaciones encontradas son divididas en dos clases, para facilitar su análisis. Las subpoblaciones de clase 1 están conformadas por individuos genéticamente similares, prácticamente no comparten fracción de su genoma con otras subpoblaciones, tienen un origen genético común y un porcentaje muy alto de sus individuos tienen valores de membresía mayor o igual a 0,7. En cambio, las de clase 2 son aquellas subpoblaciones cuyos individuos provienen de varios fondos genéticos, están compuestas por una gran cantidad de individuos y un porcentaje bajo de ellos alcanzan 0,7 de valor de membresía. Los grupos son nombrados a partir del origen genético de las líneas que lo conforman. Si bien no todas las líneas comparten el origen por el cual fue nombrado el grupo al que pertenecen, los nombres se eligieron para que esto se cumpla en la mayoría de los casos. De forma similar, ciertas líneas con un origen genético relacionado pueden agruparse en grupos distintos. Estas situaciones son contabilizadas como errores de agrupamiento.

Entre los subgrupos del clase 1, se encuentran las líneas derivadas de P465 (*Landrace* Argentina), las derivadas del híbrido Cargill 280, derivadas de BS13P (selección recurrente de BS13 vs probador flint), derivadas por selección recurrente (realizada en EEA INTA, Pergamino) de la sintética 34 proveniente de INTA Leales y una subpoblación mixta de líneas derivadas de híbridos producidos en Pioneer más un grupo de líneas derivadas de Sintética Semi Dentada (*Gráfico 8*). Estas subpoblaciones se generaron prácticamente de igual manera tanto con los marcadores SSR como con los marcadores SNP. Por esta razón, los grupos de clase 1 no discriminan las diferencias que podrían deberse al tipo de marcador utilizado. Si bien estos grupos no fueron de utilidad para realizar la comparación entre los tipos de marcadores, verifican que el algoritmo utilizado por Structure arroja resultados congruentes respecto a la información disponible de las líneas.

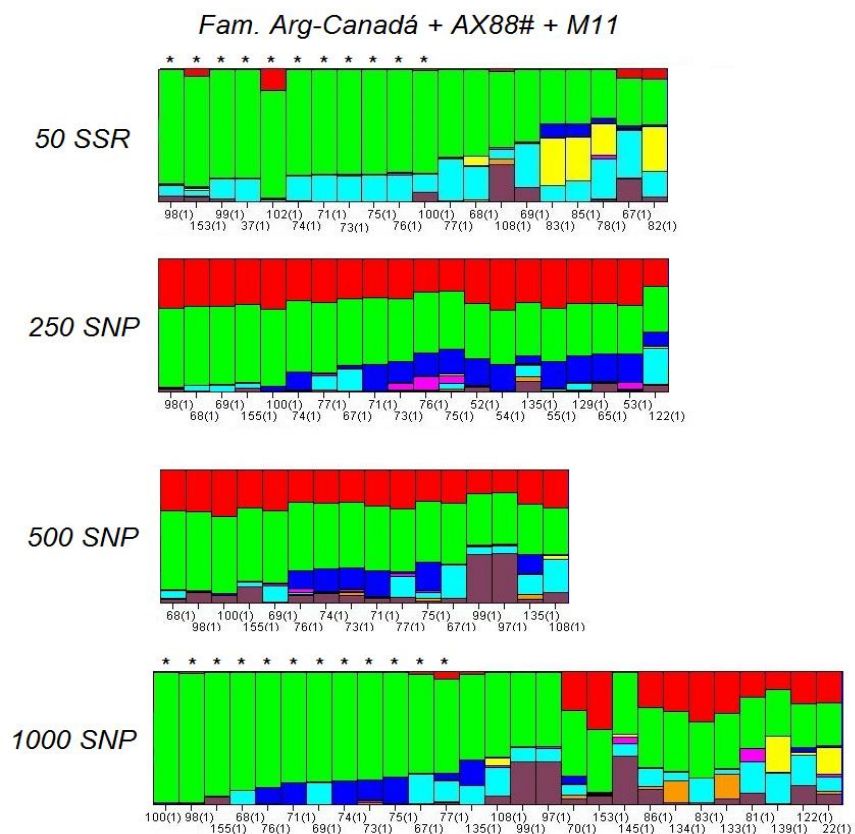
Gráfico 8. Comparación de las Subpoblaciones de clase 1 para los diferentes grupos de marcadores moleculares



Referencia: * indica que la línea posee un valor igual o superior a 0,7 de probabilidad de membresía

Contrariamente a lo que sucede con los grupos de clase 1, en los grupos de clase 2 sí se encontraron diferencias entre los grupos de marcadores. Las líneas derivadas de Familia Argentino-Canadá, el híbrido M11 y los híbridos AX88# (siendo # un número variable), forman parte de un único grupo con varios orígenes y en donde el 55% de las líneas que lo conforman según los datos de 50 SSR, alcanzaron el 0,7 de membresía (*Gráfico 9*). Más complejo fue para el programa poder generar esta subpoblación con los datos de SNP, no pudiendo asignar ningún individuo a estos grupos (todos están por debajo de 0,7) cuando se utilizó 250 y 500; y un 44% (12 de 27) pudo ser asignado con 1000. La diferencia en el porcentaje de asignación entre 50 SSR y 1000 SNP está dada por el gran número de líneas que no alcanzaron un 0,7 en probabilidad de membresía, más que por la cantidad neta de líneas asignadas (11 para 50 SSR y 12 para SNP).

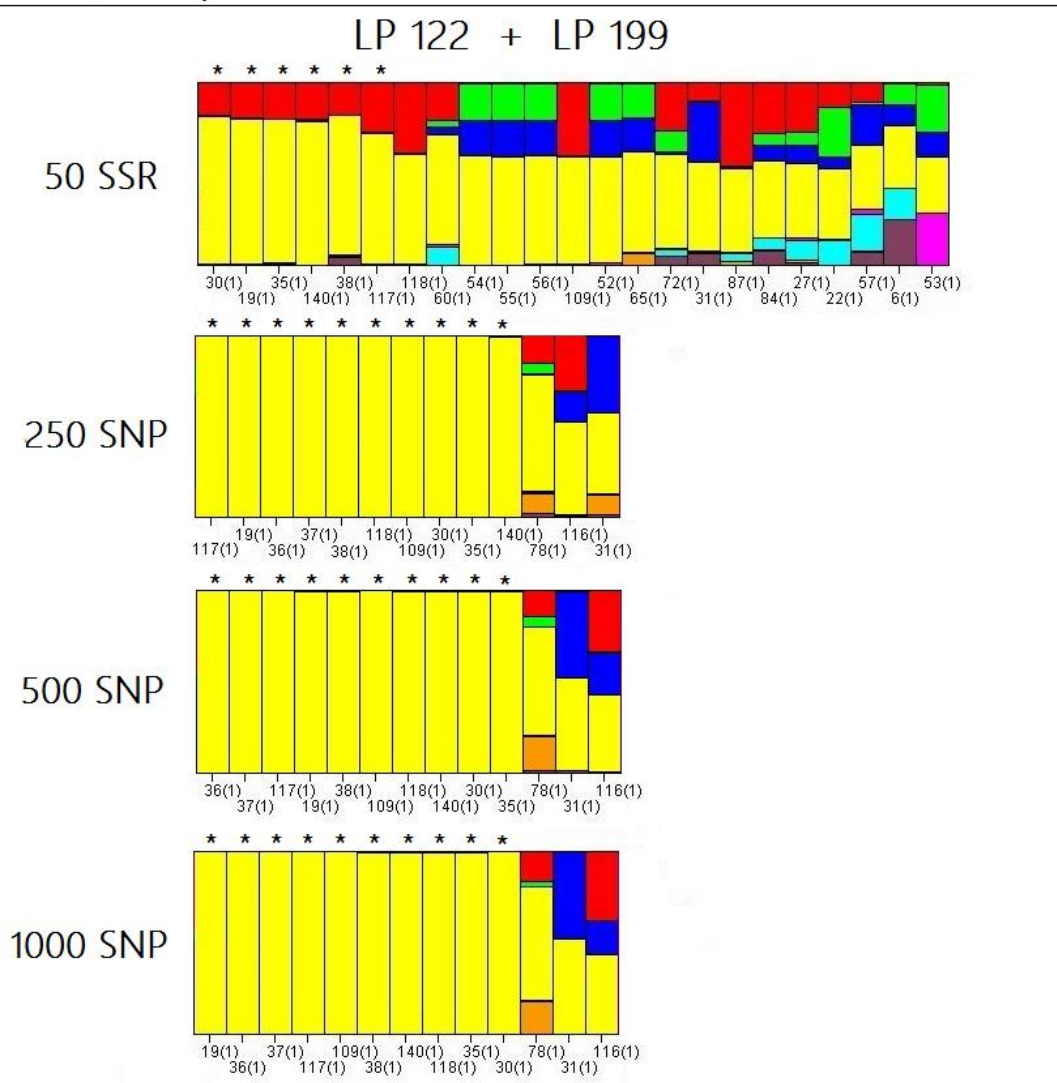
Gráfico 9. Comparación de subpoblaciones clase 2 para los diferentes grupos de marcadores moleculares



Referencia: * indica que la línea posee un valor igual o superior a 0,7 de probabilidad de membresía

Luego se puede encontrar una subpoblación conformada por líneas derivadas de LP 122 + LP 199 (Gráfico 10). En este caso, fueron los marcadores SNP y sobre todo cuando se utilizaron 1000, donde se observó un resultado relativamente homogéneo como los vistos en las de clase 1. Un 90% de las líneas derivan de LP 122, de LP 199 o un cruzamiento de ambas. Lo contrario sucedió con los marcadores SSR, donde el resultado mostro un grupo numeroso, con varios orígenes y con bajo porcentaje de individuos asignados (solo el 26%).

Gráfico 10. Comparación Subpoblaciones de clase 2 para los diferentes grupos de marcadores moleculares

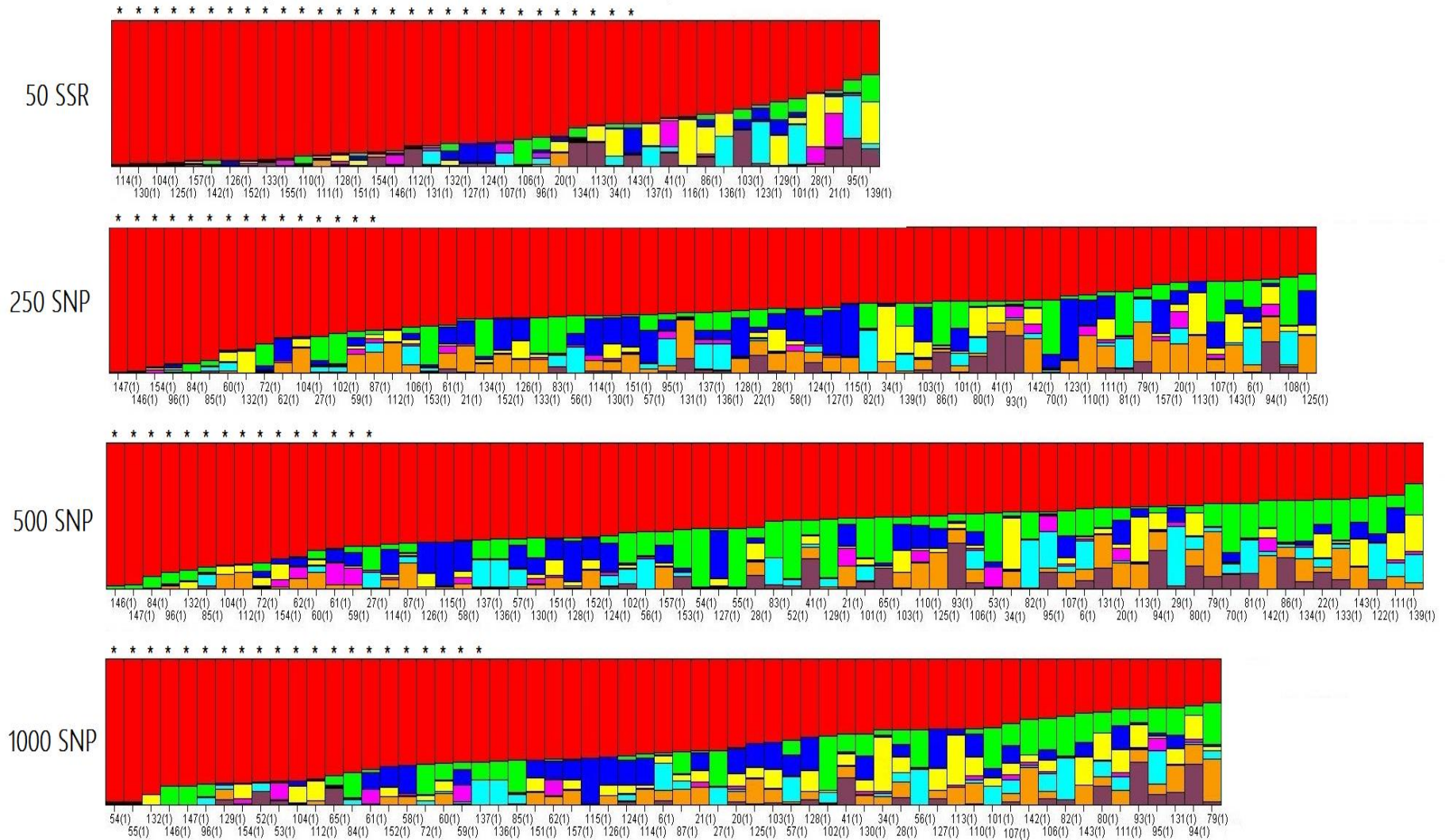


Referencia: * indica que la línea posee un valor igual o superior a 0,7 de probabilidad de membresía

Por último tenemos a la subpoblación más numerosa y heterogénea entre los 8 grupos encontrados (*Gráfico 11*). Sin embargo, se pudo identificar a partir de los resultados obtenidos de los grupos de marcadores de 500 y 1000 SNP, la presencia de un grupo de líneas con un origen genético relacionado dentro de las líneas asignadas (8 de 15 para 500 SNP y 8 de 21 para 1000 SNP). Las 8 líneas derivan de sintéticas caracterizadas fenotípicamente como coloradas. Para 1000 SNP, también se encontró un grupo de 5 líneas con material genético común derivado de LP562 dentro de esta subpoblación. En cuanto al grupo generado con datos de 250 SNP, solo 6 de las líneas derivadas de sintéticas coloradas fueron asignadas a esta subpoblación (de un total de 15 líneas asignadas). Ahora, si se tiene en cuenta la totalidad de líneas que forman parte de este subgrupo (independientemente de si alcanzan 0,7 para el valor de membresía) en todos los grupos de marcadores SNP se encuentran 12 líneas con fondo genético relacionado a sintéticas coloradas de las 15 totales, presente en el panel de estudio. En cambio, cuando se analizan los resultados con 50 SSR, esto se pierde por completo, habiendo solo 4 líneas derivadas de sintéticas coloradas asignadas a esta subpoblación y el resto de las líneas fueron incluidas en otros grupos con valores de membresía bajos. Si bien es un grupo menos numeroso, la heterogeneidad aumenta, no pudiendo encontrar relaciones entre las líneas que lo conforman.

Gráfico 11. Comparación Subpoblaciones de clase 2 para los diferentes grupos de marcadores moleculares

Syn Coloradas + LP 562 (solo para SNP)



Referencia: * indica que la línea posee un valor igual o superior a 0,7 de probabilidad de membresía

Comparación estadística entre los agrupamientos.

En las subpoblaciones generados a partir de los diferentes grupos de marcadores moleculares, las diferencias de mayor magnitud se evidencian en las subpoblaciones que presentan gran heterogeneidad genética.

Primeramente, se comparó el porcentaje de líneas que fueron asignadas a una subpoblación teniendo en cuenta el valor de membresía. Como criterio de corte, se estableció un valor mínimo de membresía de 0,7 para la asignación de las líneas a una población (*Tabla 4*). También se evaluó porcentaje de líneas asignadas con valores de 0,8 y 0,6 como criterio de corte.

Tabla 4. Porcentaje de líneas asignadas a subpoblaciones (K=8) para los diferentes grupos de marcadores con valores variables para el criterio de corte

Umbral de membresía para la asignación de individuos	50 SSR	250 SNP	500 SNP	1000 SNP
Q > 0,8	47,13%	33,12%	37,58%	45,22%
Q > 0,7	64,97%	43,31%	43,95%	55,41%
Q > 0,6	73,89%	54,14%	56,69%	68,15%

De todos los grupos de marcadores utilizados en este trabajo, los 50 SSR tuvieron un mejor comportamiento en la asignación de líneas, superando a los datos genotípicos generados a partir de marcadores SNP. Con 1000 SNP, la diferencia es de un 9,5% con respecto a los SSR y tan solo 1,91 % (representan a unas 3 líneas) con un criterio de asignación de $Q > 0,8$. Al duplicar el número de SNP de 250 a 500, solo se vio una leve mejora en la asignación de líneas para el criterio de membresía $Q > 0,8$; de un 4,4%.

Luego se calculó la correlación de Pearson entre las matrices Q, con K igual a 8, para 50 SSR, 250 SNP, 500 SNP y 1000 SNP (*Tabla 5 y Gráfico 12*). La correlación encontrada entre todos los pares de matrices Q fue positiva y estadísticamente significativa (*valor p* < 0,0001). Cuando comparamos las matrices generadas a partir

de los datos de SNP, vemos que la correlación se aproxima a 1, siendo máxima entre 250 SNP y 500 SNP ($r = 0,98$). Esto concuerda con lo visto hasta el momento, ya que ambos grupos de marcadores generaron resultados muy similares, tanto en la composición de las subpoblaciones como en el porcentaje de líneas asignadas. Al estimar la relación de los SSR respecto a los SNP, se encontró un valor de correlación elevado y positivo, y prácticamente no hay variación cuando se utilizan 250, 500 ó 1000 SNP. Si bien un coeficiente de correlación de 0,78 entre los SNP y los marcadores SSR, indica que hay una alta correlación entre las probabilidades de membresía obtenidas con los diferentes tipos de marcadores, existen diferencias entre los agrupamientos generados a partir de ellos. Tales diferencias se observan de forma clara en el *Gráfico 12*, donde los diagramas de dispersión obtenidos de la comparación entre SSR y SNP no presentan la típica nube de datos que se encuentra cuando hay una correlación cercana a 1.

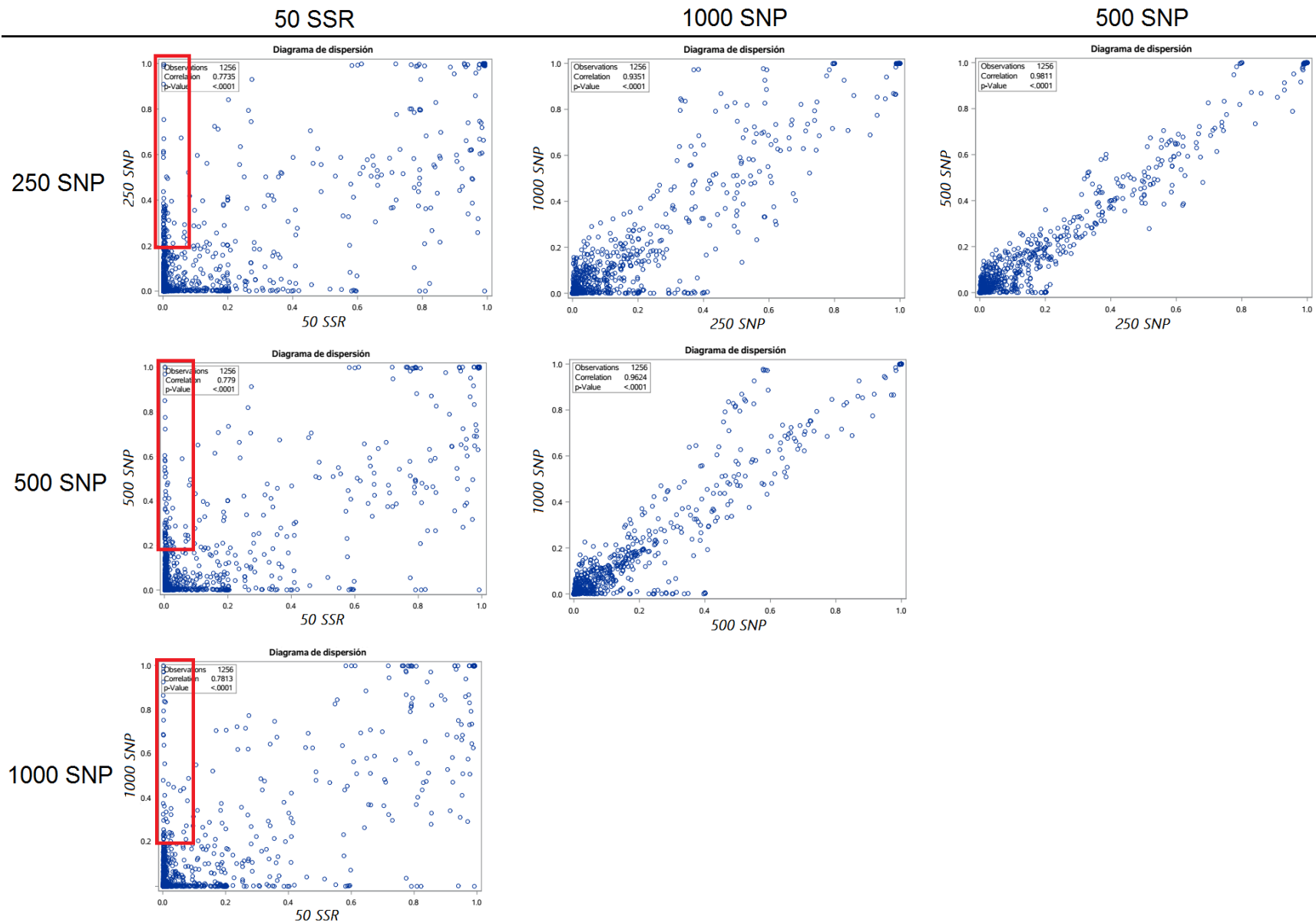
Un detalle que vale la pena mencionar, son los puntos generados cuando un individuo tiene valor de membresía 0 para SSR, pero mayor a 0,2 para los datos de SNP (remarcados con rojo en el *Gráfico 12*). Esto nos indica que según los datos de SSR, esa línea no comparte ninguna fracción de su genoma con esa subpoblación, pero más del 20% según datos de SNP. Se observa que para 250 y 500 SNP, hay una gran cantidad de estos puntos, en cambio para 1000 SNP la disminución es visiblemente significativa. Por lo que si bien es cierto que la diferencia entre las correlaciones de 50 SSR con 250, 500 ó 1000 SNP es mínima, esta debe ser tomada en cuenta.

Tabla 5. Correlación entre matrices Q

	SSR50	SNP250	SNP500	SNP1000
SSR50	-	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
SNP250	0,7735	-	< 0,0001	< 0,0001
SNP500	0,77897	0,9811	-	< 0,0001
SNP1000	0,78133	0,9351	0,9624	-

Referencia: por debajo de la diagonal se encuentran los valores de correlación entre matrices y por encima de la misma, los *valores p*

Gráfico 12. Diagramas de dispersión. Correlación entre las matrices Q ajustadas de los diferentes grupos de marcadores



Particionando el análisis de correlación por subpoblación, entre el marcador SSR y los grupos de marcadores SNP, se puede visualizar las diferencias entre las subpoblaciones clase 1 y clase 2, mencionadas anteriormente (*Tabla 6*). Las de clase 1, al estar formadas por líneas con un origen genético relacionado y ser muy conservada en los diferentes grupos de marcadores, presentan los coeficientes de correlación más elevados. En cambio, las subpoblaciones de clase 2 tiene los valores de correlacion más bajos, ya que presentaron poca consistencia a traves de los grupos de marcadores.

Tabla 6. Correlaciones entre 50 SSR y los distintos grupos de marcadores SNP, para K igual 8, particionada por subpoblación

Subpoblación	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8
Clasificación	Clase 2	Clase 2	Clase 1	Clase 2	Clase 1	Clase 1	Clase 1	Clase 1
250 SNP	0,56	0,7	0,80	0,60	0,98	0,91	0,95	0,80
500 SNP	0,56	0,71	0,80	0,61	0,99	0,92	0,97	0,81
1000 SNP	0,56	0,75	0,80	0,60	0,99	0,93	0,97	0,81

Referencia: Las subpoblaciones están ordenadas según se muestran en los *Gráficos 4, 5, 6 y 7*

Estructura genética utilizando simultáneamente la información de SSR y SNP

Se realizó un análisis de agrupamiento con el programa Structure utilizando la información genotípica disponible de las líneas de forma simultánea, 50 SSR + 1000 SNP. El protocolo de análisis fue el mismo que el utilizado para los SSR y SNP de forma individual. Se realizaron 5 corridas (*r*) de 100.000 iteraciones para *burn-in* y para el procedimiento MCMC. Luego se calculó, mediante el programa Harvester, el valor de K más probable, el cual fue igual a 9 (*Gráfico 13*). Se representó la matriz Q ajustada con el programa Structure y se analizó la composición de los grupos formados (*Gráfico 14*).

Gráfico 13. Delta K para 50 SSR + 1000 SNP, con valores paramétricos de 100.000

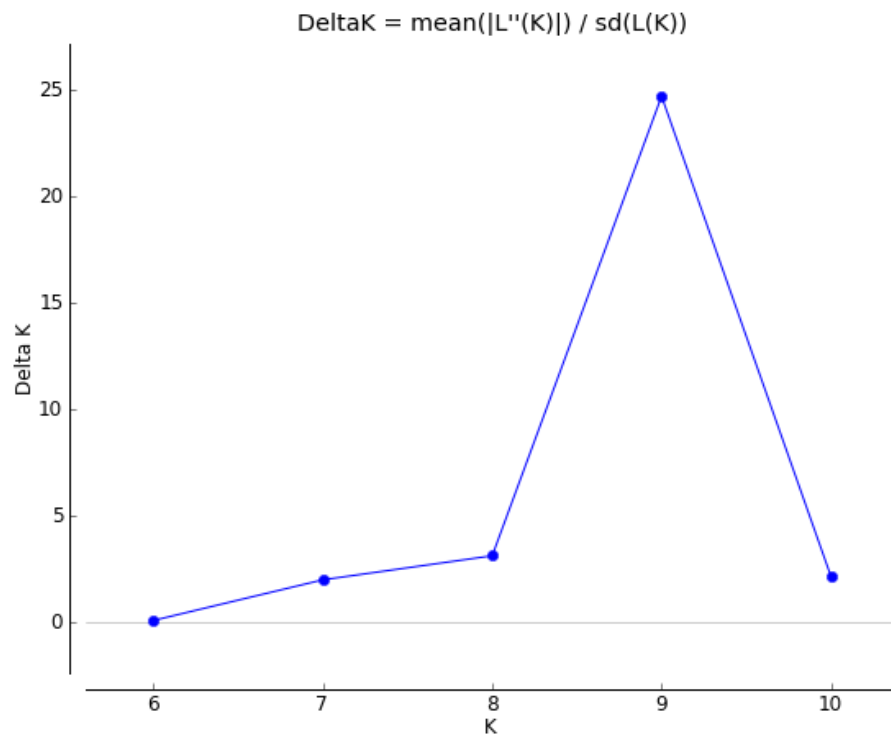
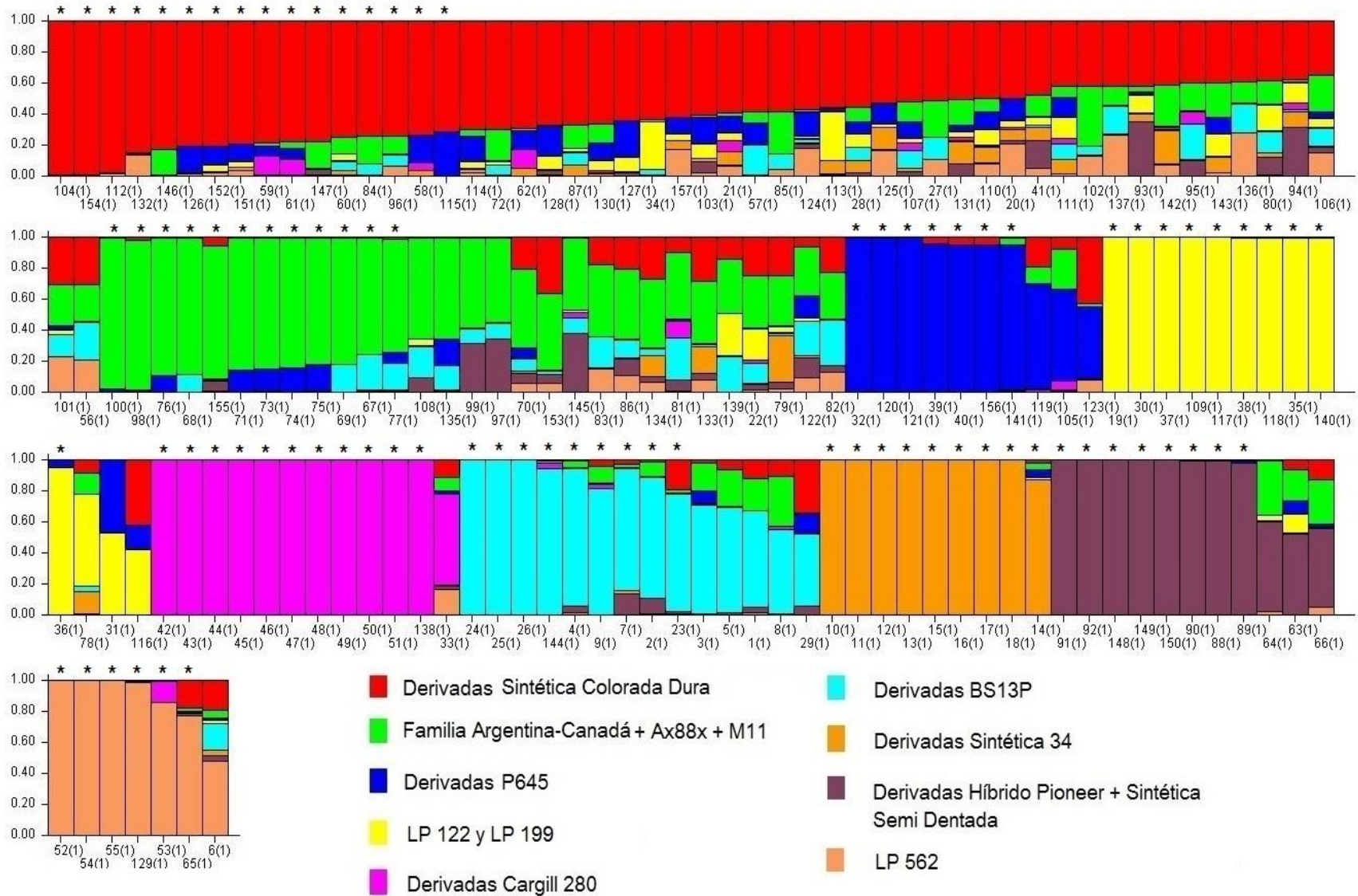


Gráfico 14. Representación de la matriz Q ajustada de K=8 generada con 1000 SNP + 50 SSR y valores paramétricos de 100.000



Referencia: * indica que la línea posee un valor igual o superior a 0,7 de probabilidad de membresía

Se generó un agrupamiento igual al obtenido a partir de 1000 SNP, salvo por la generación de una subpoblación adicional. El grupo extra está conformado por la línea LP 562 más líneas que derivan de ella. Este conjunto se encontraba en el mismo grupo que las líneas que derivaban de sintéticas coloradas cuando se utilizaron 1000 SNP. La información adicional de los 50 SSR permitió al programa diferenciar mejor este conjunto y agruparlo solo, con un valor probabilístico más elevado. Para el resto de las subpoblaciones, no se encontraron diferencias con respecto a 1000 SNP. Por lo tanto, las diferencias entre el agrupamiento a partir de SSR + SNP en comparación a los otros grupos de marcadores, serán las mismas que se detallaron para los resultados de 1000 SNP utilizados de forma individual.

