

Создание картирующих популяций и принцип построения генетических карт

14 марта, 2023

Гены, определяющие сроки перехода к колошению у пшеницы и ячменя



25% - *Ppd*

Фотопериод



70% - *Vrn*

Яровизация



(Stelmakh, 1984)

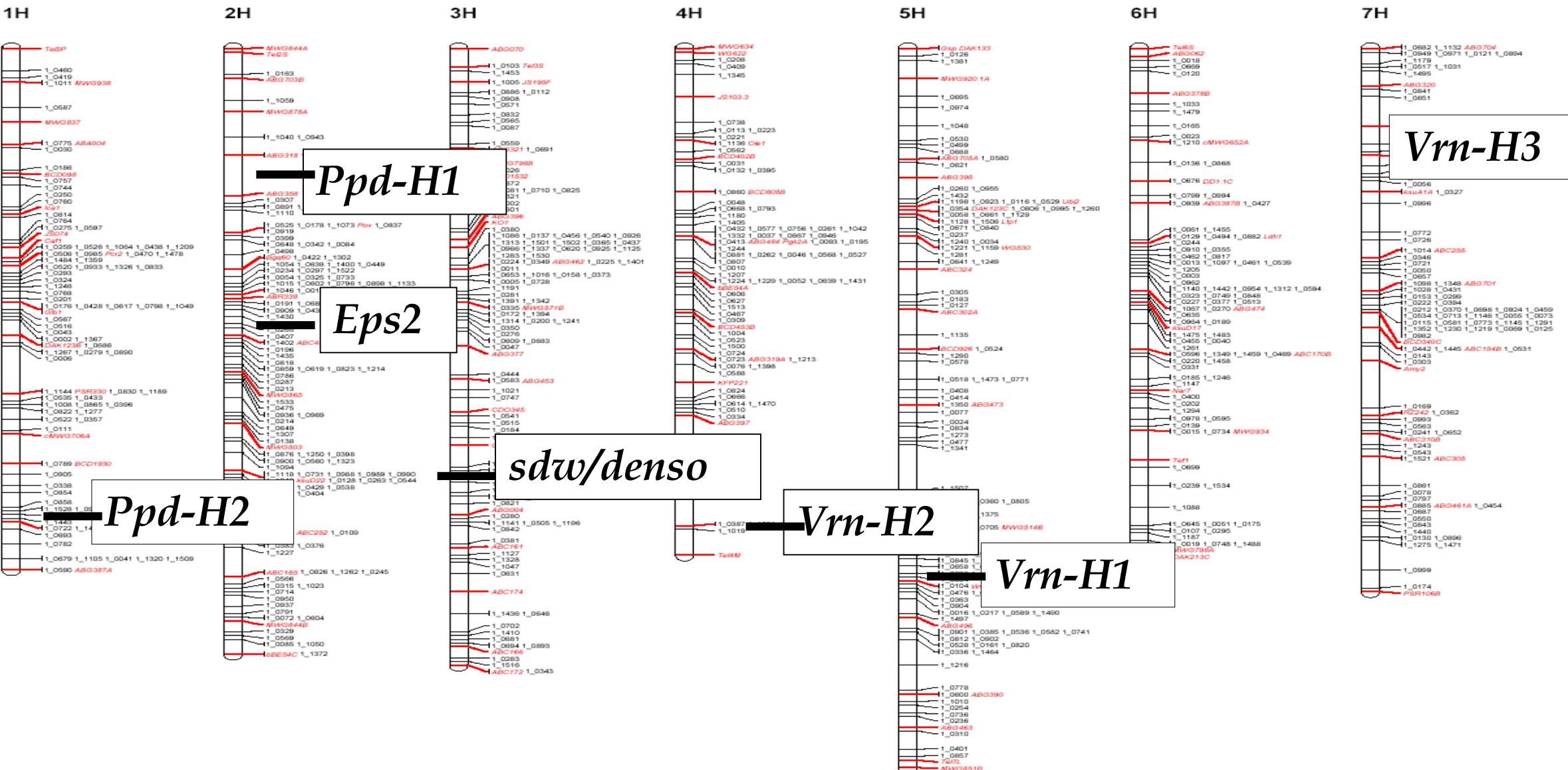
5% - *eps*

Earliness per se



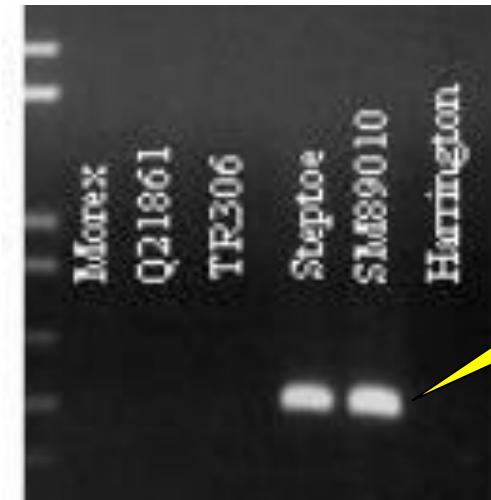
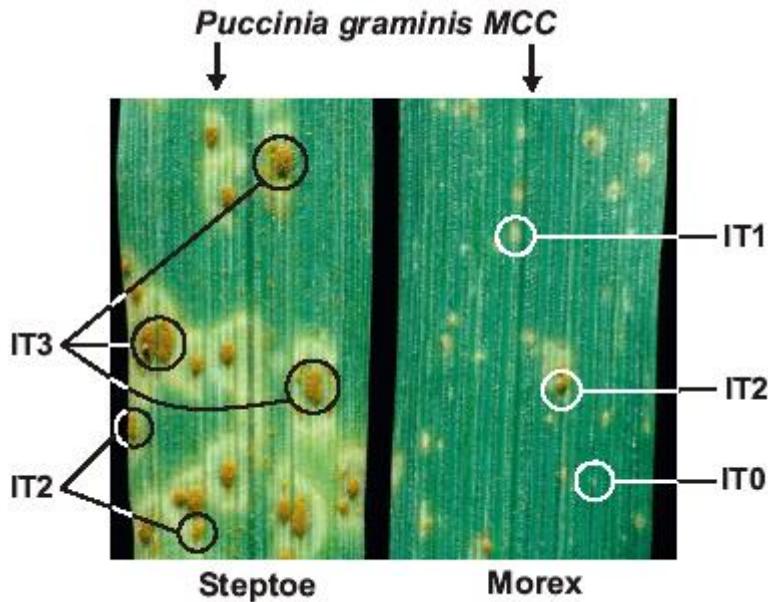
Galleon/Haruna Nijo DH progeny segregation (Pushkin, 2011)

Идентифицированные гены, влияющие на продолжительность вегетационного периода у ячменя



Стеблевая ржавчина ячменя (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) *Rpg1* (Brueggeman *et al.*, 2002)

MorexIGIAIAIAIGCCACCAGAAIACACAGIAAACGGCIAAICACACAICAG---IAAIGIAIIICAGICIGGG....
SteptoeIGIAIAIAIGCCACCAGAAIACACAGIAAACGGCIAAICACACAICAGIIIIAAIGIAIIICAGICIGGG....



SCAR
marker

Sequence
Amplified
Characterized
Region

Exon 6 start
→ RPG1RF → CGGCIAAICACAICAAG ___ TAA
ResistantIGIAIAIAIGCCACCAGAAIACACAGIAAACGGCIAAICACACAICAG---IAAIGIAIIICAGICIGGG....
Susceptible....IGIAIAIAIGCCACCAGAAIACACAGIAAACGGCIAAICACACAICAGIIIIAAIGIAIIICAGICIGGG....
RPG1SF → GGCIAAICACAICAAGGII

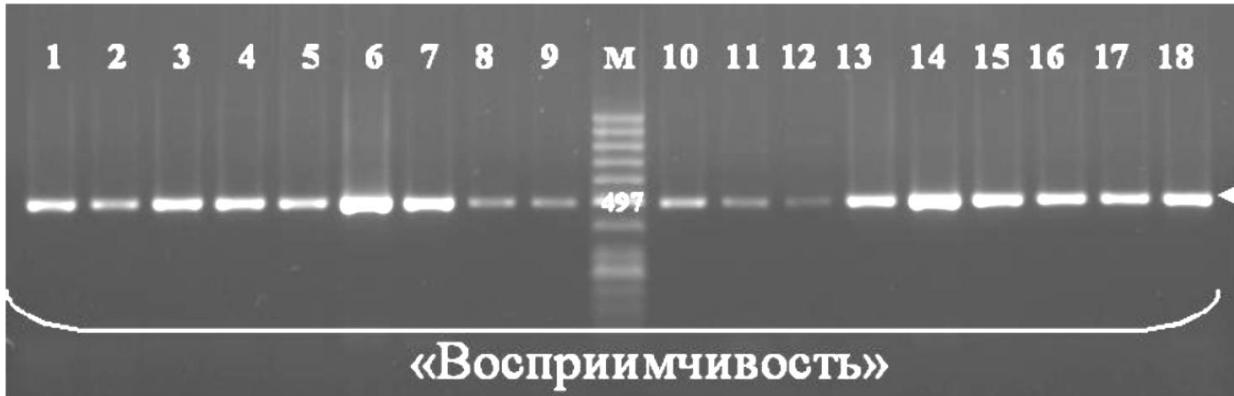
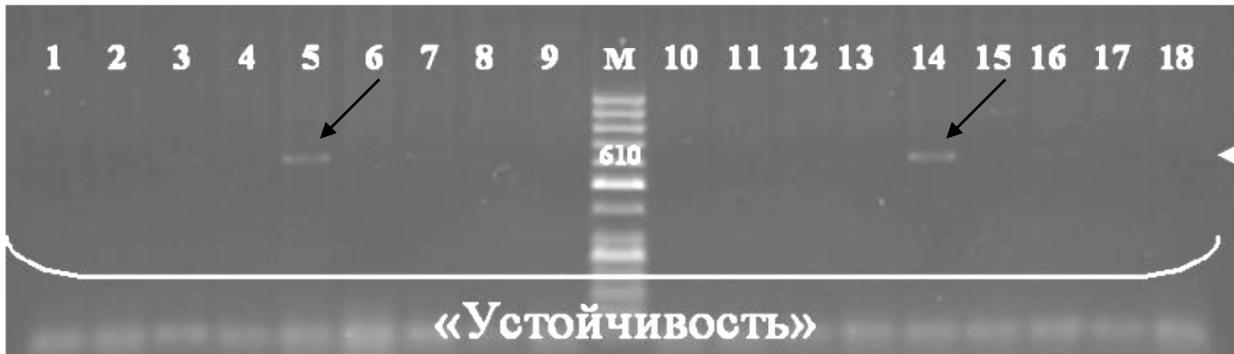
Стеблевая ржавчина ячменя (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*)

Rpg1 (Brueggeman *et al.*, 2002)

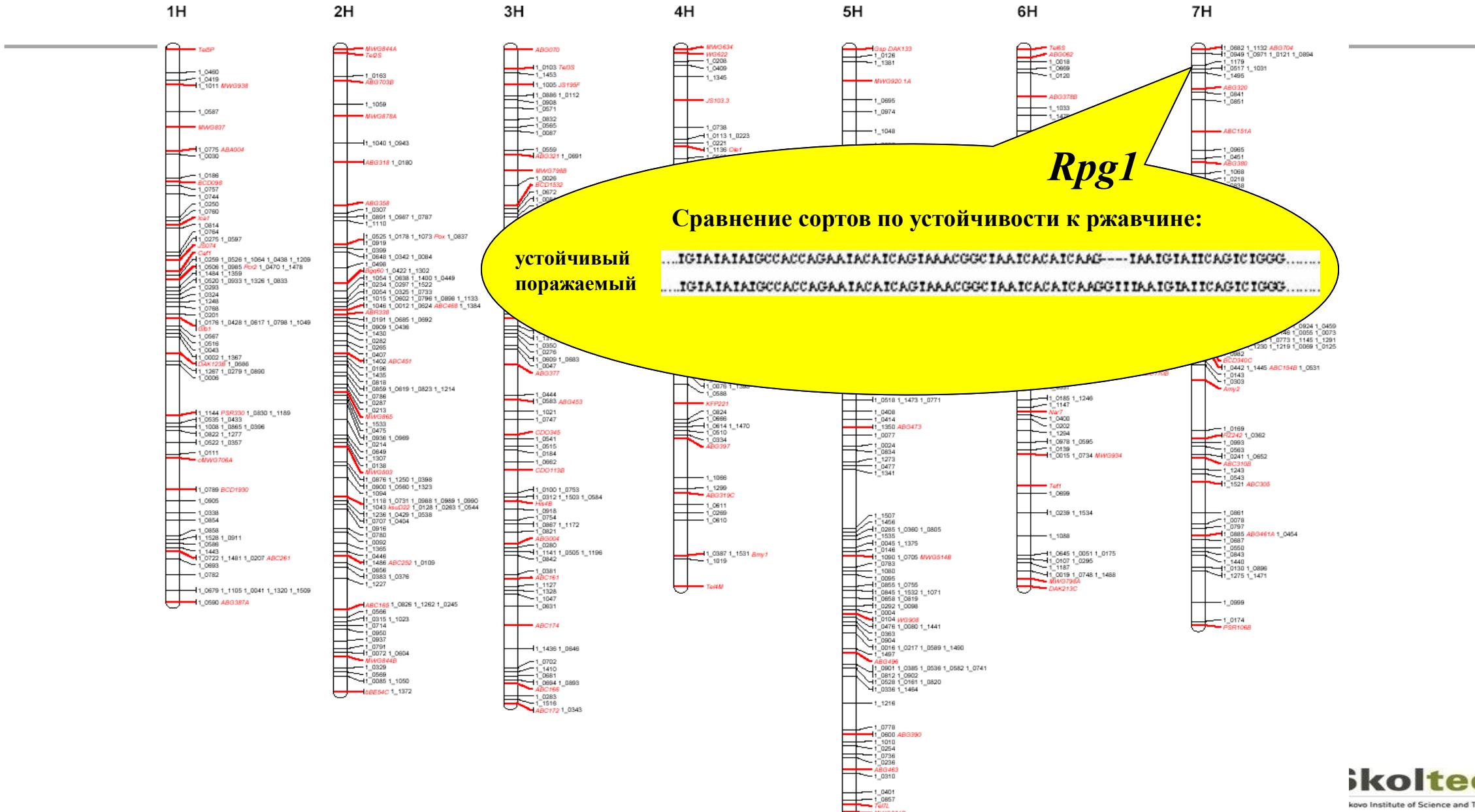


Таблица 2. Выявленные аллели генов *Ppd-H1* и *Rpg1* у проанализированных сортов ячменя*

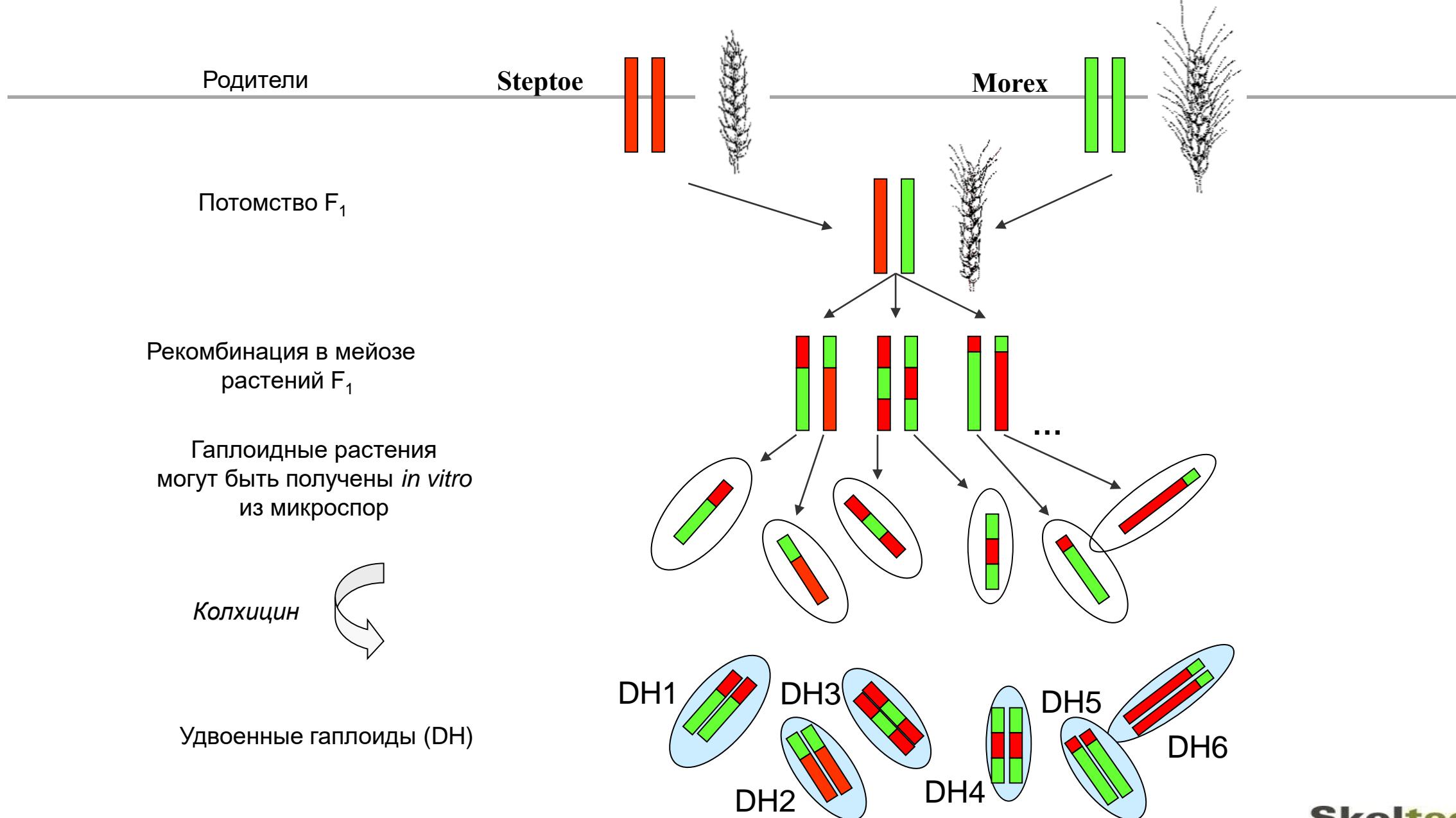
Название сорта, линии	№ каталога ВИР	Происхождение	<i>Ppd-H1</i>	<i>Rpg1</i>
Суздалец	30314	Московск. обл.	R	R
Родник Прикамья	31077	Кировская обл.	R	R
774-04	пр. 7985	Кировская обл.	R	R
Анакин	пр. 8004	Дания	R	R
Posada	пр. 8005	Германия	R	R
Себастьян	пр.7980	Чехия	R	R
Ворсинский 2	31109	Алтайск. НИИСХ	R	R
Хомо	31147	Беларусь	R	R
Магутны	31149	Беларусь	R	R
Одон	31118	Бурятия	R	R
Грейс	31126	Германия	R	R
Шармей	31127	Дания	R	R
Московский 86	31128	Московск. обл.	R	R
Белогорский	22089	Ленинградская обл.	R	DR
Чилл	31130	Германия	R	R
Чиор	пр. 8140	Канада	R	R
Ладны	пр. 8011	Беларусь	R	R



