

Tesis de Posgrado

Estudio comparativo de la diversidad genética de germoplasma comercial de soja (*Glycine max* (L.) Merr.) y variedades tradicionales

Vicario, Ana Laura

2002

Tesis presentada para obtener el grado de Doctor en Ciencias
Biológicas de la Universidad de Buenos Aires

Este documento forma parte de la colección de tesis doctorales y de maestría de la Biblioteca Central Dr. Luis Federico Leloir, disponible en digital.bl.fcen.uba.ar. Su utilización debe ser acompañada por la cita bibliográfica con reconocimiento de la fuente.

This document is part of the doctoral theses collection of the Central Library Dr. Luis Federico Leloir, available in digital.bl.fcen.uba.ar. It should be used accompanied by the corresponding citation acknowledging the source.

Cita tipo APA:

Vicario, Ana Laura. (2002). Estudio comparativo de la diversidad genética de germoplasma comercial de soja (*Glycine max* (L.) Merr.) y variedades tradicionales. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

http://digital.bl.fcen.uba.ar/Download/Tesis/Tesis_3484_Vicario.pdf

Cita tipo Chicago:

Vicario, Ana Laura. "Estudio comparativo de la diversidad genética de germoplasma comercial de soja (*Glycine max* (L.) Merr.) y variedades tradicionales". Tesis de Doctor. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. 2002.

http://digital.bl.fcen.uba.ar/Download/Tesis/Tesis_3484_Vicario.pdf

EXACTAS UBA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales



UBA

Universidad de Buenos Aires

**Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales**



**ESTUDIO COMPARATIVO DE LA
DIVERSIDAD GENÉTICA DE
GERMOPLASMA COMERCIAL DE SOJA
(*Glycine max* (L.) Merr.) Y VARIEDADES
TRADICIONALES**

**Trabajo de Tesis para optar por el grado de
Doctor en Ciencias Biológicas**

Lic. en Ciencias Biológicas Ana Laura Vicario

Director: Dr. Horacio Esteban Hopp

2002

**Instituto Nacional de Semillas
Instituto Nacional de Tecnología
Agropecuaria**

3484

A mi amor, Gustavo

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer a quienes permitieron que el ideal de realizar una tesis doctoral haya sido posible, a la Dra. Sandra Giancola, la Ing. Agr. Mónica Moreno y la Ing Agr. Adelaida Harries. Todas ellas dijeron SI en el momento justo, dándome el espacio necesario para comenzar mi camino profesional.

Al Dr. Esteban Hopp, que me aceptó como su becaria sin casi conocerme y que orientó mi trabajo y formación.

Al Ing. Agr. Ulises Mitidieri, a Guadalupe y a Fernanda que colaboraron con mi trabajo en todo lo que estuvo a su alcance.

A quienes participaron de este trabajo desde lo cotidiano, a Mercedes, que funcionó como consejera y guía, que me apoyó y permitió mi crecimiento tanto profesional como personal, a Susana Marcucci, que revisó mi trabajo una y otra vez y a Gabi Pacheco que me orientó y aconsejó.

A quienes son y fueron mis compañeros de trabajo, Celia, Matías, Fer, Silvia, Anita y Paola, y a la gente del Laboratorio Central, por ser buenos compañeros y amigos.

A mi familia, que me alienta y acompaña en cada momento de mi trabajo y de mi vida.

Este trabajo pudo realizarse gracias a una beca de Formación de Postgrado 1998-2002 del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y gracias al ex Instituto Nacional de Semillas (ex INASE) y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).



	página
ABREVIATURAS	1
GLOSARIO	3
RESUMEN EN ESPAÑOL	5
RESUMEN EN INGLÉS	7
INTRODUCCIÓN	
Historia e importancia agronómica de la soja (<i>Glycine max</i> (L) Merr.)	9
Figura 1: Regiones productoras de soja en el mundo	11
Sistema de protección y control de las semillas en Argentina y el mundo	12
Caracterización y cuantificación de la variabilidad genética	14
Marcadores moleculares: secuencias simples repetidas o microsatélites	15
Marcadores moleculares vs. caracteres morfológicos para los ensayos DHE y el análisis de la diversidad genética	17
OBJETIVOS DE LA TESIS	21
MATERIALES Y MÉTODOS	
Material vegetal y preparación de las muestras	23
Tabla 1: Cultivares chinos utilizados en la confección del DUIG	23
Figura 2: Mapa de la República Popular de China	27
Análisis de microsatélites (SSR o secuencias simples repetidas)	29
SSR utilizados en los distintos análisis	29
Tabla 2: Microsatélites utilizados en el análisis de 103 landraces chinas y la variedad norteamericana Williams	30
Tabla 3: Microsatélites utilizados en el análisis de uniformidad de 7 variedades argentinas	31
Tabla 5: Microsatélites utilizados en el análisis de estabilidad de 7 variedades argentinas	32
Secuencias de los SSR utilizados	33
Tabla 5: Secuencias de microsatélites utilizados	33
Reacciones de amplificación	35
Electroforesis de los geles de poliacrilamida	36
Reacción de revelado con nitrato de plata	36
Descriptores morfológicos	37
Análisis de datos	39
Construcción de matrices básicas de datos	39
Estimación de la heterogeneidad	40

Cálculo de valores de similitud y construcción de histogramas	41
Obtención y análisis de dendrogramas	42
Cálculo del número mínimo de marcadores y números de genotipos	43
Figura 3: Ubicación de los 33 loci SSR utilizados en los análisis, en los mapas de ligamiento para soja (<i>Glycine max</i> (L) merr)	44

RESULTADOS

Caracterización de la variabilidad genómica y confección de un documento único de identidad genómica para 103 variedades tradicionales de soja china mediante SSR	65
Tabla 6: Documento Único de Identidad Genómica para 103 variedades tradicionales chinas	66
Figura 4: Distribución de los valores de similitud para 103 variedades chinas y Williams	133
Tabla 7: Descripción general de los resultados obtenidos del análisis de 103 variedades chinas utilizando 33 SSR	134
Figura 5: Patrón electroforético del SSR 231 para 23 variedades chinas	136
Figura 6: Fenograma para 103 variedades chinas y la variedad de referencia Williams utilizando 33 SSR	138
Análisis de la correlación de los datos moleculares con los morfológicos y las áreas productivas	140
Tabla 8: Documento Único de Identidad Fenotípica para 50 variedades chinas utilizando 10 características morfológicas	141
Figura 7: Distribución de los valores de similitud para 50 cultivares chinas utilizando SSR y características morfológicas	146
Comparación de la diversidad génica de variedades chinas, argentinas y bolivianas de soja	149
Tabla 9: Datos para 12 variedades bolivianas utilizando 20 SSR obtenidos de la base de datos del Ex INASE	150
Tabla 10: Comparación entre variedades tradicionales chinas y variedades comerciales argentinas y bolivianas	151
Figura 8: Número de alelos compartidos por los grupos chino, argentino y boliviano	152
Tabla 11: Estudio de la significación de las diferencias entre grupos	153
Tabla 12: Estudio de la significación de los niveles de heterogeneidad	154
Relaciones fenéticas entre los tres grupos de variedades	157