6.3 Análisis de conglomerado para inferir estructuración poblacional

Utilizando la herramienta informática InfoGen se calculó la matriz de distancia genética entre pares de líneas de las diferentes planillas de datos genotípicos. A partir de las matrices de distancia, se generaron los dendrogramas (*Gráficos 15, 16, 17 y 18*) utilizando el método de agrupamiento UPGMA. A diferencia del método bayesiano, el análisis de conglomerados no permite probar la verosimilitud de diferentes números de subpoblaciones y determinar cuál es el más probable. Por ello, teniendo como base los resultados obtenidos en Structure, se estableció como número de subpoblaciones 8.

Los gráficos generados tienen un alto valor de correlación cofenética (alrededor de 0,87 para todas las matrices de distancias), indicando que las distancias en los dendrogramas reflejan de forma suficientemente precisa las distancias reales. A pesar de esto, cuando al programa se le pide que genere las 8 subpoblaciones dentro de los dendrogramas, para 500 y 1000 SNP se formaban grupos de una o dos líneas nada más. Este resultado se debería a que estas líneas se diferencian de forma significativa del resto según la información genotípica empleada, por lo que el programa las reconoce rápidamente como un grupo aparte.

Caracterización del material genético que forman parte de las subpoblaciones.

De todas las subpoblación caracterizadas a partir de los resultados de Structure, solo las líneas derivadas de Cargill 280 y las que derivan de LP 562 formaron grupos compactos para todas las planillas de datos con el método UPGMA. Si bien las líneas que forman parte de las subpoblaciones clasificadas como clase 1 pueden ubicarse siempre juntas en los dendrogramas, comparten grupo con líneas de otras subpoblaciones.

No se pudo encontrar un patrón demasiado claro de los agrupamientos que se generan de los dendrogramas, pero fue posible observar que ciertos grupos de líneas con orígenes diferentes tienden a compartir siempre una misma subpoblación. Estas asociaciones contribuyeron a entender mejor los resultados obtenidos mediante el método bayesiano. Por ejemplo, las líneas que derivan de sintéticas coloradas fueron agrupadas para todos los datos genotípicos junto a líneas derivadas de P465. La existencia de una relación entre estos dos grupos no fue posible de visualizar con los resultados de Structure, ya que formaban dos grupos independientes.

Una segunda asociación repetida a lo largo de todos los análisis se dio entre las líneas que derivan de sintética semi dentada y las que derivan de híbrido Pioneer. También se pudo encontrar que las líneas derivadas a partir de la familia Argentina-Canadá, de los híbridos Ax88# y del híbrido M11, en todos los casos compartieron grupo. Para estos dos últimos casos, el método UPGMA confirma lo encontrado con Structure sobre las relaciones entre estos grupos de líneas, las cuales evidentemente poseen una relación genética estrecha.

Finalmente, están los grupos de líneas que derivan de BS13P, sintética 34 de INTA Leales y las que derivan de LP 122 y LP 199. Si bien se encontraban próximas en los dendrogramas, cuando se generaban los grupos, en ocasiones, estaban acompañadas de otros conjuntos de líneas. El hecho que no exista un patrón para la conformación de los grupos, hace muy difícil discernir cuando hay asociaciones reales y cuando son creadas por un error de estimación por parte del programa.

Gráfico 15. Dendograma de la matriz de distancia genética calculada a partir de 50 SSR

Correlación
cofenética= 0,867

50 SSR - Promedio (Average linkage)

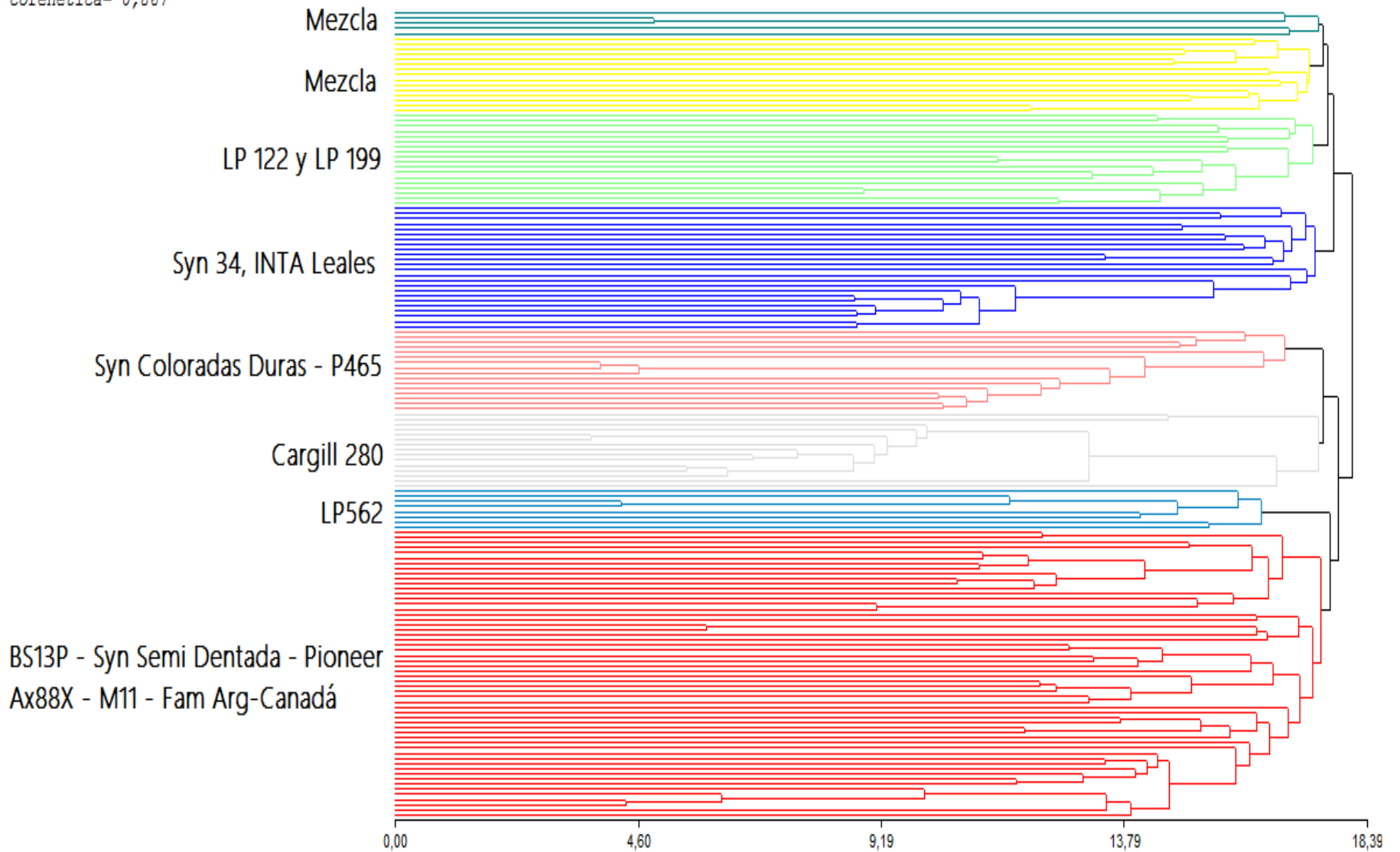


Gráfico 16. Dendrograma de la matriz de distancia genética calculada a partir de 250 SNP

Correlación
cofenética= 0,874

250 SNP - Promedio (Average linkage)

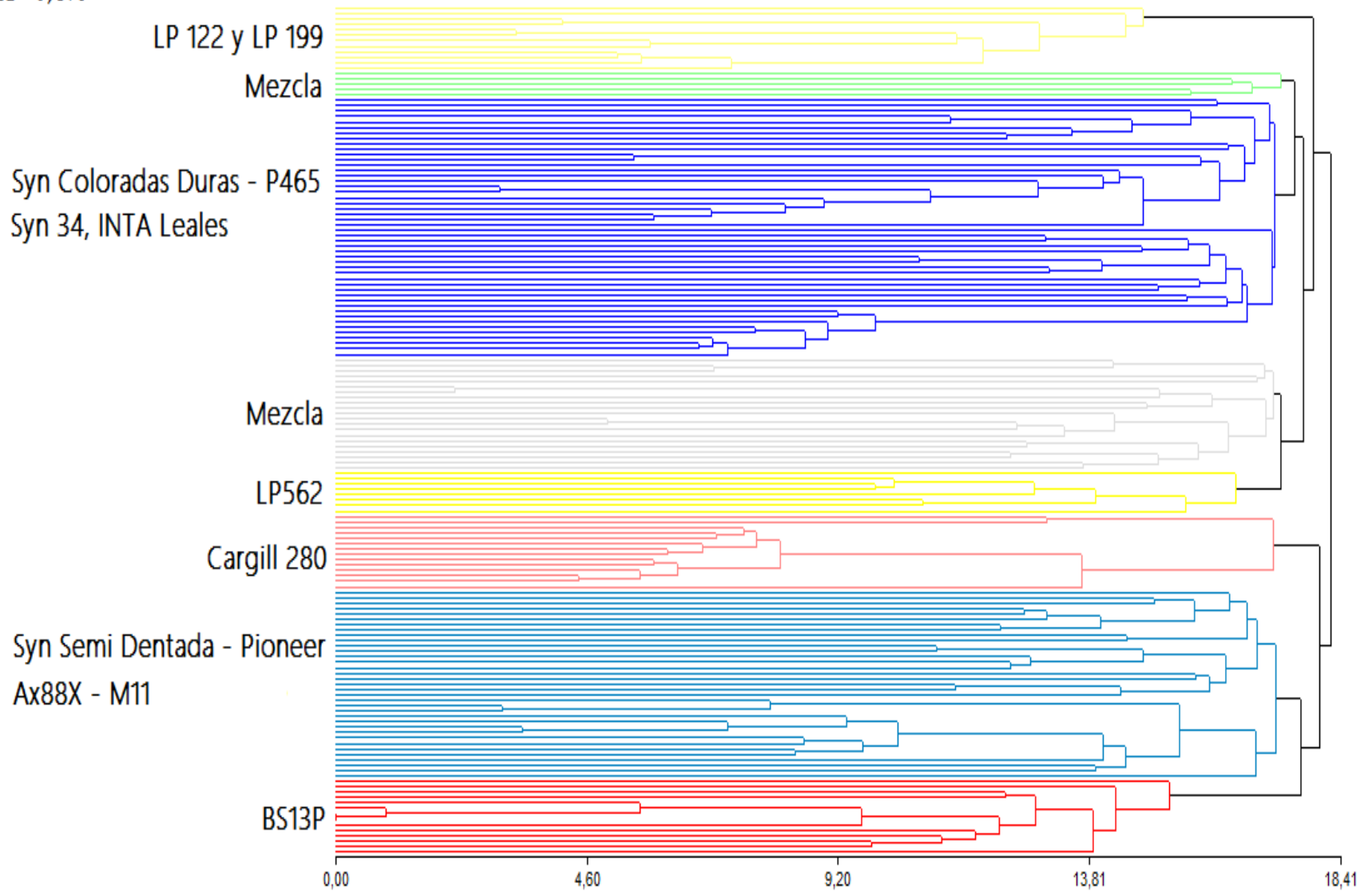


Gráfico 17. Dendograma de la matriz de distancia genética calculada a partir de 500 SNP

Correlación
cofenética= 0,892

500 SNP - Promedio (Average linkage)

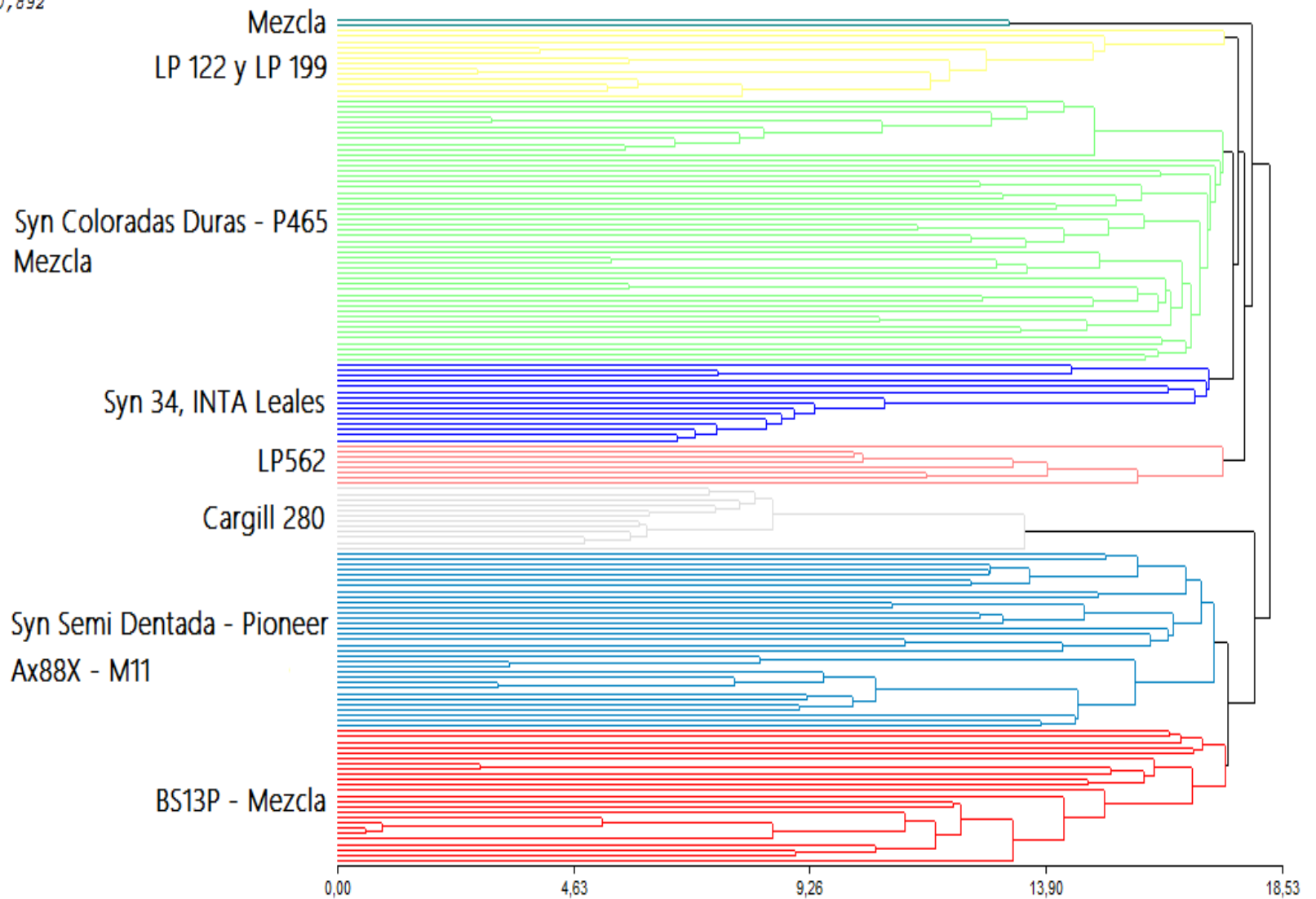
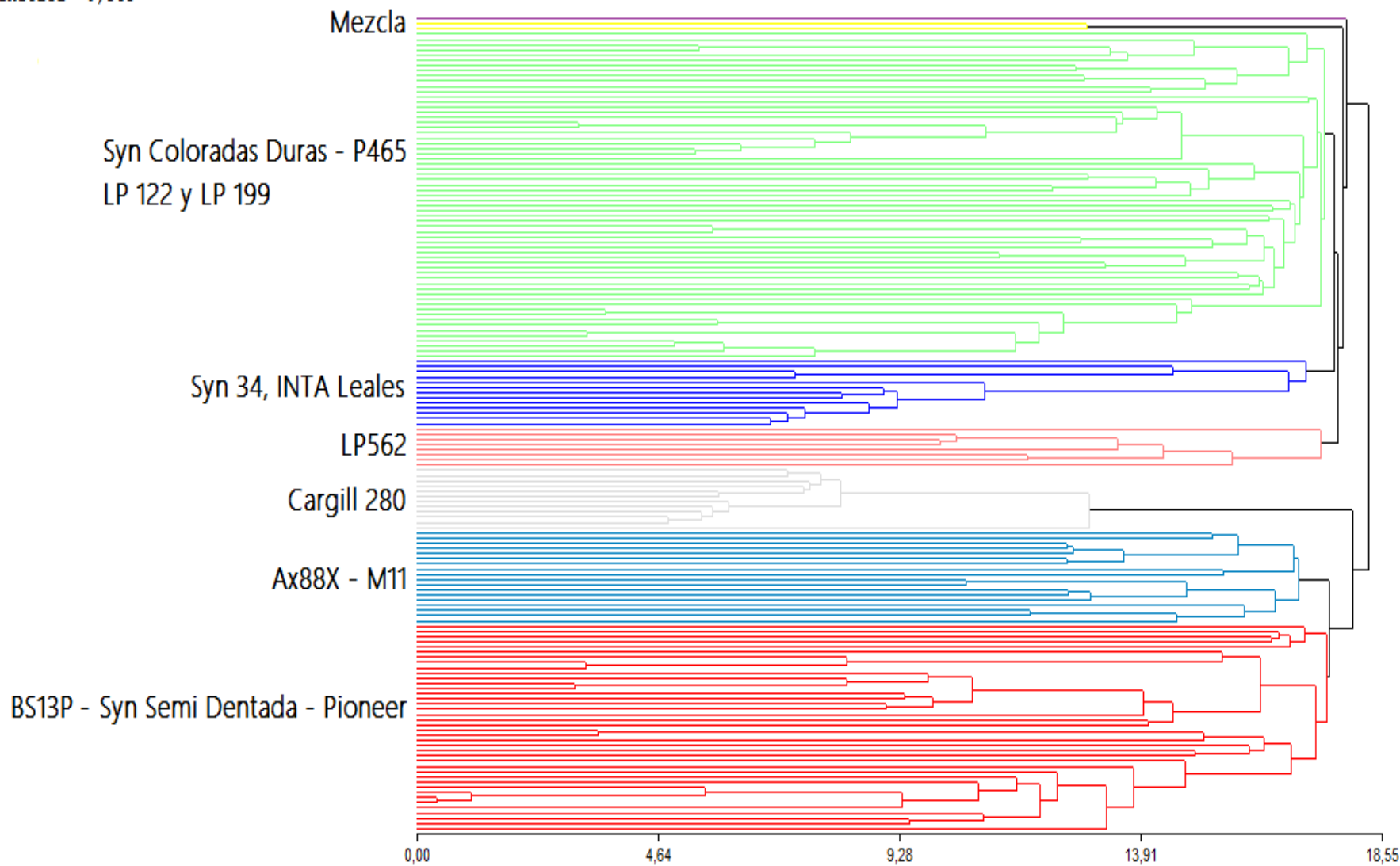


Gráfico 18. Dendograma de la matriz de distancia genética calculada a partir de 1000 SNP

Correlación
cofenética= 0,865

1000 SNP - Promedio (Average linkage)



Comparación estadística entre los agrupamientos.

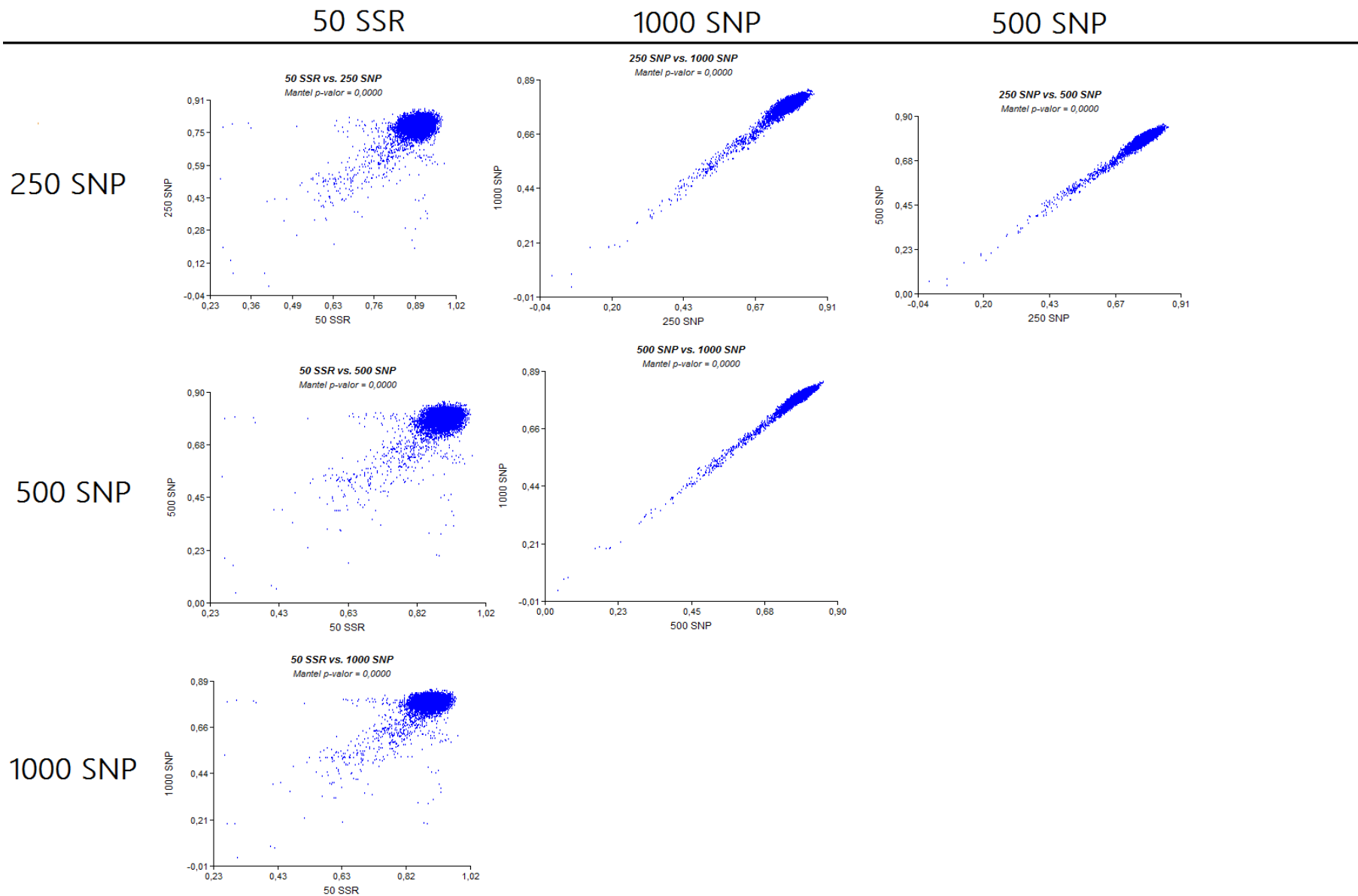
Una de las desventajas del método de conglomerados, respecto del algoritmo que utiliza Structure, es que en primera instancia no genera ningún valor probabilístico sobre la asignación de una línea a un determinado grupo. Por este motivo solo podemos analizar la conformación de los grupos, que material genético los caracteriza, pero sin conocer con qué grado de significancia lo que vemos es correcto. Ya que los agrupamientos son generados a partir de una matriz de distancia previamente calculada entre pares de líneas, como estrategia comparativa entre las planillas de datos, analizamos la correlación entre dichas matrices. Para esto, llevamos a cabo un análisis de Mantel con el programa InfoGen, comparando las matrices de distancia de a pares (*Tabla 7*). Todas las correlaciones resultaron ser estadísticamente significativas, con valor-p siempre menor a 0,0001. Como vimos anteriormente con las matrices Q, la correlación que existe entre SNP es muy elevada, acercándose a 1. En este caso, el valor de correlación más alta se encontró entre las matrices de distancias calculadas a partir de 500 y 1000 SNP (0,98) y entre 250 y 500 SNP que es ligeramente menor (0,97). Nuevamente las correlaciones entre SSR y SNP fueron menores que las calculadas para SNP-SNP, indicando que la diferencia entre los marcadores utilizados se traduce en resultados distintos al calcular las distancias genéticas entre líneas.

Tabla 7. Correlación entre matrices de distancia genética (Jaccard $(1-S)^{1/2}$)

	SSR50	SNP250	SNP500	SNP1000
SSR50	-	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
SNP250	0,62	-	< 0,0001	< 0,0001
SNP500	0,63	0,97	-	< 0,0001
SNP1000	0,64	0,95	0,98	-

Referencia: Por debajo de la diagonal se encuentran los valores de correlación entre matrices y por encima de la misma, los valores P

Gráfico 19. Diagrama de dispersión. Correlación entre matrices de distancia genética generadas a partir de los diferentes grupos de marcadores



Posteriormente, se calculó la matriz de distancia genética entre pares de líneas a partir de sus perfiles moleculares, con la información simultánea de 50 SSR y 1000 SNP. La matriz resultante fue comparada con las matrices generadas a partir de los grupos de marcadores individuales mediante el análisis de correlación de Mantel (*Tabla 8*). El resultado mostró una alta correlación entre las matrices de distancia genéticas calculadas con los diferentes grupos de marcadores SNP y la estimada con los dos tipos de marcadores juntos (r promedio de 0,98). En contraste a esto, la matriz de distancia genética estimada con 50 SSR presentó un menor coeficiente de correlación con la matriz de distancia generada con 50 SSR y 1000 SNP utilizados de forma conjunta (0,71).

Tabla 8. Correlación entre matrices de distancia genética

	50 SSR	250 SNP	500 SNP	1000 SNP
50 SSR + 1000 SNP	0,71	0,96	0,98	0,99

7. Discusión

Contenido de información polimórfica.

Las características de los SSR y SNP se originan a partir de sus procesos mutacionales. La elevada tasa de mutación que presentan los microsatélites, los convierten en marcadores moleculares con una gran variabilidad alélica (Ellegren *et al.* 2004). Por el contrario, los SNP abarcan *loci* generalmente bialélicos. Esto se ve reflejado en los resultados presentados aquí, donde los SNP exhiben un número de alelos por locus 3,5 veces mayor que los SSR. Los alelos por locus, el valor promedio de PIC y su rango estimados para ambos tipos de marcadores moleculares en la población de estudio son consistentes con trabajos previos (Yang *et al.* 2011).

Agrupamientos

El método bayesiano propuesto por Pritchard *et al.* (2000) fue implementado para estimar la estructura poblacional de las 157 líneas de maíz, encontrándose un total de 8 subpoblaciones. Evanno *et al.* (2005), demuestra la eficiencia del valor delta K para determinar el número correcto de subpoblaciones. Sin embargo, explica que es un valor sensible al tipo de marcador utilizado y al desvío de los valores de probabilidad de los datos respecto a los valores de K. Es probable que el comportamiento diferencial de los 250 SNP para establecer el K verdadero se deba a estas razones.

Asignación de líneas a las subpoblaciones

Con una probabilidad de membresía mayor o igual a 0,7 para la asignación de las líneas a cada subpoblación, los marcadores SSR presentaron el porcentaje más elevado de asignación, alcanzando un 64,97 %. Si bien ninguno de los grupos de SNP logró un mismo rendimiento, el grupo de los 1000 *loci* SNP se aproximó, asignando un 55,41 % de las líneas. La capacidad de los microsatélites de generar valores de probabilidad de membresía más elevados respecto a los SNP también ha sido detectado en trabajos anteriores (Hamblin *et al.* 2007, Van Inghelandt *et al.* 2010 y Yang *et al.* 2011). Debido a que en todos los grupos de marcadores SNP, el número de alelos totales supero al número de alelos SSR, el número total de alelos no explicaría la bondad de los SSR para asignar individuos a las distintas subpoblaciones. Antes bien, el mayor contenido de información polimórfica de los microsatélites podría explicar la ventaja que poseen respecto a los SNP, permitiendo distinguir relaciones genéticas con un valor de probabilidad más elevado. La conformación de las subpoblaciones fue relativamente consistentes a través de los dos tipos de marcadores moleculares, en especial entre 50 SSR y 1000 SNP con un valor de coincidencia del 72,6 %. Sin embargo, los niveles de coincidencia descienden si solo se tiene en cuenta individuos asignados. Esto se evidencia con mayor magnitud en las subpoblaciones de clase 2, con apenas un 43,4 % de coincidencia entre 50 SSR y 1000 SNP.