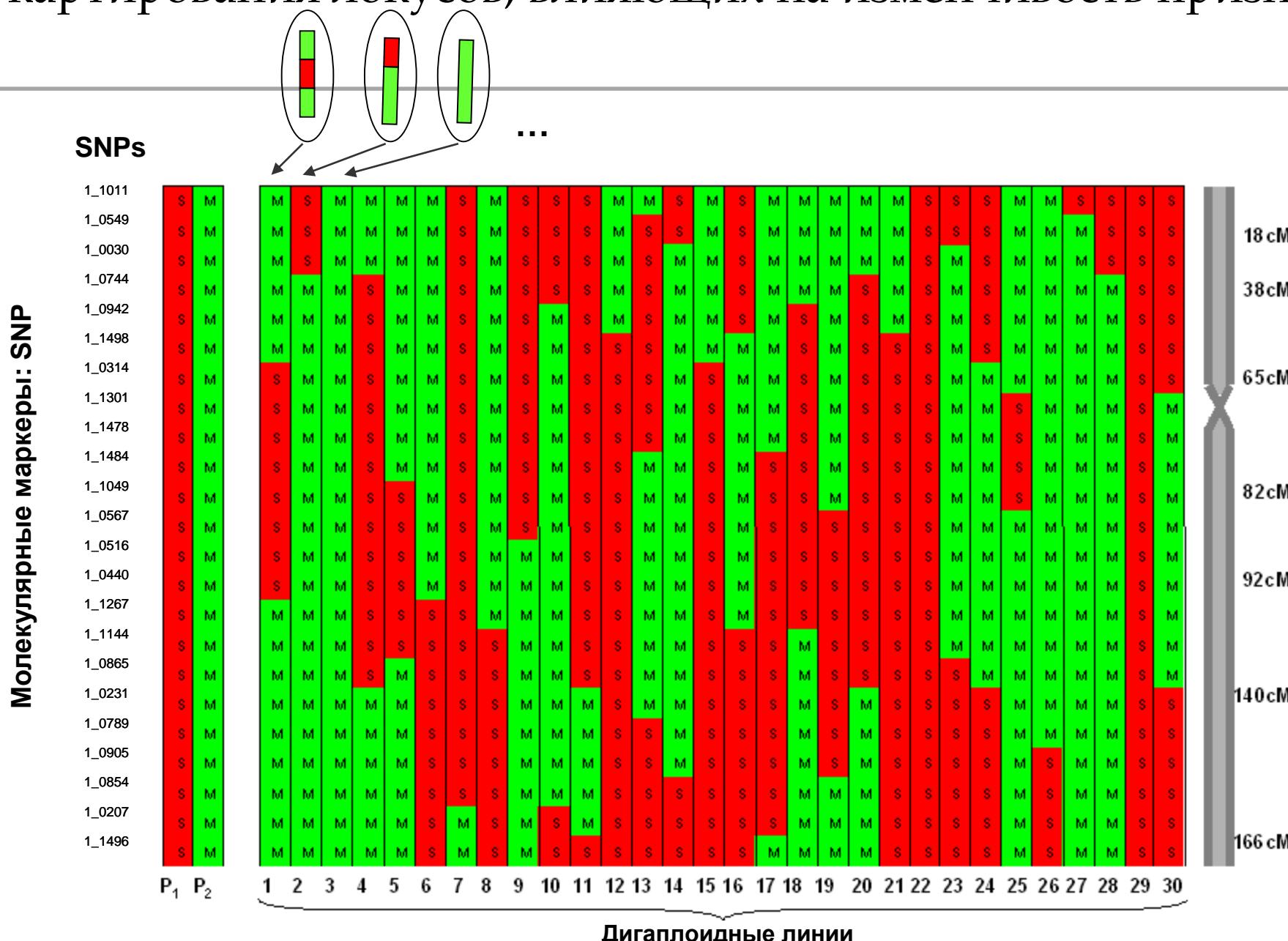
Ген устойчивости к стеблевой ржавчине у ячменя *Rpg1*
выделен на основе генетической карты (Brueggeman et al, 2002)



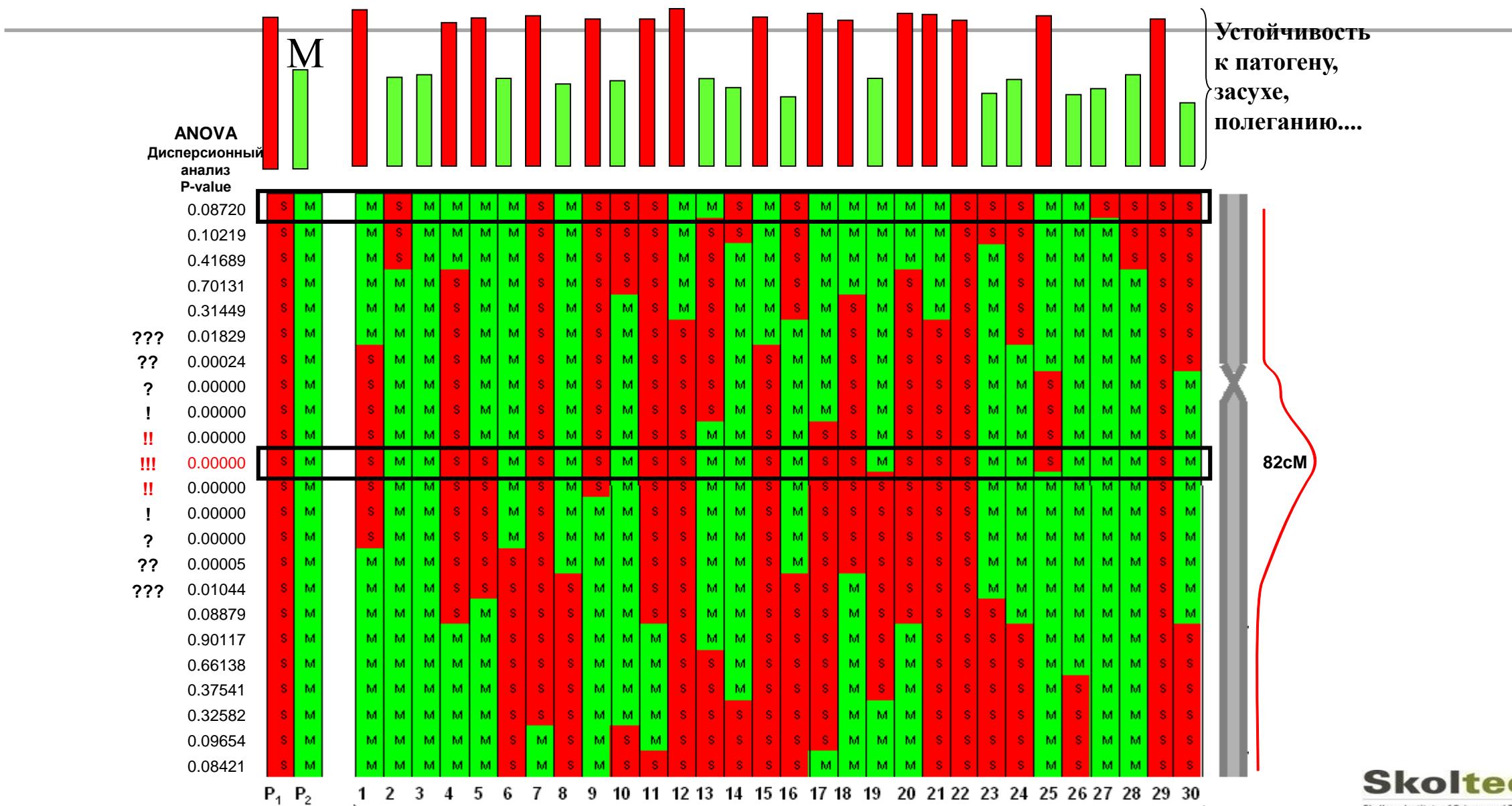
Инструмент для картирования генов – картирующая популяция



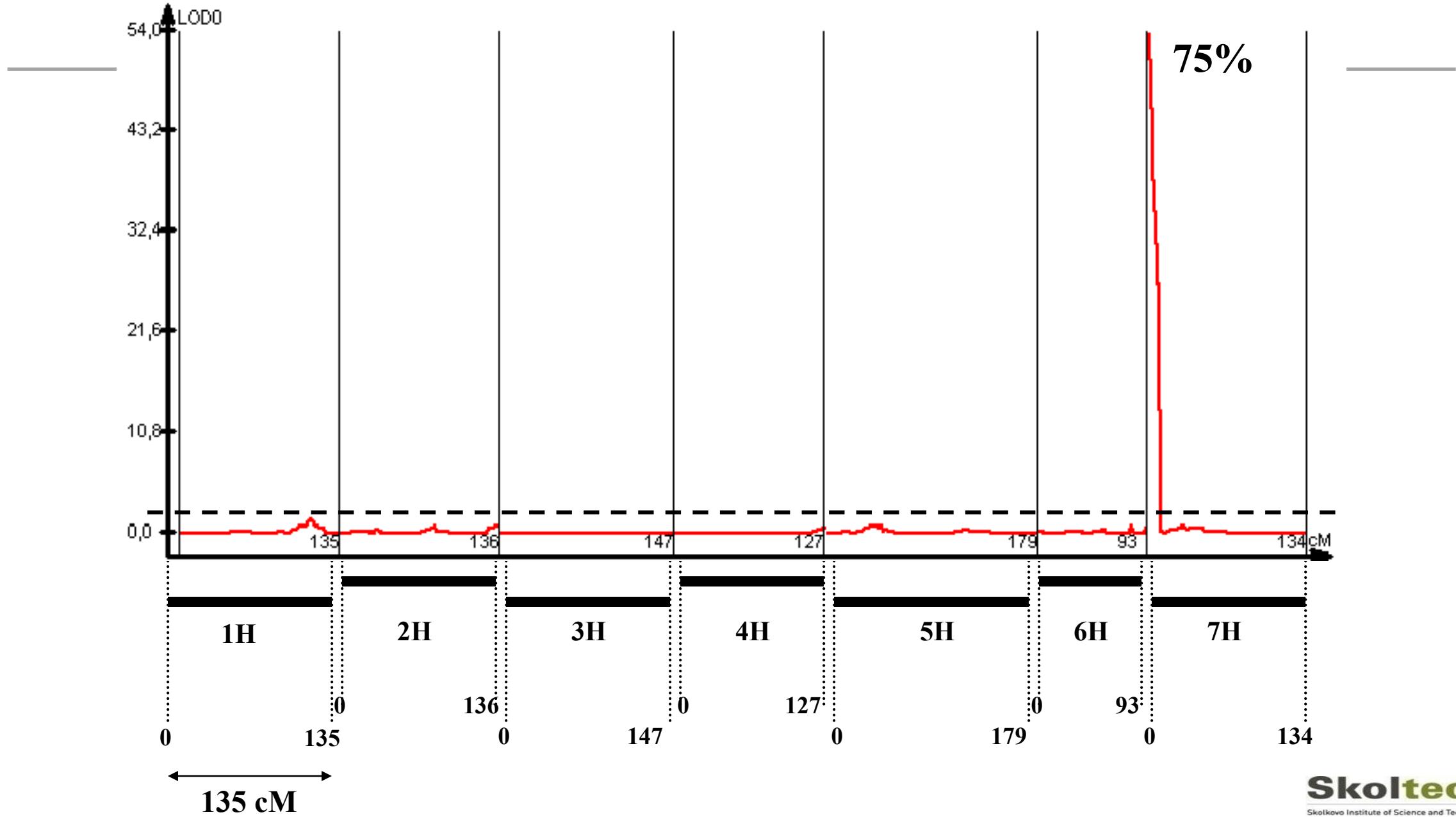
Принцип построения генетической карты и картирования локусов, влияющих на изменчивость признака



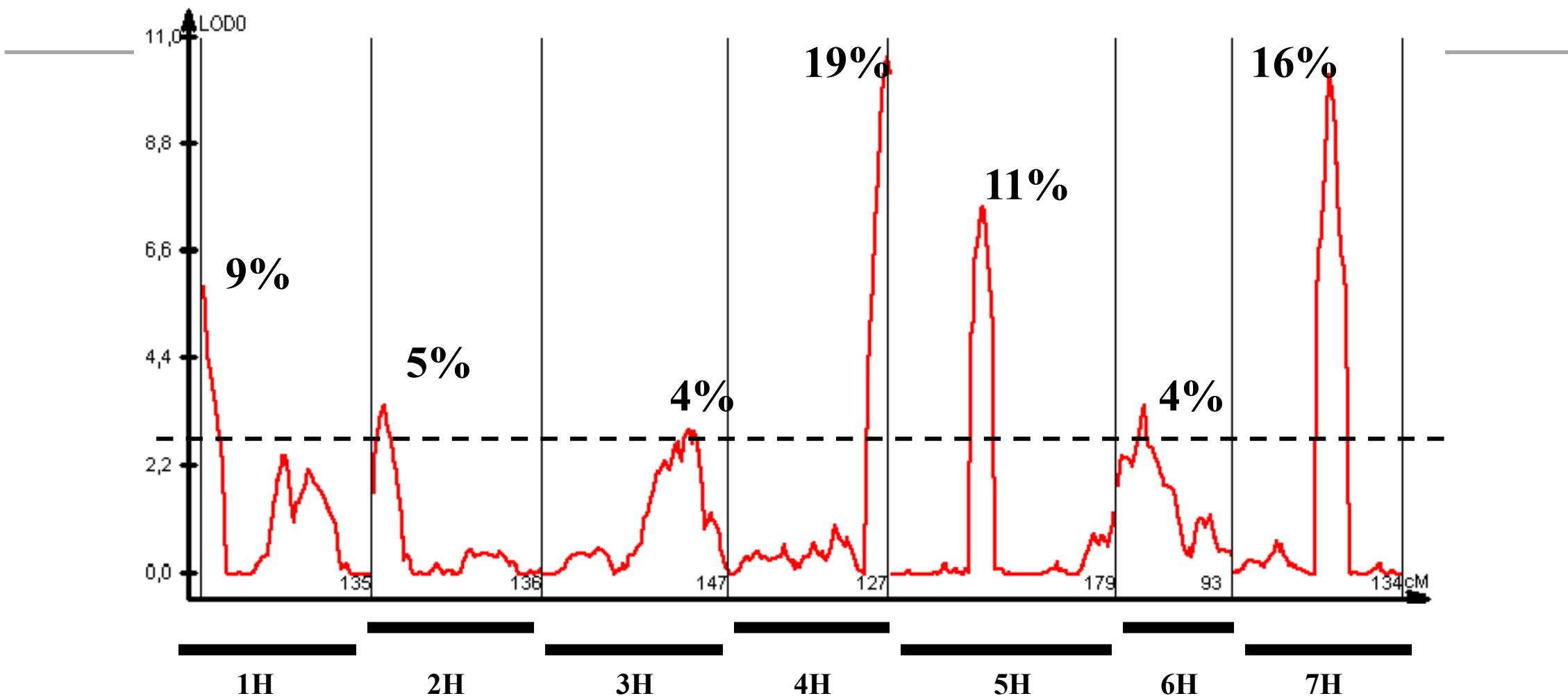
Принцип построения генетической карты и картирования локусов, влияющих на изменчивость признака S