Figura 9: Fenograma representando las relaciones fenéticas de los tres grupos de variedades estudiados	159
Comparaciones entre los grupos chino y argentino	162
Figura 13: Fenograma representando las relaciones fenéticas de 90 cultivares chinos y 38 variedades argentinas	164
Comparación de la diversidad de variedades chinas y argentinas de soja	166
Tabla 13: Comparación entre variedades tradicionales chinas y variedades comerciales argentinas utilizando 24 microsatélites	167
Figura 11: Alelos compartidos por 103 cultivares chinos y 100 variedades argentinas para 24 microsatélites compartidos	168
Análisis de la homogeneidad de 7 variedades argentinas	170
Tabla 14: Ensayo detallado de homogeneidad en 6 variedades argentinas utilizando 15 microsatélites	171
Análisis de la conservación de germoplasma utilizando 7 variedades argentinas	174
Tabla 15: Análisis de la conservación de germoplasma	175
DISCUSIÓN	
Obtención de un documento único de identidad genómica para 103 variedades tradicionales de soja china	181
Cuantificación y caracterización de la variabilidad genómica del germoplasma chino, argentino y boliviano	183
Correlación de los datos moleculares con los morfológicos y las áreas productivas	187
Estudio de la homogeneidad de variedades comerciales argentinas	190
Estudio de la conservación de germoplasma en el tiempo	192
CONCLUSIONES	195
BIBLIOGRAFÍA	197

ABREVIATURAS

AC: antes de Cristo

ADN: ácido desoxirribonucleico

AFPL: polimorfismo de longitud de los fragmentos amplificados

BARC-SATT: Beltsville Agricultural Research Center-locus con motivo de repetición
ATT

CTAB: bromuro de cetil-metil-amonio

D: diversidad genética

DHE: Distinguibilidad/Homogeneidad/Estabilidad

dNTP: desoxirribinucleótido trifosfato

DUIF: documento único de identidad fenotípica

DUIG: documento único de identidad genotípica

EDTA: etilen- diamino-tetra-acetato (sal disódica)

EUA: Estados Unidos de América

II": heterosis

INASE: Instituto Nacional de Semillas

J: índice de asociación de Jaccard

MBD: matriz básica de datos

OTU: unidad taxonómica operativa

PCR: reacción en cadena de la ADN polimerasa

PIC: contenido de información polimórfica

PVP: polivinil pirrolidona

RAPD: ADN polimórfico amplificado al azar

RFLP: polimorfismo en el largo de los fragmentos de restricción

SAHN: método Secuencial-Aglomerativo-Jerárquico-Sin superposiciones

SNP: polimorfismo de nucleótido único

SSR: secuencias simples repetidas o microsatélites

TAE: TRIS/acético/EDTA

TBE: TRIS/bórico/EDTA

UPGMA: Método de pares no balanceados utilizando medias aritméticas (Unweighed pair group method using arithmetics averages)

UPOV: Unión para la Protección de Obtenciones Vegetales

USDA: Departamento de Agricultura de los Estados Unidos

V: volts

GLOSARIO

Alelos SSR o de microsátélites: Son las variaciones en número de motivos de secuencias nucleotídicas repetidas en tándem presentes en un determinado locus genómico y que son evidenciados después de una PCR utilizando oligonucleótidos iniciadores específicos, mediante migración electroforética diferencial en forma de bandas a las que se les asigna una denominación derivada de su tamaño molecular específico medido en pares de bases nucleotídicas (pb).

Centro de origen: Área geográfica en el mundo que se identifica como el lugar más antiguo del cultivo de una especie. Puede ocurrir que no sea igual al centro de diversidad (región geográfica con altos niveles de diversidad genética o de especie).

Diversidad genética: Diferencia en el conjunto de genes contenida en animales o plantas. Esta variación dentro de las especies es lo que permite a las poblaciones adaptarse a los cambios climáticos y otros cambios ambientales locales. Coincide con la heterocigosis esperada en una población de un organismo diploide de apareamiento al azar.

Erosión genética: Pérdida de variabilidad genética expresada como un mayor grado de similitud genética entre individuos de la misma especie.

“Landraces” o Variedades tradicionales: Planta o animal que ha sido genéticamente mejorado por técnicas tradicionales con poca o ninguna influencia de prácticas de mejoramiento modernas. Están formadas por una mezcla de genotipos que facilitan la adaptación de los cultivares a los cambios anuales de las condiciones ambientales. En el caso de la soja, éstas están formadas por diversas poblaciones con distinto grado de homogeneidad, que fueron producto de una continua selección masal llevada a cabo durante años y mantenida en la actualidad con poca intervención de los métodos de selección modernos. Aunque muestran bajos rendimientos, éstos suelen ser muy estables y, a pesar de no mostrar resistencias específicas contra patógenos, presentan resistencias llamadas justamente durables y que suelen estar controladas por varios genes responsables de caracteres de distribución continua también llamados “cuantitativos”. Este tipo de variedades pueden ser encontradas en diversos nichos ecológicos.

Polimorfismo: porcentaje de loci variables. Se establece que un locus es polimórfico si el alelo más frecuente no supera el 95% (o el 99% si queremos ser más restrictivos).

Iniciadores o “Primers”: Oligonucleótidos específicamente diseñados para resultar complementarios (“forward”) o iguales (“reverse”) a segmentos definidos de secuencias

nucleotídicas únicas (no presentes en otras partes del genoma) contiguas al SSR y que sirven para iniciar la reacción de PCR.

Variedad comercial: En esta tesis las definiremos como un conjunto de líneas endocriadas altamente homocigotas derivadas de un programa de mejoramiento genético, que han sido registradas como tales en algún sistema de protección de propiedad vegetal y que cumplen, por lo tanto, con las reglas del análisis DHE. A pesar de ser, estrictamente hablando, cultivares, se diferencian de los “cultivares tradicionales” o “landraces” por su mayor grado de homogeneidad.

Variedad o Cultivar: Conjunto de plantas de un solo taxón botánico del rango más bajo conocido que pueda definirse por la expresión de los caracteres resultantes de un cierto genotipo o una cierta combinación de genotipos y pueda distinguirse de cualquier otro conjunto de plantas por la expresión de uno de esos caracteres por lo menos. Una variedad particular puede estar representada por varias plantas, una sola planta o varias partes de una planta, siempre que dichas parte o partes puedan ser usadas para la producción de plantas completas de la variedad.

RESUMEN

La soja (*Glycine max* (L) Merr.) es uno de los cultivos más importantes para los cuales la variabilidad genética es particularmente limitada debido a que es exótico en los principales países productores (USA, Brasil y Argentina). Los objetivos propuestos dentro del marco de esta tesis fueron la caracterización y cuantificación de la variabilidad genética del germoplasma de soja de uno de sus sitios de origen (China) para su comparación con el argentino y el boliviano mediante el uso de marcadores moleculares y, estudiar la posibilidad de utilizar a los SSR en el registro de variedades de soja en Argentina (y en general), específicamente mediante su adaptación al análisis DHE. Se utilizaron más de 120 genotipos que se analizaron con hasta 33 microsatélites. Como resultado se observó que la diversidad de las variedades comerciales de soja es menor que en el caso de variedades tradicionales. Las variedades chinas mostraron mayor número de alelos por locus, mayores valores de similitud e índices de diversidad genética. La mayoría de las variedades argentinas se agruparon separadas de las chinas, sin embargo algunas se relacionaron con estas últimas mostrando que hubo introgresiones de germoplasma chino en el argentino. Se analizaron 10 caracteres morfológicos para las variedades chinas a fin de compararlos con los datos de microsatélites, evidenciándose que cada tipo de marcador explica las relaciones entre las variedades de diferente manera. Ninguno de ellos mostró correlación con los requerimientos fotoperiódicos de las variedades chinas. Los análisis de homogeneidad y estabilidad muestran que es necesario establecer el número mínimo de marcadores a estudiar y cuáles serán éstos antes de aplicarlos en estudios de DHE, ya que las variaciones de los tipos alélicos de los SSR en el tiempo y el carácter selectivamente neutro de estos marcadores pueden modificar los umbrales de diferenciabilidad entre las variedades.