Correlaciones entre matrices Q

En los análisis de mapeo de asociación basados en el modelo mixto propuesto por Yu *et al.* (2006), la matriz Q obtenida de Structure es utilizada como cofactor para mejorar la estimación y disminuir la tasa de falsos positivos. Consecuentemente, todos los valores de membresía tendrían un impacto sobre el análisis. La correlación entre las matrices Q obtenidas con los diferentes grupos de marcadores moleculares, permite realizar una comparación integral de las mismas. Los coeficientes de correlación entre las matrices Q estimadas a partir de 250, 500 y 1000 SNP oscilaron entre 0,93 y 0,98. Sin embargo, al comparar los dos tipos de

marcadores los valores de correlación disminuyeron a 0,77 (0,78 para 50 SSR y 1000 SNP). Estos resultados son congruentes con lo publicado por Yang *et al.* (2011), donde no se observan variaciones significativas de los coeficientes de correlación entre ambos tipos de marcadores, a pesar del aumento en el número de SNP seleccionados.

Estimación de distancias genéticas

Las distancias genéticas entre pares de líneas basadas en sus perfiles moleculares, fueron calculadas para todos los grupos de marcadores. La mayoría de los pares de líneas mostraron una elevada distancia genética (superior a 0,65), resultados consistentes a los hallados por Hamblin *et al.* (2007). Sin embargo, ellos no encuentran una correlación significativa entre las matrices de distancia generadas a partir de SSR y SNP, salvo cuando el análisis se realizó particionado según las subpoblaciones encontradas. En nuestra población de estudio, las matrices de distancia genética generadas a partir de los perfiles moleculares de SSR y de SNP, mostraron una alta correlación (r promedio igual a 0,63), estadísticamente significativa. Sin embargo, las correlaciones entre distancias genéticas a partir de SSR y SNP prácticamente no varían a pesar del aumento de *loci* SNP seleccionados, un patrón que se vio anteriormente con las correlaciones entre las matrices Q.

Agrupamiento generado utilizando la información simultanea de SSR y SNP.

La estructura poblacional inferida a partir de la información conjunta SSR-SNP permitió diferenciar una subpoblación extra respecto a los resultados obtenidos con los datos de SSR y SNP por separado. A pesar de esto, la conformación de las subpoblaciones restantes, así como el porcentaje de individuos asignados (66,4 %)

se mostró muy similar a lo estimado con 1000 SNP. La correlación estimada entre la matriz de distancia genética generada con los datos de SSR y SNP, y las matrices de distancias generadas con los grupos de marcadores individuales, mostró un patrón similar. Una alta correlación entre las matrices calculadas a partir de SSR más SNP y las calculadas con los marcadores SNP solos. En contraste a esto, una menor correlación entre la matriz de distancia genética generada a partir de los SSR y la generada a partir de los dos tipos de marcadores utilizados de forma conjunta. Hamblin *et al.* (2007) y Yang *et al.* (2011) también utilizaron los perfiles moleculares obtenidos a partir de SSR y SNP de forma conjunta para la estimación de estructura poblacional. Es interesante mencionar, que el resultado obtenido con la información de ambos marcadores utilizada de forma simultánea fue semejantes al obtenido únicamente con SNP, pero distinto cuando los microsatélites son utilizados de forma separada. Si bien los microsatélites proporcionaron más información por locus, el gran número de *loci* SNP disponibles evidenció una mayor influencia sobre el resultado.

SSR y SNP utilizados para la inferencia de estructura poblacional

Yu *et al.* 2006 y Van Inghelandt *et al.* 2010 propusieron una relación lineal entre los marcadores SSR y SNP, en la cual serían necesarios entre 7 y 11 *loci* bialélicos por cada locus de microsatélites para estimar diversidad genética entre individuos con una precisión similar. El aumento en la cantidad de SNP seleccionados que no se vio traducido en un incremento en los coeficientes de correlación entre las matrices Q, como tampoco con las matrices de distancia genéticas a partir de SSR, pareciera indicar que no existe tal relación.

Las características propias de cada marcador, ya mencionadas en este trabajo, podrían estar condicionando la aplicación conjunta de ambos marcadores, impidiendo encontrar un mejoramiento en la precisión de los análisis. Las características más relevantes que diferencian ambos tipos de marcadores moleculares, cuando son empleados en estudios de diversidad genética, son los niveles de polimorfismos y el número de *loci* utilizados. Generar haplotipos a partir de datos

de SNP, permite que estos marcadores tengan una distribución de frecuencias alélicas y genotípicas propias de marcadores multialélicos. En los haplotipos obtenidos a partir de SNP, un individuo no está caracterizado por el alelo de un único locus, sino por los alelos de varios *loci* ligados. Hamblin et al. (2007) estudió esto, pero el bajo número de haplotipos SNP encontrados, generó resultados similares respecto a los SNP bialélicos. Incrementar el número de SNP para minimizar los efectos del bajo nivel de polimorfismo, aumenta el riesgo de seleccionar *loci* ligados. Debido a que el programa Structure supone una segregación independiente de *loci*, el efecto de ligamento podría explicar por qué no se encontró un aumento en la correlación entre 1000 SNP y 50 SSR, en comparación a la correlación entre 250 SNP y 50 SSR. Falush et al. (2003) incorporan el modelo de ancestría para *loci* ligados en el programa Structure, el cual podría ser utilizado para estimar el efecto de ligamento en los SNP.

8. Conclusión

Dentro del panel conformado por las 157 líneas, se encontraron entre 8 y 9 subpoblaciones dependiendo el grupo de marcadores moleculares utilizados, con el programa Structure 2.3.4. Para obtener resultados consistentes entre los diferentes grupos de marcadores y a su vez, congruentes con la información de *pedigree* de las líneas, fue necesario utilizar valores de 100.000 iteraciones tanto para *burn-in* como para MCMC.

Entre todos los grupos de marcadores moleculares analizados, la estructura poblacional estimada a partir de 1000 *loci* SNP agrupó de forma más precisa las líneas. Los microsatélites, a pesar de haberse seleccionado un número de *loci* mucho menor que los SNP, generaron un agrupamiento muy aceptable, con una tasa de error mínima y un elevado porcentaje de individuos asignados a las subpoblaciones. Al utilizar de forma conjunta 50 marcadores SSR y 1000 marcadores SNP, no se logró una ganancia considerable en la precisión de agrupamiento en la relación a la obtenida con 1000 SNP utilizados de forma individual.

De los dos métodos evaluados en esta tesina, que son utilizados para inferir estructura dentro de una población, el método bayesiano implementado por Structure generó mejores subgrupos que el método de conglomerado jerárquico UPGMA. El aumento en el número de SNP seleccionados, no logró que los resultados obtenidos a partir de SSR y de SNP fueran más similares. Por lo tanto, no se detectó la existencia de una relación lineal entre el número de marcadores SSR y el número de SNP para analizar la estructura poblacional.

9. Referencia Bibliográfica

- Aranguren-Méndez, JA; Román-Bravo, R; Isea, W; Villasmil, JJ (2004). Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación : una revisión. *Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal*, 13, 1-14
- Balzarini, MG; Di Rienzo, J. (2004). Info-Gen: Software para análisis estadístico de datos genéticos. Facultad de Ciencia Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina.
- Benbouza, H; Jacquemin, J; Baudoin J; Mergeai, G. (2006) Optimization of a reliable, fast, cheap and sensitive silver staining method to detect SSR markers in polyacrylamide gels. *BASE*, 10 (2), 77-81
- Botstein, D; White, RL; Skolnick, M; Davis, RW. (1980). Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *American Society of Human Genetics*, 32, 314-331
- Bradbury, PJ; Zhang, Z; Kroon, DE; Casstevens, TM; Ramdoss, Y; Buckler, ES. (2007) TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, 23, 2633-2635
- Cook, JP; McMullen, MD; Holland, JB; Tian, F; Bradbury, P; Ross-Ibarra, J; Flint-Garcia, SA. (2012). Genetic Architecture of Maize Kernel Composition in the Nested Association Mapping and Inbred Association Panels. *Plant Physiology*, 158 (2), 824-834
- Earl, DA; von Holdt, BM (2011). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4 (2), 359-361
- Elder, JK; Southern, EM. (1987). Computer-aided analysis of one dimensional restriction fragment gels. *Nucleic acid and protein sequence analysis: a practical approach*. (Eds Bishop MJ, Rawlings CJ) (IRL Press: Oxford)
- Ellengren, H. (2004). Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5, 435-445
- Evanno, G; Regnaut, S; Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*. 14 (8), 2611-2620c
- Eyhéabide, GH. (2015) *Bases para el manejo del cultivo de maiz*. Argentina, Buenos Aires. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.
- Falush, D; Stephens, M; Pritchard, JK. (2003). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies. *Genetics*, 164: 1567-1587

- FAOSTAT. (2017). Fao.org. Retrieved 1 June 2017, from: <http://www.fao.org/faostat>
- Flint-Garcia, SA; Thornsberry, JM; Buckler, ES. (2003). Structure of linkage disequilibrium in plants. *The Annual Review of Plant Biology*, 54, 357–374
- Flint-Garcia, SA; Thuillet, A; Yu, J; Pressoir, G; Romero, SM; Mitchell, SE; Buckler, ES. (2005). Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection. *The Plant Journal*, 44(6), 1054-1064
- Ganal, MW; Durstewitz, G; Polley, A; Bérard, A; Buckler, ES; Charcosset, A.; Falque, M. (2011). A Large Maize (*Zea mays* L.) SNP Genotyping Array: Development and Germplasm Genotyping, and Genetic Mapping to Compare with the B73 Reference Genome. *PLoS ONE*, 6(12), e28334
- Hamblin, MT; Warburton, ML; Buckler, ES. (2007). Empirical Comparison of Simple Sequence Repeats and Single Nucleotide Polymorphisms in Assessment of Maize Diversity and Relatedness. *PLoS ONE*, 2(12), e1367
- Jakobsson, M; Rosenberg, NA (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*. 23 (14), 1801-1806
- Kleinhofs, A; Kilian, A; Saghai Maroof MA; Biyashev, RM; Hayes, P; Chen FQ; Steffenson, BJ. (1993). A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare*) genome. *Theoretical and Applied Genetics*, 86, 705-712
- Kruglyak, S; Durrett, RT; Schug, MD; Aquadro, CF. (1998). Equilibrium distributions of microsatellite repeat length resulting from a balance between slippage events and point mutations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95 (18), 10774-10778
- Liu, K; Goodman, MM; Muse, S; Smith, JSC; Buckler, SE ; Doebley, J. (2003). Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites. *Genetics*, 165 (4), 2117-2128
- Martínez-Arias, R; Calafell, F; Mateu, E; Comas, D; Andrés, A; Bertranpetit, J. (2001). Sequence Variability of a Human Pseudogene. *Genome Research Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 11, 1071–1085
- Matsuoka, Y; Vigouroux, Y; Goodman, MM; Sanchez, JG; Buckler, SE; Doebley, J. (2002). A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99 (9), 6080-6084
- Olmos, SE; Delucchi, C; Ravera, M; Negri, ME; Mandolino, C; Eyhérabide, GH (2014). Genetic relatedness and population structure within the public Argentinean collection of maize inbred lines. *Maydica*, 59, 16-31
- Peña Malavera, A; Bruno, C; Teich, I; Fernández, E; Balzarini, M. (2010). Análisis de conglomerados en la identificación de estructura genética a partir de datos de marcadores moleculares. *Revista Tumbaga*, 5, 225-236

- Pritchard, JK; Stephens, M; Donnelly, P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155, 945–959
- Pritchard, JK. (2001). Deconstructing maize population structure. *Nature Genetics*. 28: 203-204
- Reif, JC; Melchinger, AE; Xia, XC; Warburton, ML; Hoisington, DA; Vasal, SK; Beck, D; Bohn, M; Frisch, M. (2003) Use of SSRs for establishing heterotic groups in subtropical maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 107 (5), 947-957
- Reuscher, S; Glaubitz, LJ. (2015). First Annual TASSEL Hackathon
- Semagn, K; Magorokosho, C; Vivek, BS; Makumbi, D; Beyene, Y; Mugo, S; Prasanna, BM; Warburton, ML. (2012). Molecular characterization of diverse CIMMYT maize inbred lines from eastern and southern Africa using single nucleotide polymorphic markers. *BMC Genomics*, 13, 113
- Stich, B; Melchinger, AE; Frisch, M; Maurer, H P; Heckenberger, M. (2005). Linkage disequilibrium in European elite maize germplasm investigated with SSRs. *Theoretical and Applied Genetics*, 111 (4), 723–730
- Van Inghelandt, V; Melchinger, AE; Lebreton, C; Stich, B. (2010). Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 120 (7), 1289-1299.
- Vigouroux, Y; Glaubitz, JC; Matsuoka, Y; Goodman, MM; Sanchez JG; Doebley, J. (2008). Population structure and genetic diversity of New World maize races assessed by DNA microsatellites. *American Journal of Botany*, 95 (10), 1240-1253
- Yang, X; Xu, Y; Shah, T; Li, H; Han, Z; Li, J; Yan, J. (2011). Comparison of SSRs and SNPs in assessment of genetic relatedness in maize. *Genetics*, 139 (8), 1045-1054
- Yu, J; Pressoir, G; Briggs, WH; Vroh, BI; Yamasaki, M; Doebley, JF; McMullen, MD; Gaut, BS; Nielsen, DM; Holland, JB; Kresovich, S; Buckler, ES. (2006) A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nature Genetics*, 38, 203–208

10 Anexo

10.1 Anexo - Protocolos

Anexo - Protocolo 1

PROGRAMA; PCR – Touchdown

- Temperatura inicial de desnaturalización de 94°C, 5 min.

- Ciclos: (15)

Desnaturalización 94°C, 30 segundos

Temperaturas de annealing se programaron con un gradiente de temperatura comenzando a 65 °C y finalizando a 50°C. (- 1 °C/ ciclo)

Extensión 72°C. 30 segundos

- Ciclos (35)

Desnaturalización 94°C. 30 segundos

Temperatura de annealing 55°C, 30 segundos

Extensión 72°C . 30 segundos cada ciclo.

- Extensión: 72°C .10 minutos.

- Final 4°C

10.2 Anexo 2 – Tablas

Anexo - Tabla 1. Germoplasma utilizado en el trabajo

Orden	Pedigree	Origen de las líneas
1	[BKBS13idprov901947-1-27 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
2	[BKBS13idprov901947-1-30 -1-1@-1#1]	Sintética BS13P
3	[BKBS13idprov901947-1-75 -1-1@-1#1]	Sintética BS13P
4	[BKBS13idprov901947-1-113 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
5	[BKBS13idprov901947-1-117 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
6	[BKBS13idprov901947-1-132 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
7	[BKBS13idprov901947-1-153 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
8	[BKBS13idprov901947-1-192 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
9	[BKBS13idprov901947-1-216 -1-1-1-1#1]	Sintética BS13P
10	[bulk 04.1973-46-1@-1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
11	[bulk 04.1973-54-1-1-1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
12	[bulk 04.1973-79-1-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
13	[bulk 04.1973-80-1-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
14	[bulk 04.1973-86-1-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
15	[bulk 04.1973-88-1-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
16	[bulk 04.1973-112-1-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
17	[bulk 04.1973-123-2-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
18	[bulk 04.1973-143-1-1-1#1#1]	Syn 34 de INTA Leales (SR en Perg)
19	[99.6113x99.6112#1-36-1-1-1-1#1#1#1]	Lp199 x LP611
20	[99.4793-1-1-1-1-1#1#1]	Compuesto I
21	[99.4796-1-1-1-1-1#1#1]	Compuesto I
22	[LÑnea CFR#1#1#1#1]	LP122 x Leaming
23	[BS13 BULCK-235-1-1-1-1-1#1-1]	Sintética BS13P
24	[LP2542-1]	Sintética BS13P

25	[04.2867-1#1-1]	Sintética BS13P
26	[05.3607-1#1-1]	Sintética BS13P
27	[Bulk941001x4002-180-1-1-1#1-1]	Compuesto II
28	[96.3462#1#1-3#1-1#1#1#1#1#1#1#1-1]	Compuesto II
29	[00.5539-1-1-1#1@-1#1#1#1-1]	(LP561 x BS13)BS13
30	[93.1849-3-1-1-1#2#1-1##1#1#1#1#1#1-1]	LP199 x L196
31	[(95.6277/6278)F2-1-9-1-1-1-1-1##1#1-1]	LP611 x LP199
32	[99.5736-4 LP611V X LP613-2-1-1-1#1#1#1-1]	LP611 x lp613
33	[-4-1#1#1#1-1#1#1#1-1]	P578 x LP116
34	[93.1804-2-2-1#1#1-1#1#1#1-1#1#1#1-1]	LP126
35	[94.1234-1-1#-1#1-2#1#3#1#1#1#1#1#1-1]	LP521 x L28
36	[94.1283-1-1#-1#1#1-3#1#1#1#1#1#1#1-1]	L196 x LP122
37	[94.1283-1-1#-1#2#1-1#1#1#1#1#1#1#4-1]	L196 x LP122
38	[94.1332-2#1-1#1-1#1#1#1#1#1#1#1-1]	LP199 x LP122
39	[00.6332-3#1#1#1#1#1#1#1-1]	Población 582W
40	[00.6334-1#1#1#1#1#1#1#1#1-1]	Población 582W
41	[00.6340-4#1#1#1#1#1#1#1-2-1]	Población 582W
42	[(7310x7266)-1-1]	(Cargill 280) F2
43	[(7310x7266)-1-2]	(Cargill 280) F2
44	[(7310x7266)-1-10]	(Cargill 280) F2
45	[(7310x7266)-1-11]	(Cargill 280) F2
46	[(7310x7266)-1-15]	(Cargill 280) F2
47	[(7310x7266)-1-23]	(Cargill 280) F2
48	[(7310x7266)-1-33]	(Cargill 280) F2
49	[(7310x7266)-1-40]	(Cargill 280) F2
50	[(7310x7266)-1-46]	(Cargill 280) F2
51	[(7310x7266)-1-55]	(Cargill 280) F2

52	[LP581xLP562-1-42-1-1]	(LP581xLP562) F2
53	[LP581xLP562-1-50-1-1]	(LP581xLP562) F2
54	[LP581xLP562-1-128-2-1]	(LP581xLP562) F2
55	[LP581xLP562-1-195-1-1]	(LP581xLP562) F2
56	[[BSGA] 04.4071-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
57	[[BSGA] 04.4091-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
58	[[BSGA] 04.4092-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
59	[[BSGA] 04.4114-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
60	[[BSGA] 04.4119-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
61	[[BSGA] 04.4149-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
62	[[BSGA] 04.4165-1.1.1.1.1.#.#]	Syn líneas coloradas duras BSGA
63	[[SynSDSP] 04.3990-1.1.1.1.1.#]	Syn Semi Dentada Semi Precoz
64	[[SynSDSP] 04.3996-1.1.1.1.1.#]	Syn Semi Dentada Semi Precoz
65	[[SynSDSP] 04.4023-1.1.1.1.1.#]	Syn Semi Dentada Semi Precoz
66	[[SynSDSP] 04.4044-1.1.1.1.1.#]	Syn Semi Dentada Semi Precoz
67	[[M 11] 04.665-1.1.1.1.1.#]	(M11) F2
68	[[M 11] 04.853-1.1.1.1.1.#]	(M11) F2
69	[[M 11] 04.866-1.1.1.1.1.#]	(M11) F2
70	[[AX828] 04.782-1.1.1.1.1.#]	(AX828)F2
71	[[AX882] 04.746-1.1.1.1.1.#]	(AX882)F2
72	[[AX882] 04.755-1.1.1.1.1.#]	(AX882)F2
73	[[AX884] 04.762-1.1.1.1.1.#]	(AX884)F2
74	[[AX884] 04.767-1.1.1.1.1.#]	(AX884)F2
75	[[AX889] 04.715-1.1.1.1.1.#]	(AX889)F2
76	[[AX889] 04.719-1.1.1.1.1.#]	(AX889)F2
77	[[AX889] 04.731-1.1.1.1.1.#]	(AX889)F2
78	[[BS29] 04.696-1.1.1.1.1.#]	BS29

79	[[BS29] 04.701-1.1.1.1.1.#]	BS29
80	[[CDP] 04.649-1.1.1.1.1.#]	Compuesto Dentado Precoz
81	[[CG260] 04.660-1.1.1.1.1.#]	(CG260)F2
82	[[CG271] 04.819-1.1.1.1.1.#]	(CG271)F2
83	[[DK638] 04.651-1.1.1.1.1.#]	(DK638)F2
84	[[DK688] 04.799-1.1.1.1.1.#]	(DK688)F2
85	[[DK688] 04.803-1.1.1.1.1.#]	(DK688)F2
86	[[FESTIVAL] 04.785-1.1.1.1.1.#]	(FESTIVAL)F2
87	[[QUICHUA] 04.809-1.1.1.1.1.#]	(QUICHUA)F2
88	[LP 299-2]	Syn de híbridos Pioneer
89	[LP 197]	Syn de híbrido Pioneer- Fam LP299-2
90	[LP 223]	Syn de híbrido Pioneer- Fam LP299-2
91	[LP 304]	Syn de híbrido Pioneer- Fam LP299-2
92	[LP 818]	Syn de híbrido Pioneer- Fam LP299-2
93	[LP 317]	(Híbrido syn-L 100)F2 - Fam LP311
94	[LP 311]	(Híbrido sintético-L 100) F2
95	[LP 59]	(L10612xB14)F2
96	[LP 124]	Compuesto Colorado Precoz
97	[LP 29]	Compuesto Colorado Precoz
98	[LP 236]	Flint x Dentada F2 - Fam Arg-Canadá
99	[LP 212]	Flint x Dentada F2 - Fam Arg-Canadá
100	[LP 214]	Flint x Dentada F2 - Fam Arg-Canadá
101	[LP 220]	Flint x Dentada F2 - Fam Arg-Canadá
102	[LP 221]	Flint x Dentada F2 - Fam Arg-Canadá
103	[LP 5708]	Compuesto Argentino Caribe
104	[LP 125-R]	Sintética Colorada Dura
105	[LP 168]	SR en (P465 x D)F2

106	[LP 509]	Compuesto BSSS x Cuarentín
107	[LP 438]	Compuesto Semi-dentado Precoz
108	[LP 3830]	(B23xB87)F2
109	[LP 199]	Compuesto II
110	[LP 1996]	Compuesto II/I
111	[LP 1512]	Compuesto GSSS
112	[LP 521]	Sintética Colorada Dura - Fam 125-r
113	[LP 126]	(LP125R x L196)F2 - Fam 125-r
114	[LP 116]	Compuesto Argentino Caribe
115	[LP 561]	Sintética R4PC
116	[LP 122]	Compuesto Argentino Caribe
117	[LP 122-2]	(L3178xL196)F2 - Fam 122
118	[LP 1411]	(LP199x L3178)F2 - Fam 122
119	[LP 662]	(P465 x D)F2
120	[LP 611]	SR en (P465 x D)F2
121	[LP 612]	SR en (P465 x D)F2
122	[LP 613]	SR en (P465 x D)F2
123	[LP 605]	[(P465 x D)Fn*x ZN6]F2 - Fam P465
124	[LP 1044]	Compuesto I
125	[LP 1032]	Compuesto I
126	[LP 153]	(A12 x L1571)F2
127	[LP 4703]	Comp Prolífico Flint x Microsperma
128	[LP 256-R]	SR en (L2565 x D)F2
129	[LP 562]	R49022 x M370
130	[LP 579]	[(5842xLP125)x(28xP1338)]F2
131	[LP 2]	Compuesto Dentado 3:3:B
132	[LP 869]	Sintética de híbridos

133	[LPB2]	Población base amplia-EE. UU.
134	[LP 179]	Suwan
135	[LP 918]	(Ax888) F2
136	[LP 917]	(DK752xB73) F2 - Fam DK
137	[LP 916]	(DK752xB73) F2 - Fam DK
138	[LP 580]	(Cargill 280) F2
139	[LP 915]	[(N28xB73)x(N28x199)]F2
140	[LP 128]	(L28 x LP521)F2-Syn Colorada Dura
141	[LP 661]	(LP662 x LP611)F2
142	[LP 178]	Suwan
143	[LP 598]	(ACA 2000)F2
144	[LP 2542]	Compuesto BS13
145	[LP 32]	Compuesto Colorado Precoz
146	[L 882]	LP 923
147	[2188 (Sint. Semi Dentada)]	Sintética Semi Dentada
148	[2189 (Sint. Semi Dentada)]	Sintética Semi Dentada
149	[2191 (Sint. Semi Dentada)]	Sintética Semi Dentada
150	[2202 (Sint. Semi Dentada)]	Sintética Semi Dentada
151	[4048-]	(Syn Cuarentín) x (L1571 (Syn A))
152	[4068 (Sint. Cuarentin x L 1571)]	(Syn Cuarentín) x (L1571 (Syn A))
153	[160 (Sint. Líneas Arg. X Líneas Canadá)]	(Syn Líneas Arg) x (Líneas Canadá)
154	[ZN6]	Población flint colorada
155	[P1338]	-
156	[P465]	Landreacea Argentina
157	[P21]	-

Anexo - Tabla 2. SSR utilizados para caracterizar las líneas

SSR	Bin	Cebador_1 (forward)	Cebador_2 (reverse)	Secuencia repetida
phi056	1.01	GATCAGCCCGTTTCAGCAAGTT	GAGTGGAGGCGGAGGATCTG	(CCG)5
bnlg1429	1.02	CTCCTCGCAAGGATCTTCAC	AGCACCGTTTCTCGTGAGAT	AG(20)
bnlg439	1.03	TTGACATCGCCATCTTGGTGACCA	TCTTAATGCGATCGTACGAAGTTGTGGAA	-
umc2025	1.05	CGCCGTAGTATTTGGTAGCAGAAG	TCTACCGCTCCTTCGTCCAGTA	(AGCT)4
bnlg504	1.11	CGGCAGCTCCAGCACCGGCAT	AGTGTCCACATACCGCCACACAGTTT	-
umc2246	2.00	AGGCTCCAGCTCTAGGGGAGT	GTGAACTGTGTAGCGTGGAGTTGT	(CCTCCT)4
phi96100	2.01	AGGAGGACCCCAACTCCTG	TTGCACGAGCCATCGTAT	ACCT
phi083	2.04	CAAACATCAGCCAGAGACAAGGAC	ATTCATCGACGCGTCACAGTCTACT	AGCT
dupssr21	2.05	GTGCAAATAATCCAAAGCAA	ATGTAGGGACAAAGGAATAAATCA	(AG)10
umc1749	2.06	CGTAAAAGACTGGATTGCCAAAAG	CTTCATTTTTGTTGTTCCCTGCT	(GA)8
phi127	2.08	ATATGCATTGCCTGGAAGTGAAGGA	AATCAAACACGCCTCCCGAGTGT	AGAC
phi104127	3.01	CTTTGCTGCTGCTTCCTACG	AACCAGTGACGTACACAAAGCA	ACCG
phi053	3.05	AACCCAACGTACTCCGGCAG	CTGCCTCTCAGATTCAGAGATTGAC	ATAC
bnlg420	3.05	CTTGCGCTCTCCTCCCCTT	GGCCAGCTCACTGCTCACT	-
umc2050	3.07	CTCCTGCTGTGATTCTAGGACGA	CTGGATCTCGGCATGGTCTT	(CGC)4
phi047	3.09	GGAGATGCTCGCACTGTTCTC	CTCCACCCTCTTTGACATGGTATG	ATC
phi072	4.00	ACCGTGCATGATTAATTTCTCCAGCCTT	GACAGCGCGCAAATGGATTGAACT	AAAC
nc004	4.03	TGCGAAGAAGCAGTAGCAAA	TGGAGGTAGAAGACGCACG	AG
bnlg1217	4.05	AGCTGATCTGCACGTTGTTG	GCAGATCCACGCCATTTAAA	AG(33)
umc1299	4.06	CGCTACAAACAAGTGGCGTTTAAT	CTTGGGTTCTTCTCTCCTATGGGT	(AAG)5
bnlg1137	4.06	ATGAGCTCAGTCACACTGTAGTG	ACTGATGACTGGTCCATGCA	AG(34)

phi019	4.11	TCCGCCTTTGTACCAATACAAGCCA	ATCCATCTTCAGGTAGCAGGGGT	ATT
umc1240	5.00	GCAGCAGGTATTGGAAGTCGTAGT	CTGGTCCCTCAGGAAATCCAT	(TTG)5
phi113	5.03	GCTCCAGGTCGGAGATGTGA	CACAACACATCCAGTGACCAGAGT	GTCT
umc1752	5.06	ATCCTCCTCCATATTCTATCGCGT	GAAACAGAGCAGGAACCGGAG	(CGG)5
phi128	5.07	TTGCTCGGTATGAAGAAAATAGTCTTTC C	ATCTTGCAACTAGACTGAGGCAACCA	AAGCG
umc1792	5.08	CATGGGACAGCAAGAGACACAG	ACCTTCATCACCTGCAACTACGAC	(CGG)5
phi075	6.00	GGAGGAGCTCACCGGCATATA	AAAGGTTACTGGACAAATATGCGTAACTCA	CT
umc1887	6.03	CTTGCCATTTTAATTTGGACGTTT	CGAAGTTGCCCAAATAGCTACAGT	(CGA)4
umc1979	6.04	AATTCGGGAAACAGGCCAT	GAGTCCCCGAAACTGAACACC	-
umc2318	6.05	TAGACCACGAGTACTTTGACACGC	TTTTTCGAGACAATACAGTGCAGG	(GAC)5
umc2059	6.07	GGAAAAGGAGGAACAGTGTAAGCA	AGCGTGATCAGACGTACAATGCTA	(CAG)8
umc1583	7.00	GCCTGCTTTTGTGTATCTTAGGCA	AAAGGGCGACTTGTTTTTGTTTTT	(GAA)4
bnlg1367	7.00	CGACGGCGTACAGAGAGAG	GGTCGCCACCCACCT	AG(42)
phi057	7.01	CTCATCAGTGCCGTCGTCCAT	CAGTCGCAAGAAACCGTTGCC	GCC
phi034	7.02	TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT	GGGGAGCACGCCTTCGTTCT	CCT
bnlg1070	7.03	TTCCAGTAAGGGAGGTGCTG	TAAGCAACATATAGCCGGGC	AG(15)
umc2190	7.06	GATCCGTTGAGGTCGATCCTTT	GAGGAGTTCCTGCAGTTTCTTGAC	(CCT)4
phi115	8.03	GCTCCGTGTTTCGCCTGAA	ACCATCACCTGAATCCATCACA	AT/ATAC
phi014	8.03	AGATGACCAGGGCCGTCAACGAC	CCAGCTTACCAGCTTGCTTTCGTG	GGC
phi080	8.08	CACCCGATGCAACTGCGTAGA	TCGTCAGTTCCACGACATCAC	AGGAG
bnlg1131	8.09	TTAGTTGGGTAACGTGCAC	GCATCAGGGGGTAGTTGAGA	AG(17)
umc2093	9.01	GAAAATGAAGAATAGGAGACATTGTTG C	ATGCACATGCAGTTCCTTGTTAT	(ACAT)4

phi065	9.03	AGGGACAAATACGTGGAGACACAG	CGATCTGCACAAAGTGGAGTAGTC	CACTT
umc1078	9.04	AGGCACTAGCAGGCGAGAGG	GCGTAGTAACATCCATCCAACCAA	(GT)13
bnlg1270	9.06	TAGTTAACATGAGCAAATTAACAAGA	TAGAAATGCAGAACCAGGGC	AG(16)
umc1380	10.00	CTGCTGATGTCTGGAAGAACCCT	AGCATCATGCCAGCAGGTTTT	(CTG)5
phi041	10.00	TTGGCTCCCAGCGCCGCAA	GATCCAGAGCGATTTGACGGCA	AGCC
umc1938	10.03	AAGGATCTGACCAGATGTTTCCG	AGCTTTCCAGCAAATGTCAGATTC	-
phi084	10.04	AGAAGGAATCCGATCCATCCAAGC	CACCCGTAATTGAGGAAAACCC	GAA