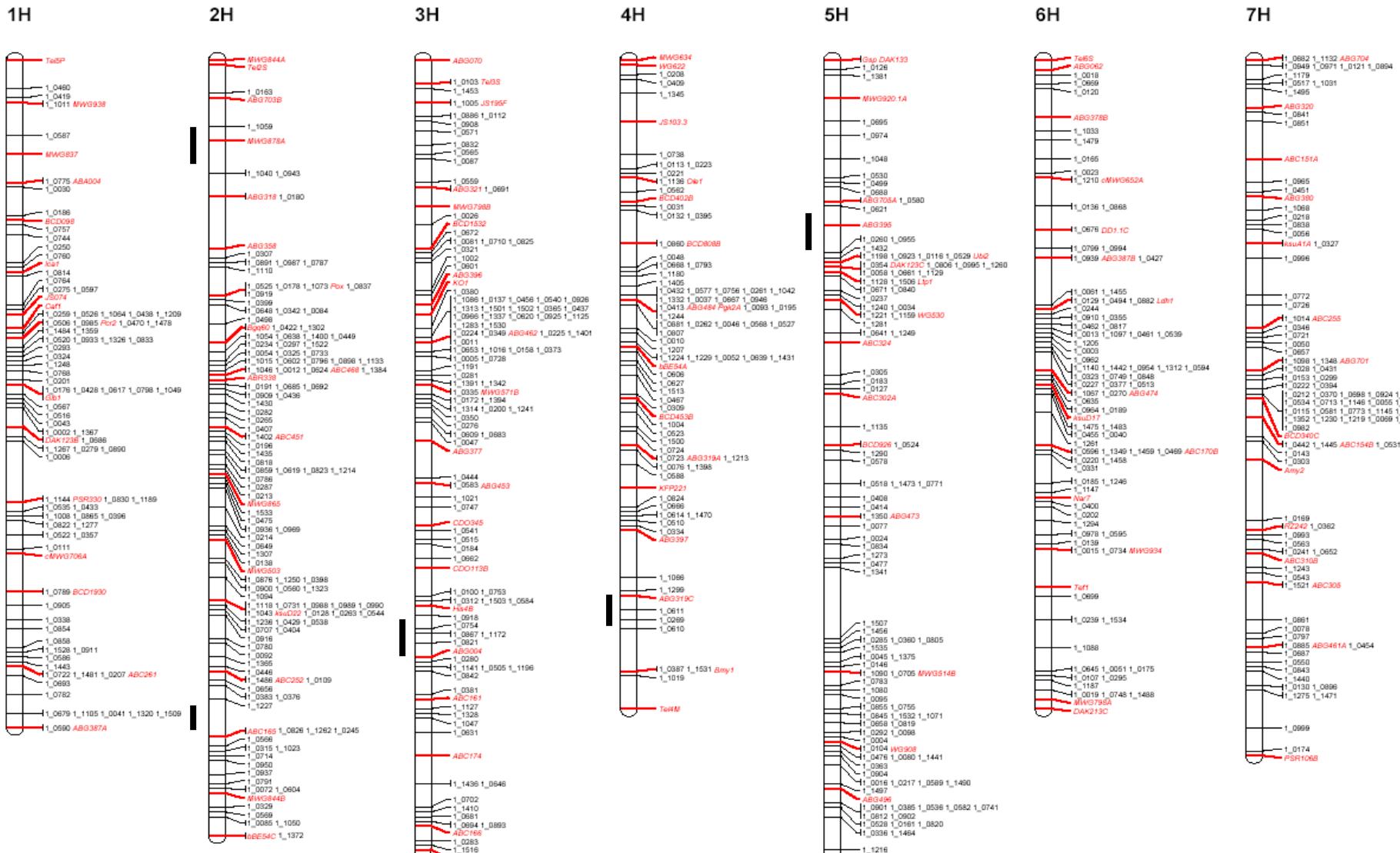
Картирование локуса устойчивости к стеблевой ржавчине у ячменя



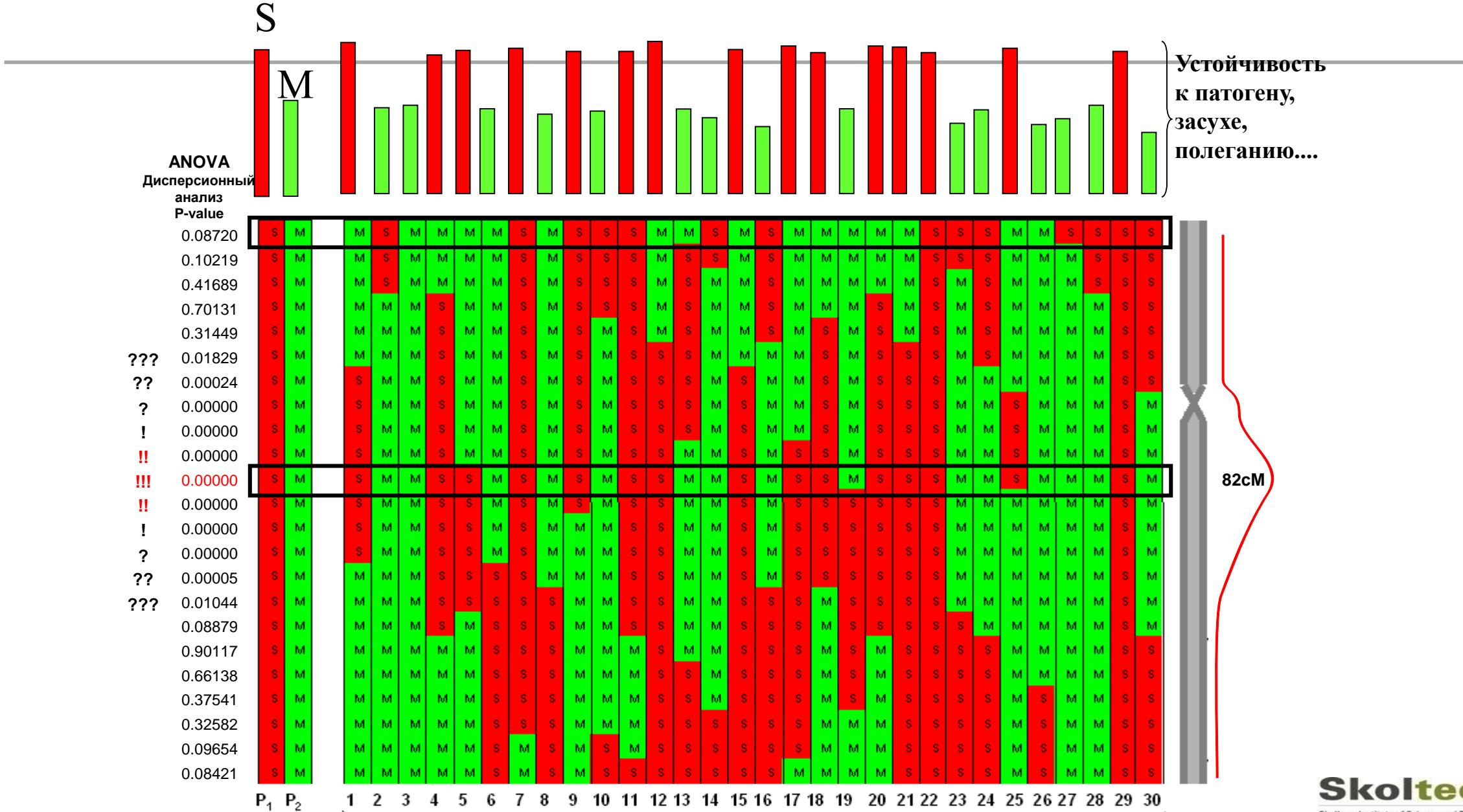
Картирование QTL (Quantitative Trait Loci) пивоваренного признака ячменя «диастатическая сила»



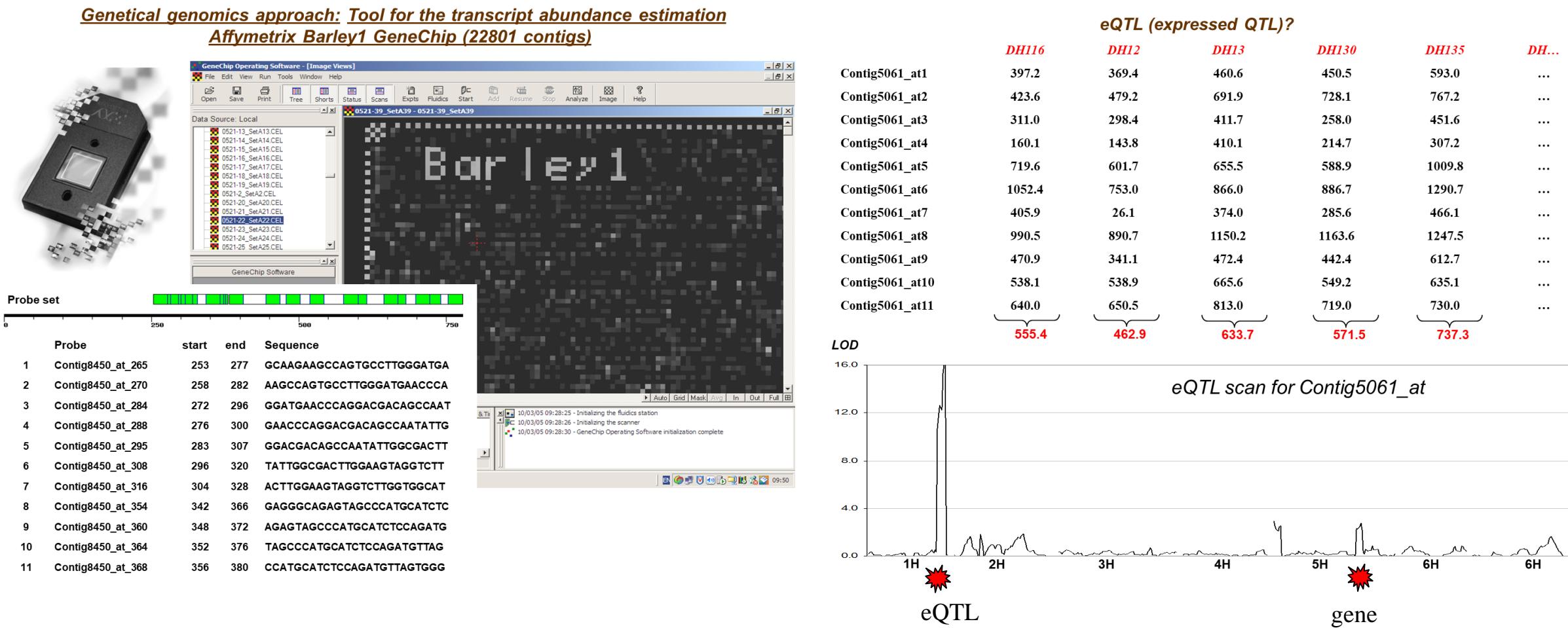
Генетические локусы (QTL), полиморфизм которых определяет различие по содержанию белка в семенах ячменя у высокобелкового сорта Steptoe и пивоваренного сорта Morex



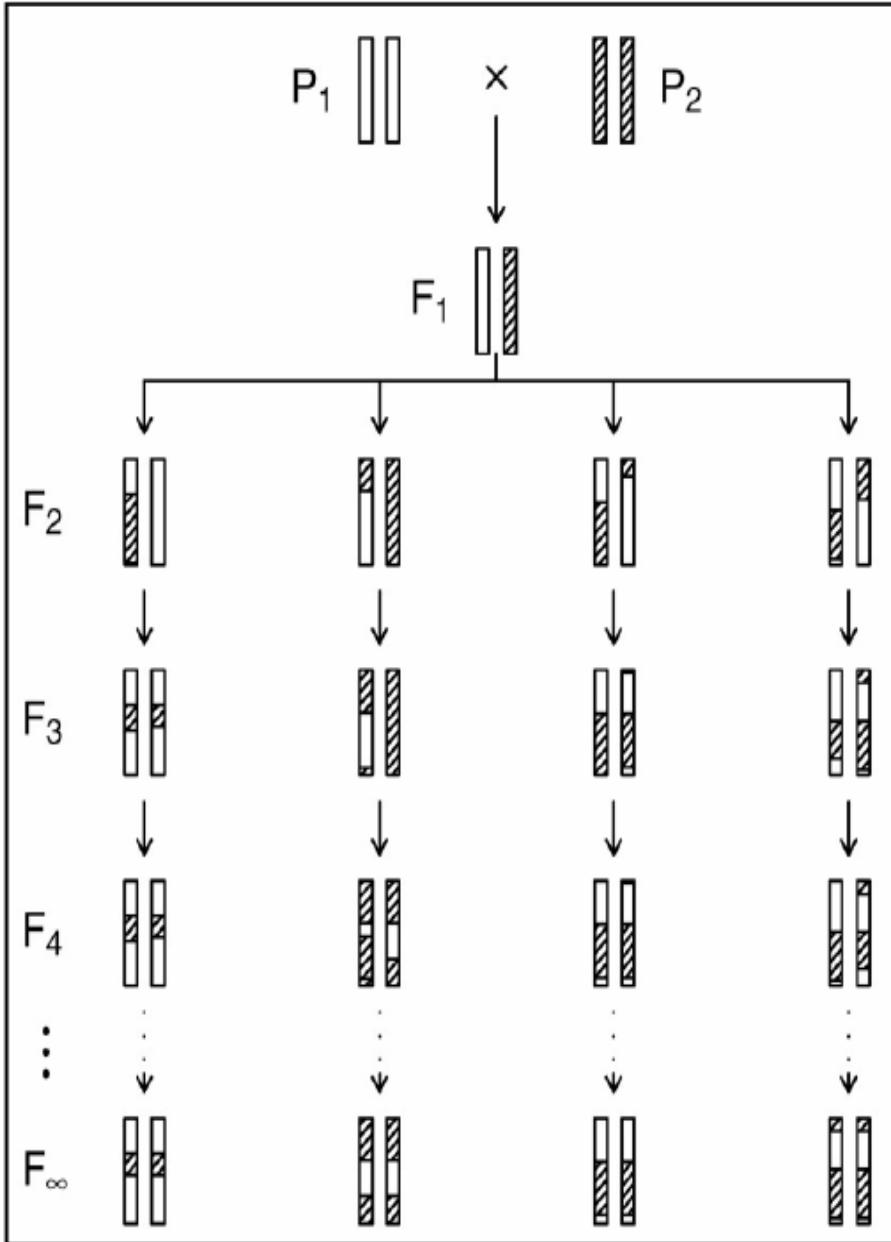
С помощью картирующей популяции можно идентифицировать локусы варьирования любых количественных признаков, например, экспрессии гена



Локусы, определяющие изменчивость экспрессии гена (expressedQTL, eQTL)



Создание рекомбинантных инбредных линий (Broman, 2004)



Скрещивание

Самоопыление

Отбор по единственному
семени с растения
в череде 5-7 поколений

Комбинации родительских
аллелей, унаследованные
линиями,
можно выявить
молекулярными маркерами

Если необходимо расположить m локусов в линейном порядке –
у нас есть $n=m!/2$ вариантов их размещения.

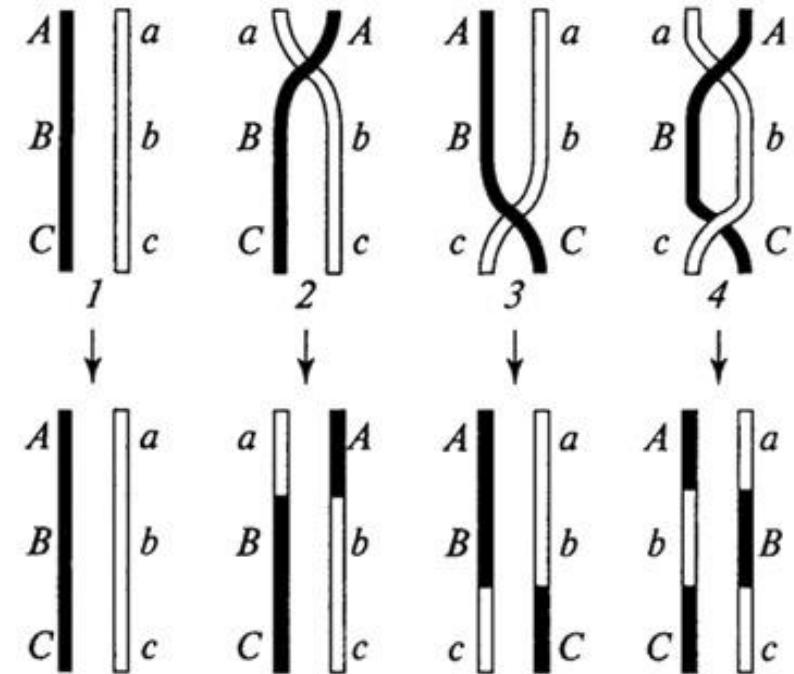
Какой вариант правильный?

m	n
2	1
3	3
4	12
5	60
6	360
7	2,520
8	20,160
9	181,440
10	1,814,400

→ AB

→ ABC, BCA, CAB

→ ABCD, BACD, CABD, DABC, ABDC ...