ABSTRACT

Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) is one of the world most important crops for which the genetic variability is particularly limited, because it is exotic for the most important producing countries (USA, Brazil and Argentina). The principal aims of this work were to characterize and quantify the genetic variability of soybean germplasm from China (center of origin), Argentina and Bolivia using microsatellites markers and to test the possibility of using this kind of markers for DUS testing purposes. More than 120 genotypes were analyzed with up to 33 microsatellites. Commercial soybean varieties showed lower variability than traditional ones. Traditional soybean varieties showed larger allele number per locus, similarity index and diversity values. Most of Argentine varieties clustered separately from Chinese ones, but some mixes were found showing that there were Chinese introgressions into Argentine germplasm. Ten morphological traits were analyzed for Chinese germplasm to compare their genetic diversity description with that derived from microsatellite profiles showing that different markers explain variety relationships in a different way. None of markers showed correlation with photoperiodic requirements among the Chinese varieties. The homogeneity and stability testing showed that it is needed to carefully establish a minimum number of very well characterized markers before their application to DUS testing, because variability in the allelic SSR profiles and its generally neutral selective nature could modify the distinguishing ability between varieties.



INTRODUCCIÓN

HISTORIA E IMPORTANCIA AGROECONÓMICA DE LA SOJA (*GLYCINE MAX* (L) MERR).

El género *Glycine* tiene una historia taxonómica confusa. El término fue originalmente introducido por Linnacus en 1737 y deriva del griego *glykys* (dulce) probablemente refiriéndose a la dulzura del tubérculo de *G. apios* L, que luego fue cambiado de género. En 1917 Merrill propuso la denominación *Glycine max*, que fue mundialmente aceptada como válida para designar a la soja. Este cultivar y su pariente silvestre anual *Glycine soja* Sieb. y Zucc. son parte del subgénero *Soja* (Moench) F J Herm. perteneciente al género *Glycine Willd* y a la familia de las leguminosas (Hymowitz y Singh, 1987), pudiendo ser cruzados exitosamente. La soja es una especie autógama en la que ocurre la polinización del estigma antes de la apertura de la flor. También pueden ocurrir cruzamientos naturales, siendo las abejas y los trips los principales agentes (Sediyama et al, 1982). Gran variedad de trabajos en soja demuestran que la tasa de polinización cruzada de esta especie oscila ente 0,03 a 2,5%, dependiendo de las condiciones de cultivo (Sediyama et al, 1999).

Glycine max (L) Merr es una especie diploide ($2n=40$) que no se encuentra en estado salvaje. Su morfología es extremadamente variable debido al desarrollo, en el este de Asia, de las llamadas "landraces" o cultivares tradicionales. Estos cultivares, que actualmente constituyen la mayor fuente de diversidad genética en los bancos de germoplasma, han pasado por el tamiz combinado de la selección natural y artificial durante años (Hymowitz y Singh, 1987; Kuckuck, Kobabe y Wezel, 1991).

El primer escrito referido a la soja se encontró en libros chinos que incluían plantas de China descritas por el Emperador Chenh-Nung en el año 2838 AC. La soja fue domesticada en el noreste de China en el siglo 11 AC y su forma cultivada se introdujo a Corea y Japón desde el norte de China entre los años 200 y 300 AC. Luego se introdujo desde China a los Estados Unidos vía Gran Bretaña en 1765 y desde Japón a Brasil en 1882 (Smith y Huyser, 1987).

En la actualidad, China es el cuarto productor y consumidor mundial de soja luego de Estados Unidos, Brasil y Argentina. El área cultivada con soja en ese país ha sido relativamente fluctuante en los últimos años, ocupando cerca de 9,3 millones de hectáreas con una producción de 15,70 millones de toneladas (USDA, 2001). En China existen tres grandes zonas productivas. La zona Noreste, la zona Huanghe-Huaihe-Haihe y la zona Sur. La primer incluye cuatro provincias y es la más importante con alrededor de la mitad de la producción nacional. La segunda incluye 9 provincias más

la región norte de las provincias de Anhui y Jiangu. Cerca del 30% de la cosecha china de soja se produce en esa área. La zona Sur incluye 11 provincias y la región sur de las provincias de Anhui y Jiangu, concentrando el 20% de la producción (USDA, 1999, Technical Bulletin 1871).

Para la Argentina es un cultivo relativamente nuevo. Las primeras variedades desarrolladas en nuestro país derivan de algunas provenientes de los Estados Unidos como son Williams, Bragg, Hood 75, Ramson y Forrest. Aún cuando los primeros ensayos con soja se remontan al principio del siglo XX (1910-1920), no fue hasta 1960 que la producción de soja comenzó a incrementarse. En 1956 la empresa privada Brandt Laboratorios SA fundó una filial llamada Agrosoja SRL y realizó un convenio de investigación agrícola con un organismo oficial, la Dirección General de Investigaciones Agrícolas, dependiente del Ministerio de Agricultura de la Nación y organismo precursor del INTA. El esfuerzo de unos pocos investigadores logró su implantación definitiva y en 1970 más de 43 variedades se cultivaban en diferentes regiones de la Argentina (Giorda y Baigorri, 1997).

Muchos mejoradores consideran que el tipo de herencia del ciclo de madurez y floración de la soja es cuantitativo. Por lo tanto, las características ambientales determinan el rango de grupo de madurez y los cultivares que mejor se adaptan a cada región y lote. Este conocimiento es muy valioso al momento de decidir la incorporación de un nuevo cultivar a la producción. Dicha información orienta sobre las características principales que deben reunir los nuevos cultivares a utilizar. Debido a la respuesta fotoperiódica de la soja, los cambios en la latitud modifican la longitud del ciclo de cada cultivar. Cada cultivar cuenta con una franja latitudinal en la cual con fechas de siembra en noviembre se comportan como de ciclo corto, medio o largo de norte a sur. El tipo de grupo de madurez se denomina utilizando números romanos. El número de grupo de madurez disminuye de norte a sur, con el incremento de los días con heladas.