Anexo – Tabla 3. Grupos de *loci* SNP utilizados para caracterizar las líneas

1000 SNP	500 SNP	250 SNP			
rs#	rs#	rs#	alelos	cromosoma	posición
SYN83	SYN83	SYN83	G/A	1	3498
PZE-101001044	-	-	G/A	1	1953111
PZE-101004387	PZE-101004387	-	A/C	1	3855565
PZE-101009310	-	-	G/A	1	5766512
SYN13518	SYN13518	SYN13518	A/G	1	7662207
SYN10543	-	-	G/A	1	9544039
PZE-101019597	PZE-101019597	-	A/G	1	11436233
SYN20037	-	-	G/A	1	13476935
SYN22238	SYN22238	SYN22238	G/A	1	15429222
PZE-101028930	-	-	G/A	1	17427506
SYN7651	SYN7651	-	A/G	1	19491025
PZE-101033184	-	-	A/C	1	21385193
PZE-101036181	PZE-101036181	PZE-101036181	A/T	1	23664721
PZE-101038492	-	-	G/C	1	25565891
SYN21665	SYN21665	-	G/A	1	27493639
PZE-101043094	-	-	A/G	1	29460214
SYN8490	SYN8490	SYN8490	G/A	1	31920610
PZE-101049091	-	-	G/A	1	33896592
SYN6102	SYN6102	-	G/A	1	35778990
SYN29154	-	-	G/A	1	37723932
PZE-101055749	PZE-101055749	PZE-101055749	C/G	1	39801085
PZE-101058154	-	-	G/A	1	42014611
SYN12583	SYN12583	-	A/G	1	43935465
SYN3008	-	-	G/A	1	45894410
PZE-101064634	PZE-101064634	PZE-101064634	G/A	1	47830176

PZE-101066420	-	-	A/G	1	49840247
PZE-101068426	PZE-101068426	-	G/A	1	51838891
PZE-101071162	-	-	A/G	1	53717960
PZE-101072844	-	-	G/A	1	55600152
PZE-101074529	PZE-101074529	PZE-101074529	A/C	1	57561014
PZE-101075778	-	-	G/A	1	59527958
PZE-101077413	PZE-101077413	-	G/A	1	61686674
PZE-101079160	-	-	G/A	1	63580459
PZE-101080594	PZE-101080594	PZE-101080594	G/A	1	65471304
PZE-101081841	-	-	A/C	1	67467778
PZE-101082928	PZE-101082928	-	G/A	1	69364350
PZE-101084259	-	-	A/G	1	71555881
PZE-101085246	PZE-101085246	PZE-101085246	A/G	1	73456376
SYN21105	-	-	G/A	1	75421471
PZE-101087758	PZE-101087758	-	A/C	1	77501847
SYN7009	-	-	A/G	1	79408733
PZE-101090700	PZE-101090700	PZE-101090700	G/A	1	81293555
SYN21380	-	-	G/A	1	83195024
PZE-101093600	PZE-101093600	-	A/C	1	85357503
PZE-101094919	-	-	A/G	1	87283458
PZE-101096341	PZE-101096341	PZE-101096341	A/G	1	89239986
SYN37073	-	-	A/G	1	91319329
PZE-101098937	PZE-101098937	-	A/G	1	93216002
PZE-101100132	-	-	A/C	1	95113178
PZE-101101274	PZE-101101274	PZE-101101274	G/A	1	97187836
PZE-101102128	-	-	G/A	1	99106495
PZE-101102908	PZE-101102908	-	A/G	1	101110224
PZE-101103929	-	-	G/A	1	103357936
SYN9096	SYN9096	SYN9096	A/G	1	105335416
PZE-101105979	-	-	C/A	1	107458406
SYN33283	SYN33283	-	A/G	1	109469783
PZE-101107323	-	-	A/G	1	111423371
PZE-101108236	PZE-101108236	PZE-101108236	A/G	1	113611322
PZE-101109213	-	-	G/A	1	115637008
PZE-101110193	PZE-101110193	-	G/A	1	117858210
PZE-101111284	-	-	A/C	1	119751658
PZE-101112171	PZE-101112171	PZE-101112171	A/G	1	121658231
PZE-101112737	-	-	C/A	1	123536413
PZE-101113262	PZE-101113262	-	G/A	1	125516186
PZE-101113993	-	-	C/A	1	127886995
PZE-101114455	PZE-101114455	PZE-101114455	T/A	1	129838075
PZE-101115353	PZE-101115353	-	G/A	1	134797373
PZE-101115855	-	-	G/A	1	137383087
PZE-101116817	PZE-101116817	PZE-101116817	G/A	1	139854296
PZE-101117823	-	-	G/A	1	142420740
PZE-101118456	PZE-101118456	-	A/G	1	144401879
PZE-101119511	-	-	C/A	1	146623849
PZE-101120516	PZE-101120516	PZE-101120516	C/A	1	148520669

SYNGENTA14494	-	-	A/T	1	150544810
PZE-101122576	PZE-101122576	-	G/A	1	152479402
PZE-101123210	-	-	C/A	1	154355836
PZE-101124387	PZE-101124387	PZE-101124387	G/A	1	156254507
PZE-101125237	-	-	A/G	1	158229948
PZE-101126417	PZE-101126417	-	A/G	1	160163600
SYN382	-	-	A/G	1	162122888
PZE-101128769	PZE-101128769	PZE-101128769	G/A	1	164128427
PZE-101130019	-	-	G/A	1	166154015
PZE-101131103	PZE-101131103	-	A/G	1	168108534
PZE-101131917	-	-	A/G	1	170055945
PZE-101133080	PZE-101133080	PZE-101133080	G/A	1	171986432
PZE-101134461	-	-	A/G	1	173872049
SYN32836	SYN32836	-	G/A	1	175755726
PZE-101137544	-	-	G/A	1	177872621
PZE-101139064	PZE-101139064	PZE-101139064	A/G	1	179795289
PZE-101140678	-	-	A/G	1	181716199
SYN1734	SYN1734	-	A/G	1	183625132
PZE-101143899	-	-	A/G	1	186952838
SYN37120	SYN37120	SYN37120	G/A	1	188967389
PZE-101147322	-	-	T/A	1	190966558
SYN32454	SYN32454	-	A/G	1	193013499
ZM007294-0411	-	-	G/A	1	195016395
PZE-101153717	PZE-101153717	PZE-101153717	C/A	1	196919744
PZE-101156159	-	-	C/A	1	198959365
PZE-101159132	PZE-101159132	-	G/A	1	201024508
PZE-101160868	-	-	G/A	1	202999062
PZE-101162306	PZE-101162306	PZE-101162306	A/C	1	204933247
PZE-101164319	-	-	G/A	1	206942212
PZE-101166480	PZE-101166480	-	A/G	1	208943660
PZE-101168156	-	-	G/A	1	210869633
PZE-101170220	PZE-101170220	PZE-101170220	G/A	1	212944456
PZE-101171899	-	-	A/T	1	214842534
PZE-101173784	PZE-101173784	-	A/G	1	216888360
PZE-101174913	-	-	A/G	1	218799093
PZE-101176624	PZE-101176624	PZE-101176624	A/C	1	220764343
PZE-101178267	-	-	C/A	1	222762299
PZE-101180953	PZE-101180953	-	A/C	1	224643185
SYN32079	-	-	G/A	1	226578684
PZE-101184352	PZE-101184352	PZE-101184352	C/A	1	228526548
PZE-101186685	-	-	C/A	1	230517582
PZE-101187942	PZE-101187942	-	G/A	1	232458187
PZE-101189410	-	-	G/A	1	234380064
PZE-101190874	PZE-101190874	PZE-101190874	A/G	1	236341794
PZE-101192489	-	-	G/A	1	238400337
SYN13216	SYN13216	-	G/A	1	240498948
PZE-101195694	-	-	G/C	1	242484050
PZE-101196895	PZE-101196895	PZE-101196895	A/G	1	244452285

PZE-101198781	-	-	A/G	1	246523981
ZM013506-0433	ZM013506-0433	-	A/G	1	248403884
PZE-101201666	-	-	A/T	1	250289137
SYN8001	SYN8001	SYN8001	A/G	1	252191280
SYN30022	-	-	G/A	1	254177331
PZE-101208130	PZE-101208130	-	G/A	1	256547736
SYN2806	-	-	A/C	1	258432730
PZE-101211331	PZE-101211331	PZE-101211331	G/A	1	260338371
PUT-163a-149041322-807	-	-	G/C	1	262281911
PZE-101214804	PZE-101214804	-	G/A	1	264542535
SYN33970	-	-	G/A	1	266475280
PZE-101218183	PZE-101218183	PZE-101218183	A/C	1	268360189
PZE-101219839	-	-	G/A	1	270260793
SYN37526	SYN37526	-	A/C	1	272320739
PZE-101224534	-	-	G/A	1	274224499
PZE-101227145	PZE-101227145	PZE-101227145	G/A	1	276161190
PZE-101229323	-	-	A/G	1	278077197
SYN25211	SYN25211	-	G/A	1	279985965
SYN25408	-	-	A/G	1	281911040
PZE-101236759	PZE-101236759	PZE-101236759	C/A	1	283968525
SYN38911	-	-	G/A	1	285901891
SYN31289	SYN31289	-	G/A	1	287958213
PZA03556.2	-	-	C/A	1	290049345
SYN29074	SYN29074	SYN29074	G/A	1	292106189
SYN16862	-	-	A/G	1	294011630
SYN30061	SYN30061	-	A/G	1	296159236
SYN38957	-	-	G/A	1	298082338
PZE-101257475	PZE-101257475	PZE-101257475	G/A	1	300115674
PZE-102000004	PZE-102000004	PZE-102000004	G/A	2	2948
PZE-102003235	-	-	A/C	2	2028548
SYN23271	SYN23271	-	G/A	2	3941503
SYN29492	-	-	A/G	2	5820126
PZE-102017798	PZE-102017798	PZE-102017798	A/G	2	7907992
PZA02272.2	-	-	C/A	2	9917126
PZE-102025627	PZE-102025627	-	A/G	2	11847146
PZA00108.12	-	-	G/A	2	13779884
SYN14433	SYN14433	SYN14433	A/G	2	15829439
SYN29778	-	-	A/C	2	17713628
PZE-102039863	PZE-102039863	-	C/A	2	19751924
SYN25976	-	-	A/G	2	21716863
PZE-102045873	PZE-102045873	PZE-102045873	G/A	2	23594857
PZE-102047690	-	-	A/G	2	25665563
PZE-102049484	PZE-102049484	-	A/G	2	27559627
SYN145	-	-	A/G	2	29695279
PZE-102053630	PZE-102053630	PZE-102053630	A/C	2	31606968
SYN11050	-	-	G/A	2	33499509
PZE-102057037	PZE-102057037	-	A/G	2	35806738

ZM012191-1494	-	-	A/G	2	37683593
PZE-102060918	PZE-102060918	PZE-102060918	G/A	2	39780511
PZE-102062755	-	-	A/G	2	41691043
SYN36643	SYN36643	-	G/A	2	43648153
PZE-102067647	-	-	A/G	2	45641929
PZA02450.1	PZA02450.1	PZA02450.1	C/A	2	47575949
PZE-102070882	-	-	A/G	2	49533308
SYNGENTA17296	SYNGENTA17296	-	G/A	2	51408308
PZE-102073254	-	-	G/A	2	53332553
PZE-102074901	PZE-102074901	PZE-102074901	C/A	2	55448595
PZE-102076273	-	-	G/A	2	57492824
PZE-102077186	PZE-102077186	-	G/A	2	59430260
PZE-102078895	-	-	A/G	2	61365982
PZE-102079950	PZE-102079950	PZE-102079950	A/C	2	63250973
PZE-102081100	-	-	A/G	2	65401562
PZE-102081960	PZE-102081960	-	G/A	2	67451964
PZA00170.1	-	-	G/A	2	69623218
PZE-102084065	PZE-102084065	PZE-102084065	C/A	2	71596308
PZE-102085004	-	-	A/G	2	73721038
PZE-102086299	PZE-102086299	-	A/G	2	78373390
SYN16610	-	-	A/G	2	80470412
PZE-102087814	PZE-102087814	PZE-102087814	G/A	2	82480022
PZE-102088757	-	-	A/T	2	84609392
PZE-102089473	PZE-102089473	-	G/A	2	86738538
PZE-102090057	-	-	G/A	2	89280724
PZE-102090752	PZE-102090752	PZE-102090752	G/A	2	92731658
PZE-102091229	-	-	G/A	2	94985599
PZE-102091811	PZE-102091811	-	A/G	2	96875123
PZE-102092470	-	-	A/G	2	98922052
PZE-102093414	PZE-102093414	PZE-102093414	G/A	2	100817939
SYN14177	-	-	C/A	2	103397340
PZE-102095011	PZE-102095011	-	A/C	2	105282105
SYN7302	-	-	G/A	2	107217055
PZE-102097629	PZE-102097629	PZE-102097629	A/G	2	109614699
PZE-102098306	-	-	G/A	2	111649344
PZE-102099281	PZE-102099281	-	A/G	2	113978875
PZE-102100148	-	-	A/G	2	116094987
PZE-102100964	PZE-102100964	PZE-102100964	G/A	2	117988986
PZE-102101602	-	-	G/A	2	120102841
PZE-102102479	PZE-102102479	-	C/A	2	122457135
PZE-102103287	-	-	A/G	2	124381826
PZE-102104318	PZE-102104318	PZE-102104318	A/G	2	126538907
PZE-102105240	-	-	A/T	2	128524243
PZE-102105899	PZE-102105899	-	G/A	2	130399945
SYN7762	-	-	G/A	2	132300363
PZE-102107751	PZE-102107751	PZE-102107751	G/A	2	134410078
PZE-102108446	-	-	A/C	2	136293260
PZE-102109639	PZE-102109639	-	G/A	2	138389900

PZE-102110629	-	-	G/A	2	140403001
PZE-102111948	PZE-102111948	PZE-102111948	T/A	2	142363500
SYN27840	-	-	G/A	2	144251380
PZE-102113818	PZE-102113818	-	G/A	2	146541106
SYN20204	-	-	G/A	2	148770277
PZA01537.2	PZA01537.2	PZA01537.2	A/G	2	150984061
PZE-102116955	-	-	G/A	2	152997261
PZE-102117887	PZE-102117887	-	C/A	2	155110003
SYN6640	-	-	G/A	2	157152332
PZE-102119646	PZE-102119646	PZE-102119646	G/C	2	159637724
PZE-102120581	-	-	G/A	2	161834578
PZE-102121523	PZE-102121523	-	A/T	2	164476107
PZE-102122572	-	-	A/G	2	166439049
PZE-102123568	PZE-102123568	PZE-102123568	G/A	2	168351586
PZA00495.5	-	-	A/C	2	170377814
SYN12893	SYN12893	-	A/G	2	172494569
PZE-102127663	-	-	G/A	2	174544757
PZE-102129469	PZE-102129469	PZE-102129469	G/A	2	176638631
PZE-102131295	-	-	A/C	2	178774360
PZE-102133090	PZE-102133090	-	A/G	2	180666686
PZE-102135758	-	-	C/A	2	182561289
SYN28324	SYN28324	SYN28324	G/A	2	184495121
SYN216	-	-	C/A	2	186400130
PZE-102144397	PZE-102144397	-	A/C	2	188441536
SYNGENTA12112	-	-	A/C	2	190393798
PZE-102148457	PZE-102148457	PZE-102148457	A/G	2	192321423
SYN12435	-	-	A/G	2	194232534
PZA00340.1	PZA00340.1	-	G/A	2	196280808
PZE-102153906	-	-	G/A	2	198298459
SYN20477	SYN20477	SYN20477	G/A	2	200214095
SYN34747	-	-	C/A	2	202781610
SYN5617	SYN5617	-	A/G	2	204903762
SYN9528	-	-	A/G	2	206869489
SYN733	SYN733	SYN733	G/A	2	208781287
PUT-163a-16919993-1040	-	-	A/G	2	210671333
SYN28588	-	-	A/G	2	212544887
PZE-102175026	PZE-102175026	-	A/C	2	214424196
PZE-102176625	-	-	A/C	2	216326810
SYN8502	SYN8502	SYN8502	C/A	2	218604841
PZE-102181199	-	-	G/A	2	220600709
SYN28305	SYN28305	-	A/G	2	222474438
PZE-102184436	-	-	G/A	2	225009487
PZE-102186160	PZE-102186160	PZE-102186160	T/A	2	226889826
SYN20403	-	-	A/G	2	229085124
SYN37310	SYN37310	-	G/A	2	230973916
ZM011358-0388	-	-	G/A	2	233056966
PZE-103000190	PZE-103000190	PZE-103000190	A/G	3	992781

SYN28636	-	-	C/A	3	2903882
SYN28478	SYN28478	-	A/G	3	4845587
PUT-163a-18172180-1378	-	-	G/A	3	6733349
SYNGENTA13763	SYNGENTA13763	SYNGENTA13763	A/G	3	8677115
PZE-103018708	-	-	A/C	3	10754680
PZE-103020945	PZE-103020945	-	G/A	3	12828984
SYN19249	-	-	G/A	3	14802217
SYN37667	SYN37667	SYN37667	G/A	3	16807528
PZE-103025978	-	-	A/C	3	18717804
PZE-103028591	PZE-103028591	-	G/A	3	21097764
PZE-103031418	-	-	A/G	3	23080764
SYN6597	SYN6597	SYN6597	G/A	3	24986127
PZE-103034431	-	-	A/G	3	27203819
PZE-103036076	PZE-103036076	-	A/G	3	29111916
SYN11140	-	-	G/A	3	31061146
PZE-103038446	PZE-103038446	PZE-103038446	A/G	3	33081110
SYN7273	-	-	A/C	3	35163432
PZE-103041366	PZE-103041366	-	A/G	3	37339549
PZE-103042180	-	-	A/G	3	39409322
PZE-103043206	PZE-103043206	PZE-103043206	G/A	3	41283914
SYN18257	-	-	A/G	3	43511211
PZE-103045189	PZE-103045189	-	A/G	3	45443545
PUT-163a-84969550-4459	-	-	A/G	3	47448672
PZE-103047376	PZE-103047376	PZE-103047376	A/G	3	49693817
PZE-103048633	-	-	G/A	3	51693793
PZE-103049569	PZE-103049569	-	G/A	3	53635821
PZE-103050833	-	-	G/A	3	55672690
PZE-103052068	PZE-103052068	PZE-103052068	G/A	3	57762013
PZE-103053192	-	-	G/A	3	59680529
PZE-103054237	PZE-103054237	-	T/A	3	62333553
PZE-103054926	-	-	C/A	3	64238368
PZE-103055595	PZE-103055595	PZE-103055595	C/A	3	66119905
PZE-103056498	-	-	T/A	3	68045635
PZE-103057322	PZE-103057322	-	G/A	3	71499781
PZE-103057887	-	-	G/A	3	74672250
PZE-103058385	PZE-103058385	PZE-103058385	A/G	3	77372588
PZE-103058763	-	-	A/G	3	79695166
PZE-103059342	PZE-103059342	-	G/A	3	81891965
SYN31954	-	-	G/A	3	83891691
PZE-103060723	PZE-103060723	PZE-103060723	A/G	3	85870229
PZE-103061263	-	-	A/G	3	87765424
PZE-103061835	PZE-103061835	-	A/G	3	89864731
PZE-103062225	-	-	G/A	3	91749060
PZE-103062735	PZE-103062735	PZE-103062735	C/A	3	93831500
PZE-103063202	-	-	G/A	3	95706474
PZE-103064149	-	-	A/G	3	97583623

PZE-103064785	PZE-103064785	-	A/G	3	99507104
PZE-103065457	-	-	A/C	3	101851904
PZE-103066525	PZE-103066525	PZE-103066525	C/A	3	103758934
PZE-103067158	-	-	G/A	3	105721873
PZE-103067992	PZE-103067992	-	G/A	3	107599616
PZE-103069212	-	-	G/A	3	109484999
PZE-103070740	PZE-103070740	PZE-103070740	G/A	3	111589512
PZE-103071382	-	-	G/A	3	113496561
PZE-103072311	PZE-103072311	-	G/C	3	115390491
PZE-103073174	-	-	G/A	3	117290582
PZE-103074367	PZE-103074367	-	G/A	3	119164815
PZE-103075347	-	-	G/A	3	121061393
PZE-103076295	PZE-103076295	PZE-103076295	A/G	3	123019081
PZE-103077603	-	-	G/A	3	124922865
PZE-103078931	PZE-103078931	-	A/G	3	126797882
PZE-103079894	-	-	A/G	3	128682101
PZE-103080995	PZE-103080995	-	A/C	3	130638674
PZE-103082255	-	-	A/G	3	132619890
PZE-103083487	PZE-103083487	PZE-103083487	G/A	3	134630073
PZE-103084794	-	-	G/A	3	136649558
ZM013937-0331	ZM013937-0331	-	G/A	3	138656760
SYN9853	-	-	C/A	3	140596314
PZE-103088167	PZE-103088167	PZE-103088167	A/G	3	142536588
PZE-103089763	-	-	G/A	3	144424231
PZE-103091082	PZE-103091082	-	A/C	3	146401298
PZE-103092313	-	-	G/C	3	148360313
PZE-103093091	PZE-103093091	PZE-103093091	G/A	3	150252593
PZE-103094717	-	-	G/A	3	152171980
PZE-103095548	PZE-103095548	-	C/A	3	154050207
PZE-103097507	-	-	A/G	3	155956827
PZE-103098863	PZE-103098863	PZE-103098863	A/G	3	157920323
PHM9914.11	-	-	A/G	3	159996138
PZE-103102590	PZE-103102590	-	A/G	3	162086314
PZE-103104127	-	-	A/G	3	164157518
PUT-163a-71759935-3438	PUT-163a-71759935-3438	PUT-163a-71759935-3438	G/A	3	166035743
PZE-103108648	-	-	A/G	3	167937199
PZE-103111225	PZE-103111225	-	G/A	3	169967829
PZA00166.1	-	-	G/A	3	171935933
PUT-163a-74242012-3668	PUT-163a-74242012-3668	PUT-163a-74242012-3668	T/A	3	173861961
PZE-103118627	-	-	A/G	3	175741291
SYN30210	SYN30210	-	C/A	3	177662596
PZE-103123819	-	-	A/G	3	179803412
PZE-103125892	PZE-103125892	PZE-103125892	G/A	3	181807570
SYN10652	-	-	C/A	3	184034736
SYN19585	SYN19585	-	G/A	3	185987849
SYN39062	-	-	C/A	3	187902765

SYN23092	SYN23092	SYN23092	A/G	3	190089622
SYN20189	-	-	A/G	3	192085582
PZE-103139617	PZE-103139617	-	G/A	3	193971407
PZE-103142386	-	-	G/A	3	195887340
SYN33367	SYN33367	SYN33367	G/A	3	197797722
PZE-103147207	-	-	A/G	3	199739916
SYN12271	SYN12271	-	G/A	3	201693816
PZE-103151759	-	-	C/A	3	203616720
PZE-103154386	PZE-103154386	PZE-103154386	C/A	3	205500449
SYNGENTA2280	-	-	A/G	3	207436971
PUT-163a-148946654-489	PUT-163a-148946654-489	-	A/G	3	209587175
PZE-103162678	-	-	G/A	3	211663835
SYN33394	SYN33394	SYN33394	A/C	3	213797808
PZE-103169160	-	-	C/A	3	215777602
SYN9569	SYN9569	-	C/A	3	217801126
PZE-103174882	-	-	A/G	3	219691459
PZE-103177271	PZE-103177271	PZE-103177271	C/A	3	221592101
PZA00316.9	-	-	A/G	3	223513444
PZE-103182291	PZE-103182291	-	G/A	3	225505365
PUT-163a-60355239-2759	-	-	A/T	3	227413306
PZE-103186727	PZE-103186727	PZE-103186727	G/C	3	229391879
PZE-104000008	PZE-104000008	PZE-104000008	C/A	4	29441
SYN27468	-	-	A/G	4	1999943
PZA03227.1	PZA03227.1	-	C/A	4	3895352
PZE-104008841	-	-	G/A	4	5973479
PZE-104010744	PZE-104010744	PZE-104010744	G/A	4	8963789
PZE-104012693	-	-	A/C	4	10851870
SYN8707	SYN8707	-	G/A	4	12915414
PZE-104015483	-	-	G/A	4	14818705
SYN16016	SYN16016	SYN16016	C/A	4	16763350
PZE-104018807	-	-	A/G	4	18654327
SYN24026	SYN24026	-	C/A	4	20603065
PZE-104021133	-	-	G/A	4	22478379
PZE-104022472	PZE-104022472	PZE-104022472	A/G	4	24626174
PZE-104023646	-	-	A/G	4	26537320
SYN14272	SYN14272	-	A/G	4	28683848
PZE-104025734	-	-	A/C	4	30641035
PZE-104027568	PZE-104027568	PZE-104027568	A/G	4	32576208
PZE-104028583	-	-	G/A	4	34490747
ZM009350-0539	ZM009350-0539	-	G/A	4	36578526
PZE-104031917	-	-	G/A	4	38569082
PZE-104033459	PZE-104033459	PZE-104033459	A/G	4	41665636
PZE-104034958	-	-	G/A	4	44002032
PZE-104035686	PZE-104035686	-	G/A	4	45909685
PZE-104036324	-	-	G/A	4	47940895
PZE-104036903	PZE-104036903	PZE-104036903	G/A	4	49872082

PZE-104037510	-	-	A/G	4	51749888
PZE-104038410	PZE-104038410	-	A/G	4	54750914
PZE-104039096	-	-	C/A	4	57062938
PZE-104039736	PZE-104039736	PZE-104039736	A/C	4	59219258
PZE-104040392	-	-	A/G	4	61304478
PZE-104041043	PZE-104041043	-	G/A	4	63205453
PZE-104042023	-	-	A/G	4	65216142
PZE-104042525	PZE-104042525	PZE-104042525	A/G	4	67259666
PZE-104043232	-	-	G/A	4	69548466
PZE-104043997	PZE-104043997	-	A/C	4	71427507
PZA03752.1	-	-	A/G	4	73309674
PZE-104045616	PZE-104045616	PZE-104045616	A/G	4	75263576
SYN25047	-	-	G/A	4	77238951
SYN1615	SYN1615	-	G/A	4	79358839
PZE-104048524	-	-	A/C	4	81718739
PZE-104049486	PZE-104049486	PZE-104049486	G/A	4	83637928
SYN25563	-	-	A/G	4	85561567
PZE-104051049	PZE-104051049	-	G/A	4	87508096
PZE-104052025	-	-	G/A	4	89678750
PZE-104053028	PZE-104053028	PZE-104053028	A/G	4	91629574
PZE-104053826	-	-	A/C	4	93596122
PZE-104054652	PZE-104054652	-	T/A	4	96166906
PZE-104055255	-	-	C/A	4	98395142
PZE-104056209	PZE-104056209	PZE-104056209	G/A	4	101506171
PZE-104056726	-	-	G/A	4	103661880
PZE-104057151	PZE-104057151	-	G/A	4	105942846
PZE-104057632	-	-	C/A	4	107944390
PZE-104058177	PZE-104058177	PZE-104058177	A/C	4	109851045
PZE-104058687	-	-	A/C	4	111806603
PZE-104059321	PZE-104059321	-	C/A	4	114049625
PZE-104059995	-	-	G/A	4	116071954
PZE-104060664	PZE-104060664	PZE-104060664	A/C	4	118003596
PZE-104061623	-	-	A/G	4	120260939
PZE-104062435	PZE-104062435	-	G/A	4	122148676
PZE-104063470	-	-	A/G	4	124250015
PZE-104064628	PZE-104064628	PZE-104064628	G/A	4	126477770
PZE-104065385	-	-	A/G	4	128425438
PZE-104066489	PZE-104066489	-	A/G	4	130464303
PZE-104067350	-	-	G/A	4	132729155
SYN25036	SYN25036	SYN25036	G/A	4	134785265
SYN25809	-	-	A/G	4	136686386
PZE-104069875	PZE-104069875	-	G/A	4	139098901
PZE-104071087	-	-	A/G	4	140991360
PZE-104072786	PZE-104072786	PZE-104072786	A/G	4	142971883
SYN9008	-	-	G/A	4	144860174
PZE-104075114	PZE-104075114	-	A/G	4	146769901
PZE-104076112	-	-	A/G	4	149021598
PZE-104077581	PZE-104077581	PZE-104077581	A/G	4	150942310