Гипотетическое скрещивание. Гены сцеплены

Желтый, гладкий, высокий

A B C

a b c

X

a c b

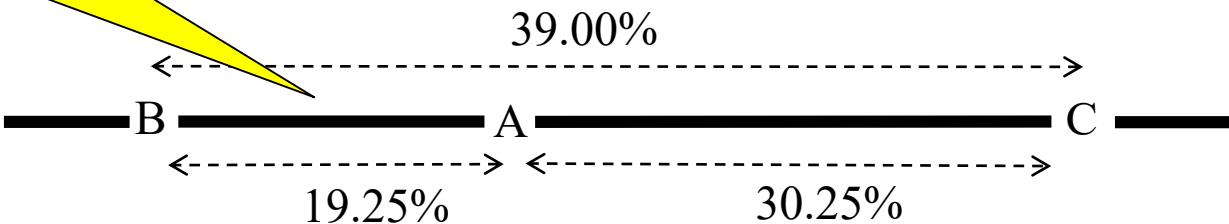
Зеленый, морщинистый, карликовый

Фенотипические классы		Генотипы F1	Количество растений
Желтый, гладкий, высокий	1	ABC/abc	103
Зеленый, морщинистый, карликовый		abc/abc	120
Желтый, гладкий, карликовый	2	ABc/abc	51
...		abC/abc	49
...	3	Abc/abc	14
		aBC/abc	7
Вывод 1: Порядок расположения локусов: B – A – C	4	AbC/abc	24
		aBc/abc	32
		Total	400

$$R_{A-B} = (14+7+24+32)/400 = 0.1925$$

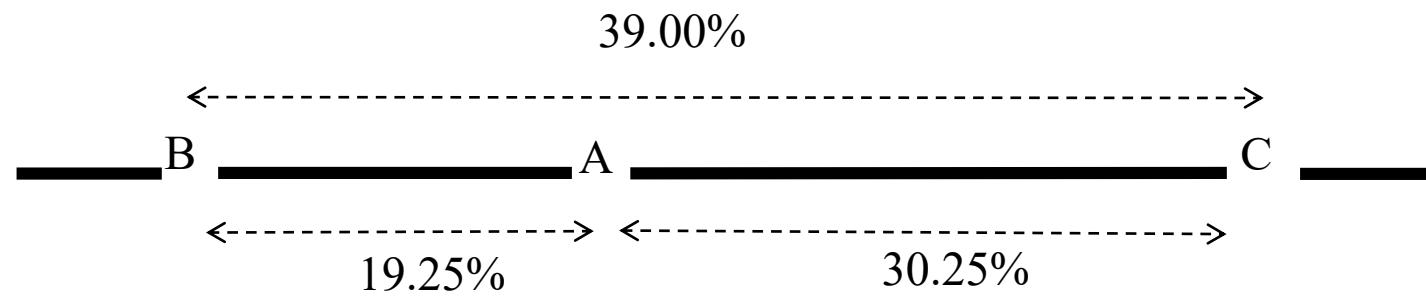
$$R_{A-C} = (51+49+14+7)/400 = 0.3025$$

$$R_{B-C} = (51+49+24+32)/400 = 0.3900$$

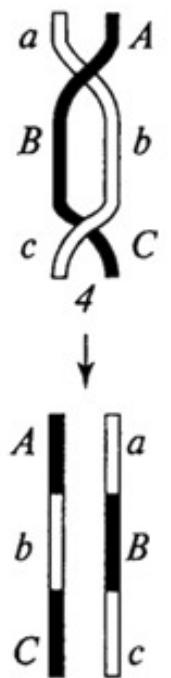


Частоты рекомбинации между «соседними» локусами нельзя суммировать

- Частота рекомбинации = процент рекомбинантов от общего числа гамет
- $R_{AC} \neq R_{AB} + R_{BC}$



$$19.25 + 30.25 = 49.50 \neq 39.00$$

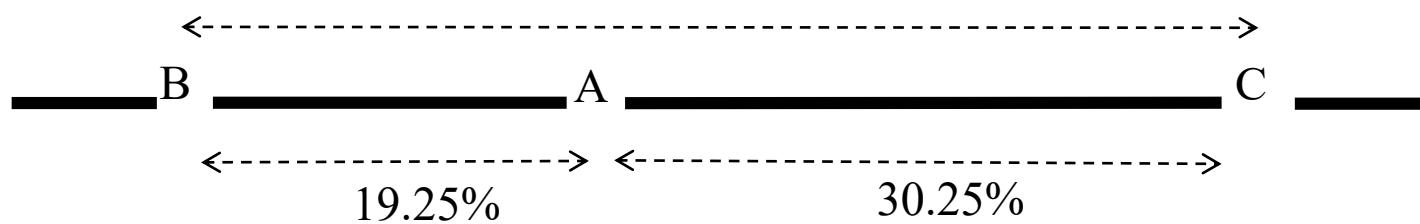


Частоты рекомбинации между «соседними» локусами нельзя суммировать из-за вероятных двойных кроссинговеров

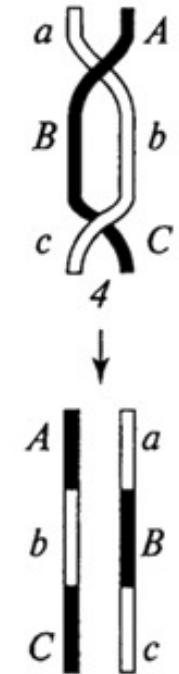
Если R_{BA} – частота рекомбинации между ‘B’ и ‘A’,
а R_{AC} – частота рекомбинации между ‘A’ и ‘C’, то вероятность того,
что эти события произойдут одновременно равна $2R_{BA}R_{AC}$
Тогда частота рекомбинации между ‘B’ и ‘C’ равна

$$R_{BC} = (R_{BA} + R_{AC}) - 2R_{BA}R_{AC}$$

39.00%



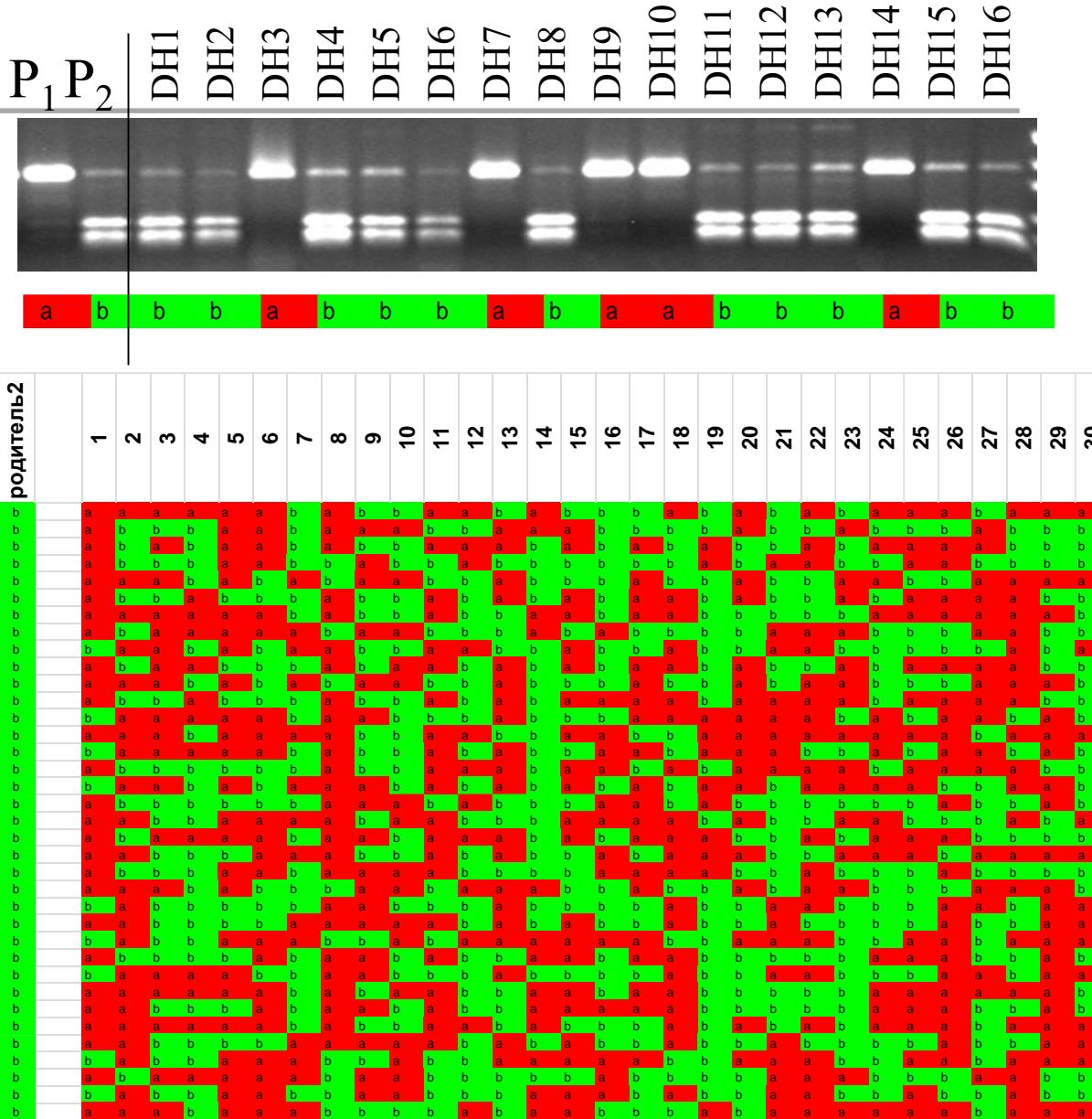
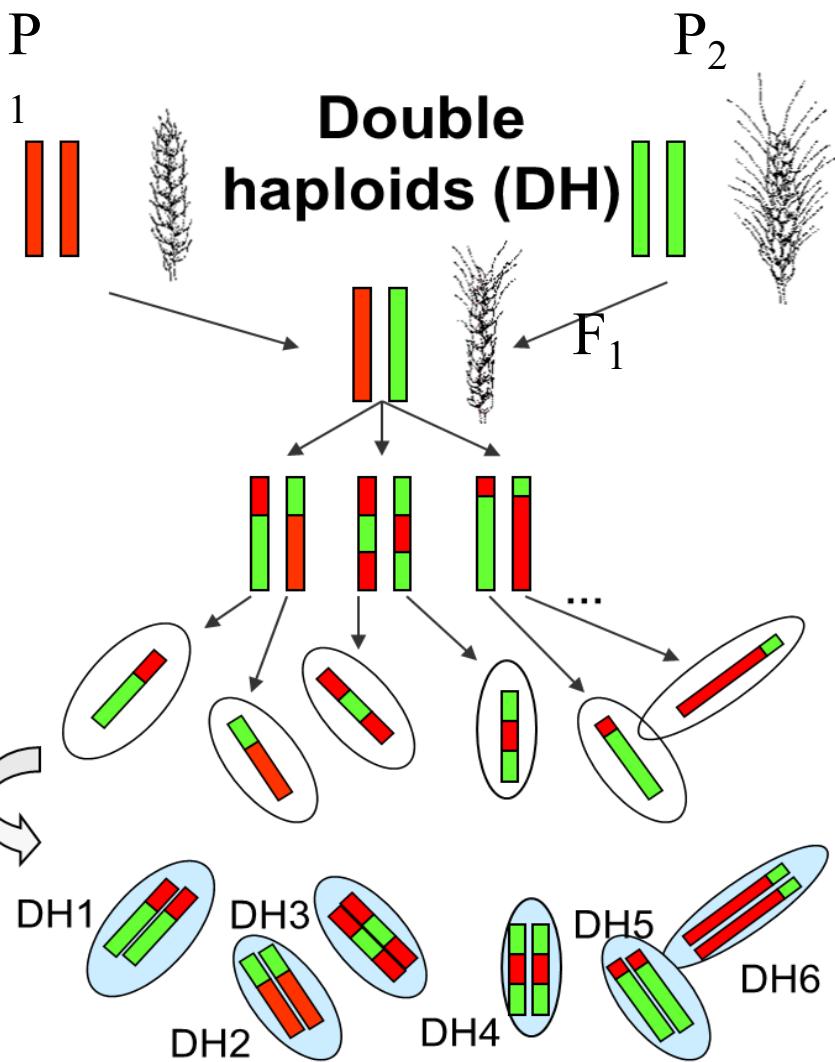
$$(0.1925 + 0.3025) - 2 * 0.1925 * 0.3025 = 0.3785 \ (\sim 38\%)$$



- Частота рекомбинации = процент рекомбинантов от общего числа гамет: $R_{AC} \neq R_{AB} + R_{BC}$
- Генетические расстояния (сМ) между А и В оценивают вероятность кроссинговера между А и В : $X R_{AC} = X R_{AB} + X R_{BC}$

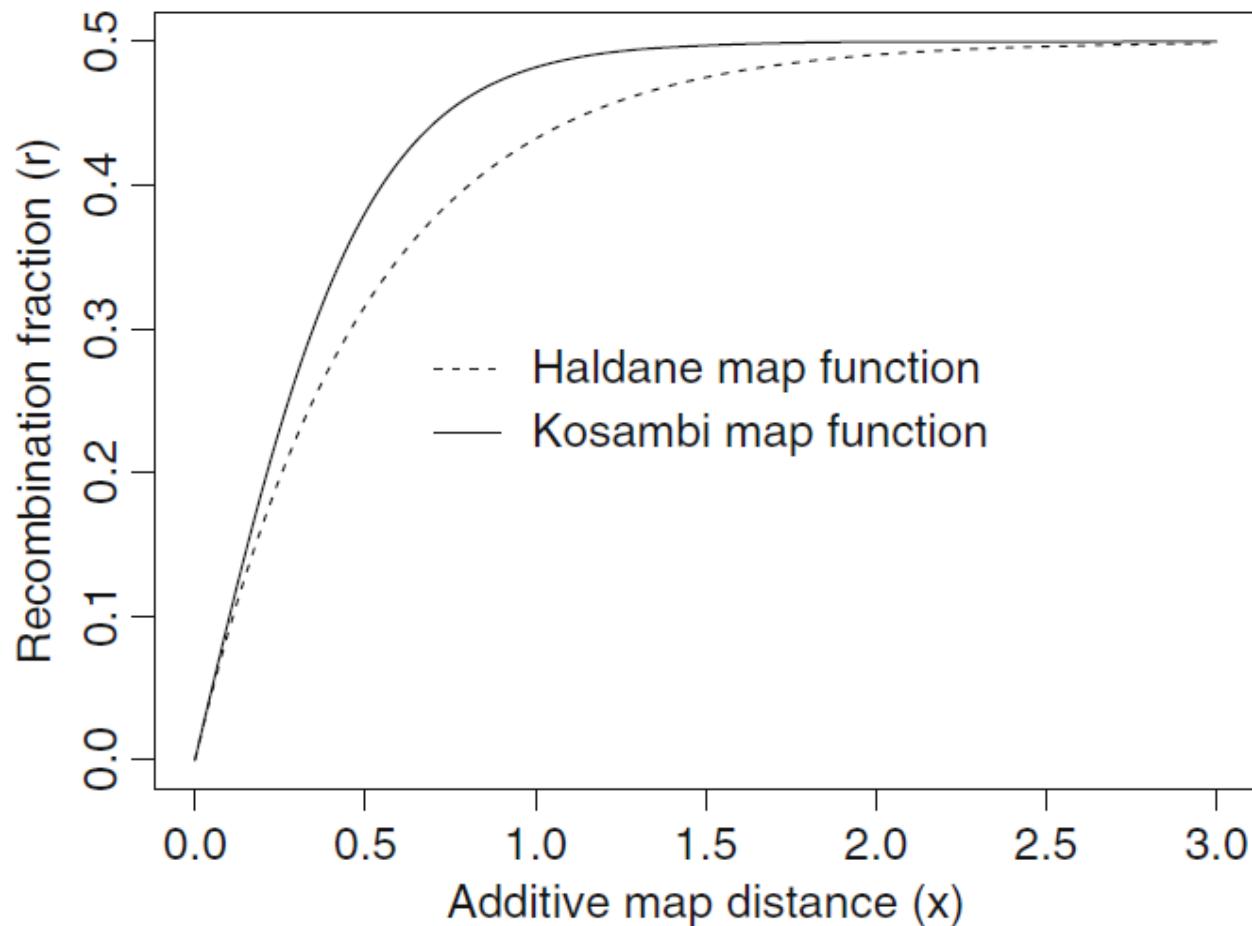
Генотипирование картирующей популяции: первый этап построения карты

On your board ...



Как конвертировать частоту рекомбинации в генетические расстояния?

Mapping functions:



Mapping functions:

Haldane (1919):

$$d = -\frac{1}{2} \ln(1 - 2r)$$



Genetic distances between:

$$\begin{aligned} B-A &= -\frac{1}{2} * \ln(1-2*0.1925) = 24,31 \text{ cM} \\ A-C &= -\frac{1}{2} * \ln(1-2*0.3025) = 46,44 \text{ cM} \\ B-C &= -\frac{1}{2} * \ln(1-2*0.39) = 75,71 \text{ cM} \end{aligned}$$

$$24.31 + 46.44 = 70.75$$

still $\neq 75.71$ due to the sampling error of estimates of R

Как конвертировать частоту рекомбинации в генетические расстояния?