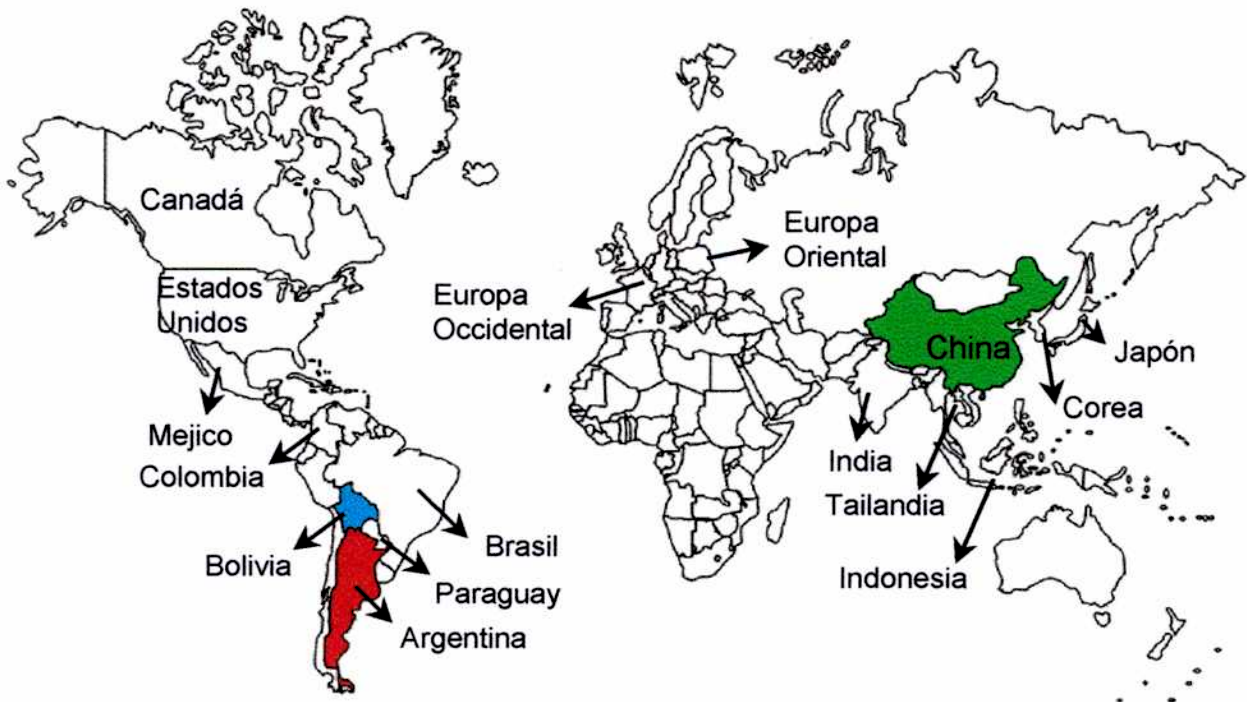
La Argentina es el tercer productor mundial de soja, luego de EUA y Brasil, con una producción estimada en 26,0 millones de toneladas por año (campaña 2000-2001) en una superficie de 10,15 millones de hectáreas, la mayor cultivada en el país desde que comenzó a implantarse (Estimaciones Agrícolas, junio 2001), exportando la mayor parte de su producción de aceite y harina de soja. Debido a esto y de acuerdo con la tendencia alcista de las plazas internacional y local, así como por los valores firmes, el país embolsó en 2001 ingresos superiores en 1000 millones de dólares respecto del año pasado.

En nuestro país el cultivo de soja se extiende desde la región sur de la provincia de Buenos Aires (23° latitud sur) hasta las provincias de Salta y Jujuy (38° latitud sur). Para cubrir esta demanda, más de 350 variedades pertenecientes a los grupos de madurez I al IX se han comercializado en los últimos 19 años.

Además de los tres principales productores de soja existen, tanto en oriente como en occidente, más de 16 países con distintos niveles de producción, que en total rinden 33,57 millones de toneladas en una superficie de 21,84 millones de hectáreas, representando menos de la mitad de las hectáreas y alrededor de ¼ de la producción de los principales tres países. Un ejemplo latinoamericano de pequeño productor y consumidor de soja y sus derivados es Bolivia. El área cultivada con soja en ese país se elevó de 0,34 a 1 millón de hectáreas y su producción de 0,39 a 1,15 millones de toneladas en los últimos años (Instituto Nacional de Estadísticas de Bolivia, 2000).

En la Figura 1 se indican las regiones productoras de soja en el mundo.

Figura 1: Regiones productoras de soja en el mundo.



En el mapa se indican las diferentes regiones productoras de soja: Estados Unidos, Brasil, Argentina, Paraguay, China, India, Canadá, Indonesia, Europa Occidental, Europa Oriental, Méjico, Tailandia, Corea, Japón, Bolivia y Colombia. Se destacan en color los países de origen de los grupos de cultivares utilizados en esta tesis. China: verde; Argentina: rojo; Bolivia: azul.

SISTEMA DE PROTECCIÓN Y CONTROL DE LAS SEMILLAS EN LA ARGENTINA Y EL MUNDO

La ley de Semillas y Creaciones Fitogenéticas (N° 20247) se creó en 1991 con el fin de proteger el resultado del esfuerzo de los investigadores y programas de mejoramiento y en respuesta a la expansión del mercado de semillas. El organismo responsable de la aplicación de la ley es la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación a través de las direcciones del Ex Instituto Nacional de Semillas (Ex INASE), cuyo principal objetivo es proveer de un marco legal y técnico. La Dirección de Registro Nacional de Cultivares (perteneciente al Ex INASE) se ocupa de la inscripción de las nuevas variedades para su comercialización y de otorgar los títulos de propiedad de los cultivares inscriptos a sus creadores. En el año 1994 y mediante la ley N° 24376/94, se acepta la adherencia de nuestro país a la Convención Internacional para la Protección de Obtenciones Vegetales (UPOV), adoptándose el Acta 1978. Así, se permite aumentar la confianza nacional e internacional al otorgar un título de propiedad a las nuevas variedades creadas.

Para que una nueva variedad pueda adquirir su título de propiedad, se deben cumplir cuatro requisitos:

1-novedad: la variedad no debe haber sido comercializada antes de su presentación ante el Registro Nacional de Cultivares;

2-distinguibilidad: una nueva variedad debe demostrar ser distinta a otra previamente registrada, sobre la base de un carácter importante;

3-homogeneidad: todas las plantas de una misma variedad deben presentar los mismos caracteres morfológicos, fisiológicos y fenológicos, tomando en cuenta su sistema de reproducción;

4-estabilidad: todas las plantas de una misma variedad deben ser estables en sus características esenciales luego de repetidas multiplicaciones.

Actualmente los estudios de distinguibilidad, homogeneidad y estabilidad (DHE) se realizan a campo siguiendo las directrices establecidas para cada especie (sobre todo en el modo de siembra y en el momento de observación de las características) y son llevados a cabo de igual manera por todos los países adherentes a UPOV con el fin de lograr coherencia en los resultados.

Tanto en el Acta 1978 de UPOV como en la ley nacional de semillas, se define a la variedad como: "La expresión de los caracteres resultantes de un cierto genotipo o la combinación de genotipos, que se distingue del resto del conjunto vegetal por la expresión de al menos uno de los caracteres mencionados. Se la considera como una entidad con respecto a la capacidad que tiene de reproducirse idéntica a sí misma."

Por lo tanto en la actualidad el sistema que se utiliza para inscribir y otorgar propiedad a las variedades es el morfológico (que incluye el análisis de características morfológicas, fenológicas y fisiológicas que tienen o no una relación con el valor agronómico o tecnológico de la variedad). Una herramienta complementaria a este sistema, la constituye el conjunto de técnicas bioquímicas tradicionales (electroforesis de proteínas de reserva e isoenzimas). Estos análisis se encuentran estandarizados por la Asociación Internacional de Análisis de Semillas, en la cual la Argentina tiene representantes en el comité ejecutivo.

Tanto el análisis morfológico como los estudios de proteínas de reserva e isoenzimas presentan un grado de polimorfismo relativamente bajo (en comparación con técnicas más modernas) fundamentalmente en especies cuyas variedades están muy relacionadas genéticamente como es el caso de la soja.

Esto último constituye una de las principales dificultades de los estudios DHE. La baja o limitada variabilidad que presentan algunas especies puede deberse a la base genética estrecha utilizada por los obtentores en los programas de mejoramiento o a la falta de caracteres útiles con los que se puedan distinguir a las variedades. Un carácter útil es aquel que presenta el mismo estado aún en diferentes ambientes. El efecto ambiental sobre la expresión de los caracteres hace que descripciones establecidas en diferentes países y las decisiones basadas en esas descripciones, no sean siempre congruentes. Por esto, es necesario realizar cada año las observaciones sobre las variedades candidatas a inscripción en comparación con las de la colección de referencia. El tamaño de estas colecciones es cada vez mayor a medida que se inscriben nuevas variedades, por lo que se necesita cada vez mayor superficie para sembrar a las variedades y realizar un buen control.

CARACTERIZACIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA

La conservación de los recursos genéticos es un tema que requiere especial atención debido a la importancia de mantener altos niveles de diversidad genética para que puedan ser utilizados tanto en el ámbito de la ciencia básica como práctica por los mejoradores. El valor de esa conservación depende en gran medida de la fidelidad y exactitud con que se identifican y conservan los materiales en los bancos de germoplasma. A medida que el tiempo transcurre, la probabilidad de acumular errores de documentación, con la consecuente duplicación o pérdida de variabilidad, aumenta.

Tradicionalmente se utilizan a los caracteres morfológicos para realizar los estudios correspondientes previos a la incorporación de nuevos materiales que, si bien son de gran utilidad, presentan la dificultad de estar influenciados por los cambios ambientales y ser de difícil manejo en colecciones de gran tamaño y/o con relaciones de parentesco cercanas.

La variabilidad existente en plantas cultivables ha estado disminuyendo a lo largo de los años por diversas causas. Los métodos de selección utilizados en la actualidad para la obtención de variedades nuevas han ido erosionando paulatinamente la variabilidad existente. A eso se suma el hecho de que los cultivares líderes suelen estar relacionados de manera muy cercana, disminuyendo considerablemente la base genética para el desarrollo de los nuevos. Así, la heterogeneidad varietal se ha ido transformando más en homogeneidad y uniformidad.

En el último medio siglo ha sido evidente y catastrófico el daño causado por este motivo en diferentes regiones, como lo ocurrido en 1970 en los Estados Unidos con la epidemia causada por *Cochliobolus heterostrophus*, *syn. Helmyntosporium maydis* en maíz. El objetivo para estos problemas es minimizar la uniformidad introduciendo parentales resistentes, aumentando así la diversidad genética.

En el caso de la soja, Delaney et al (1983) ha demostrado que la base genética de esa especie se sostiene en unos 50 cultivares provenientes de China, Corea y Japón. En nuestro país los parentales de la mayoría de las variedades comerciales provienen de cruzamientos con unas pocas variedades norteamericanas, presentando relaciones de similitud estrechas con 5 variedades tradicionales (Giancola, 1998).

La pregunta es, ¿dónde podemos encontrar fuentes de diversidad genética? La diversidad genética es sobre todo una característica típica de las llamadas "landraces". Estas están formadas por diversas poblaciones con distinto grado de homogeneidad, que han sido producto de una continua selección masal llevada a cabo durante años y mantenida en la actualidad con poca intervención de los métodos de selección

modernos. Aunque muestran bajos rendimientos, éstos suelen ser muy estables y, a pesar de no mostrar resistencias específicas contra patógenos, presentan resistencias llamadas durables que suelen estar controladas por varios genes responsables de caracteres de distribución continua también llamados “cuantitativos”. Este tipo de variedades pueden ser encontradas en diversos nichos ecológicos (Kuckuck, Kobabe y Wenzel, 1991).

Además de las “landraces”, otra fuente de variabilidad genética son las especies salvajes, de especial importancia en la transferencia de resistencia y como fuentes de caracteres fisiológicos y morfológicos.

Si se mira la disponibilidad de germoplasma existente como un todo, se observa que existe una gran reserva genética que todavía no ha sido adecuadamente explorada y que puede ser fuente de variabilidad utilizable para enriquecer los programas de mejoramiento.

En general la diversidad genética puede ser encontrada en los centros de diversidad, los centros de cultivo y los programas de mejoramiento. Cada categoría difiere en su composición genética, variación, valor agronómico y potencial para su uso en los programas de mejoramiento. Pero, en sentido estricto, los centros de diversidad son la fuente de los recursos genéticos. En la actualidad se identifica a la región asiática como el centro de origen de la soja, entre otros cultivos, que en este caso coincide con el centro de mayor diversidad (centro de Vavilov N°1: China - Japón, FAO, 2001).

MARCADORES MOLECULARES: SECUENCIAS SIMPLES REPETIDAS O MICROSATÉLITES

Los genes comprenden una porción pequeña del ADN total y están, usualmente, bajo una presión de selección negativa que elimina a las nuevas variantes alélicas que surgen de los diversos mecanismos que originan mutaciones. Por lo tanto, la mayoría de las modificaciones que diferencian a los individuos en el ámbito de su ADN, ocurren en la porción no codificante del mismo, la cual resulta relativamente neutra a la presión de selección.

Al conjunto de herramientas utilizadas para el estudio de las variaciones genómicas (es decir de secuencias en el ADN) se las denomina marcadores moleculares.

Hasta la fecha se han descrito gran cantidad de técnicas para estudiar al ADN que incluyen, digestión con endonucleasas de restricción, amplificación por PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) y electroforesis en geles, entre los que se

encuentran por ejemplo: RFLP, AFLP, RAPDs, SNP, SSR, entre otras. Cada una de las técnicas varía en su capacidad para detectar la variabilidad existente y no se ve, normalmente, influenciada por las variaciones ambientales. El uso de los marcadores moleculares se ha extendido rápidamente constituyendo una herramienta muy útil en los programas de mejoramiento, en estudios evolutivos y de conservación.

La capacidad de los marcadores moleculares, especialmente los microsatélites o secuencias simples repetidas (SSR) para distinguir eficientemente entre variedades cercanas, estudiar genotipos y cuantificar la diversidad genética, ha sido demostrada por diversos autores (Morgante et al, 1994; Ronwen et al, 1995; Goldstein et al, 1995; Akkaya et al, 1995; Brown et al, 1996; Powell et al, 1996; Giancola, 1998; Giancola et al, 2001). Esta metodología ha sido particularmente útil en especies con altos niveles de autofecundación como es la soja.

Los SSR son secuencias de 2 a 6 nucleótidos, dispuestas en tándem, que están localizadas a través de todo el genoma de la mayoría de las especies eucariotas (Powell et al, 1996; Brown et al, 1996). Cada microsatélite, independientemente del elemento repetido que contenga, constituye un locus genético cuyos alelos pueden o no ser iguales en el número de repeticiones. Los SSR son altamente polimórficos aún entre variedades cercanas debido al cambio en el número de repeticiones ocasionado por cruzamiento desigual, al momento de la formación de las gametas, o por el fenómeno denominado deslizamiento ("slippage"), en el que la ADN polimerasa agrega (o quita) más repeticiones de las correspondientes al copiar el ADN. Estos tipos de mutaciones se acumulan más rápidamente en las poblaciones que las mutaciones puntuales o las inserciones/deleciones (responsables de los polimorfismos en los largos de los fragmentos de restricción) (Brown et al, 1996).

Los diferentes alelos de un SSR pueden ser detectados por la técnica de PCR utilizando oligonucleótidos iniciadores ("primers") generados a partir de las secuencias flanqueantes a los motivos repetidos. La mayoría de los "primers" necesarios para detectar estas secuencias repetidas en soja, han sido desarrolladas por el Dr. Perry Cregan y publicados en la página Web de Internet que reúne información sobre avances en soja (<http://129.186.26.94/SSR.html>).

Los microsatélites ofrecen una serie de características que los hacen muy útiles como marcadores moleculares. En primer lugar, como ya hemos mencionado, son altamente polimórficos y proveen muy buena información para el estudio de plantas. En segundo lugar, pueden ser analizados por medio de una técnica rápida y simple, de bajo costo que requiere poca cantidad de ADN. Tercero, son de tipo codominante y se ha observado segregación Mendeliana. Cuarto, son abundantes y presentes en los

genomas de las plantas con buena cobertura genómica (Powell et al, 1996; Brown et al, 1996).