SYN26775	-	-	G/A	4	152873297
PZE-104081258	PZE-104081258	-	A/C	4	154872742
PZE-104083827	-	-	C/A	4	156886666
PZE-104085481	PZE-104085481	PZE-104085481	A/G	4	158785558
PZE-104087413	-	-	A/C	4	161346282
PZE-104089435	PZE-104089435	-	G/A	4	163353719
PZE-104090782	-	-	A/G	4	165966734
PZE-104092771	PZE-104092771	PZE-104092771	A/G	4	167923262
PZE-104093898	-	-	G/A	4	169883526
PZE-104096011	PZE-104096011	-	A/G	4	171767562
PZE-104097989	-	-	G/A	4	173688268
PZE-104099606	PZE-104099606	-	G/A	4	175562762
SYN18326	-	-	G/A	4	177551378
PZE-104104111	PZE-104104111	PZE-104104111	A/C	4	179515075
PZE-104106212	-	-	G/A	4	181401312
PZE-104107791	PZE-104107791	-	G/A	4	183544192
PUT-163a- 78083703-4166	-	-	A/G	4	185585654
PZE-104111457	PZE-104111457	PZE-104111457	A/G	4	188876288
PZE-104111953	-	-	G/A	4	192048048
SYN3580	SYN3580	-	A/G	4	194030324
PZE-104114732	-	-	G/A	4	196043344
PZE-104116352	PZE-104116352	PZE-104116352	A/C	4	197964330
PZE-104118015	-	-	A/G	4	200586220
SYN34685	SYN34685	-	G/A	4	202660380
PZE-104121926	-	-	A/G	4	204586555
PZE-104123695	PZE-104123695	PZE-104123695	G/A	4	206493700
PZE-104125536	-	-	A/C	4	208743196
PZE-104126807	PZE-104126807	-	A/G	4	210779439
PZE-104127834	-	-	C/A	4	212711320
PZE-104128842	PZE-104128842	PZE-104128842	G/A	4	214822535
PZE-104130328	-	-	C/A	4	216770259
SYN25713	SYN25713	-	G/A	4	218657640
PZE-104132368	-	-	A/C	4	221003644
PZE-104133623	PZE-104133623	PZE-104133623	A/G	4	222984339
SYN29124	-	-	A/G	4	225109867
PZE-104135876	PZE-104135876	-	G/A	4	227084161
PZE-104136967	-	-	G/A	4	229051205
PZE-104138269	PZE-104138269	PZE-104138269	A/T	4	231180207
PZE-104139705	-	-	A/G	4	233229510
SYN27456	SYN27456	-	A/G	4	235105800
PZE-104142878	-	-	G/A	4	237042689
PZE-104144717	PZE-104144717	PZE-104144717	A/G	4	239148921
PZE-104148574	-	-	A/G	4	241316309
PZE-104152506	PZE-104152506	-	G/A	4	243222942
PZE-104156127	-	-	G/A	4	245245643
PZE-105000023	PZE-105000023	PZE-105000023	A/G	5	22085
SYN14899	-	-	A/G	5	1902130

SYN30358	SYN30358	-	G/A	5	3808405
SYN1045	-	-	G/A	5	5781486
PZE-105017551	PZE-105017551	-	G/A	5	7660019
SYN33205	-	-	G/A	5	9616336
PZE-105023037	PZE-105023037	PZE-105023037	C/A	5	11554412
PZE-105026971	-	-	A/G	5	13720253
SYN16324	SYN16324	-	G/A	5	15688460
PUT-163a-60348955-2602	-	-	A/G	5	17751971
PZE-105034878	PZE-105034878	PZE-105034878	C/A	5	19701540
PUT-163a-148993560-715	-	-	A/G	5	21578814
PZE-105038707	PZE-105038707	-	A/G	5	23490984
PZE-105040178	-	-	G/A	5	25374631
PZE-105041298	PZE-105041298	PZE-105041298	A/C	5	27447824
PZE-105042765	-	-	A/G	5	29403685
PZE-105044555	PZE-105044555	-	A/C	5	31316433
SYN13832	-	-	G/A	5	33212492
PZE-105046853	PZE-105046853	-	G/A	5	35097282
PZE-105047914	-	-	G/A	5	37016635
PZE-105048850	PZE-105048850	PZE-105048850	G/A	5	38982396
PZE-105049606	-	-	C/A	5	40890452
PZE-105050695	PZE-105050695	-	G/A	5	42985249
PZE-105051496	-	-	C/A	5	44881108
PZE-105052395	PZE-105052395	PZE-105052395	A/G	5	46889828
PZE-105053774	-	-	C/A	5	49132857
PZE-105054989	PZE-105054989	-	A/G	5	51579129
PZE-105056273	-	-	G/A	5	53481974
SYN1653	SYN1653	SYN1653	A/C	5	55520632
PZE-105059355	-	-	A/G	5	57442516
SYN6480	SYN6480	-	A/G	5	59329819
PZE-105062787	-	-	A/G	5	61320271
SYN26864	SYN26864	SYN26864	G/A	5	63405163
PZE-105065011	-	-	A/G	5	65341016
SYN38049	SYN38049	-	C/A	5	67694615
PZE-105067897	-	-	G/A	5	69868354
PZE-105068954	PZE-105068954	PZE-105068954	G/A	5	71861230
SYN27556	-	-	A/G	5	73921708
PZE-105071862	PZE-105071862	-	A/C	5	75928775
PZE-105073210	-	-	G/C	5	77936854
PZE-105074008	PZE-105074008	PZE-105074008	C/A	5	80097196
PZE-105075120	-	-	G/A	5	82175078
SYN16842	SYN16842	-	C/A	5	84087903
PZE-105077385	-	-	T/A	5	86145885
PZE-105078366	PZE-105078366	PZE-105078366	G/A	5	88070567
SYN1644	-	-	C/A	5	90044782
PZE-105080279	PZE-105080279	-	G/A	5	91927698
PZE-105081490	-	-	C/A	5	94227683

PZE-105082248	PZE-105082248	PZE-105082248	A/G	5	96453220
PZE-105083371	-	-	G/A	5	99116549
PZE-105084254	PZE-105084254	-	G/A	5	101029318
PZE-105084875	-	-	C/G	5	103345755
PZE-105085307	PZE-105085307	PZE-105085307	G/A	5	105347505
PZE-105085981	-	-	C/A	5	107475363
PZE-105086576	PZE-105086576	-	G/C	5	109428353
PZE-105087216	-	-	A/G	5	111643775
PZE-105087840	PZE-105087840	PZE-105087840	G/A	5	114205444
PZE-105088115	-	-	G/A	5	116147975
PZE-105088555	PZE-105088555	-	G/A	5	118426702
PZE-105089094	-	-	G/A	5	121792854
PZE-105089707	PZE-105089707	PZE-105089707	G/A	5	123761011
PZE-105090234	-	-	G/A	5	125677020
PZE-105091239	PZE-105091239	-	C/G	5	127743464
PZE-105091854	-	-	A/G	5	129780955
PZA-000524002	PZA-000524002	PZA-000524002	A/T	5	132594433
PZE-105093414	-	-	G/A	5	134502024
PZE-105093999	PZE-105093999	-	G/A	5	136419915
PZE-105094790	-	-	A/C	5	138306462
PZE-105095939	PZE-105095939	PZE-105095939	A/G	5	140403416
PZE-105097077	-	-	C/A	5	142346131
PZE-105098349	PZE-105098349	-	G/A	5	144467359
PZE-105099366	-	-	A/G	5	146721806
PZE-105100040	PZE-105100040	PZE-105100040	A/G	5	148714561
PZE-105100991	-	-	C/A	5	150956749
PZE-105102073	PZE-105102073	-	A/C	5	152902286
PZE-105102959	-	-	C/A	5	154876239
PZE-105103875	PZE-105103875	PZE-105103875	A/G	5	156798232
PZE-105105086	-	-	G/A	5	158881966
PUT-163a-18162524-1229	PUT-163a-18162524-1229	-	A/G	5	160796570
PZE-105106744	-	-	G/A	5	162670754
SYN16674	SYN16674	SYN16674	C/A	5	164744297
PZE-105109960	-	-	C/A	5	166649954
SYN32709	SYN32709	-	A/G	5	168583715
PZE-105114470	-	-	C/A	5	170503759
PZE-105116229	PZE-105116229	PZE-105116229	G/A	5	172457687
SYN31800	-	-	A/G	5	174830229
PZE-105120853	PZE-105120853	-	G/A	5	176893730
PZE-105122421	-	-	A/G	5	178831116
PZE-105124618	PZE-105124618	PZE-105124618	C/A	5	180804013
PZE-105126109	-	-	G/A	5	182701624
PZB02033.1	PZB02033.1	-	A/G	5	184588958
PZE-105130621	-	-	G/A	5	186469332
PZE-105132664	PZE-105132664	-	A/G	5	188366269
PZE-105134991	-	-	G/A	5	190403309
PZE-105137926	PZE-105137926	PZE-105137926	A/G	5	192342240

SYN28149	-	-	G/A	5	194313480
SYN33648	SYN33648	-	G/A	5	196660904
ZM013753-0177	-	-	A/G	5	198616843
SYN27814	SYN27814	SYN27814	A/G	5	200602846
PZE-105152300	-	-	G/A	5	202616083
PZE-105156596	PZE-105156596	-	A/C	5	204501575
PZE-105160752	-	-	A/G	5	206468747
PZE-105165602	PZE-105165602	PZE-105165602	A/G	5	208486064
SYN9391	-	-	A/G	5	210381912
SYN3361	SYN3361	-	G/A	5	212376399
PZA00069.4	-	-	G/A	5	214424975
PZE-105182482	PZE-105182482	PZE-105182482	G/A	5	216340343
PZE-106000007	PZE-106000007	PZE-106000007	C/A	6	42135
PZE-106001089	-	-	G/A	6	2036662
SYN13486	SYN13486	-	A/G	6	3978985
PZE-106004871	-	-	G/C	6	6259242
PZE-106006358	PZE-106006358	PZE-106006358	A/G	6	8151312
PZE-106007384	-	-	C/A	6	10800715
PZE-106008048	PZE-106008048	-	G/A	6	12777019
PZE-106008765	-	-	G/A	6	14650406
PZE-106009495	PZE-106009495	PZE-106009495	G/A	6	16565942
PZE-106010564	-	-	A/G	6	18440317
PZA03047.12	PZA03047.12	-	G/A	6	20837504
PZE-106013065	-	-	A/G	6	23056280
PUT-163a-60342157-2438	PUT-163a-60342157-2438	PUT-163a-60342157-2438	C/A	6	25122212
SYN14936	-	-	A/G	6	28773162
SYN33557	SYN33557	-	G/A	6	30659590
PZE-106017013	-	-	G/A	6	32650274
PZE-106017779	PZE-106017779	PZE-106017779	G/A	6	34636731
PZE-106018353	-	-	C/A	6	36572846
PZE-106019032	PZE-106019032	-	G/A	6	38506768
PZE-106019543	-	-	G/A	6	40434181
PZE-106020499	PZE-106020499	PZE-106020499	G/A	6	45272259
PZE-106021096	-	-	G/A	6	47272913
PZE-106021768	PZE-106021768	-	G/A	6	50610152
PZE-106022186	-	-	G/A	6	53121792
PZE-106022655	PZE-106022655	PZE-106022655	A/C	6	54995461
PZE-106023412	-	-	C/G	6	57045256
PZE-106024605	PZE-106024605	-	G/A	6	59099375
PZE-106025455	-	-	G/A	6	61059943
PZE-106026695	PZE-106026695	PZE-106026695	G/A	6	62957874
PZE-106027614	-	-	G/A	6	64879040
PZE-106028614	PZE-106028614	-	G/A	6	67053065
PZE-106029802	-	-	A/G	6	69118928
PZE-106030916	PZE-106030916	PZE-106030916	G/A	6	71287173
PZE-106031833	-	-	G/A	6	73410378
PZE-106033015	PZE-106033015	-	A/G	6	75440420

SYN2644	-	-	G/A	6	77577044
PZE-106034368	PZE-106034368	PZE-106034368	A/G	6	79475500
PZE-106035359	-	-	A/G	6	81457621
PZE-106036872	PZE-106036872	-	A/G	6	83510286
PZE-106038471	-	-	A/G	6	85419359
PZE-106039805	PZE-106039805	PZE-106039805	A/G	6	87502896
PZE-106041437	-	-	A/G	6	89448540
SYN11803	SYN11803	-	G/A	6	91503512
SYN20452	-	-	C/A	6	93432763
PZE-106045904	PZE-106045904	PZE-106045904	C/A	6	95495772
SYN13504	-	-	G/A	6	97425313
PZE-106049940	PZE-106049940	-	A/G	6	99933456
PZE-106051238	-	-	C/A	6	102257932
SYN23350	SYN23350	SYN23350	C/A	6	104222676
SYNGENTA2097	-	-	T/A	6	106107135
PZE-106057158	-	-	G/A	6	107982567
PUT-163a-88754607-4569	PUT-163a-88754607-4569	-	A/T	6	109992557
PZE-106061055	-	-	G/A	6	112047734
PZE-106062788	PZE-106062788	PZE-106062788	A/G	6	114020625
PZE-106064201	-	-	A/G	6	115905516
PZE-106065562	PZE-106065562	-	G/A	6	117930951
PZE-106067078	-	-	A/G	6	119903632
PZE-106068510	PZE-106068510	PZE-106068510	G/A	6	121834796
SYN38352	-	-	A/G	6	123864232
PZE-106071277	PZE-106071277	-	A/G	6	126177709
SYN31423	-	-	A/C	6	128059883
PZE-106074200	-	-	G/C	6	129934518
PZE-106076177	PZE-106076177	PZE-106076177	A/G	6	131856294
SYN14488	-	-	G/A	6	133852840
SYN5039	SYN5039	-	A/C	6	135964276
SYN30911	-	-	G/A	6	137849964
PZE-106082400	PZE-106082400	PZE-106082400	C/A	6	139802215
PZE-106084598	-	-	G/A	6	141884763
PZE-106086241	PZE-106086241	-	A/G	6	143848851
SYN7394	-	-	A/G	6	145740706
PZE-106090570	PZE-106090570	PZE-106090570	A/G	6	147652279
SYN32096	-	-	A/C	6	149637206
SYN37999	SYN37999	-	G/A	6	151608389
PZE-106101027	-	-	A/G	6	153812061
SYN23860	SYN23860	SYN23860	C/A	6	155741887
SYN14803	-	-	G/A	6	157616106
PZE-106111799	-	-	A/C	6	159505390
PZE-106115190	PZE-106115190	-	G/A	6	161406006
PUT-163a-18163139-1241	-	-	C/A	6	163280207
SYN11198	SYN11198	SYN11198	A/C	6	165189977
PHM5529.4	-	-	C/A	6	167120845

SYN35817	SYN35817	-	G/A	6	169034839
PZE-107000121	PZE-107000121	PZE-107000121	G/A	7	174227
PZD00057.3	-	-	G/A	7	2092320
PZE-107005832	PZE-107005832	-	G/A	7	4070560
PZE-107009409	-	-	G/A	7	6025222
SYN4531	SYN4531	SYN4531	C/A	7	7937170
PZE-107013641	-	-	C/A	7	9958958
PZE-107015358	PZE-107015358	-	A/G	7	12342744
PZB01617.2	-	-	G/A	7	14349278
PZE-107018579	PZE-107018579	PZE-107018579	G/A	7	16349257
SYN26799	-	-	G/A	7	18305640
PZE-107020997	PZE-107020997	-	C/A	7	20194927
PZE-107022440	-	-	A/C	7	22497081
PZE-107023074	PZE-107023074	PZE-107023074	G/A	7	24785428
PZE-107023596	-	-	A/C	7	26799125
SYN27990	SYN27990	-	A/G	7	28704924
PZE-107025858	-	-	G/A	7	30769690
PZE-107026787	PZE-107026787	PZE-107026787	G/A	7	32801790
PUT-163a-149074888-841	-	-	A/C	7	34832971
PZE-107028704	PZE-107028704	-	G/A	7	36835569
PZE-107029429	-	-	A/C	7	38709115
PZE-107030268	PZE-107030268	PZE-107030268	G/A	7	41099603
PZE-107031417	-	-	G/A	7	43255575
PZE-107032428	PZE-107032428	-	A/G	7	45160939
PZE-107033223	-	-	G/A	7	47277390
PZE-107034161	PZE-107034161	PZE-107034161	G/A	7	49355772
PZE-107034931	-	-	A/G	7	51235656
PZE-107035443	PZE-107035443	-	G/C	7	53162265
PZE-107036032	-	-	A/C	7	55037576
PZE-107036931	PZE-107036931	PZE-107036931	G/A	7	58022354
PZE-107038455	PZE-107038455	-	G/A	7	63182601
PZE-107039479	-	-	A/C	7	65603222
PZE-107040097	PZE-107040097	PZE-107040097	G/A	7	67623409
PZE-107041894	-	-	A/G	7	71389581
PZE-107042751	PZE-107042751	-	C/A	7	73347614
PZE-107043718	-	-	G/A	7	75241729
PZE-107044222	PZE-107044222	PZE-107044222	G/A	7	77152554
PZE-107044844	-	-	G/A	7	80420920
SYN12884	SYN12884	-	A/C	7	82425586
PZE-107046503	-	-	A/G	7	84303896
SYN16880	SYN16880	SYN16880	C/A	7	86407407
PZA03471.1	-	-	G/A	7	88353859
PZE-107048942	PZE-107048942	-	A/G	7	90243078
PZE-107049555	-	-	G/C	7	92160382
PZE-107050349	PZE-107050349	PZE-107050349	G/A	7	94086205
PZE-107051697	-	-	C/A	7	96137669
PZE-107052677	PZE-107052677	-	A/G	7	98067739

PZE-107054120	-	-	G/A	7	99942698
PZE-107055483	PZE-107055483	PZE-107055483	A/G	7	101928498
SYN15108	-	-	A/G	7	103874048
PZE-107057948	PZE-107057948	-	A/G	7	105915351
PZE-107059048	-	-	A/G	7	107789146
PZE-107059610	-	-	G/A	7	109680655
SYN22909	SYN22909	SYN22909	C/A	7	111613354
PZE-107062614	-	-	A/G	7	113498625
SYN18566	SYN18566	-	A/G	7	115623422
PZE-107066081	-	-	A/G	7	117544682
PZE-107068214	PZE-107068214	PZE-107068214	G/A	7	119474814
PZA02365.7	-	-	C/A	7	121400906
PZE-107072681	PZE-107072681	-	A/G	7	123485791
PZE-107075855	-	-	C/G	7	125391043
PZE-107077981	PZE-107077981	PZE-107077981	G/A	7	127299772
PZE-107080081	-	-	C/A	7	129408776
SYN31894	SYN31894	-	A/G	7	131464974
PZE-107084006	-	-	G/A	7	133591465
PZE-107085253	PZE-107085253	PZE-107085253	A/G	7	135545104
PZE-107087898	-	-	A/G	7	137428620
PZE-107089944	PZE-107089944	-	A/G	7	139408526
PUT-163a-113746821-154	-	-	G/A	7	141322305
PZE-107094078	PZE-107094078	PZE-107094078	A/G	7	143286626
SYN18613	-	-	A/G	7	145265197
PZE-107097554	PZE-107097554	-	A/G	7	147162608
ZM006162-0457	-	-	G/A	7	149096168
PZE-107103294	PZE-107103294	PZE-107103294	A/G	7	150979925
PZE-107106721	-	-	G/A	7	153010191
PZE-107110616	PZE-107110616	-	G/A	7	155064831
PZA03544.3	-	-	G/A	7	157154622
SYN7521	SYN7521	SYN7521	G/A	7	159140939
PZE-107121744	-	-	A/G	7	161153159
PZE-107126296	PZE-107126296	-	G/A	7	163207947
PZE-107128845	-	-	A/G	7	165103940
PZE-107132427	PZE-107132427	PZE-107132427	G/A	7	167016702
PZE-107136972	-	-	G/A	7	168975188
PZE-108000028	PZE-108000028	PZE-108000028	G/A	8	65513
PZE-108002149	-	-	A/G	8	2139874
PZA-002174002	PZA-002174002	-	C/A	8	4101256
PZE-108006031	-	-	G/A	8	6058368
PZE-108007792	PZE-108007792	PZE-108007792	A/G	8	8131782
PZE-108009327	-	-	G/A	8	10043848
PZE-108012113	PZE-108012113	-	G/A	8	12473617
PUT-163a-13558812-276	-	-	C/A	8	14444856
SYN23097	SYN23097	SYN23097	A/G	8	16485563
PZE-108019359	-	-	G/A	8	18362796

PZE-108021296	PZE-108021296	-	A/G	8	20344076
PZE-108023409	-	-	A/G	8	22276238
PZA00481.7	PZA00481.7	PZA00481.7	A/G	8	24557261
PZE-108026961	-	-	A/C	8	26482397
PZE-108027940	PZE-108027940	-	C/G	8	28447098
PZE-108028521	-	-	A/C	8	31198123
PZE-108029936	PZE-108029936	PZE-108029936	G/A	8	33301356
PZE-108031095	-	-	G/A	8	35209686
SYN21180	SYN21180	-	G/A	8	37223197
SYNGENTA4390	-	-	G/A	8	39222922
PZE-108034060	PZE-108034060	PZE-108034060	G/A	8	41703266
PZE-108034556	-	-	T/A	8	43635884
PZE-108035053	PZE-108035053	-	G/A	8	45540153
PZE-108035293	-	-	G/A	8	47540932
PZE-108035743	PZE-108035743	PZE-108035743	A/C	8	49767407
PZE-108036208	-	-	G/A	8	51643546
PZE-108036719	PZE-108036719	-	G/A	8	53601126
PZE-108037280	-	-	A/G	8	55615357
PZE-108037796	PZE-108037796	PZE-108037796	C/A	8	57505290
SYN17805	-	-	A/G	8	59463092
PZE-108039249	PZE-108039249	-	A/G	8	61432030
PZE-108040094	-	-	G/A	8	63390016
PZE-108041293	PZE-108041293	PZE-108041293	C/A	8	65487640
PZE-108042142	-	-	C/A	8	67381582
PZE-108042821	PZE-108042821	-	A/G	8	69338491
PZE-108043946	-	-	A/C	8	71247765
PZE-108045274	PZE-108045274	PZE-108045274	A/G	8	73770608
PZE-108046449	-	-	G/A	8	75772018
PZE-108047059	PZE-108047059	-	G/A	8	77650464
PZE-108048114	-	-	C/A	8	79700351
PZE-108048734	PZE-108048734	PZE-108048734	G/A	8	81756438
PZE-108049331	-	-	G/A	8	83729935
PZE-108050016	PZE-108050016	-	T/A	8	85805941
PZE-108050828	-	-	A/G	8	87743026
PZE-108051463	PZE-108051463	PZE-108051463	A/G	8	89628370
PZE-108052310	-	-	A/G	8	91505697
PZE-108052969	-	-	C/A	8	93387044
PZE-108054420	PZE-108054420	-	G/A	8	95633238
PZE-108055076	-	-	A/G	8	97571754
PZE-108055835	PZE-108055835	PZE-108055835	G/A	8	99559119
PZE-108057526	-	-	G/A	8	101488669
PZE-108058577	PZE-108058577	-	G/A	8	103391214
PZE-108059570	-	-	A/C	8	105270148
PZE-108060659	PZE-108060659	-	G/A	8	107165987
PZE-108061670	-	-	C/G	8	109039339
PZE-108062772	PZE-108062772	PZE-108062772	C/A	8	110975001
PZE-108064150	-	-	A/G	8	113088177
PZE-108065122	PZE-108065122	-	A/G	8	115087081

SYNGENTA14910	-	-	T/A	8	117016078
PZE-108068611	PZE-108068611	PZE-108068611	G/A	8	119062894
PZE-108069726	-	-	G/A	8	121054835
PZE-108071076	PZE-108071076	-	A/C	8	122982422
PZE-108072730	-	-	G/C	8	124968192
SYN34038	SYN34038	SYN34038	A/G	8	126912020
PZE-108074828	-	-	A/C	8	129042830
PZE-108076805	PZE-108076805	-	A/C	8	130917070
PZE-108078474	-	-	G/A	8	132841071
PZB01389.1	PZB01389.1	PZB01389.1	G/A	8	134723842
PZE-108081179	-	-	A/C	8	136657119
SYN23195	SYN23195	-	A/G	8	138574862
PZE-108084629	-	-	A/C	8	140538075
PUT-163a-60341367-2413	PUT-163a-60341367-2413	PUT-163a-60341367-2413	T/A	8	142543940
PUT-163a-148967445-624	-	-	A/C	8	144442902
PZE-108090521	PZE-108090521	-	G/A	8	146317703
PZE-108092488	-	-	G/A	8	148243991
PZE-108095145	PZE-108095145	PZE-108095145	G/A	8	150285227
PZE-108097730	-	-	G/A	8	152282421
PZE-108099283	PZE-108099283	-	G/A	8	154275554
PZE-108101768	-	-	A/C	8	156153594
PZE-108103823	PZE-108103823	PZE-108103823	A/G	8	158049853
PZE-108107190	-	-	A/G	8	160099033
PZE-108111057	PZE-108111057	-	C/A	8	162439278
PZE-108115404	-	-	A/C	8	164336321
SYN29149	SYN29149	SYN29149	A/G	8	166320033
PZE-108122960	-	-	A/G	8	168223945
PZE-108127744	PZE-108127744	-	G/C	8	170152023
PZE-108133033	-	-	C/A	8	172272979
PZE-108135901	PZE-108135901	PZE-108135901	A/C	8	174410453
PZE-109000072	PZE-109000072	PZE-109000072	C/A	9	277529
PZE-109001692	-	-	G/A	9	2192901
PZE-109003647	PZE-109003647	-	A/C	9	4235702
PZE-109005604	-	-	G/A	9	6136446
SYN13447	SYN13447	SYN13447	A/G	9	8350145
PZE-109009763	-	-	A/G	9	10689853
PZE-109012061	PZE-109012061	-	A/G	9	12604619
SYN27750	-	-	G/A	9	14731203
PZE-109016576	PZE-109016576	PZE-109016576	A/G	9	16623938
PZE-109018303	-	-	A/G	9	18577961
PZA00583.4	PZA00583.4	-	A/G	9	20525979
PZE-109022267	-	-	A/G	9	22428918
PZB01963.6	PZB01963.6	PZB01963.6	G/A	9	24376844
PZE-109025969	-	-	G/A	9	26426275
SYN13044	SYN13044	-	G/A	9	28318549
PZE-109028417	-	-	G/A	9	30375462