- **What is the distance if the recombination rate is 2%?**
- $r = 2\% = .02$

$$\begin{aligned}d &= -\frac{1}{2} \ln(1 - 2(.02)) \\&= -\frac{1}{2} \ln(.96) = 0.02041 \text{ M}\end{aligned}$$

so $d = 2.041 \text{ cM.}$

- For small values,
 r (0 to $\frac{1}{2}$ scale) $\approx d$ (in Morgans)
 r (% scale) $\approx d$ (in centi-Morgans)

Mapping functions:

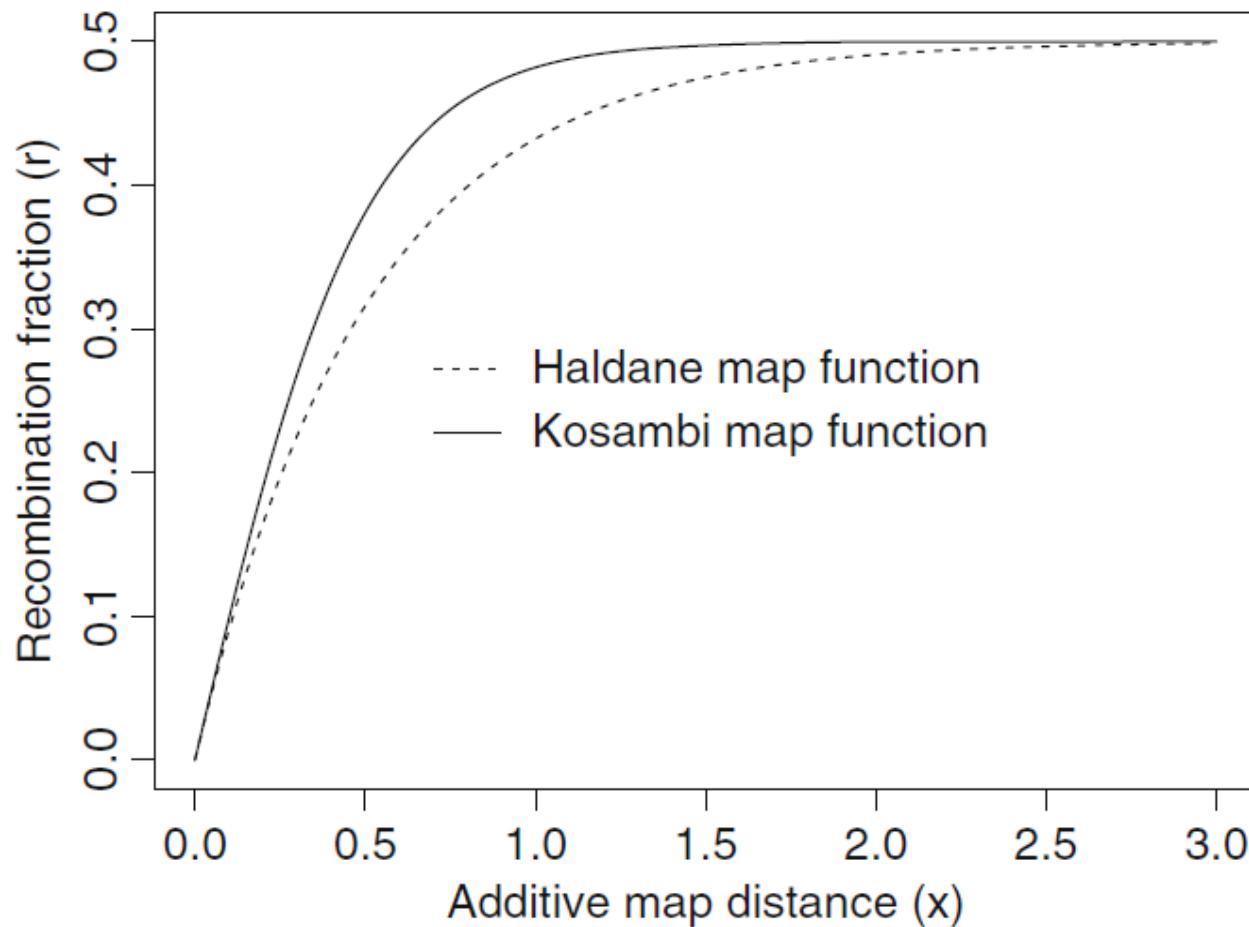
Haldane (1919):

$$d = -\frac{1}{2} \ln(1 - 2r)$$

Для маленьких расстояний
частота рекомбинации близка
по значению к генетической
дистанции

Как конвертировать частоту рекомбинации в генетические расстояния?

Mapping functions:



Mapping functions:

Kosambi (1943):

$$x_{AB} = \frac{1}{4} \ln \left(\frac{1 + 2r_{AB}}{1 - 2r_{AB}} \right)$$

On your board:

Конвертируем частоты
рекомбинации в генетические
расстояния по популяции DH
ячменя по Kosambi!

Как найти «правильный» порядок расположения маркеров на хромосоме? «Правильная генетическая карта – самая короткая»

The principle: searching for the shortest map length

$$sad = \sum_{i=1}^{m-1} \hat{x}_i (i+1)$$

sad: sum of adjacent distances

Table 3.1 Recombination fractions and additive distances for four marker loci

	A	B	C	D
A		$r_{AB}(0.0906)$	$r_{AC}(0.1967)$	$r_{AD}(0.2256)$
B	$x_{AB}(0.10)$		$r_{BC}(0.1296)$	$r_{BD}(0.1648)$
C	$x_{AC}(0.25)$	$x_{BC}(0.15)$		$r_{CD}(0.0476)$
D	$x_{AD}(0.30)$	$x_{BD}(0.20)$	$x_{CD}(0.05)$	

$$sad_{DBAC} = x_{BD} + x_{AB} + x_{AC} = 0.20 + 0.10 + 0.25 = 0.55.$$

Имеется 12 возможных вариантов линейного расположения 4 маркеров на карте.

Как найти правильный?!

Order	Map
1	DCAB
2	CDAB
3	CADB
4	CABD
5	DACB
6	ADCB
7	ACDB
8	ACBD
9	DABC
10	ADBC
11	ABDC
12	ABCD

DH11	DH12	DH13	DH14	DH15	DH16	DH17	DH18	DH19	DH20	DH21	DH22	DH23	DH24	DH25	DH26	DH27	DH28	DH29	DH30		количество рекомбинаций	on frequency	genetic distance (Kosambi)	Cumulative distances (M)
40	35	42	40	36	41	42	36	42	44	35	37	42	39	37	39	40	35	39	37					
b	a	b	b	a	b	b	a	b	b	b	a	b	b	b	b	b	a	b	b	ASE1A	0	0,000	0	0,000
b	a	b	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	b	a	ABG058	4	0,133	0,136277	0,000
b	a	b	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	b	a	MWG878	1	0,033	0,033048	0,136
b	a	b	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	b	a	RbcS	0	0,000	0	0,169
b	a	b	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	b	a	BCD351F	1	0,033	0,033048	0,169
a	a	b	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	b	a	ABC156A	4	0,133	0,136277	0,202
a	b	a	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	a	a	MWG858	1	0,033	0,033048	0,339
a	b	a	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	a	a	ABG358	1	0,033	0,033048	0,372
a	b	a	b	a	b	b	a	b	b	a	a	b	b	b	b	b	a	a	a	ABG459	1	0,033	0,033048	0,405
a	b	a	b	a	b	b	a	b	a	a	a	b	b	b	b	b	a	a	a	Pox	1	0,033	0,033048	0,438
a	b	a	b	a	b	b	a	a	a	b	a	a	b	b	b	b	a	a	a	Adh8	4	0,133	0,136277	0,471
a	b	a	b	a	b	b	a	a	a	a	b	a	a	b	b	b	a	a	a	MWG557	2	0,067	0,067405	0,607
a	b	a	b	a	b	b	a	b	a	a	b	a	a	a	b	b	a	a	a	ABG316C	1	0,033	0,033048	0,675
a	b	a	b	a	b	b	a	b	a	a	b	a	a	a	b	b	a	a	b	ABC167B	2	0,067	0,067405	0,708
a	b	a	b	a	b	b	a	b	a	a	a	a	a	a	b	b	a	a	b	bBE54D	1	0,033	0,033048	0,775
a	b	a	b	a	b	b	a	b	a	a	a	a	a	a	b	b	a	a	b	CDO588	6	0,200	0,211824	0,808
a	b	a	a	b	b	a	b	a	a	a	a	b	b	b	b	b	a	a	b	MWG503	4	0,133	0,136277	1,020
a	a	a	a	b	b	a	b	a	a	a	a	b	a	a	a	b	a	a	b	Crg3A	7	0,233	0,252474	1,156
b	a	a	a	b	b	a	b	a	b	a	b	a	a	b	b	b	a	a	b	ABC252	3	0,100	0,101366	1,409
b	a	b	b	b	a	b	b	a	b	a	b	a	a	b	b	b	a	a	b	ABC157	3	0,100	0,101366	1,510
b	b	a	b	b	b	a	b	b	a	b	a	b	a	a	b	b	a	a	a	ABG316E	0	0,000	0	1,611
b	b	a	b	b	b	a	b	b	a	b	a	b	a	a	b	b	a	a	a	ABC153	0	0,000	0	1,611
b	b	a	b	b	b	a	b	b	a	b	a	b	a	a	b	b	a	a	a	Pcr1	2	0,067	0,067405	1,611
b	b	a	b	b	b	a	b	b	a	b	a	b	a	a	b	b	a	a	a	cMWG720	1	0,033	0,033048	1,679
b	b	a	b	a	b	a	b	a	b	b	a	b	a	a	b	b	a	a	a	bBE54C				1,712

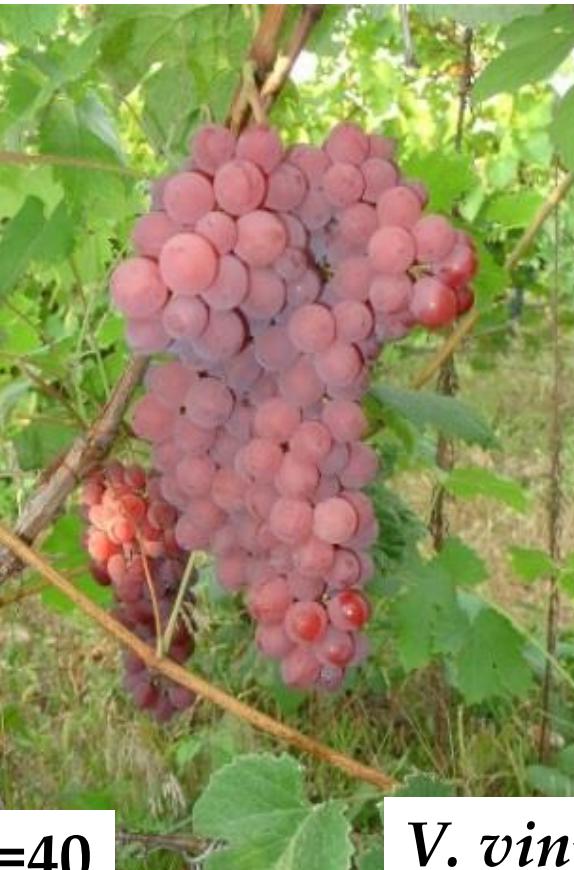
Обратим внимание на длину карты в сМ

Картирующие популяции у перекрестно-опыляемых видов

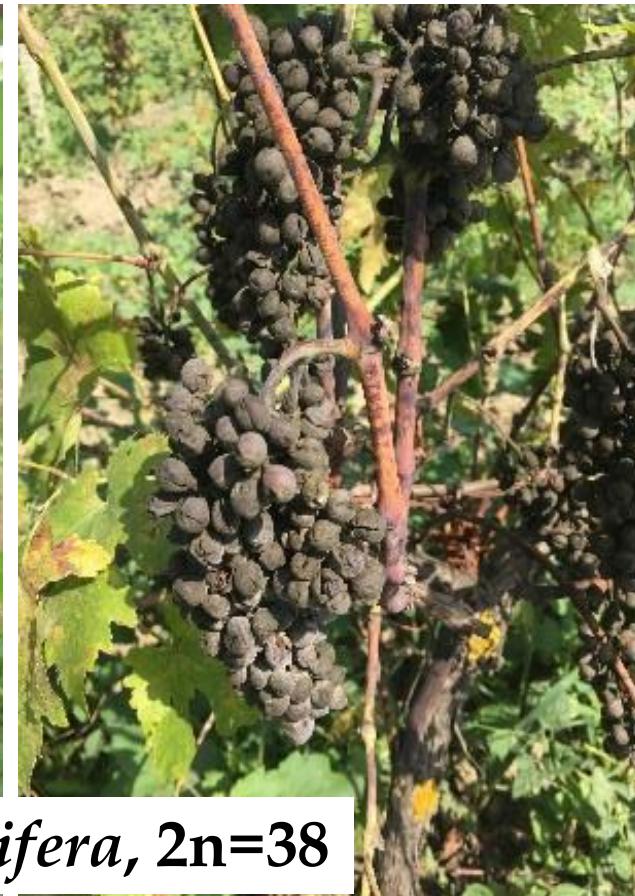
Пример: поиск SNPs, ассоциированных с устойчивостью винограда к филлоксере



V. rotundifolia, $2n=40$



V. vinifera, $2n=38$

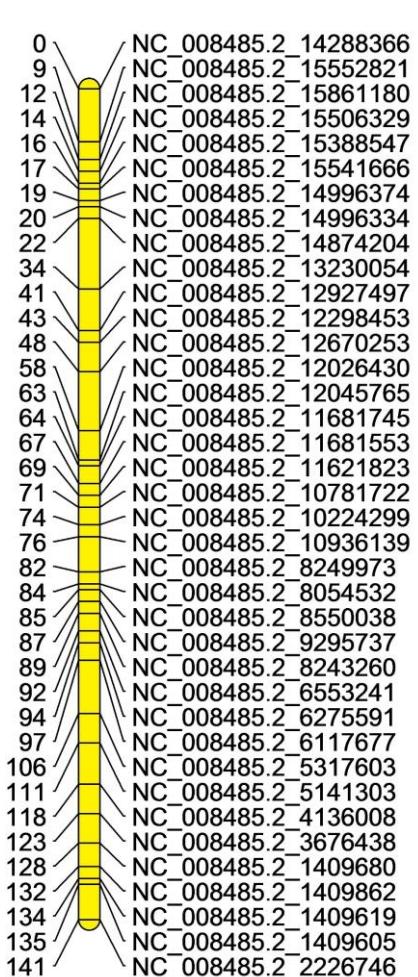


Североамериканский дикорастущий сородич винограда
V. rotundifolia Michx (syn. *Muscadinia rotundifolia*) – иммунный к патогенам и филлоксере

Создание картирующих популяций у перекрестно- опыляемых видов

Pseudo-test cross mapping strategy (Grattapaglia, 1997)

LG19 - Male 141.00 cM



ID	male	female	3_11_2_1	3_11_2_10	3_11_2_11	3_11_2_12	3_11_2_13	3_11_2_14	3_11_2_15	3_11_2_16	3_11_2_17	3_11_2_18	3_11_2_19	3_11_2_2
311_chr12_139155	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_370371	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_370546	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_698943	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_975141	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1063105	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1112236	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1253290	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1254198	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1254222	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1265008	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1463482	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1483623	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1483666	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1506946	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1506949	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1571878	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1571880	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1629270	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1629315	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1656522	H	A	H	H	H	A	A	A	A	A	A	A	H	A
311_chr12_1988535	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_2188681	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_2188723	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_2340231	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_2494306	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_2833904	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_2990100	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_3255672	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_3318245	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_3545503	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_3933805	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_3933818	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A
311_chr12_3933826	H	A	A	H	A	H	A	A	A	H	A	A	H	A

Отцовская карта
lm x mm



Материнская карта
mm x lm



L.R. DIETJEN, 1916. There are very few successful attempts to obtain at least partially fertile interspecific hybrids

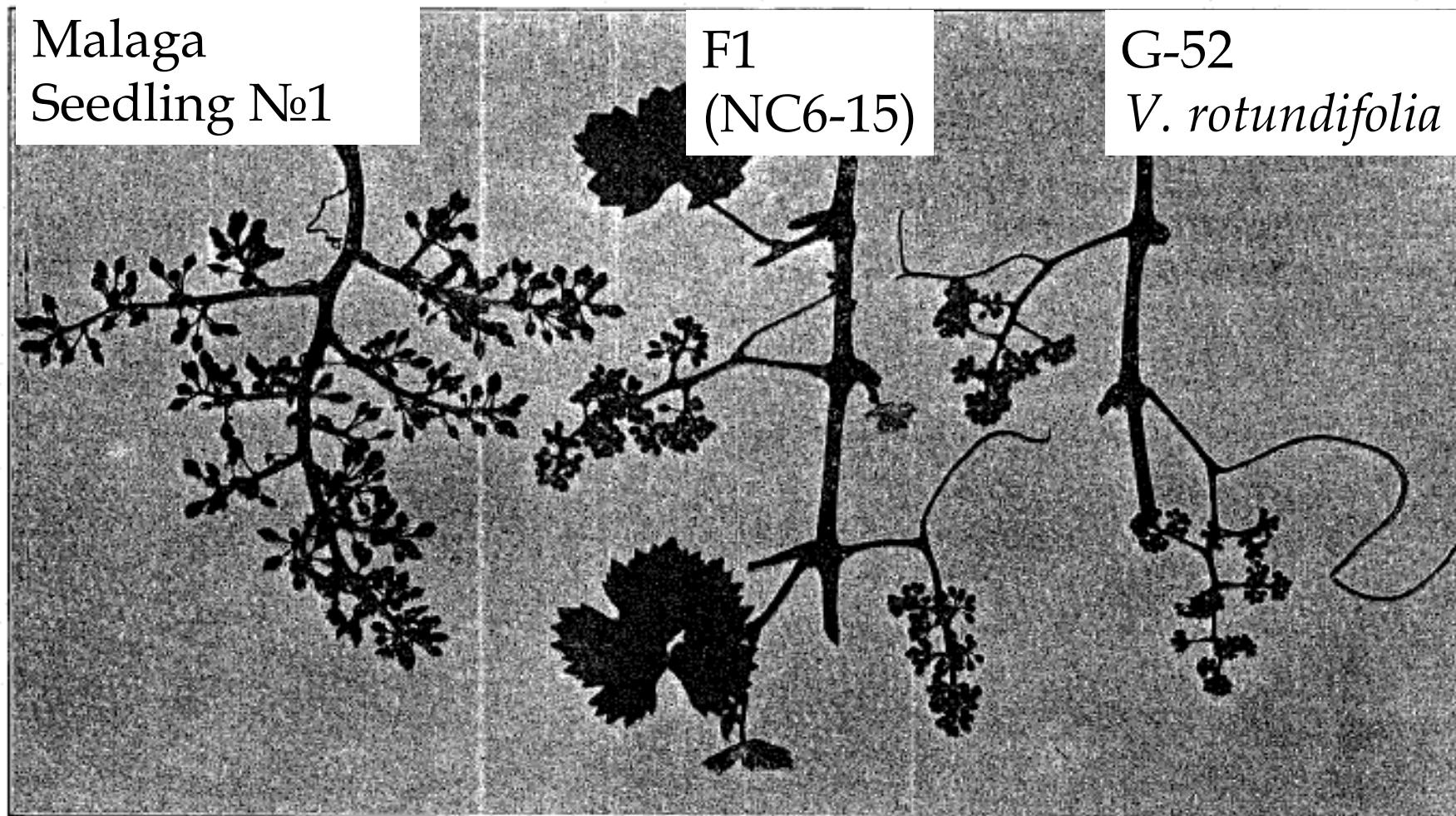


Fig. 18. Typical flower-clusters of *V. vinifera*, *V. rotundifolia* and of a hybrid vine. The cluster at the left is from Malaga Seedling No. 1, imperfect hermaphroditic (female parent); the one at the right is from G-52, perfect hermaphroditic (male parent); the one in the center is from a hybrid vine, perfect hermaphroditic. The small size of the flower-clusters of this and similar hybrid vines is determined largely by the *Rotundifolia* species. Reduced.