La principal desventaja de los SSR radica en que es necesario clonar y secuenciar los fragmentos que contienen al microsatélite y que este desarrollo, además de ser costoso y requerir tiempo, es especie específico. A pesar de eso, en la última década se han descrito SSR en *Brassica* (Lagerkrantz et al, 1993), arroz (Wu y Tanksley, 1993), vid (Thomas et al, 1993), *Arabidopsis thaliana* (Bell y Ecker, 1994), cebada (Sahgai-Marroof et al, 1984), trigo (Roder et al, 1995; Devos et al, 1995), roble (Dow et al, 1995), soja (Akkaya et al, 1992; Morgante y Olivieri, 1994; Yanagisawa et al, 1994; Maughan et al, 1995; Rongwen et al, 1995; Powell et al, 1996), girasol (Brunel, 1994; Echaide, 1998; Paniago, 2001), maíz (Senior y Heun, 1993), sorgo (Brown et al, 1996) y tomate (Broun et al, 1996) entre otras especies.

MARCADORES MOLECULARES VS. CARACTERES MORFOLÓGICOS PARA LOS ENSAYOS DE DHE Y EL ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA

En párrafos anteriores se han discutido los problemas relacionados con la realización de los estudios DHE (baja variabilidad, influencia ambiental sobre la expresión de los caracteres y el aumento de tamaño de las colecciones de referencia).

Las técnicas moleculares evitan estos problemas que se generan al utilizar las características morfológicas, y como, en realidad, toda diferencia entre organismos vivientes está determinada por diferencias en la secuencia nucleotídica del genoma, surge el interrogante de si es posible utilizarlas para realizar los estudios DHE.

La Oficina de Protección de Variedades del Servicio de Comercio de Agricultura del Departamento de Agricultura de los Estado Unidos, acepta patrones que se denominan (y denominaremos en esta tesis) “alélicos” de SSR como evidencia que sostiene la unicidad de un nuevo cultivar (Diwan y Cregan, 1997).

Sin embargo existe una serie de consecuencias probables como resultado de la utilización de los marcadores moleculares para la protección de obtenciones vegetales, que deben ser tomadas en cuenta al momento de discutir su incorporación a un sistema de protección de la propiedad intelectual.

Y son las siguientes:

1-disponibilidad de caracteres moleculares.

Cada sonda, SSR o “primer” puede revelar potencialmente una diferencia entre dos variedades y la cantidad de estos instrumentos es incontable. La introducción de estas

técnicas en los estudios DHE aumentaría la capacidad para discriminar entre variedades muy relacionadas y por lo tanto reduciría las distancias genéticas mínimas entre las mismas. Esto significaría un debilitamiento en el sistema de protección de las variedades debido a que se podrían inscribir variedades muy cercanas a una variedad inicial con una modificación que podríamos llamar cosmética. En el otro extremo, las técnicas avanzadas de mejoramiento a veces llevan al desarrollo de variedades cuasi-isogénicas, cuya diferencia radica en algún carácter morfológico conspicuo que justifica su inscripción como variedad novedosa dentro de la legislación vigente. Por ejemplo, el desarrollo de variedades transgénicas que se obtienen por retrocruza asistida por marcadores moleculares, que llevan a una introgresión casi total del transgén en el fondo genético de la variedad recurrente. La utilización de marcadores moleculares en el sistema de protección podría servir, en este caso, para proteger el fondo genético de estas variedades isogénicas, jurídicamente denominadas “esencialmente derivadas”.

2-evaluación de la homogeneidad.

Una variedad protegida, y por lo tanto morfológicamente homogénea, podría dar origen a otras variedades si se la evalúa utilizando técnicas moleculares simplemente porque la homogeneidad de la variedad no se había estudiado con esa técnica molecular.

Si en un futuro los organismos internacionales decidieran incorporar a los marcadores moleculares para realizar los estudios DHE, los interesados en la inscripción de la nueva variedad deberían:

- especificar cuál/es son los marcadores a utilizar,
- analizarlos y mantenerlos estables y homogéneos durante los procesos de selección realizados por el mejorador y, por último,
- presentarlos, con los correspondientes patrones de ADN generados, en la oficina de registro al momento de la inscripción.

La Organización para la Protección de las Obtenciones Vegetales a través de su grupo de trabajo específico BMT (Técnicas Bioquímicas y Moleculares) desalienta el uso de las técnicas moleculares para los estudios DHE. Se considera que estas técnicas son importantes para explicar la relación entre las variedades, brindando información sobre el genoma de las mismas y permitiendo su identificación, pero que las reglas DHE fueron diseñadas para describir el fenotipo de la variedad. Incluso la misma definición de variedad debería ser cambiada.

Todas estas consideraciones buscan no dañar el sistema de protección de las variedades a la vez que se realizan estudios para determinar la posibilidad de la incorporación de las técnicas moleculares para complementar, y quizás en un futuro reemplazar las reglas en uso para, más que disminuir, aumentar las “distancias

INTRODUCCIÓN

mínimas” y subsanar los problemas del uso de los datos morfológicos descriptos anteriormente. Con la introducción de caracteres menos susceptibles o que carezcan totalmente de susceptibilidad a las influencias ambientales, resultaría posible contar con una base de datos y comparar las variedades candidatas con datos recopilados años anteriores de las variedades de la colección de referencia. Las bases de datos serían la única manera de contar con una cobertura mundial de las variedades existentes.

En cuanto a la conservación de los materiales, la necesidad de la identificación inequívoca es un punto en común con el sistema de protección. La caracterización del germoplasma mediante técnicas moleculares, permitirá verificar el grado de parentesco y las relaciones genéticas entre las variedades, facilitando la selección de los materiales a ser utilizados en los programas de mejoramiento. Los marcadores moleculares podrían transformarse en una herramienta útil para la identificación de las llamadas colecciones núcleo o “core collections”, que contienen sólo algunos de los ingresos al banco de germoplasma, pero que son representativos en cuanto a su diversidad. La caracterización genotípica y la identificación adecuada de los ingresos, dará como resultado la optimización de la conservación de los recursos.



OBJETIVOS

OBJETIVOS

OBJETIVOS

Si bien en un comienzo los descriptores morfológicos y agronómicos fueron suficientes para satisfacer el criterio de diferenciabilidad, los mismos se vuelven insuficientes ante el gran incremento del número de cultivares comercializados en los últimos años.

En párrafos anteriores se han discutido los problemas relacionados con la realización de los estudios DHE (baja variabilidad, influencia ambiental y aumento de tamaño de las colecciones). Las técnicas moleculares evitan estos problemas además de ser muy precisas y numéricamente disponibles. Su precisión y número, hacen que exista gran interés por parte de organismos internacionales como UPOV por normalizar estas técnicas para los estudios DHE, ya que en un futuro serán la base del sistema de protección de variedades.

Por otro lado la disponibilidad de variedades tipo "landraces" procedentes de China, uno de los centros de diversidad de la soja, despertó el interés por cuantificar su variabilidad en relación al germoplasma argentino y boliviano, que presentan varios años de mejoramiento intensivo y así poder establecer el grado de erosión genética (en términos de similitud genética entre variedades y grado de heterogeneidad genéticas de cada cultivar).