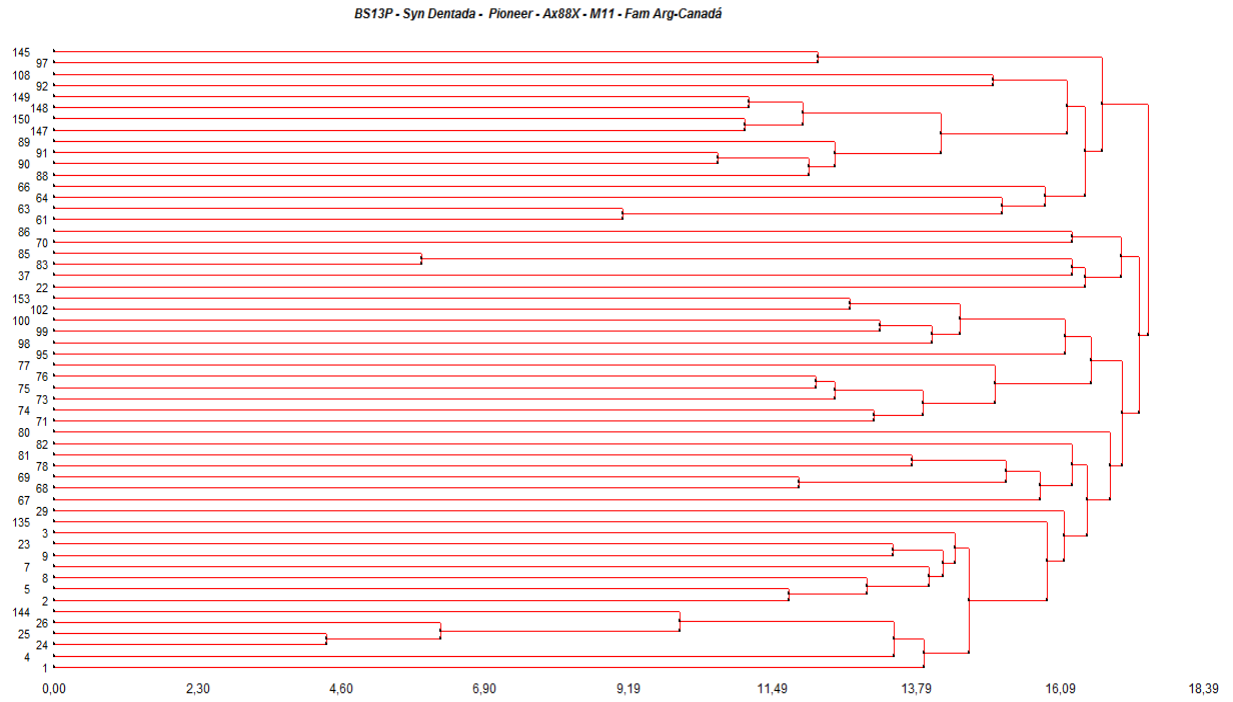
PZE-109029469	PZE-109029469	PZE-109029469	A/G	9	32273482
PZB00235.1	-	-	A/C	9	34649218
PZE-109031514	PZE-109031514	-	A/G	9	36560553
PZE-109032519	-	-	A/G	9	38631364
PZE-109033093	PZE-109033093	PZE-109033093	G/A	9	40608303
PZA02861.13	-	-	C/A	9	42849025
SYN25819	SYN25819	-	A/G	9	44921611
PZE-109035799	-	-	C/A	9	46965526
PZE-109036456	PZE-109036456	PZE-109036456	A/G	9	49087629
PZE-109037331	-	-	G/A	9	51112990
PZE-109037861	PZE-109037861	-	A/G	9	53779227
PZE-109038556	-	-	C/A	9	55737319
PZE-109039325	PZE-109039325	PZE-109039325	G/A	9	57626854
PZE-109040354	-	-	G/A	9	59520696
PZE-109041425	PZE-109041425	-	A/C	9	61809150
PZE-109041967	-	-	C/A	9	63968457
PZE-109043384	PZE-109043384	PZE-109043384	G/A	9	69673524
PZE-109044296	-	-	C/G	9	71601920
PZE-109045108	PZE-109045108	-	G/A	9	73483228
PZE-109046118	-	-	C/A	9	75561253
PZE-109046995	PZE-109046995	PZE-109046995	A/G	9	77450344
PZE-109047635	-	-	A/C	9	79414099
PZE-109048528	PZE-109048528	-	A/C	9	81291654
PZE-109049518	-	-	A/G	9	83377871
SYN12185	SYN12185	SYN12185	A/G	9	85259602
PZE-109052348	-	-	A/G	9	87436791
PZE-109053395	PZE-109053395	-	G/A	9	89388089
PZE-109054430	-	-	C/A	9	91306530
PZE-109055660	PZE-109055660	PZE-109055660	A/C	9	93254019
SYN31392	-	-	A/G	9	95322165
SYN32233	SYN32233	-	G/A	9	97344117
PZE-109060648	-	-	A/G	9	99374880
PZE-109062223	PZE-109062223	PZE-109062223	A/G	9	101408005
PZE-109063725	-	-	A/G	9	103333370
PZE-109065712	PZE-109065712	-	C/A	9	105373194
PZE-109067146	-	-	G/A	9	107305275
PZE-109068725	PZE-109068725	PZE-109068725	G/A	9	109433809
SYN21875	-	-	G/A	9	111372628
PZE-109072159	PZE-109072159	-	G/A	9	113386569
PZE-109073536	-	-	G/A	9	115311872
SYN4635	SYN4635	SYN4635	G/A	9	117258167
PZE-109076558	-	-	G/A	9	119458911
SYN30530	SYN30530	-	G/A	9	121381386
SYN39368	-	-	A/C	9	123302816
PZE-109081442	PZE-109081442	PZE-109081442	C/A	9	125409346
PZE-109083034	-	-	A/G	9	127373633
SYN9773	SYN9773	-	C/A	9	129325058
SYN38163	-	-	G/A	9	131458062

PZE-109089873	PZE-109089873	PZE-109089873	A/C	9	133385982
PZE-109092713	-	-	G/A	9	135334013
SYN26723	SYN26723	-	C/A	9	137420505
PZE-109098623	-	-	A/G	9	139385722
PZE-109101695	PZE-109101695	PZE-109101695	G/A	9	141365133
SYN10260	-	-	A/G	9	143257931
SYN7643	SYN7643	-	C/A	9	145512799
PZE-109113651	-	-	A/G	9	147477507
PZE-109118333	PZE-109118333	PZE-109118333	A/G	9	149366708
PZE-109121844	-	-	A/G	9	151350591
PZE-110000070	PZE-110000070	PZE-110000070	A/G	10	208259
PUT-163a-148991534-705	-	-	C/A	10	2218808
SYN4496	SYN4496	-	A/G	10	4191766
PZE-110008882	-	-	A/C	10	6110993
PZE-110010070	PZE-110010070	PZE-110010070	C/A	10	8267523
SYN13997	-	-	A/C	10	10158769
PZE-110013520	PZE-110013520	-	A/C	10	12409982
PZE-110014871	-	-	A/G	10	14504551
PZE-110016084	PZE-110016084	PZE-110016084	A/G	10	16412666
PZE-110016844	-	-	A/G	10	18380909
PZE-110017861	PZE-110017861	-	A/G	10	20331415
SYN26652	-	-	G/A	10	22315137
PZE-110019540	PZE-110019540	PZE-110019540	G/A	10	24302050
PZE-110020440	-	-	A/C	10	26263525
PZE-110021179	PZE-110021179	-	G/A	10	28363511
PZE-110021999	-	-	G/A	10	30421591
PZE-110022759	PZE-110022759	PZE-110022759	G/A	10	32626004
PZE-110023356	-	-	G/A	10	34730755
PZE-110024015	PZE-110024015	-	G/A	10	36735987
PZE-110024916	-	-	A/G	10	39033639
SYN5910	SYN5910	SYN5910	A/G	10	41187567
PZE-110026188	-	-	A/G	10	43071298
PZE-110027286	PZE-110027286	-	A/G	10	45452098
PZE-110028163	-	-	A/G	10	47697918
PZE-110028908	PZE-110028908	PZE-110028908	G/A	10	49786048
SYN6303	-	-	G/A	10	52055020
PZE-110030348	PZE-110030348	-	C/A	10	54132019
PZE-110031096	-	-	A/C	10	56054177
PZE-110031843	PZE-110031843	PZE-110031843	G/A	10	58439581
PZE-110032581	-	-	C/A	10	60800382
PZE-110033384	PZE-110033384	-	G/A	10	62717924
PZE-110034164	-	-	C/A	10	64634804
PZE-110035274	PZE-110035274	PZE-110035274	G/A	10	66642930
PZE-110036100	-	-	G/A	10	68587822
SYN9422	SYN9422	-	C/A	10	70692756
SYN19058	-	-	G/A	10	72566735
PZE-110039214	PZE-110039214	PZE-110039214	A/G	10	75402424

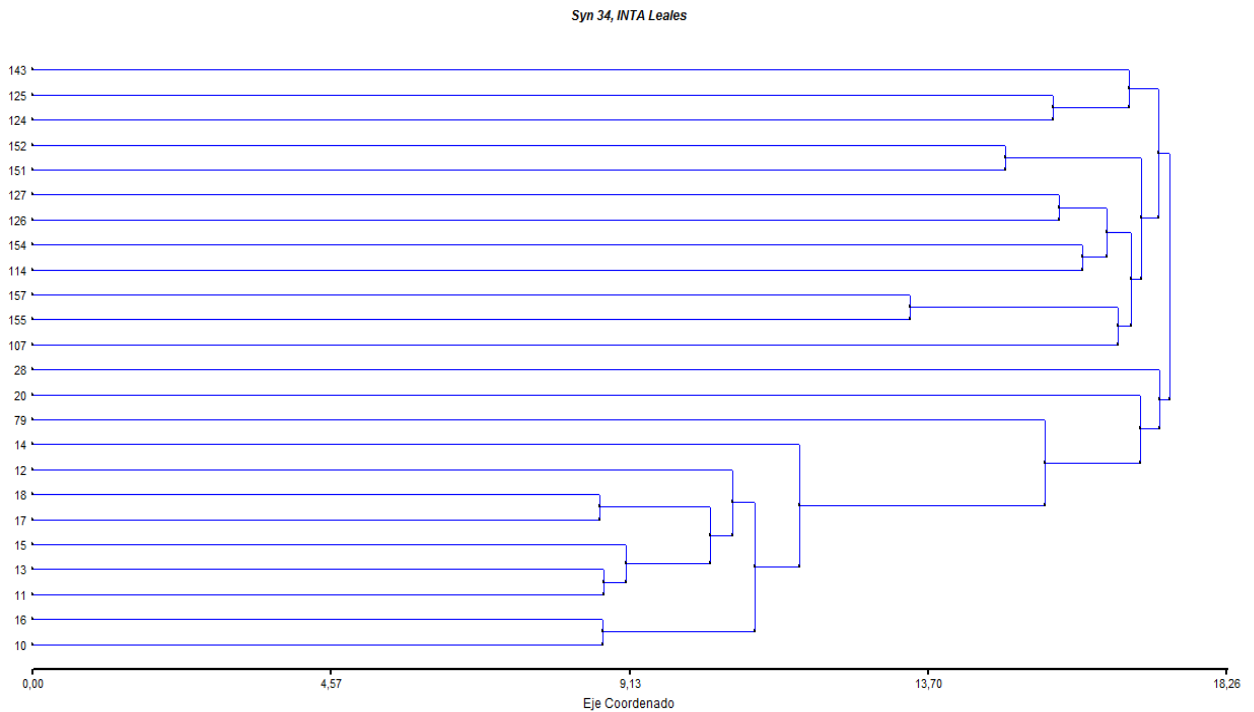
PZE-110040602	-	-	A/G	10	77327358
PZE-110041758	PZE-110041758	-	A/G	10	79729457
PZE-110042836	-	-	A/G	10	81630292
PZE-110043891	PZE-110043891	PZE-110043891	A/C	10	83547955
PZE-110045084	-	-	C/A	10	85485817
PZE-110046620	PZE-110046620	-	G/A	10	87361769
SYN22202	-	-	A/G	10	89336128
PZE-110048719	PZE-110048719	PZE-110048719	C/A	10	91271274
PZE-110049572	-	-	G/A	10	93203778
SYN17973	SYN17973	-	G/A	10	95217861
PZE-110051624	-	-	A/G	10	97243283
SYN10717	SYN10717	SYN10717	C/A	10	99119676
PZE-110053712	-	-	A/G	10	101735419
PZE-110054698	PZE-110054698	-	G/A	10	104141152
PZE-110055483	-	-	G/A	10	106293785
SYNGENTA14109	SYNGENTA14109	SYNGENTA14109	G/A	10	108205565
PZE-110057592	-	-	G/A	10	110369883
PZE-110058551	PZE-110058551	-	A/G	10	112394718
PZE-110060368	-	-	G/A	10	114420865
PZE-110061626	PZE-110061626	PZE-110061626	A/G	10	116604738
PZE-110063340	-	-	G/A	10	118487431
SYN15898	SYN15898	-	A/G	10	120388580
PZE-110066732	-	-	G/C	10	122764555
SYN18720	SYN18720	SYN18720	G/A	10	124772730
PZE-110070319	-	-	G/A	10	126910689
PZE-110072863	PZE-110072863	-	A/G	10	129038730
PZE-110075161	-	-	A/G	10	131485670
SYN25161	SYN25161	SYN25161	A/G	10	133438914
PZE-110082557	-	-	A/C	10	135316079
PZE-110086687	PZE-110086687	-	G/A	10	137378711
PZE-110090076	-	-	A/G	10	139373464
SYN36711	SYN36711	SYN36711	A/C	10	141287504
SYN38569	-	-	C/A	10	143258556
PZE-110102769	PZE-110102769	-	A/G	10	145490522
SYN19279	-	-	A/G	10	147377786
PZE-110111337	PZE-110111337	PZE-110111337	A/G	10	149435033

10.3 Anexo Gráficos

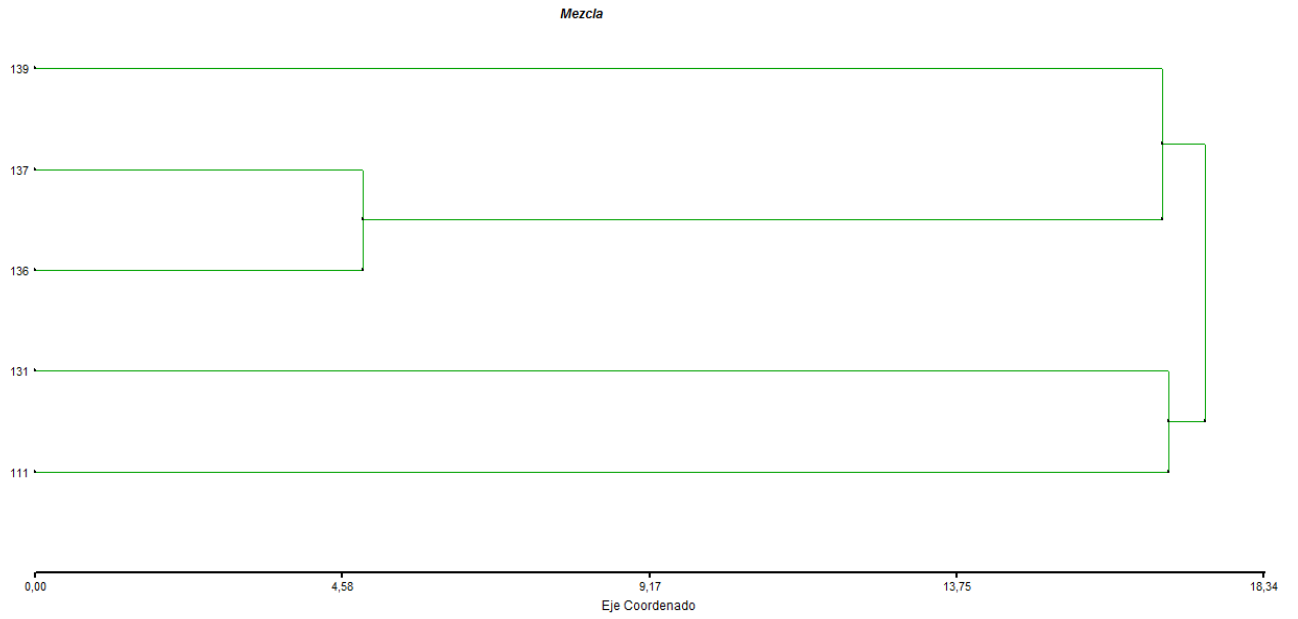
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (1/8)



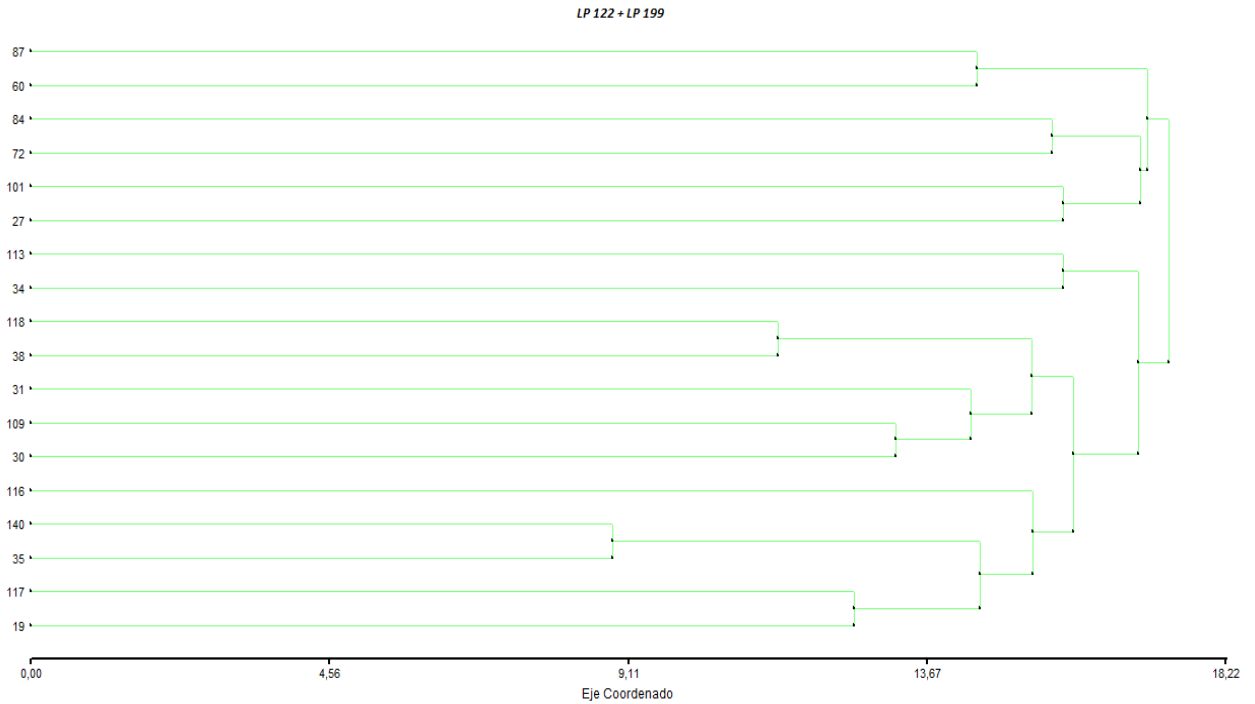
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (2/8)



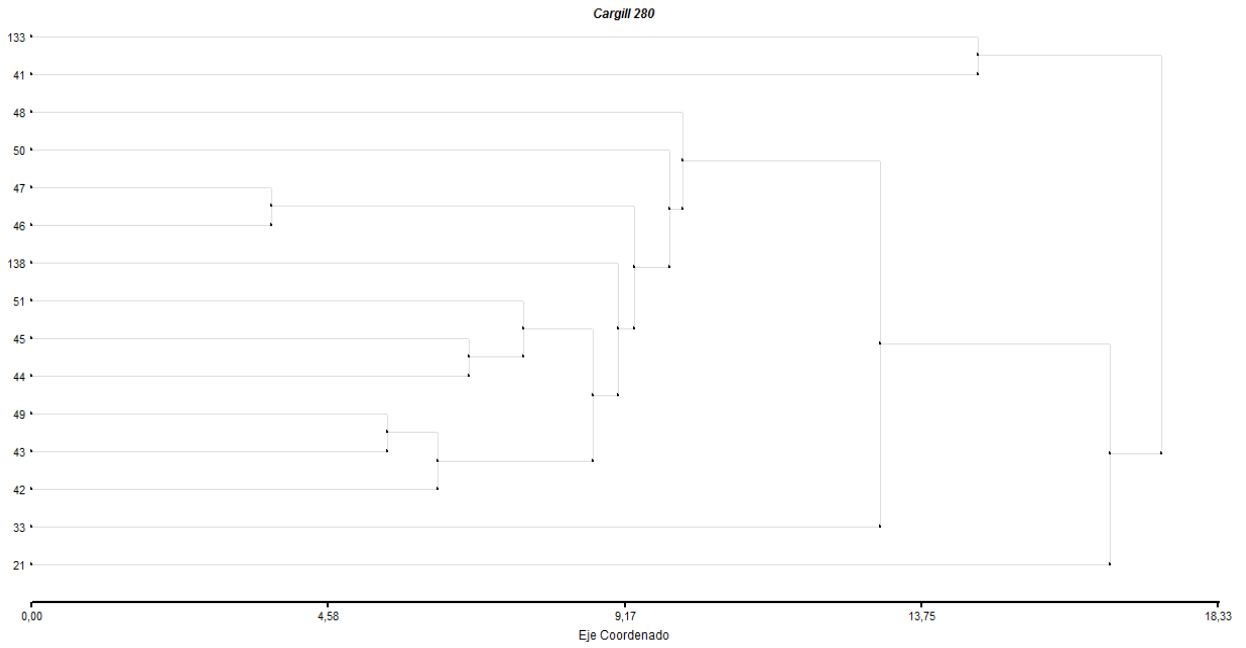
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (3/8)



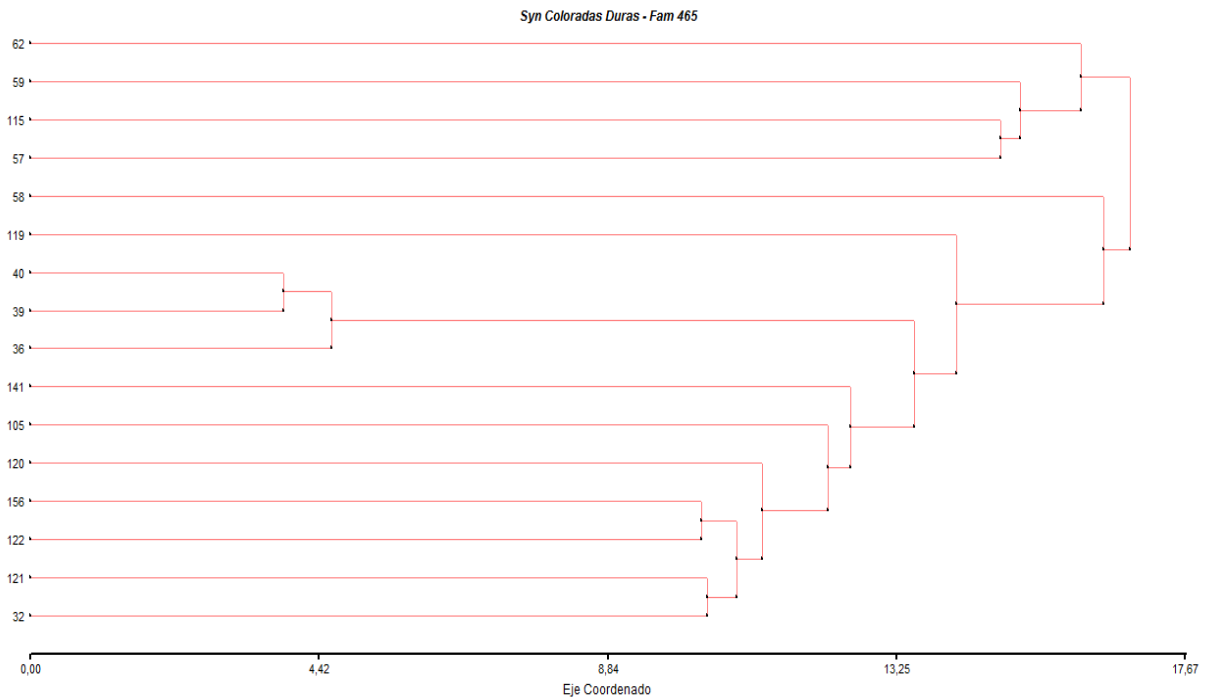
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (4/8)



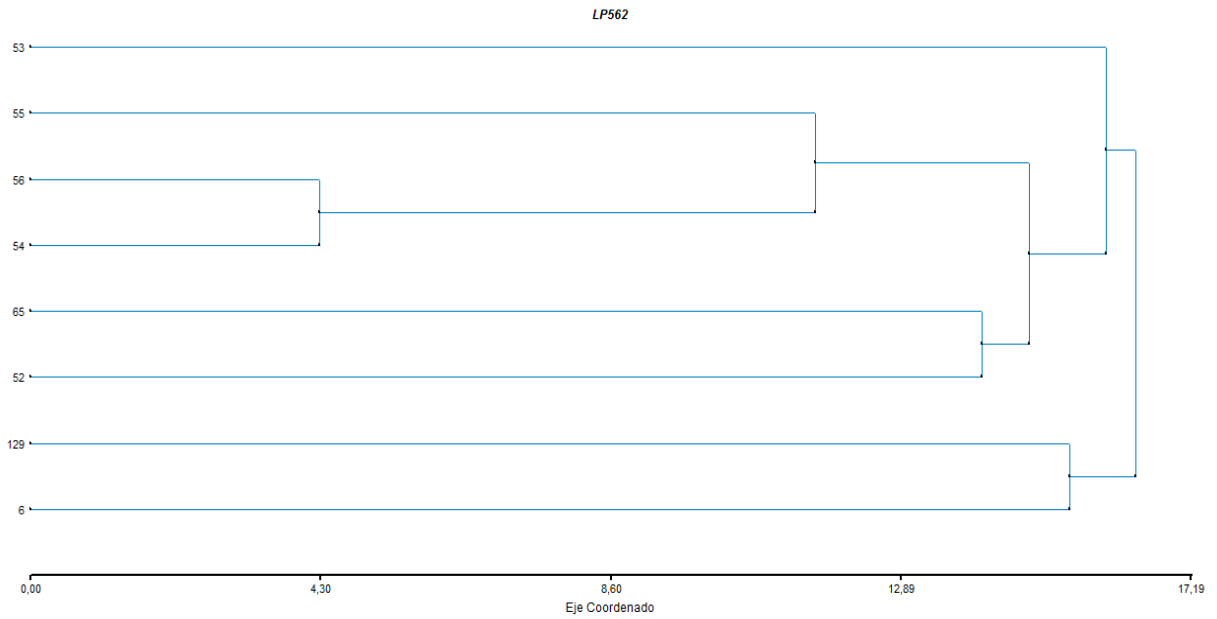
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (5/8)



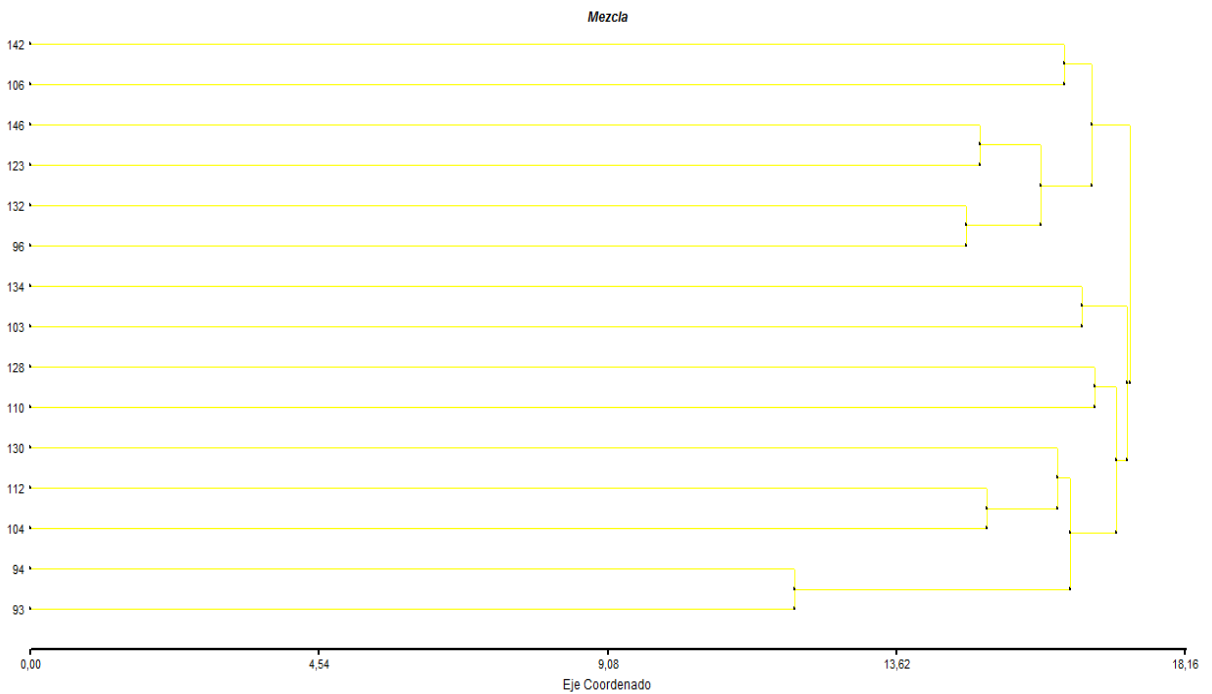
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (6/8)



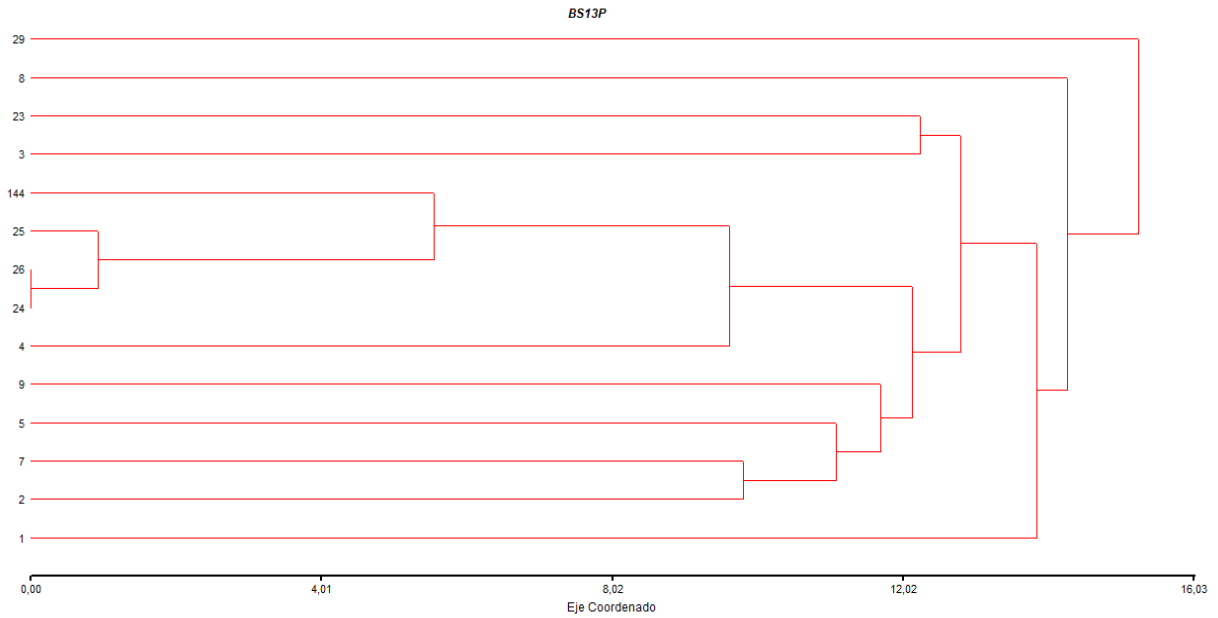
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (7/8)