Some F1 Hybrids of *Vitis Rotundifolia* with Related Species and Genera. Detjen, L.R. 1916.

Схема возвратных скрещиваний для внедрения в геном культурного винограда генов устойчивости к патогенам и филлоксеру от *M. rotundifolia* (Bouquet 1986)

Muscadinia rotundifolia G52

x

V. vinifera Malaga

F1, 1916 г

NC6-15

x

Cabernet Sauvignon

BC1

VRH8628

x

Grenache



BC2

VRH5-18-79

x

Merlot

BC3

VRH1-28-82

x

Aubun

BC4

Cabernet Sauvignon

x

VRH3082-1-42

x

Regent

BC5

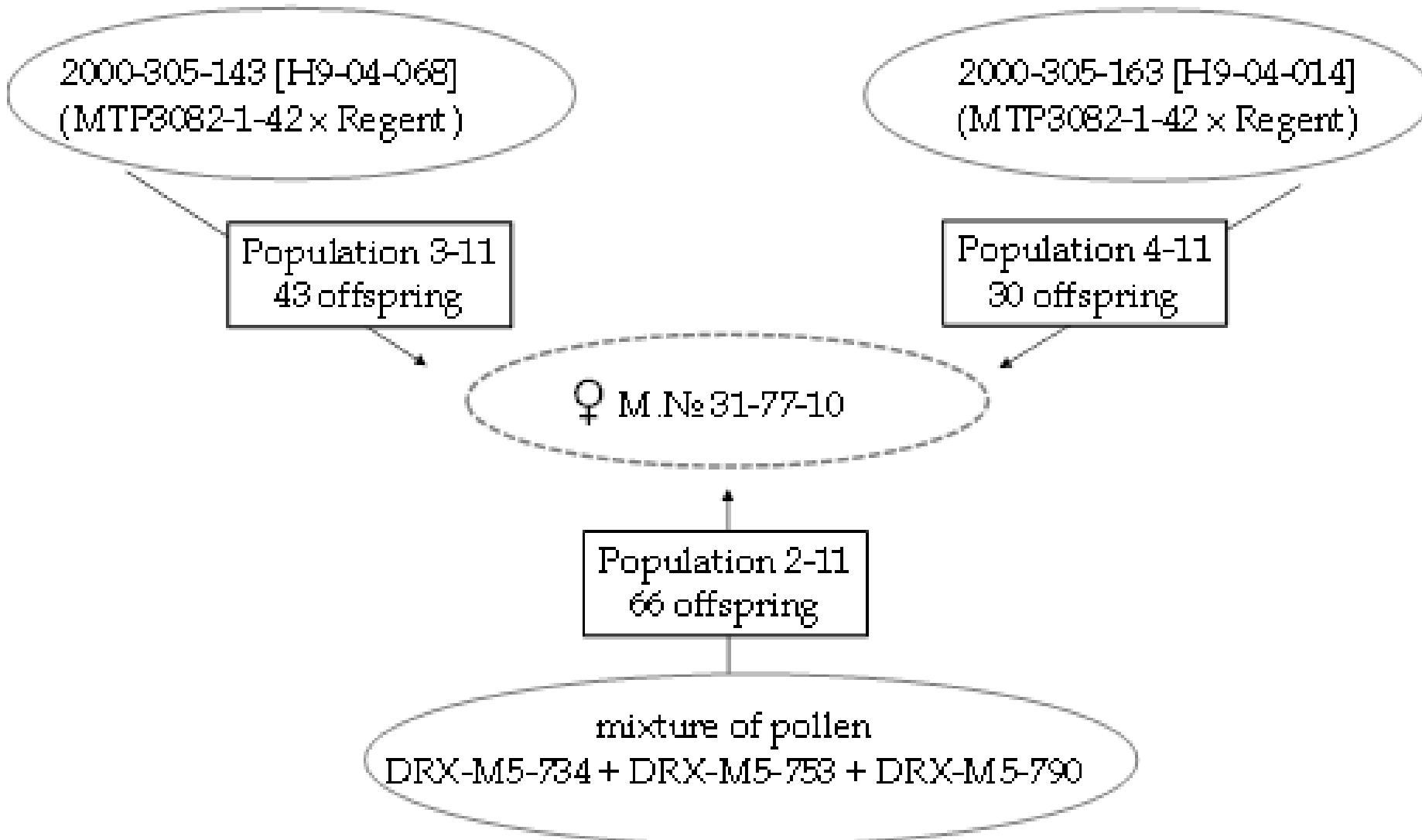
Mtp 3294

MrRUN1/MrRPV1 гены клонированы
(Feechan et al., 2013)

2000-305-143, 2000-305-163

переданы в институт Магарац
в 2011 г.

Клоны 2000-305-143 и 2000-305-163 были вовлечены в скрещивания в качестве отцовских форм – доноров устойчивости



“Pseudo-Testcross“ mapping strategy for outcrossing species (Grattapaglia, 1997)

pos	Immune donor				Improved cultivar				Resistant progeny																		
	X2000	X2000	X2000	X2000	X31_7	X31_7	X31_7	X31_7	X3_11	X3_11	X3_11	X3_11	X3_11														
5091508	AC	AC	AC	AC	AA	AA	AA	AA	AC	AA	AA	AA	AC	AA	AA	AC	CC	AA	AA	AA	AC	AC	AC	AA	AC		
5091515	CT	CT	CT	CT	TT	TT	TT	TT	CT	CT	TT	TT	CT	TT	TT	CT	CC	TT	TT	TT	CT	CT	CT	TT	TT	CT	
5091519	AC	AC	AC	AC	AA	AA	AA	AA	AC	AA	AA	AA	AC	AA	AA	AC	CC	AA	AA	AA	AC	AC	AC	AA	AA	AC	
5091550	CT	CT	CT	CT	CC	CC	CC	CC	CT	CT	CC	CC	CT	CC	CC	CT	TT	CC	CC	CC	CT	CT	CT	CC	CC	CT	
5696097	CT	CT	CT	CT	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CT	CC	CC	CT	CT	CC	CT	CT	CC	CC	CT	
6006416	CT	CT	CT	CT	TT	TT	TT	CC	CC	CT	CT	CT	CC	CC	CC	CT	CC	TT	CT	CT	CC	CT	CT	TT	CC	CT	
6006417	GT	GT	GT	GT	GG	GG	GG	TT	TT	GT	GT	GT	TT	TT	GT	GT	GT	TT	GG	GT	GT	TT	GT	GT	GG	TT	GT
6006432	CT	CT	CT	CT	CC	CC	CC	TT	TT	TT	CT	CT	TT	TT	CT	CT	CT	CC	CT	CT	TT	CT	CT	CC	TT	CT	
6006435	GC	GC	GC	GC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	GC	GC	GC	CC	GC	GC	GC	CC	GG	GC	GC	GC	CC	GC	GC	GC	
6190069	GC	GC	GC	GC	CC	CC	CC	CC	GC	GC	CC	CC	GC	GC	GC	GC	GC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	GC	CC	GC	
6721800	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AA	AT	AT	AA	AA	AA	AT	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AT	
6721801	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AA	AT	AT	AA	AA	AA	AT	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AT	
6721828	CT	CT	CT	CT	TT	TT	TT	TT	CT	CT	TT	TT	TT	CT	CT	CT	CT	TT	TT	TT	TT	TT	TT	TT	TT	CT	
6721829	AG	AG	AG	AG	GG	GG	GG	GG	AG	AG	GG	GG	GG	AG	AG	AG	AG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	AG		
7139417	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AA	AT	AT	AA	AA	AA	AT	AT	AT	AT	TT	AT	TT	AA	AA	AA	AT	AA	AT	
7904275	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AA	AT	AA	AA	AA	AT	AT	AT	AT	AT	AA	AA	AA	AT	AA	AT	AA	AA	AT	
8803158	CT	CT	CT	CT	TT	TT	TT	TT	TT	CT	CT	CT	CT	CT	CT	CT	CT	TT	TT	TT	CT	CT	CT	TT	CT	CT	
8803160	AG	AG	AG	AG	GG	GG	GG	GG	GG	AG	AG	AG	AG	AG	AG	AG	AG	GG	GG	GG	AG	AG	AG	GG	AG	AG	
8803195	AG	AG	AG	AG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	AG	AG	AG	AG	AG	AG	AG	GG	AG	GG	GG	AG	AG	AG	GG	AG	

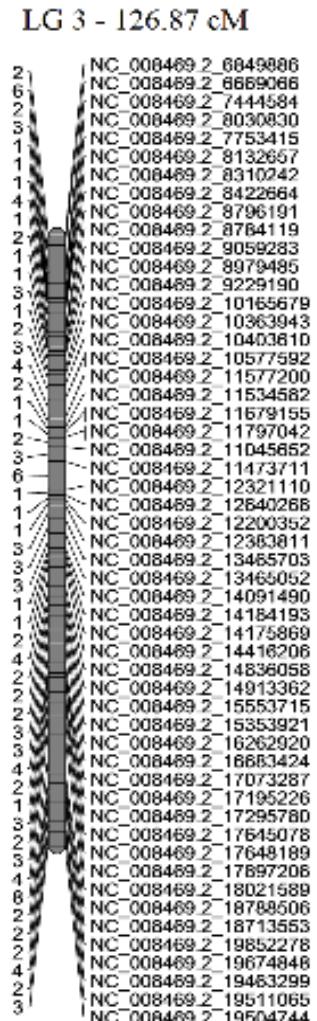
Grapevine breeding program

“Pseudo-Testcross“ mapping strategy for outcrossing species (Grattapaglia, 1997)

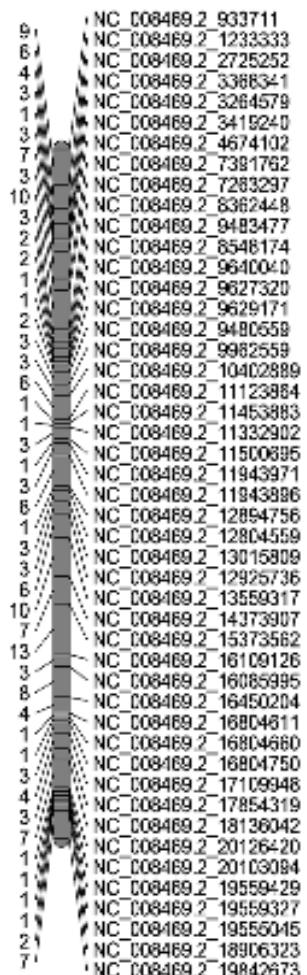
Female genotype	Male genotype	SNPs in parents	SNPs used for mapping
ab	aa	2429	1000
aa	ab	2426	1055
ab	ab	2229	0
aa	bb	8584	0
ab	ac	64	0
	Total	15732	2055



Linkage map for
female parent
 $\text{♀ ab} \times \text{♂ aa}$



LG 3 - 175.8 cM



Linkage map for
male parent
 $\text{♀ aa} \times \text{♂ ab}$

Development of the F1 hybrid population and the high-density linkage map for European aspen (*Populus tremula*), 2017

Единственный представитель *Muscadinia* – cv ‘Dixie’. Гермафродитное растение.
Самоопыляется, можно получить фертильные семена

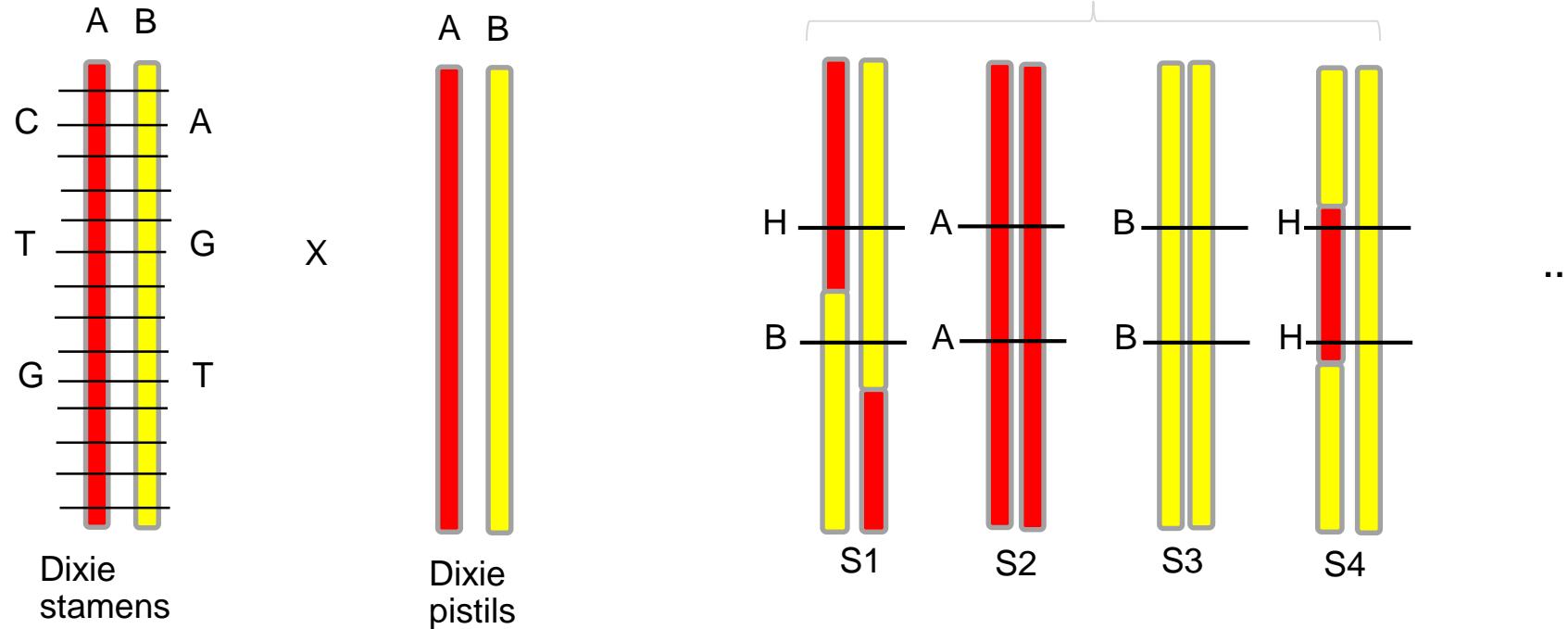


‘Dixie’ parent



F1 (S1) потомство, полученное
от самоопыления ‘Dixie’

84 S1 гибридных растений от самоопыления 'Dixie' были использованы как картирующая популяция. Только гетерозиготные локусы. Ожидаемое расщепление для каждого SNP - 1:2:1



	SNPs detected	heterozygous cv. Dixie (%)	MISS=0.75 ¹	MISS=0.90	chisq 75 ²	chisq 90
cv. Noble	1783373	21.6	114301	34904	18412	3734
cv. Trayshed	578975	17.9	20380	5490	3997	n.d.
V. vinifera	2127067	19.3	95965	31490	n.d.	n.d.

‘.vcf’ файл, полученный по результатам генотипирования популяции S1.