OBJETIVOS GENERALES

- Caracterización y cuantificación de la variabilidad genética del germoplasma de soja de uno de sus centros de origen (China) para su comparación con el argentino y el boliviano mediante el uso de marcadores moleculares.
- Estudiar la factibilidad de utilización de SSR en el registro de variedades de soja en Argentina (y en general), específicamente mediante su adaptación al análisis DHE.

OBJETIVOS PARTICULARES

- Establecer el número mínimo de marcadores necesarios para la clasificación inequívoca (Documento Unico de Identidad Genética) de cada genotipo de soja china y compararlo con el número mínimo necesario para la identificación de las variedades argentinas.
- Estudiar la correlación de los datos moleculares obtenidos con las áreas productivas y los datos morfológicos.

OBJETIVOS

Estos dos objetivos particulares permitirán establecer un Documento Unico de Identidad Genética para cada variedad, generando nuevos aportes para brindar un adecuado respaldo al sistema de protección de variedades. Además nutrirá la discusión sobre la incorporación de las técnicas moleculares al sistema de protección de las variedades.

- Evaluar la diversidad genética y las relaciones fenéticas de las variedades chinas en comparación con el germoplasma argentino y boliviano.


Esto servirá para establecer distancias genéticas y para comparar y cuantificar la diversidad genética de los tres grupos de variedades, analizando el efecto de los procesos de mejoramiento sobre la diversidad.

- Estudiar la homogeneidad y estabilidad de un grupo de cultivares argentinos de soja.

La caracterización molecular permitirá controlar la uniformidad y estabilidad de los cultivares durante sucesivos ciclos de multiplicación, verificar el grado de homocigosis y realizar un control de calidad genotípica.

El importante mercado de semillas existente se verá beneficiado en un futuro por el desarrollo y la aplicación de modernas técnicas moleculares en varios aspectos. Por un lado, una adecuada diferenciación de los nuevos cultivares acelerará su registro y comercialización y brindará una protección más eficiente a los obtentores. Por el otro, contribuirá a controlar la pureza de los cultivares en sucesivos ciclos de multiplicación facilitando la verificación de los criterios de homogeneidad y estabilidad. La mayor pureza de la semilla permitirá expresar al máximo el potencial productivo de los nuevos cultivares con el consiguiente beneficio al agricultor y a la sociedad en general.

El análisis de cultivares tipo "landraces" permitirá disponer de un nuevo grupo de características utilizables en la ampliación de la base genética de los programas de mejoramiento permitiendo el desarrollo de nuevos cultivares cada vez más adecuados a las necesidades locales.



**MATERIALES Y
MÉTODOS**

MATERIAL VEGETAL Y PREPARACIÓN DE LAS MUESTRAS

Para la confección de un Documento Único de Identidad Genómica (DUIG), se utilizaron 103 cultivares de soja china (*Glycine max* (L.) Merr) tipo "landraces", gentilmente cedidos por el Profesor Junyi Gai (Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University, National Center of Soybean Improvement, Ministry of Agriculture), que se encuentran listados en la Tabla 1. Estos cultivares se recolectaron de las distintas provincias de la República Popular de China (Figura 2). Además, se utilizó la variedad comercial norteamericana Williams para estimar el tamaño de los alelos chinos.

Tabla 1: Cultivares chinos utilizados en la confección del DUIG.

Landrace	Provincia de origen	Area productiva
Hulin bayuemang	Helong Jiang	Noreste
Linxun suoyiling	Helong Jiang	Noreste
Baimaoshuang	Helong Jiang	Noreste
Baoan dadou	Helong Jiang	Noreste
Dajinhuang	Helong Jiang	Noreste
Daheidou	Shanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Jindou 4hao	Shanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Jindou 1hao	Shanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Jindou 6hao	Shanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Yiwu liuyuedou	Zhejiang	Sur
Qingmingdou	Zhejiang	Sur
Yuhang liuyuedou	Zhejiang	Sur
Baihuadou	Zhejiang	Sur
Lishui daliandou	Zhejiang	Sur
Tiegandou	Shandong	Huanghe-Huaihe-Haihe
Heze pingdingdo	Shandong	Huanghe-Huaihe-Haihe
Fengshouhuang	Shandong	Huanghe-Huaihe-Haihe
Wendeng baidou	Shandong	Huanghe-Huaihe-Haihe
Duludou	Liaoning	Noreste
Dabaimei	Liaoning	Noreste

MATERIALES Y MÉTODOS

Tiejiaqing	Liaoning	Noreste
Bashijia	Liaoning	Noreste
Hengshan hongdou	Hunan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Longshan liuyuehuang	Hunan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Huashan huangdou	Hunan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Liuyuehuang	Hunan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Heihuangdou	Shaanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Mayidan	Shaanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Yaohuangdou	Shaanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Zhenba jiangsedou	Shaanxi	Huanghe-Huaihe-Haihe
Daqingsi	Jiangxi	Sur
Duchang huangdou	Jiangxi	Sur
Xiazhidou	Jiangxi	Sur
Guangchang laoshushi	Jiangxi	Sur
Dalichadou	Jiangxi	Sur
Huangdou	Gansu	Huanghe-Huaihe-Haihe
Hongmidou	Gansu	Huanghe-Huaihe-Haihe
Heiyao huangdou	Gansu	Huanghe-Huaihe-Haihe
Chamo shidou	Jilin	Noreste
Baihua	Jilin	Noreste
Baihua tiejia	Jilin	Noreste
Baihuamo shidou	Jilin	Noreste
Taixing heidou	Jiangsu	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Dabajiao	Jiangsu	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Liuhe xiaoyeqing	Jiangsu	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Honghua liuyue	Jiangsu	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Huaiyin qiuhedou	Jiangsu	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Dawudou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Dahedou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Raoshangun	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Huangdou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Dabaimeidou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Qingyang zaoxuan	Anhui	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Buyang134	Anhui	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur

Wuheqi huangdou	Anhui	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Daqingdou	Anhui	Huanghe-Huaihe-Haihe/ Sur
Qingyuan xiaohuangdou	Guangdong	Sur
Mabugang dongdou	Guangdong	Sur
Xiawangwudou	Guangdong	Sur
Dapu huangdou	Guangdong	Sur
Chunheidou	Guangdong	Sur
Xishui liuyuedou	Guizhou	Sur
Tongren xilidou	Guizhou	Sur
Shuaangsedou	Guizhou	Sur
Anshun baijiaodou	Guizhou	Sur
Heike maodou	Guizhou	Sur
Baoshan houzima	Yunnan	Sur
Yuxi huangdou	Yunnan	Sur
Mengla xiaohuangdou	Yunnan	Sur
Daqingdou	Yunnan	Sur
Zongpidou	Yunnan	Sur
Xihuangdou	Yunnan	Sur
Shitang wuyuedou	Guangxi	Sur
Xiping xiaohuangdou	Guangxi	Sur
Wuzhou siyuehuang	Guangxi	Sur
Zaohuangdou	Guangxi	Sur
Binyang xiaoqingdou	Guangxi	Sur
Yulin dahuangdou	Guangxi	Sur
Chian qingpi	Fujian	Sur
Longyan qiuwudou	Fujian	Sur
Aijiaoqing	Fujian	Sur
Shandouzi	Fujian	Sur
Xianyou sandou	Fujian	Sur
Baimaodou	Sichuan	Sur
Dazaohuang	Sichuan	Sur
Touxinlu	Sichuan	Sur
Zigong dongdou	Sichuan	Sur
Zaochundou	Sichuan	Sur

MATERIALES Y MÉTODOS

Hebian jiangsedou	Sichuan	Sur
Emei liuyuedou	Sichuan	Sur
Nanbu qingpidou	Sichuan	Sur
Qujia huangdou	Sichuan	Sur
Shangzhuang shuibaidou	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Taiping zihua	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Nongchang ercao	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Wenshu tianedan	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Baihuacao	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Wandoutuan	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Fanxian pingdingniumao	Henan	Huanghe-Huaihe-Haihe
Gucheng yishuhou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Qichun jiangsedou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Heihuangdou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Enshi zaohuangdou	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe
Shanzibai	Hebei	Huanghe-Huaihe-Haihe

En la tabla se detallan los cultivares chinos utilizados en los análisis numerados del 1 al 104, su provincia de origen y el área productiva a la que pertenece. El cultivar Bashijia no se incluyó en los análisis.