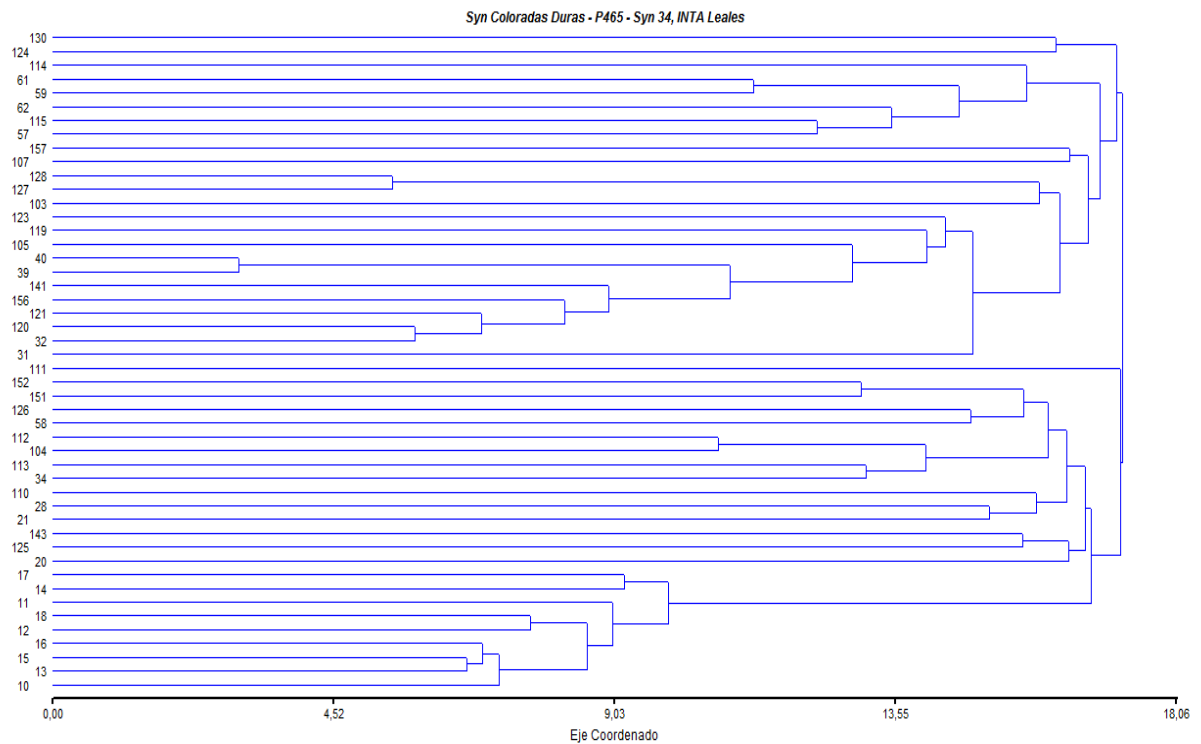
Anexo - Gráfico 1. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 50 SSR (8/8)



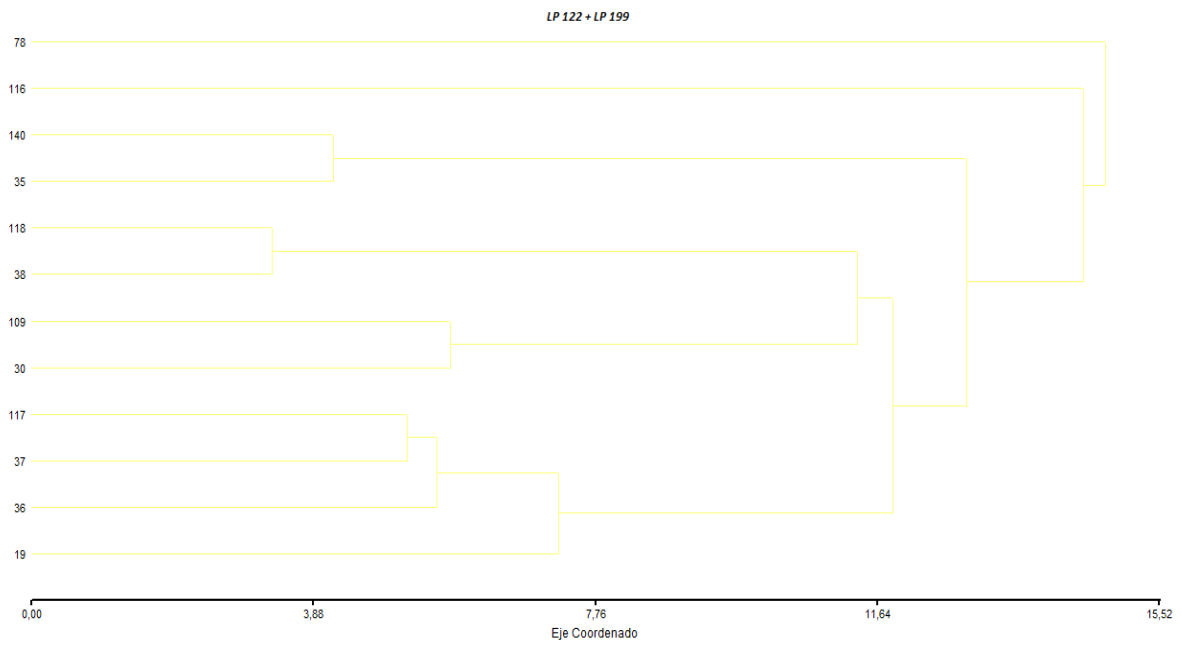
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (1/8)



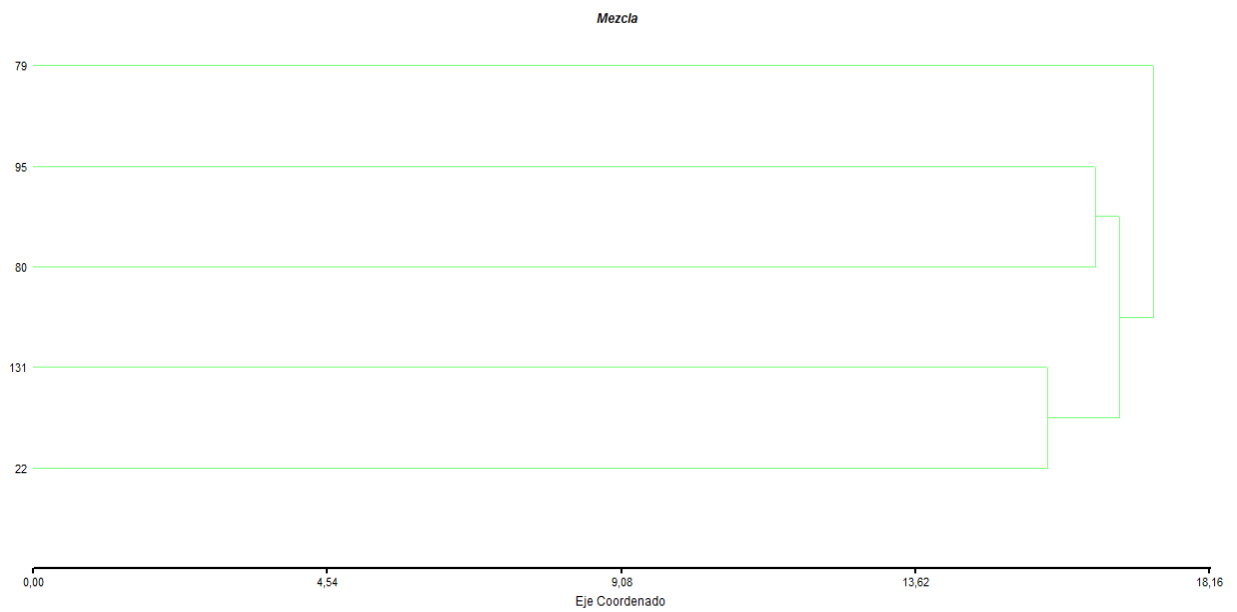
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (2/8)



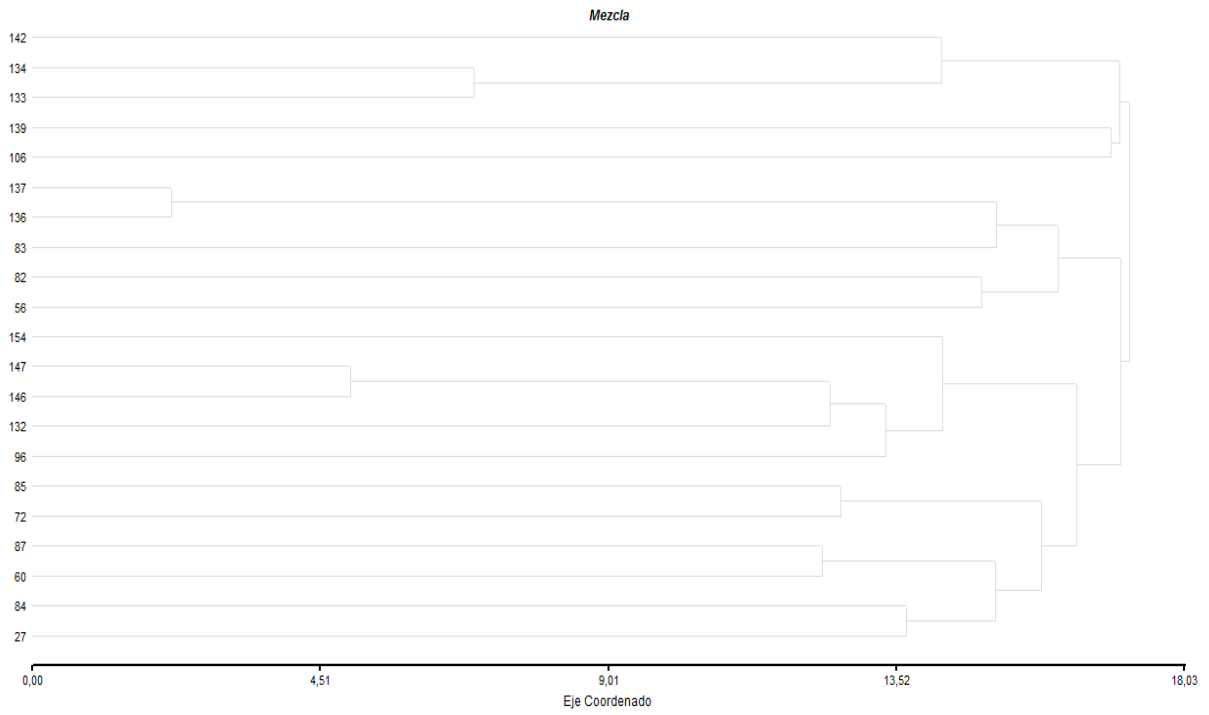
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (3/8)



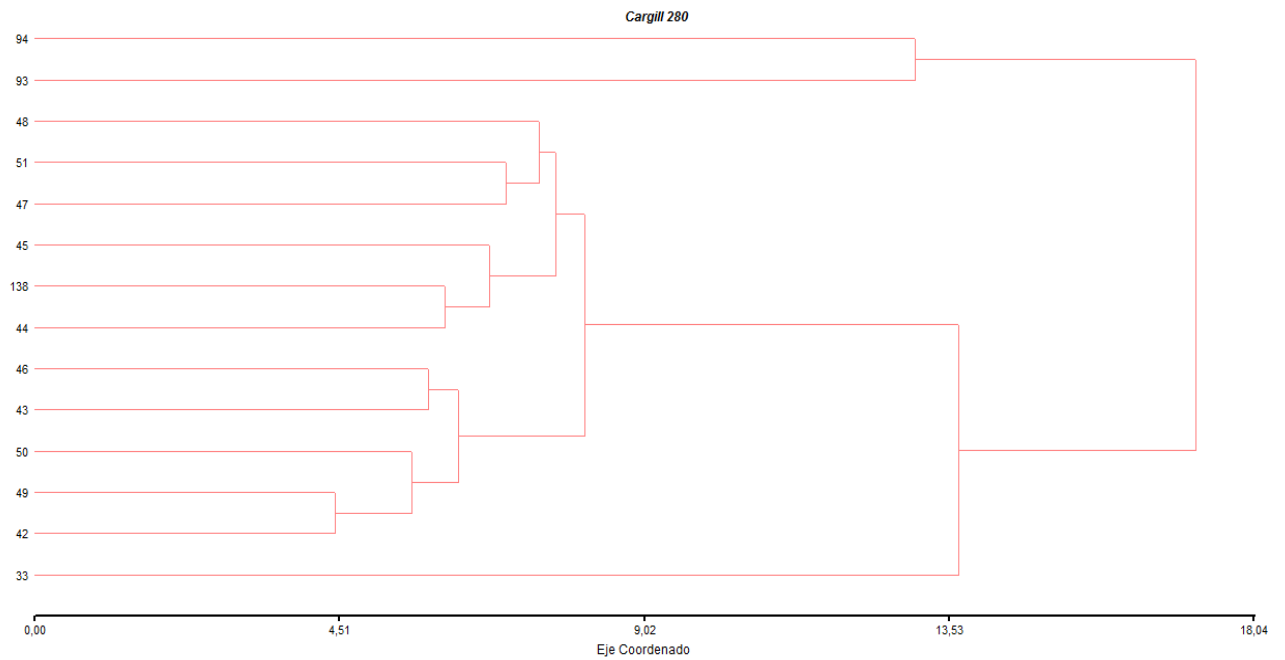
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (4/8)



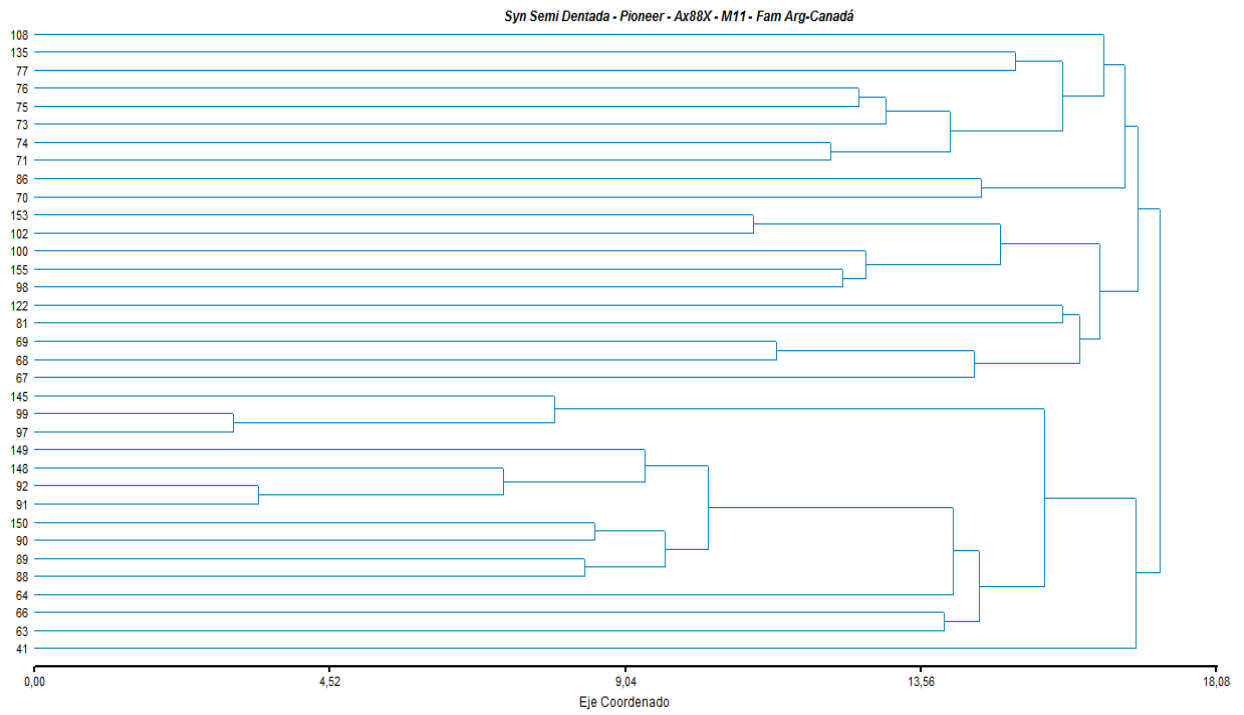
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (5/8)



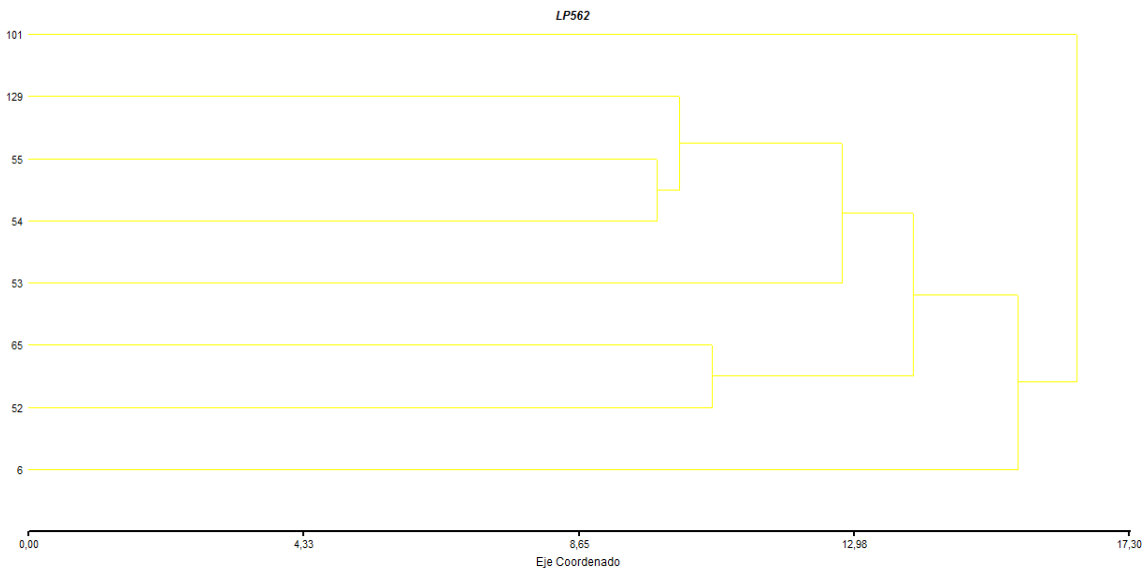
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (6/8)



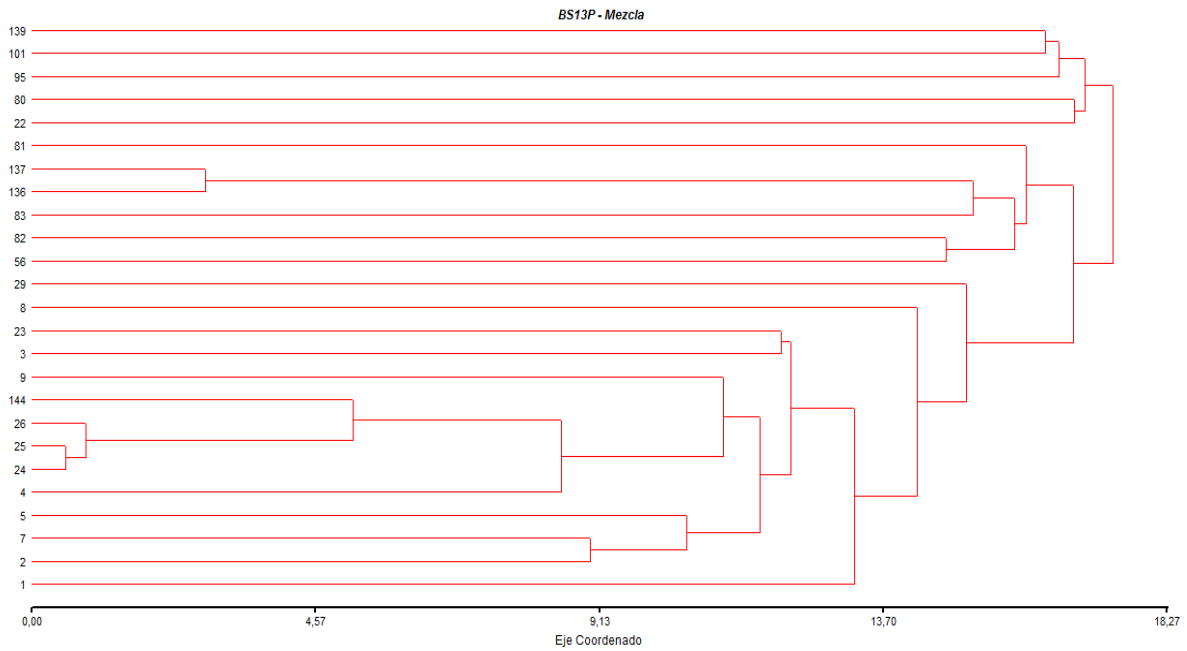
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (7/8)



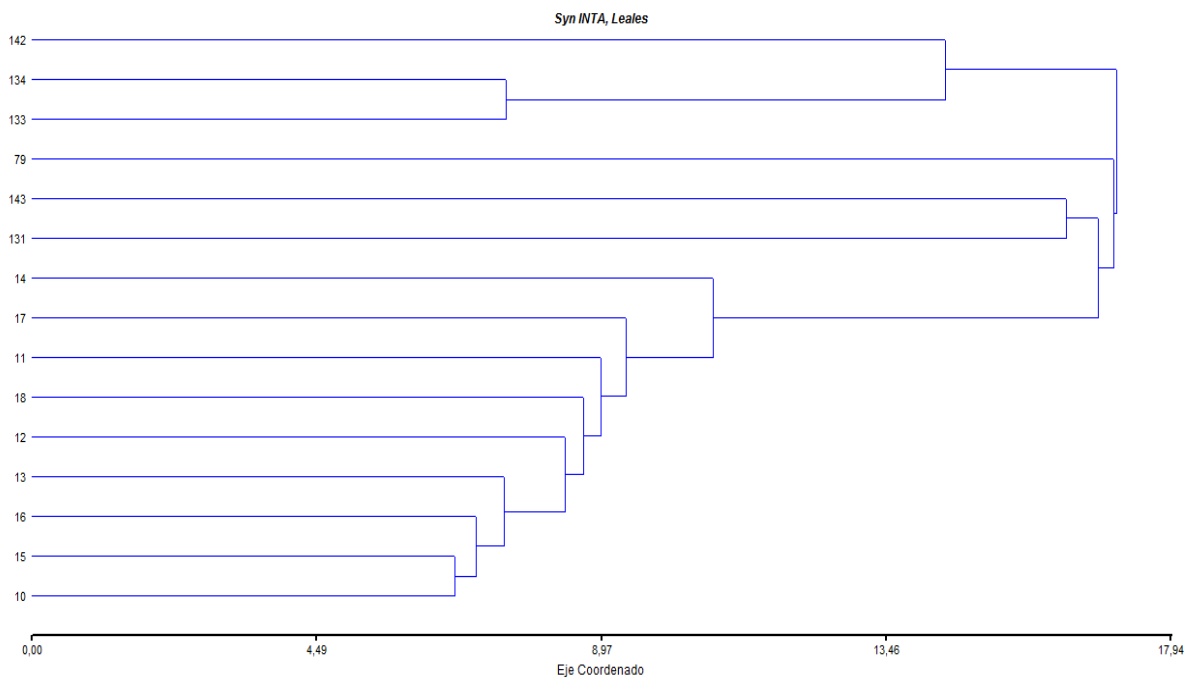
Anexo - Gráfico 2. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 250 SNP (8/8)



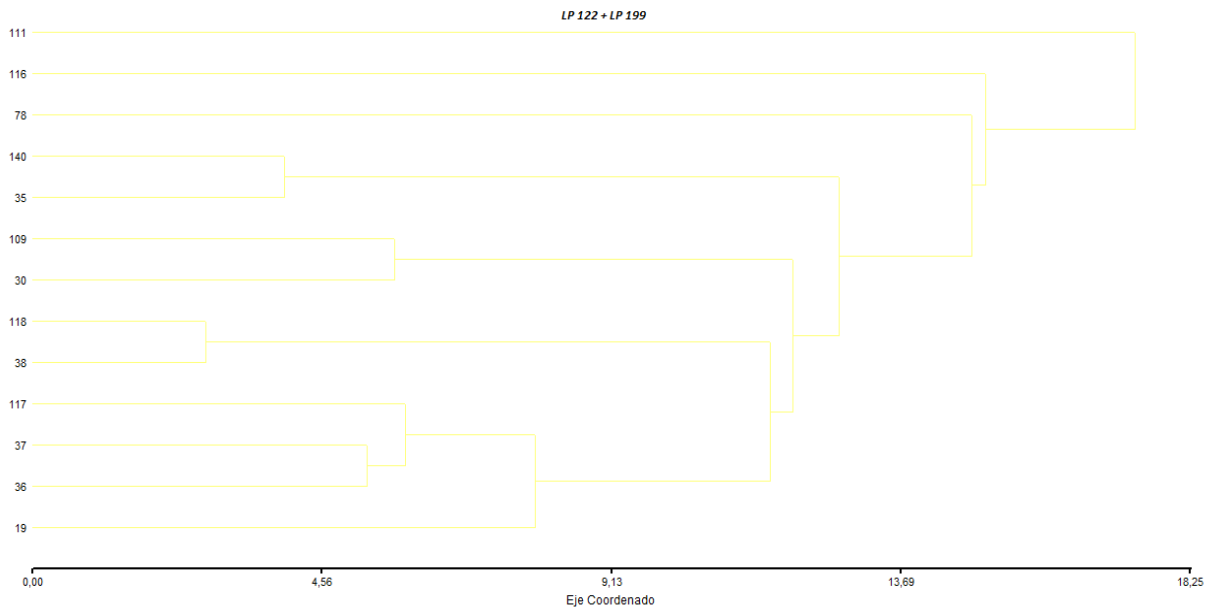
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (1/8)



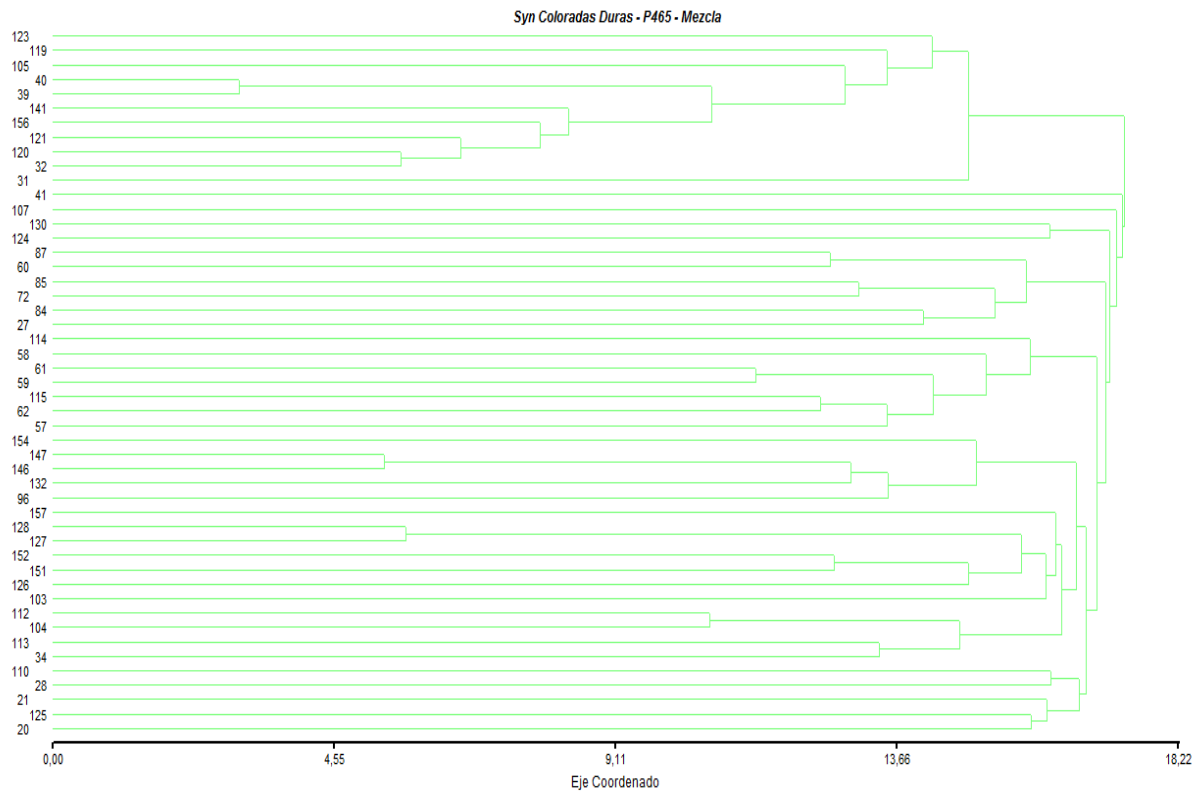
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (2/8)