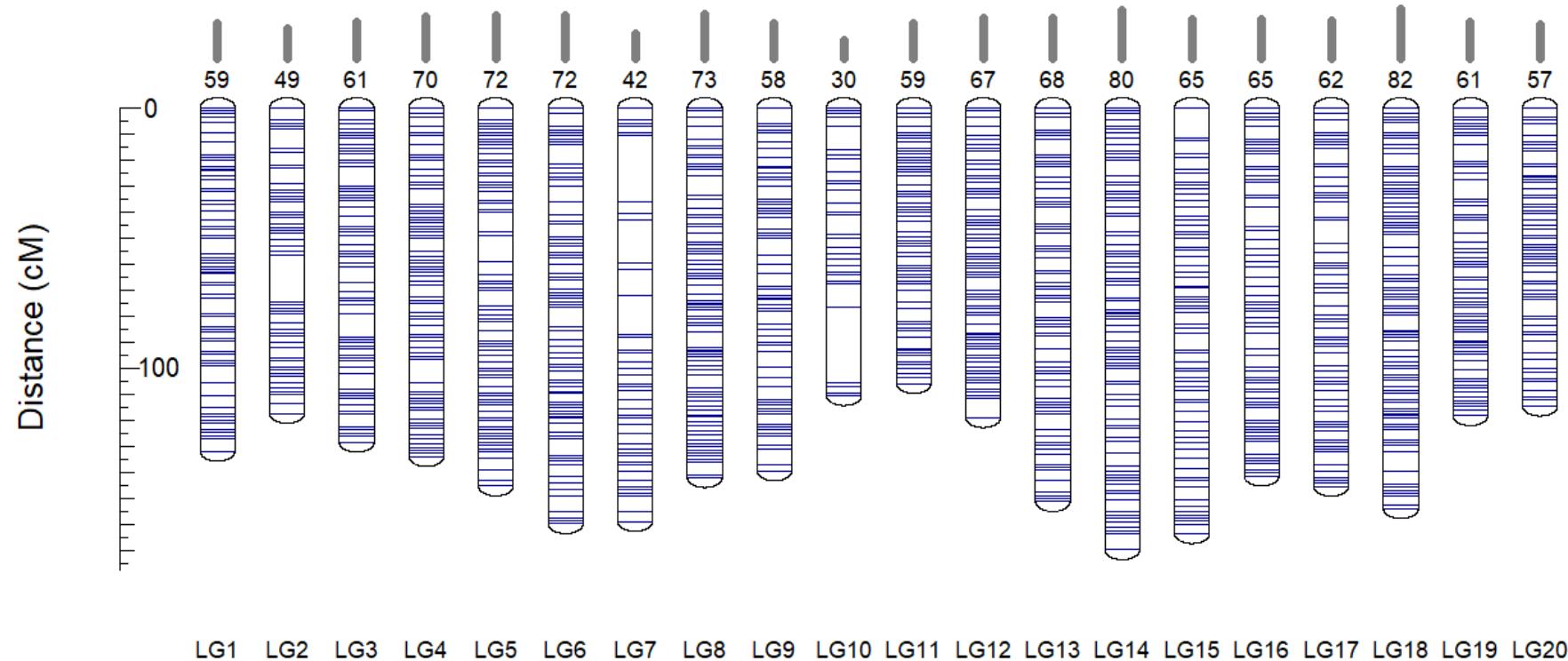
Гетерозиготные локусы выделены цветом

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	FILTER	Dixi_Rod	Dixi_Rod	S_21	S_22	S_23	S_24	S_25	S_26	S_27	S_28	S_29	S_30	S_33	S_34	S_35	S_36	S_39	S_41	S_42	S_43	S_44	S_45	S_48	S_49	S_5	S_50	S_52	S_53
P092945..	7208	092945.1_7	T	C	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/0	0/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/0	
P092945..	61781	92945.1_6	T	C	PASS	0/1	0/1	0/1	0/0	0/.	0/0	0/1	0/0	1/1	0/0	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	0/1	
P092945..	61783	92945.1_6	T	C	PASS	0/1	0/1	0/1	0/0	0/.	0/0	0/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	0/1	
P092945..	78779	92945.1_7	G	A	PASS	0/1	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/0	0/0	1/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	0/1		
P092945..	85324	92945.1_8	T	C	PASS	0/1	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	0/1		
P092945..	192593	92945.1_15	A	C	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	0/0	0/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	0/0	1/0	1/0	0/0	1/0			
P092945..	273085	92945.1_27	C	T	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	0/0	0/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/0			
P092945..	510399	92945.1_53	T	G	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	510400	92945.1_53	T	C	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	519548	92945.1_53	C	T	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	.	0/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/1		
P092945..	579621	92945.1_57	G	A	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	0/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	595460	92945.1_59	C	T	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	.	0/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/1		
P092945..	689957	92945.1_68	C	G	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	0/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	704696	92945.1_70	C	A	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	801476	92945.1_80	A	C	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/.	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	813448	92945.1_83	T	G	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/.	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	813521	92945.1_83	T	A	PASS	0/1	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	813551	92945.1_83	C	T	PASS	1/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	813586	92945.1_83	A	C	PASS	0/1	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	972728	92945.1_97	A	G	PASS	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	1097510	2945.1_10	A	C	PASS	1/0	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0	1/0	1/0	0/0	1/1			
P092945..	1359089	2945.1_13	A	C	PASS	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	1359130	2945.1_13	A	G	PASS	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	1369786	2945.1_13	G	C	PASS	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	1413889	2945.1_14	T	G	PASS	0/1	0/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	1862312	2945.1_18	G	T	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	2059380	2945.1_20	A	G	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2059404	2945.1_20	C	G	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2068444	2945.1_20	T	C	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2068652	2945.1_20	C	A	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2068670	2945.1_20	T	C	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2094933	2945.1_20	T	C	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2116048	2945.1_21	A	G	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2168614	2945.1_21	T	G	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2213442	2945.1_22	C	G	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	1/1	0/0	1/1	0/0	1/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2218435	2945.1_22	A	G	PASS	1/0	1/0	1/1	1/1	1/0	1/1	1/0	1/1	0/0	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/0	1/0	1/1	0/0	1/1	0/0	1/0	1/1	0/0	1/0			
P092945..	2218494	2945.1_22	C	T	PASS	1/0	1/0	1/1	1/1	1/0	1/1	1/0	1/1	0/0	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/0	1/0	1/1	0/0	1/1	0/0	1/0	1/1	0/0	1/0			
P092945..	2232030	2945.1_23	T	A	PASS	1/0	1/0	1/1	1/1	1/0	1/1	1/0	1/1	0/0	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/0	1/0	1/1	0/0	1/1	0/0	1/0	1/1	0/0	1/0			
P092945..	2323055	2945.1_23	C	T	PASS	1/0	1/0	1/1	1/1	1/0	1/1	1/0	1/1	0/0	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/0	1/0	1/1	0/0	1/1	0/0	1/0	1/1	0/0	1/0			
P092945..	2323085	2945.1_23	C	T	PASS	1/0	1/0	1/1	1/1	1/0	1/1	1/0	1/1	0/0	1/0	1/0	1/1	1/0	1/0	0/0	1/0	1/0	1/1	0/0	1/1	0/0	1/0	1/1	0/0	1/0			
P092945..	2393011	2945.1_23	G	A	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/1	0/0	1/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	2436116	2945.1_24	A	C	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/.	0/1	1/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1			
P092945..	2684546	2945.1_26	A	G	PASS	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	1/1	0/1	1/1	0/0	0/1	0/1	0/1	1/1	0/1	0/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/1	0/0	0/1	0/1	0/0	1/0			
P092945..	2684547	2945.1_26	A	C	PASS</td																												

Все SNPs были разделены на два класса – гомозиготные (“0/0” или “1/1”) или гетерозиготные (“0/1”), и были обозначены как “a” и “h”, соответственно

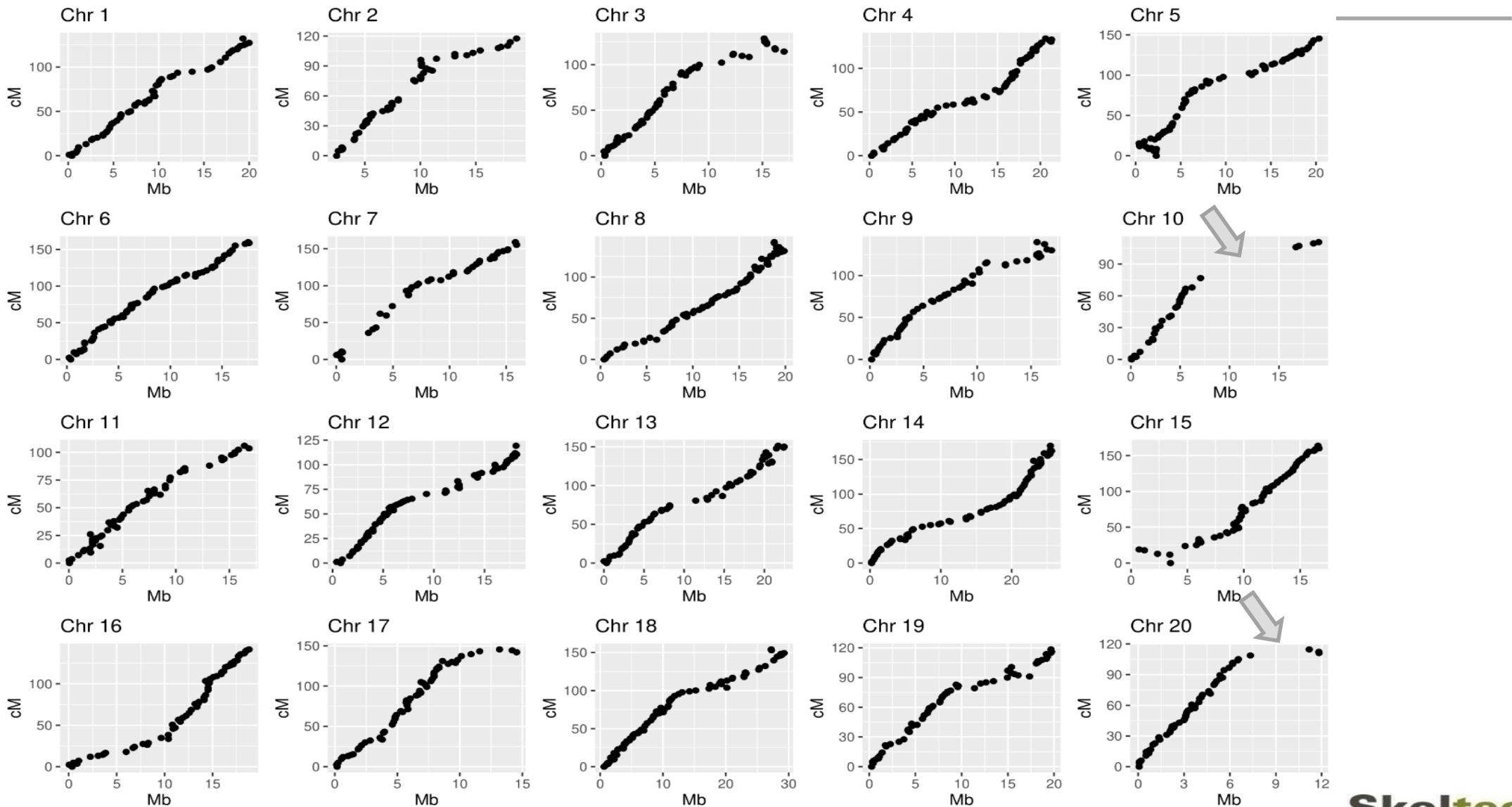
	LG	cM	S_21	S_22	S_23	S_24	S_25	S_26	S_27	S_28	S_29	S_30	S_31	S_32	S_33	S_34	S_35	S_36	S_38	S_39	S_3	S_40	S_41	S_42	S_43	S_44	S_45	S_46	S_48	S_49	S_4	S_50	S_52	S_53
dixie_LG20_marker_61783	20	0	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	h	h	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_61781	20	0	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	h	h	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_78779	20	3,62	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_273085	20	3,62	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_7208	20	3,62	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_85324	20	4,79	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_192593	20	5,97	h	a	a	a	h	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	a	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_510400	20	10,9	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_510399	20	10,9	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	a	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_704696	20	13,2	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_579621	20	13,2	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_519548	20	14,4	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_595460	20	14,4	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_689957	20	15,6	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_813586	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_801476	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_813521	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_813448	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_813551	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_972728	20	21,6	a	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_1097510	20	22,8	a	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_1413889	20	26,4	a	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_1369786	20	27,6	a	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_1359130	20	28,8	a	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_1359089	20	28,8	a	a	a	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_1862312	20	31,2	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	a	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_2068652	20	33,6	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_2068644	20	33,6	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_2068670	20	33,6	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_2094933	20	34,7	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	
dixie_LG20_marker_2116048	20	34,7	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	a	h	h	h	h	h	a	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	

Генетическая карта *Muscadinia rotundifolia* cv. Dixie созданная с помощью картирующей популяции от самоопыления одного сорта мускадинии cv. Dixie. Длина карты 2753.6 сМ

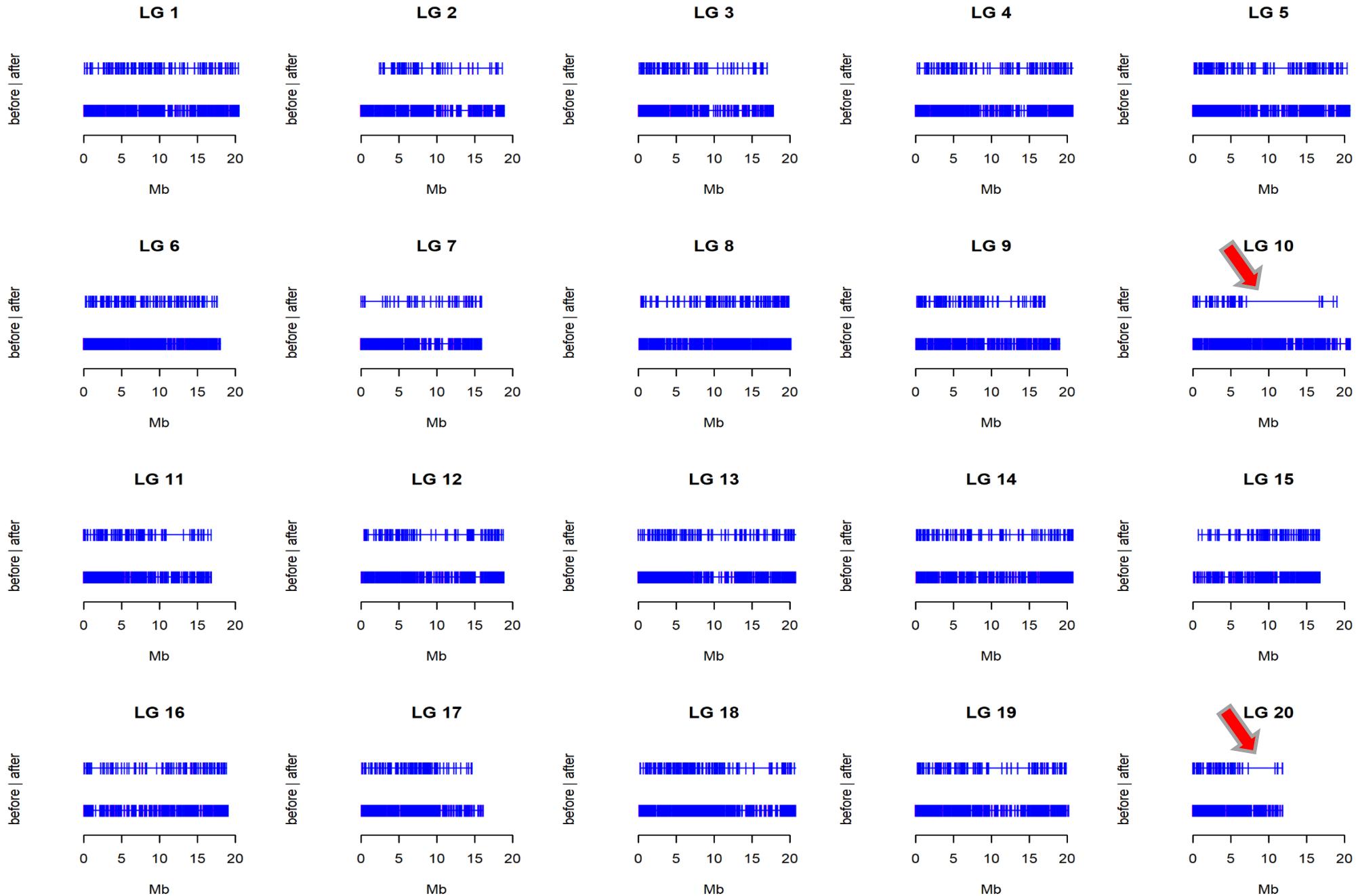


Все расщепляющиеся SNPs рассматривались либо как гомозиготные, либо гетерозиготные и были обозначены для картирования как “AA” и “AB”, соответственно. Это сделало возможным идентифицировать события рекомбинации и рассчитать их частоту – так SNP были картированы на хромосомах

Коллинеарность между генетическими расстояниями на карте *M. rotundifolia* ‘Dixie’ (cM) и физическими позициями (Mb) маркеров SNP в референсном геноме *M. rotundifolia* ‘Noble’



Только 3,734 SNPs из идентифицированных 34,904 прошли тест на расщепление 1:2:1



19.6%
'Dixie' S1

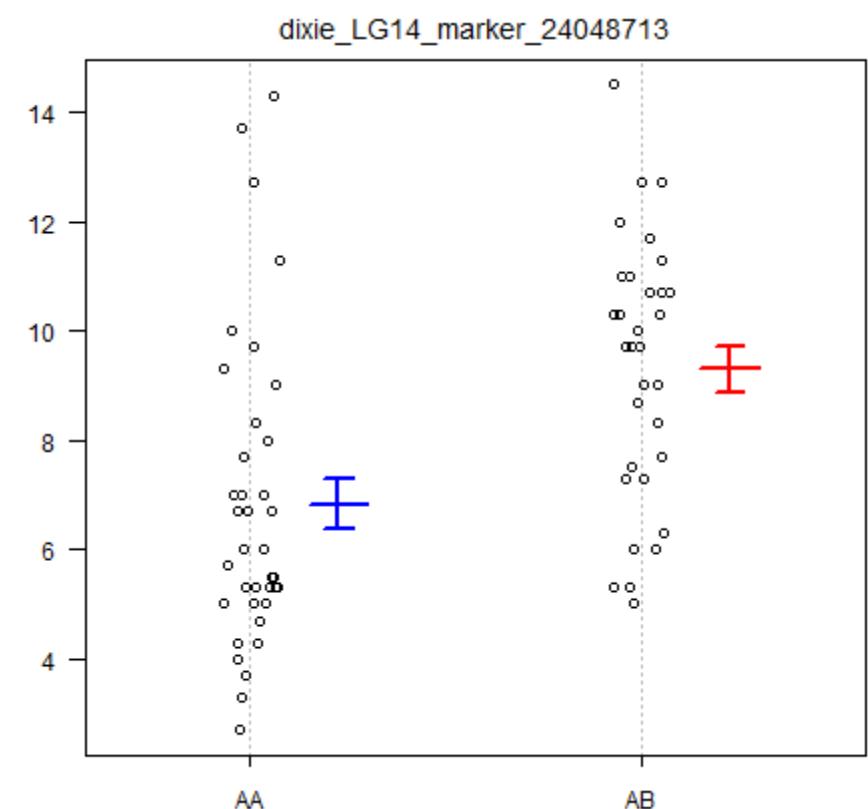
ПОТОМКОВ НЕ
ВЫЖИЛИ
ПОСЛЕ
ВЫСАДКИ В
ГРУНТ

