**JoinMap Tutorial**

- Salvar o arquivo em .txt, o arquivo deve conter a seguinte estrutura:

|  |  |
| --- | --- |
| name=Grupo de ligação |  |
| popt=código da população (Ver manual) |  |
| nloc=nº de marcadores que se irá analisar |  |
| nind= nº de indivíduos |  |
| Nome dos marcadores | Dados genotípicos [AA-a; BB-b; AB-h; dados perdidos (-)] |

- Abrir o programa JoinMap e Clicar OK

- File – New project (Agora você dá um nome e salva o Novo projeto em algum lugar, pode ser na área de trabalho mesmo)

- File - Load Data (Procurar o arquivo .txt que você salvou – detalhe: quando a nova caixinha de procurar arquivo abrir, selecionar na parte inferior All files (\*.\*), para assim o seu arquivo em .txt aparecer) Abrir.

**OBS.:** Se algum **erro** acontecer agora, é porque o arquivo não está configurado corretamente. Se estiver tudo correto você vai ver um resumo dos seus dados com o nome do arquivo, número de loci, número de plantas, etc..

- Clicar em Grouping (tree) no seu lado esquerdo e em seguida Calculate (na parte superior do programa). Aparecerão uns números como resultado. Daí você clica nesses números com o botão direito do mouse. (Esses números representam o número de grupos formados).

- Clicar em Population, depois em Create Groups Using the Grouping Tree (na parte superior do programa). Agora algumas novas informações aparecerão. No seu lado esquerdo, Clicar num quadrado amarelo com pontos pretos escrito Group 1;

- Clicar em Group, depois em Calculate Map (na parte superior do programa). Para ver o mapa Clicar no lado esquerdo em um mapa de cor Rosa, que aparecer logo abaixo do Group 1.

Para Salvar o mapa: Como não temos licença do JoinMap, não podemos salvar ou exportar os dados das análises. Sendo assim, deve-se fazer PrintScreen da tela para salvar os dados das distâncias.

Salvar as informações geradas no Grouping 1 (localizado acima do Group 1), pois é nesse local que poderemos identificar quais marcadores são idênticos, uma vez que o programa irá mostrar no arquivo final apenas as distâncias de um marcador de cada grupo de marcador idêntico, sendo essa informação necessária para posterior organização dos dados de distância.