要整合两个map, 首先是是根据LOD score 把同一对marker 在不同population中的recombination frequency 整合成一个。这一步可以自己写个小程序做，没必要非用joinmap. 前提是你得知道在各个单独的population中，marker’s pairwise recombination rate.

第二步根据recombination frequency 求map distance, 这时候就不再需要LOD score了。 那么也就是说，rqtl 也可以做这件事。。

前两步参考XinSheng和joinmap

然后如果是interval mapping的话，要根据 所有individual 的phenotype , 在某个位置的genotype求出这种情况出现的可能性。这样，就定位了QTL. 具体参考lander 1989