ДЛЯ ЭТОГО
МОГЛИ БЫТЬ И
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
ПРИЧИНЫ

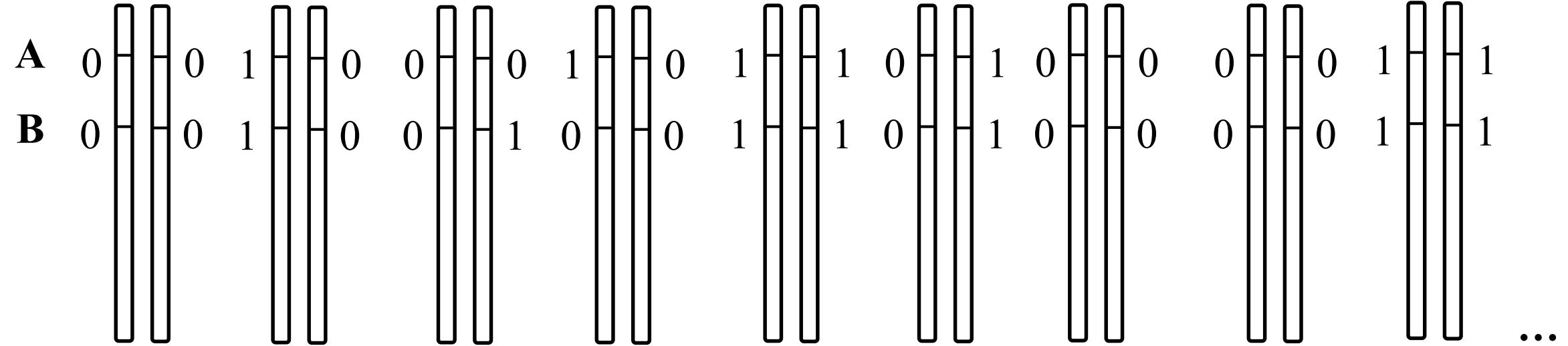
С полученной картой можно идентифицировать локусы, сцепленные с изменчивостью морфологических признаков

N	Morphological trait	Mean ± sd	The Pearson correlation coefficient (r)				
			1	2	3	4	5
1	max. diameter of shoots, mm	3.78 ± 1.19					
2	number of shoots per plant, pcs	6.30 ± 3.15	0.496*** ¹				
3	average shoot length, cm	17.16 ± 11.1	0.500***	0.390***			
4	number of internodes, pcs	7.96 ± 2.87	0.566***	0.453***	0.899***		
5	average internode length, cm	1.98 ± 0.78	0.352**	0.318**	0.855***	0.609***	
6	leaf diameter average, cm	4.89 ± 1.23	0.470***	0.431***	0.680***	0.628***	0.701***

	LG	cM	S_21	S_22	S_23	S_24	S_25	S_26	S_27	S_28	S_29	S_30	S_31	S_32	S_33	S_34	S_35	S_36	S_38	S_39	S_3	S_40	S_41	S_42	S_43	S_44	S_45	S_46	S_48	S_49	S_4	S_50	S_52	S_53
dixie_LG20_marker_61783	20	0	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_61781	20	0	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_78779	20	3,62	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_273085	20	3,62	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_7208	20	3,62	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_85324	20	4,79	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_192593	20	5,97	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_510400	20	10,9	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_510399	20	10,9	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_704696	20	13,2	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_579621	20	13,2	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_519548	20	14,4	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20(marker_595460)	20	14,4	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_689957	20	15,6	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_813586	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_801476	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_813521	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_813448	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_813551	20	16,8	h	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_972728	20	21,6	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_1097510	20	22,8	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_1413889	20	26,4	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_1369786	20	27,6	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_1359130	20	28,8	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_1359089	20	28,8	a	a	a	a	h	a	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_1862312	20	31,2	a	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_2068652	20	33,6	a	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_2068644	20	33,6	a	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_2068670	20	33,6	a	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_2094933	20	34,7	a	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			
dixie_LG20_marker_2116048	20	34,7	a	a	a	h	a	h	a	a	h	h	h	h	a	h	h	h	h	a	a	a	a	h	a	h	a	h	h	h	h			



Reviewer's note: A major issue is that authors did not phase the markers and therefore could not determine the additive effects in the QTL analysis. This makes the QTL analysis very weak...



84 progenies

Markers ‘A’ and ‘B’ are in coupling
“0” – reference allele
“1” – alternative allele

Estimation of Linkage Phases in Outcrossing Species

Theoretical Population Biology 61, 349–363 (2002)

doi:10.1006/tpbi.2002.1577, available online at <http://www.idealibrary.com> on IDEAL®

TPB

Simultaneous Maximum Likelihood Estimation of Linkage and Linkage Phases in Outcrossing Species

Rongling Wu and Chang-Xing Ma

Department of Statistics, University of Florida, Gainesville, Florida 32611

E-mail: rwu@stat.ufl.edu

and

Ian Painter and Zhao-Bang Zeng

Program in Statistical Genetics, Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina 27695

$$\begin{array}{c} P \quad \times \quad Q \\ A_1 \quad P_1^1 \parallel P_2^1 \quad Q_1^1 \parallel Q_2^1 \\ \quad P_1^2 \parallel P_2^2 \quad Q_1^2 \parallel Q_2^2 \end{array}$$

$$\begin{array}{c} P_1^1 \parallel P_2^1 \quad Q_1^1 \parallel Q_2^1 \\ A_2 \quad P_1^2 \parallel P_2^2 \quad Q_2^2 \parallel Q_1^2 \end{array}$$

$$\begin{array}{c} P_1^1 \parallel P_2^1 \quad Q_1^1 \parallel Q_2^1 \\ A_3 \quad P_2^2 \parallel P_1^2 \quad Q_1^2 \parallel Q_2^2 \end{array}$$

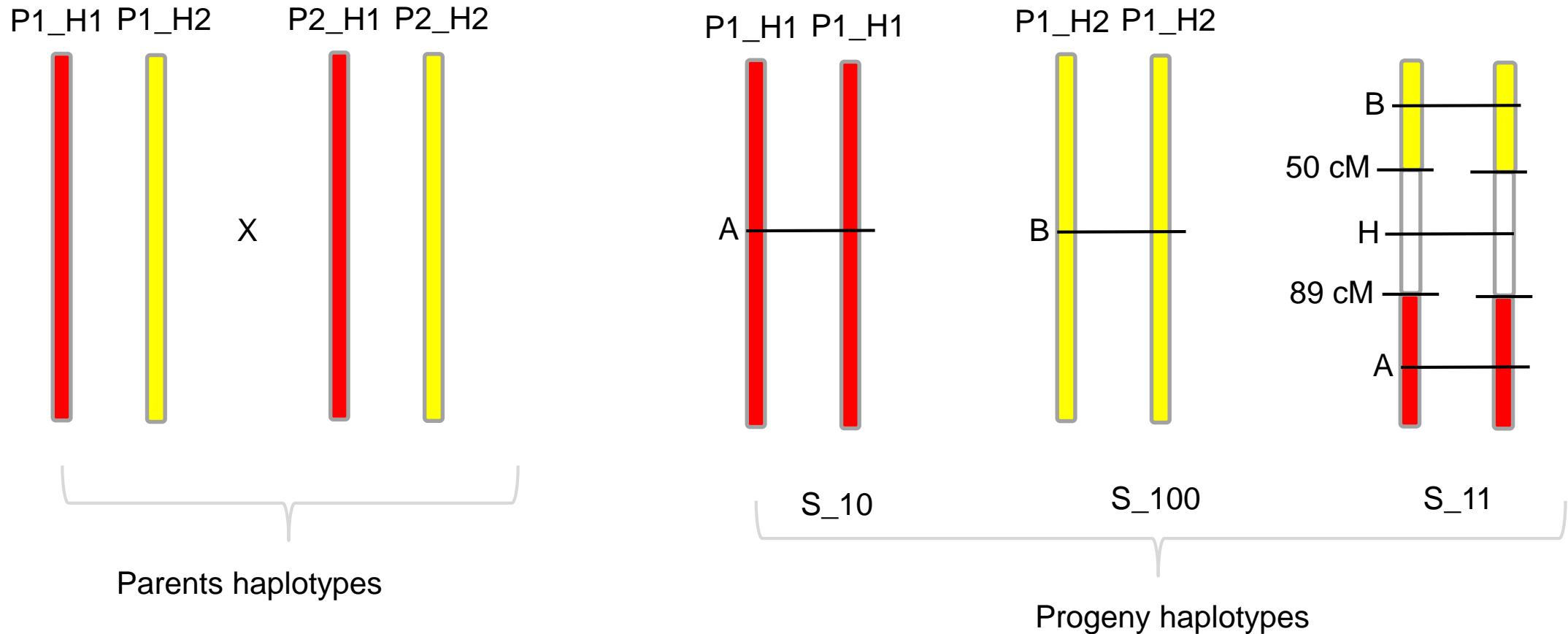
$$\begin{array}{c} P_1^1 \parallel P_2^1 \quad Q_1^1 \parallel Q_2^1 \\ A_4 \quad P_2^2 \parallel P_1^2 \quad Q_2^2 \parallel Q_1^2 \end{array}$$

Possible Marker Genotype Cross Combinations and Observed Marker Band Patterns for Parents and Their Offspring

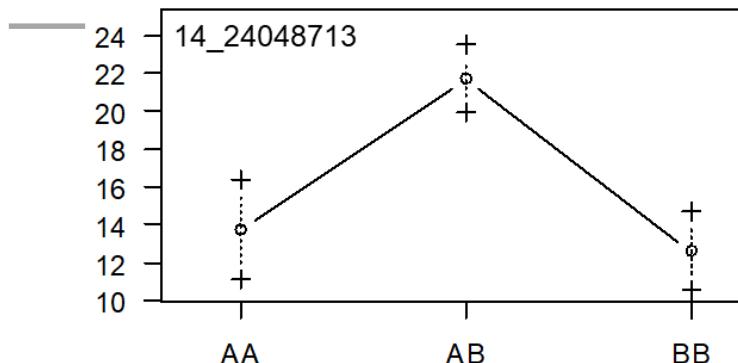
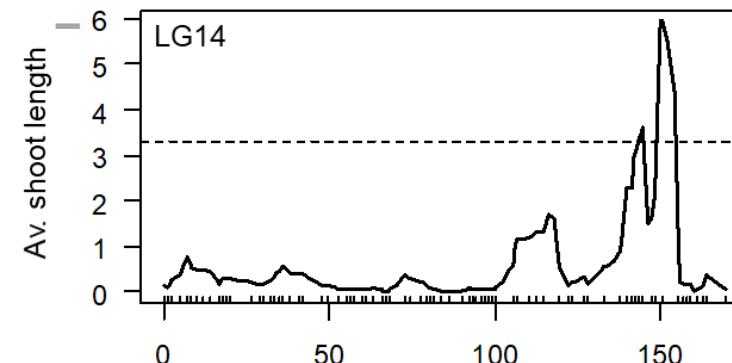
		Cross type	Cross	Observed band	Remark	Parent		Offspring	
								Observed bands	Segregation
A		1	$ab \times cd$	$ab \times cd$	Asymmetry	ac, ad, bc, bd		1:1:1:1	4
		2	$ab \times ac$	$ab \times ac$	Asymmetry	a, ac, ba, bc		1:1:1:1	4
		3	$ab \times co$	$ab \times c$	Asymmetry	ac, a, bc, b		1:1:1:1	4
		4	$ao \times bo$	$a \times b$	Asymmetry	ab, a, b, o		1:1:1:1	4
B	B_1	5	$ab \times ao$	$ab \times a$	Asymmetry	$ab, 2a, b$		1:2:1	3
		6	$ao \times ab$	$a \times ab$	Asymmetry	$ab, 2a, b$		1:2:1	3
		7	$ab \times ab$	$ab \times ab$	Symmetry	$a, 2ab, b$		1:2:1	3
C		8	$ao \times ao$	$a \times a$	Symmetry	$3a, o$		3:1	2
D	D_1	9	$ab \times cc$	$ab \times c$	Asymmetry	ac, bc		1:1	2
		10	$ab \times aa$	$ab \times a$	Asymmetry	a, ab		1:1	2
		11	$ab \times oo$	$ab \times o$	Asymmetry	a, b		1:1	2
		12	$bo \times aa$	$b \times a$	Asymmetry	ab, a		1:1	2
		13	$ao \times oo$	$a \times o$	Asymmetry	a, o		1:1	2
D	D_2	14	$cc \times ab$	$c \times ab$	Asymmetry	ac, bc		1:1	2
		15	$aa \times ab$	$a \times ab$	Asymmetry	a, ab		1:1	2
		16	$oo \times ab$	$o \times ab$	Asymmetry	a, b		1:1	2
		17	$aa \times bo$	$a \times b$	Asymmetry	ab, a		1:1	2
		18	$oo \times ao$	$o \times a$	Asymmetry	a, o		1:1	2

Package ‘onemap’: November 26, 2022
Construction of Genetic Maps in Experimental Crosses

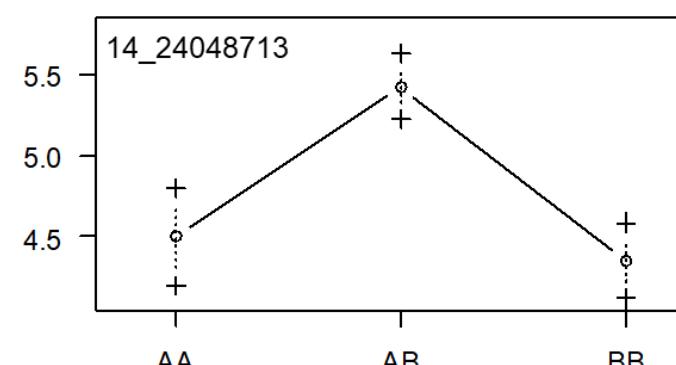
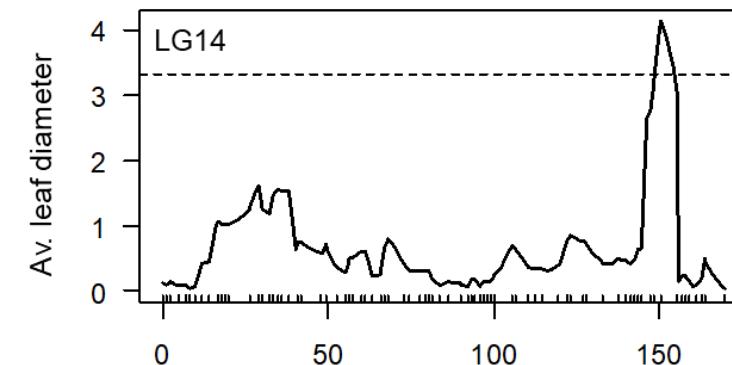
Estimation of Linkage Phases in Outcrossing Species: library(onemap)



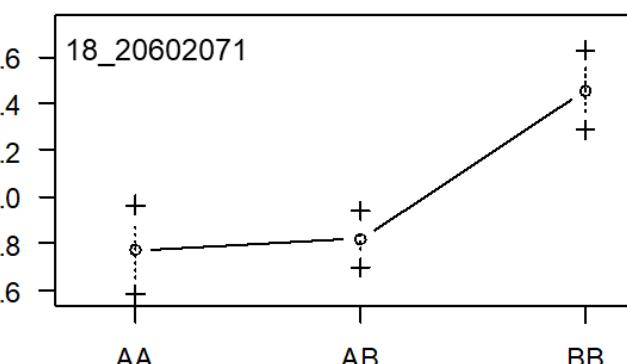
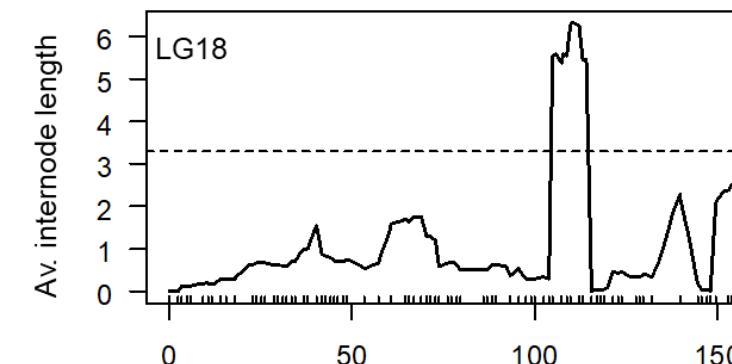
Estimated marker phase made it possible to determine
both the additive and dominance effects in the QTL analysis



Dominance effect



Dominance effect



Additive effect