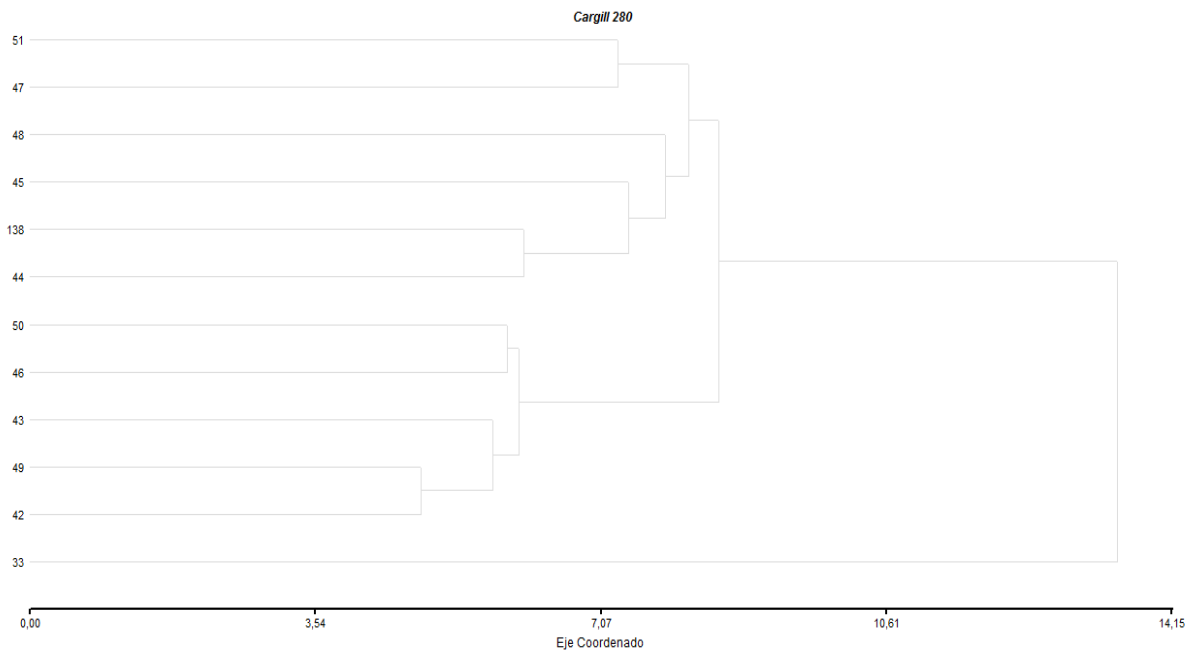
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (3/8)



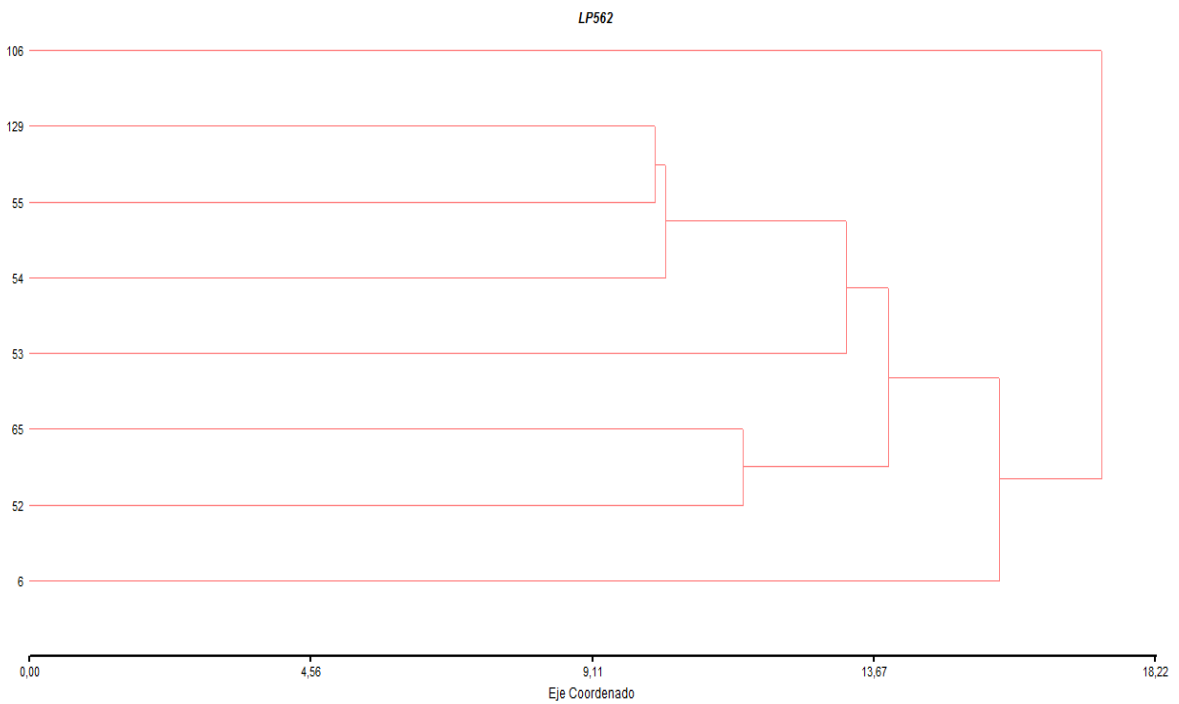
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (4/8)



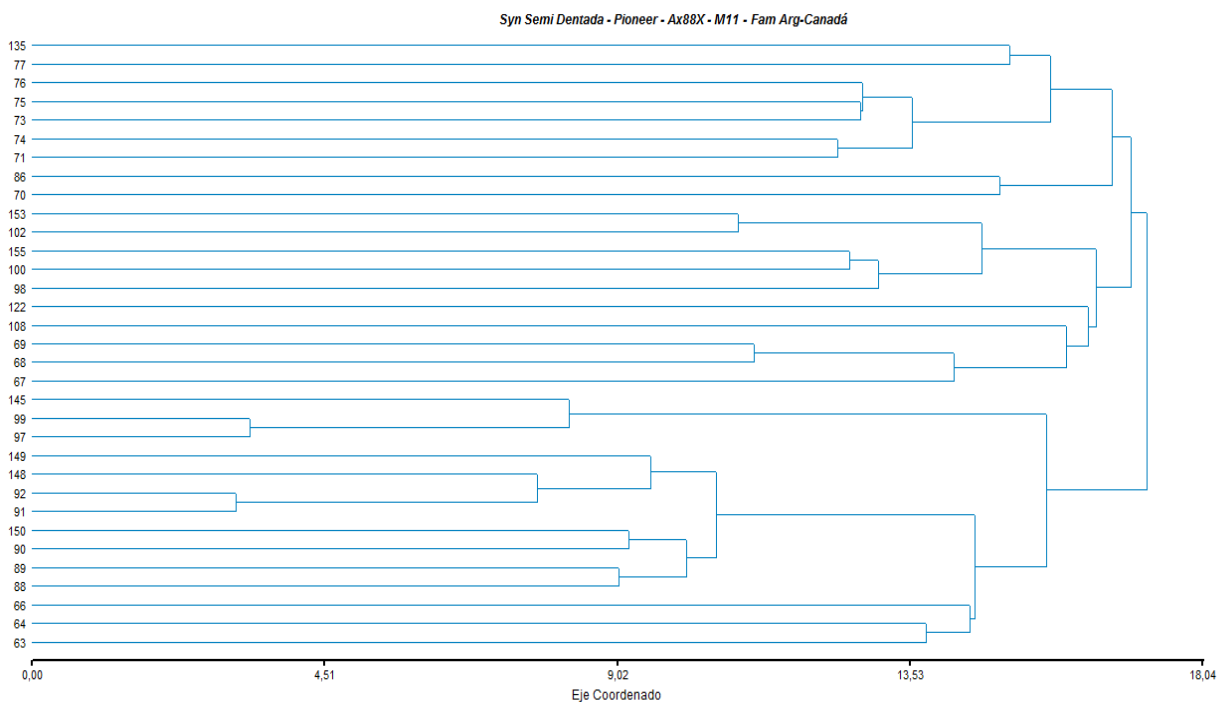
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (5/8)



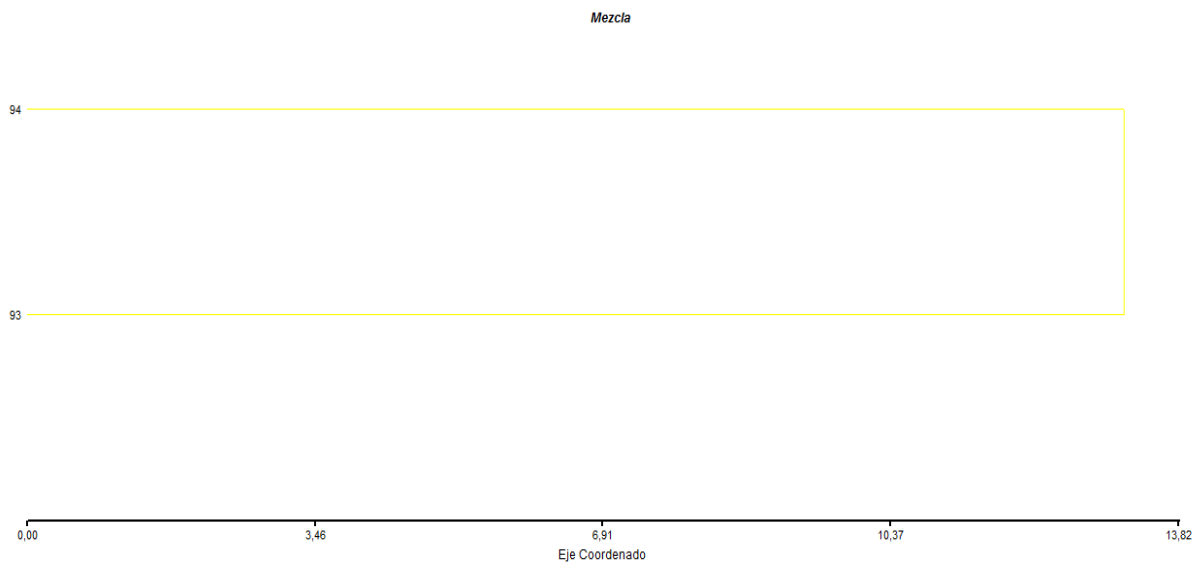
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (6/8)



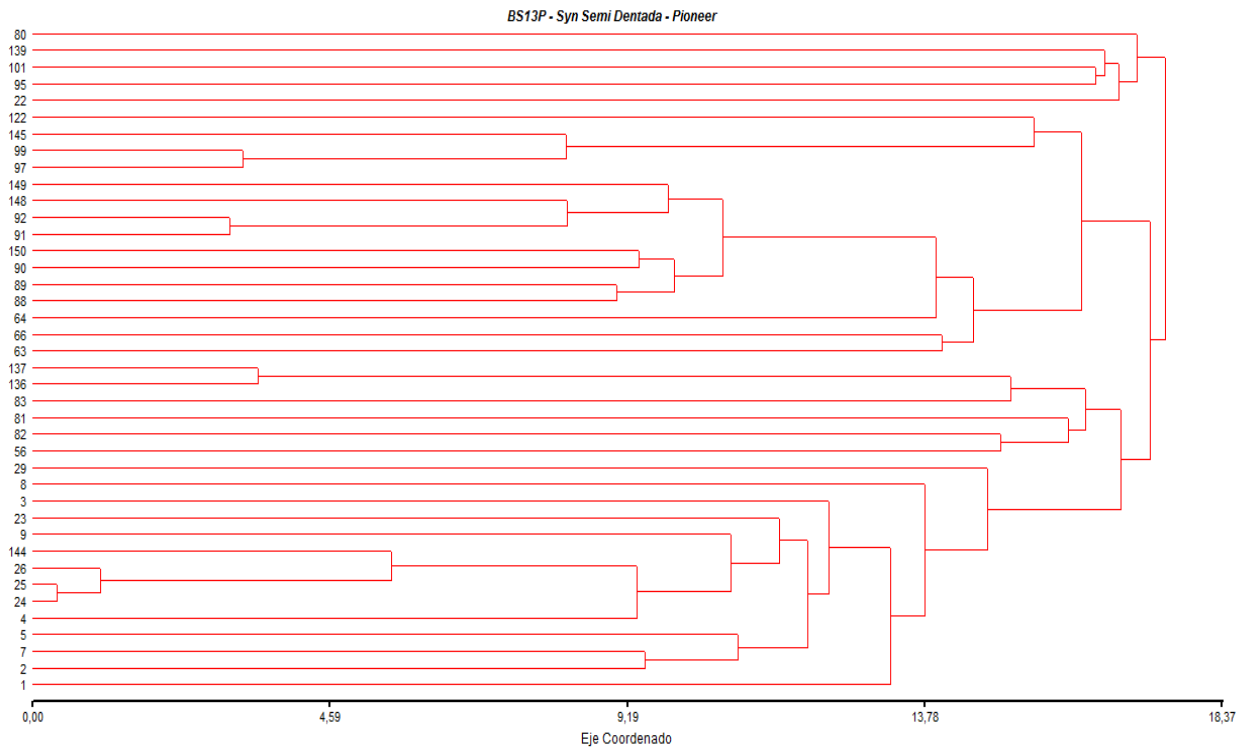
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (7/8)



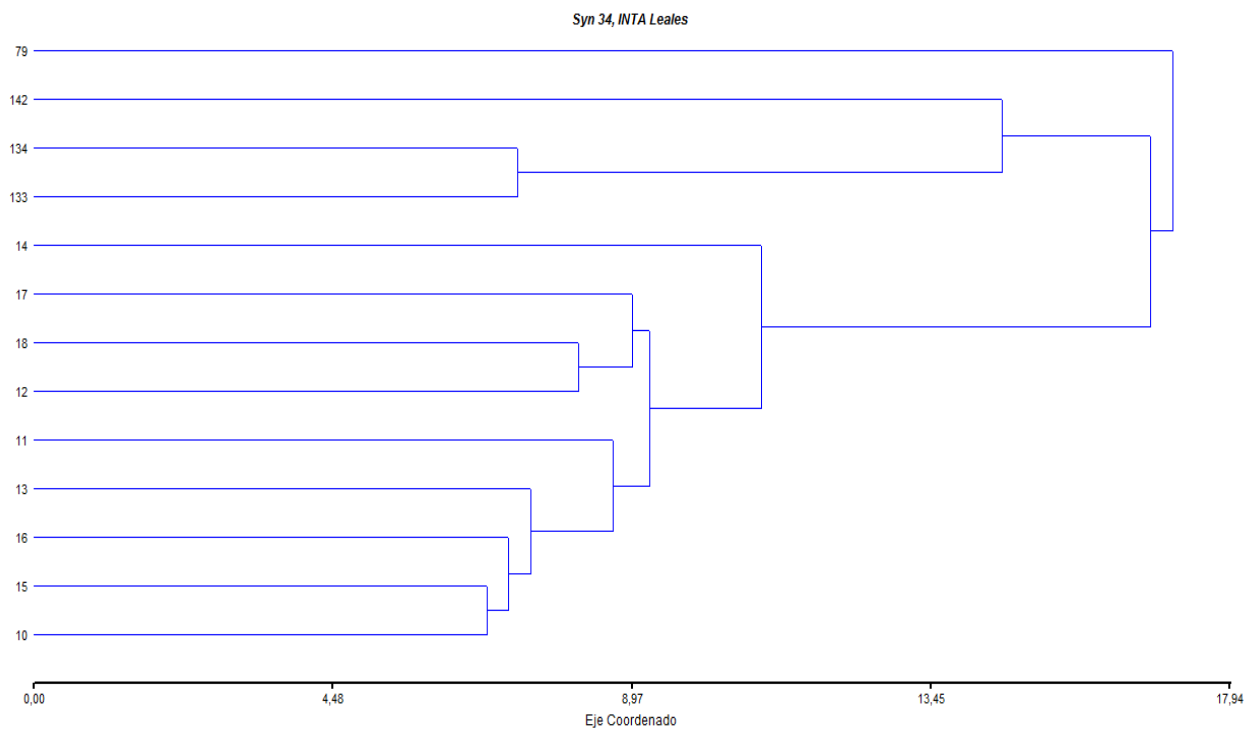
Anexo - Gráfico 3. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 500 SNP (8/8)



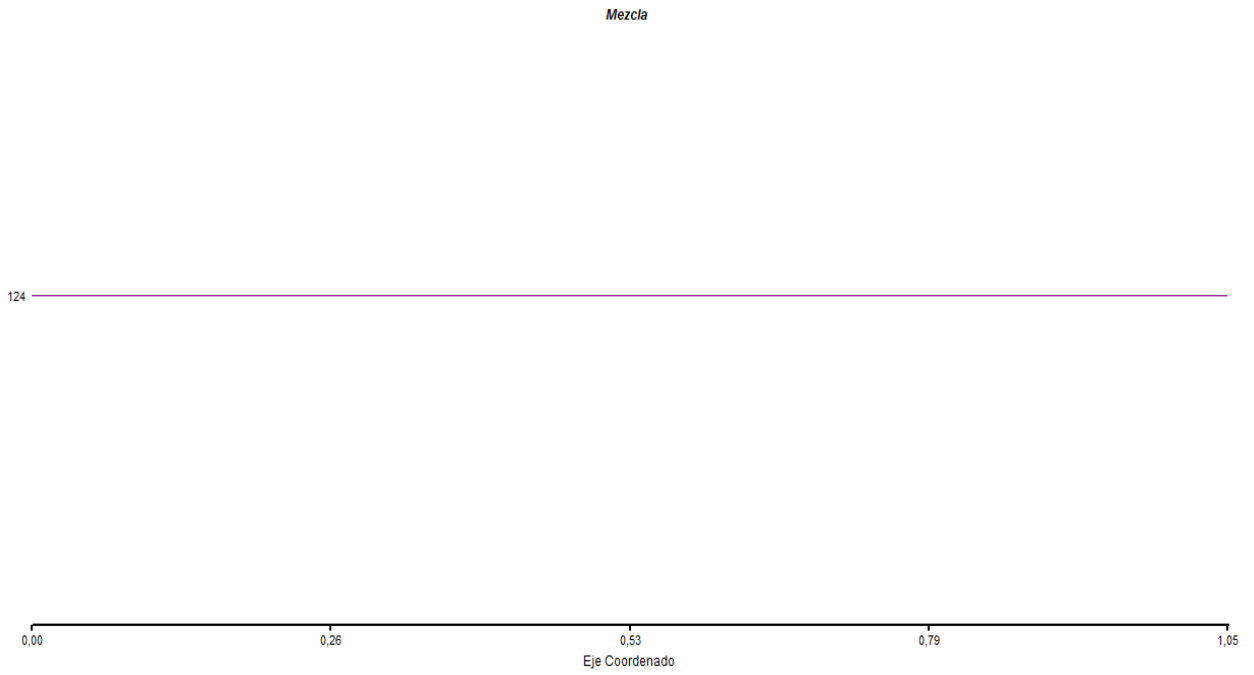
Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (1/8)



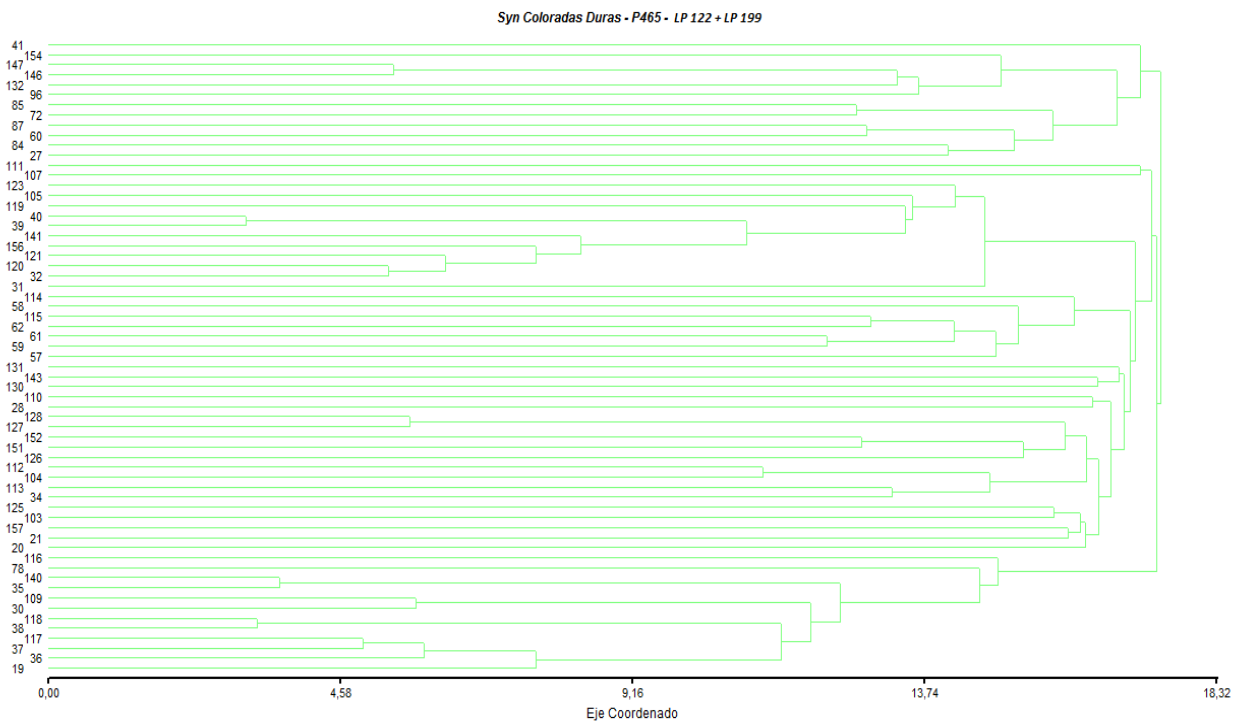
Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (2/8)



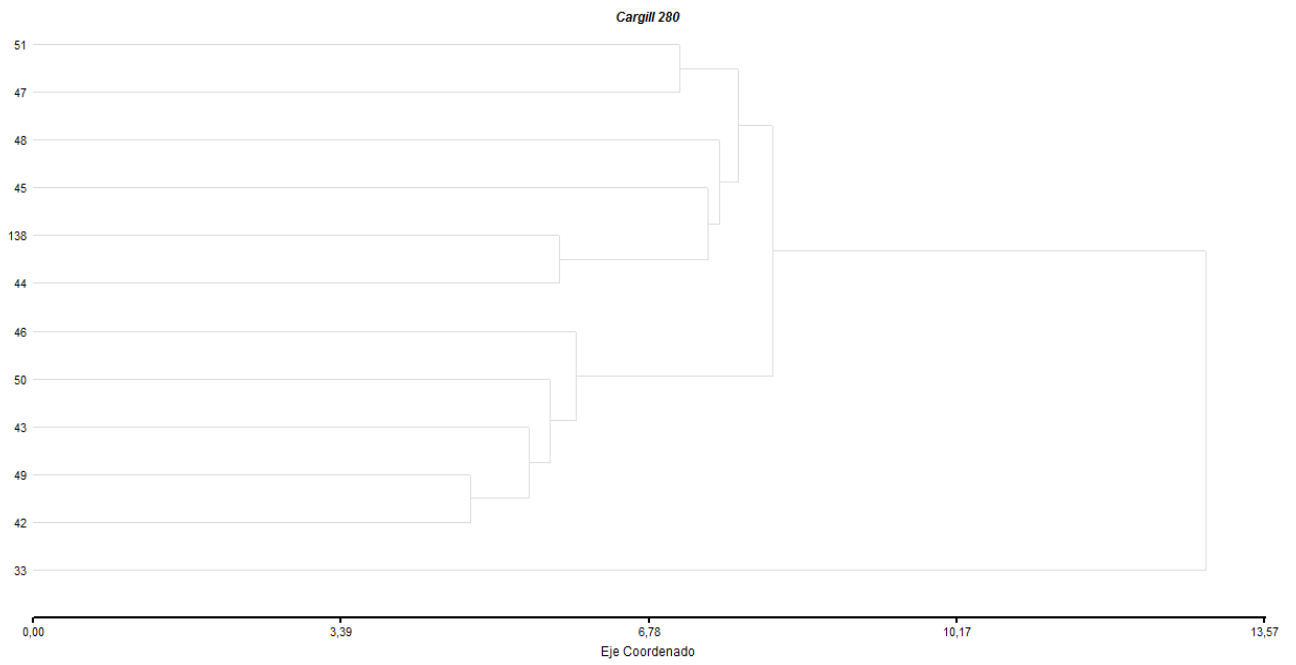
Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (3/8)



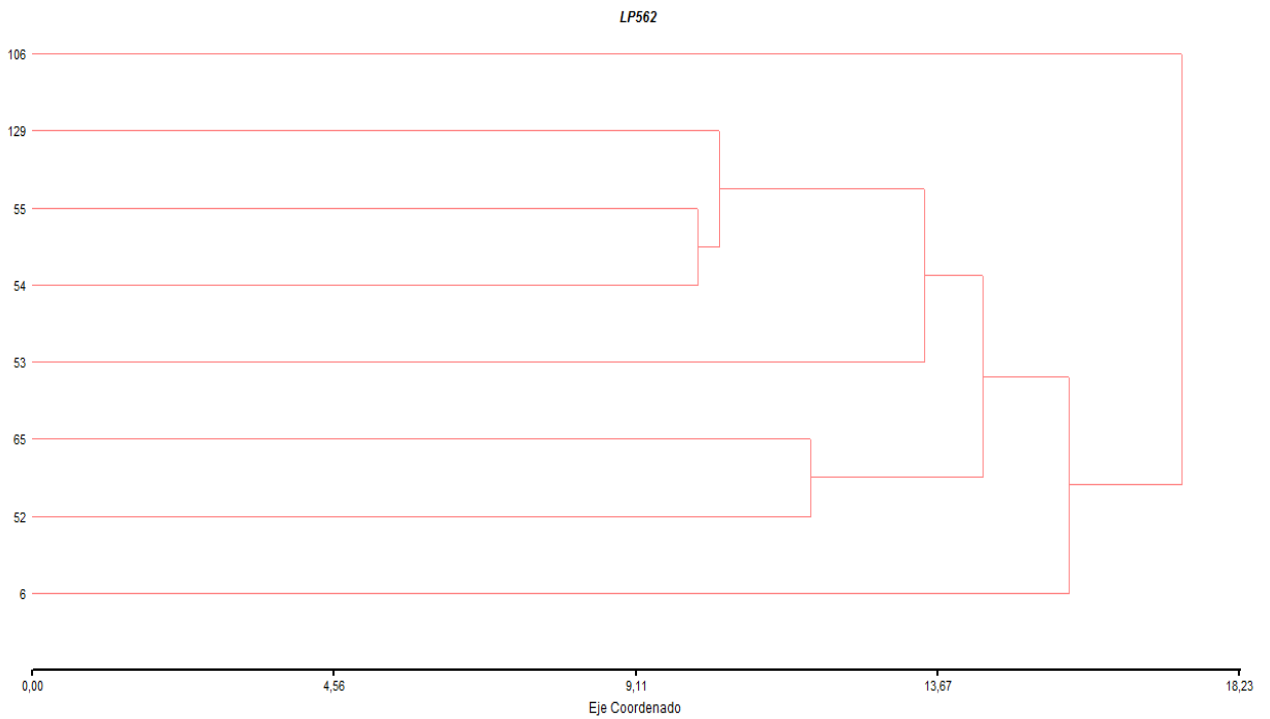
Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (4/8)



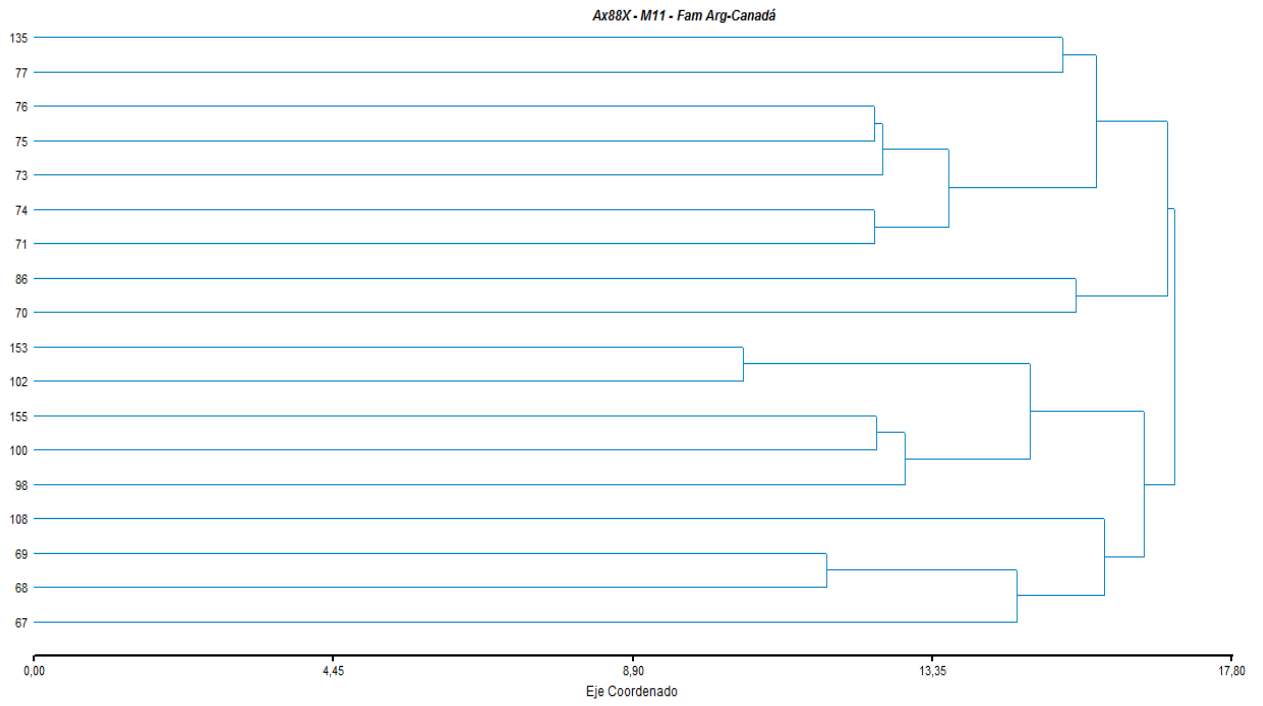
Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (5/8)



Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (6/8)



Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (7/8)



Anexo - Gráfico 4. Dendrograma paginado de la matriz de distancia genética generada a partir de 1000 SNP (8/8)