Figura 2: Mapa de la República Popular de China.



En la figura se observan las diferentes divisiones administrativas de China. Los cultivos recolectados de cada provincia se indican en la Tabla 1.

Con el fin de comparar la diversidad genética de las 103 variedades tradicionales chinas con variedades comerciales modernas, se tomaron datos generados para 100 variedades argentinas utilizando 30 SSR (datos publicados en Giancola, 1998-Tesis doctoral y Giancola et al, 2002) de los cuales 24 son compartidos con las variedades chinas. Además se tomaron datos de 12 variedades bolivianas analizadas con 20 SSR, gentilmente cedidos por SEMEXA, Bolivia y tomados de la base de datos del Ex INASE. Las variedades argentinas se codificaron de A-I a A-XXXVIII (A: Argentina + numeración romana de 1 a 38) y las bolivianas de B-I a B-XII (B: Bolivia + numeración romana de 1 a 12).

Para el ensayo de uniformidad, se analizaron 15 plantas individuales por cada una de las 7 variedades argentinas estudiadas (datos codificados del 01 al 07), todas obtenidas del Registro Nacional de Cultivares del Ex Instituto Nacional de Semillas. Para el análisis de la estabilidad del germoplasma en el tiempo, se analizaron grupos de 5 plantas por cada una de las 7 variedades argentinas estudiadas (datos codificados de A a G), obtenidas del Registro Nacional de Cultivares antes mencionado. En ambos casos cada muestra se preparó a partir de aproximadamente 400mg de material seco molido.

La extracción de ADN se llevó a cabo utilizando el método de Saghai-Marroof et al (1984):

Componentes del buffer:

Tris pH: 7,5	100 mM
NaCl	700 mM
EDTA pH: 8,0	50 mM
CTAB	1%
B-mercaptoetanol	1%

El tejido se incubó con el buffer de extracción y una punta de espátula de PVP (polivinil-pirrolidona, Sigma) durante 60 a 90 minutos a 65°C en agitación (Baño Termostático Vicking, modelo Dubnof). Luego de tratar dos veces con cloroformo:octanol (24:1, v/v), se precipitó el ADN con isopropanol (1 volumen). La masa de ADN precipitada se recuperó con una pipeta Pasteur de vidrio con la punta doblada previamente esterilizada en llama y se lavó en una solución de etanol 70%. Se dejó secar unos momentos y finalmente se resuspendió en agua ultra pura estéril.

El ADN se cuantificó sembrando una alícuota de 1µl en un gel de 1% de agarosa (Sigma) en buffer TAE 1X (Tris-acetato 48,8 g/l, ácido acético glacial 1,4 ml/l, EDTA

0,5mM pH: 8,0 20 ml/l), teñido con bromuro de etidio (Sambrook et al, 1989) y se corrió por 15 minutos a 100 V en una cuba de 16cm (6,25 V/cm).

ANÁLISIS DE MICROSATÉLITES (SSR O SECUENCIAS SIMPLES REPETIDAS)

SSR utilizados en los distintos análisis

Para la confección del DUIG se analizaron 33 SSR, según las condiciones descritas por Akkaya et al (1995) y Giancola (1998). La información sobre la secuencia nucleotídica de los "primers" necesarios para realizar las amplificaciones, se obtuvieron de la base de datos de soja de Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (<http://129.186.26.94/SSR.html>). Estos "primers" fueron desarrollados y caracterizados sobre cultivares de soja de los Estados Unidos por el Dr. P. Cregan del Laboratorio de Investigación en Soja y Alfalfa (USDA-ARS). Los mismos se seleccionaron según su localización en los 20 grupos de ligamiento de la especie (Figura 3). En los casos donde se analizó más de un SSR por grupo de ligamiento, estos se seleccionaron bien distantes para evitar redundancias en los datos por ligamiento. Para contar con una referencia internacionalmente consensuada respecto del tamaño de los alelos obtenidos, se utilizó la variedad norteamericana Williams, que fue utilizada por el Dr. Perry Cregan para estandarizar los tamaños de los alelos de SSR desarrollados. La Tabla 2 detallan los 33 loci utilizados en el análisis.

Para el análisis de uniformidad se analizaron 15 SSR del grupo de más de 700 desarrollados por el Dr. Cregan (Tabla 3).

Para el análisis de estabilidad del germoplasma se analizaron 32 SSR también del grupo desarrollados por el Dr. Cregan (Tabla 4).

Tabla 2: Microsatélites utilizados en el análisis de 103 landraces chinas y la variedad norteamericana Williams.

Locus	Locus
(ab)BARC-SATT002	(ab)BARC-SATT249
(ab)BARC-SATT005	(ab)BARC-SATT253
(ab)BARC-SATT009	(ab)BARC-SATT259
(ab)BARC-SATT030	(ab)BARC-SATT294
(ab)BARC-SATT042	BARC-SATT307
(ab)BARC-SATT045	(ab)BARC-SATT324
(a)BARC-SATT100	(ab)BARC-SATT353
(a)BARC-SATT114	BARC-SATT357
(a)BARC-SATT147	BARC-SATT367
BARC-SATT156	BARC-SATT373
(ab)BARC-SATT168	BARC-SATT409
(ab)BARC-SATT172	(ab)BARC-SATT414
(a)BARC-SATT173	BARC-SATT509
(ab)BARC-SATT175	(ab)BARC-SATT534
(ab)BARC-SATT177	(ab)BARC-SATT577
BARC-SATT184	
BARC-SATT197	
(ab)BARC-SATT231	

El nombre completo de los loci incluye el prefijo BARC por "Bestville Agricultural Research Center", EUA, que usualmente se omite con fines de abreviación. SATT significa locus SSR cuyo motivo de repetición es un trinucleótido ATT. Los loci que presentan una (a), se utilizaron para comparar a las variedades chinas y argentinas (un total de 24 SSR). Los que presentan una (b) se utilizaron para comparar a los tres grupos de variedades (un total de 20).

Tabla 3: Microsatélites utilizados en el análisis de uniformidad de 7 variedades argentinas.

Locus
BARC-SATT005
BARC-SATT009
BARC-SATT030
BARC-SATT042
BARC-SATT168
BARC-SATT173
BARC-SATT175
BARC-SATT177
BARC-SATT226
BARC-SATT231
BARC-SATT259
BARC-SATT294
BARC-SATT324
BARC-SATT414
BARC-SATT534

El nombre completo de los loci incluye el prefijo BARC por "Bestville Agricultural Research Center", EUA, que usualmente se omite con fines de abreviación. SATT significa locus SSR cuyo motivo de repetición es un trinucleótido ATT.

Tabla 4: Microsatélites utilizados en el análisis de estabilidad de 7 variedades argentinas.

Locus	Locus
BARC-SATT005	BARC-SATT226
BARC-SATT009	BARC-SATT231
BARC-SATT030	BARC-SATT249
BARC-SATT042	BARC-SATT253
BARC-SATT045	BARC-SATT259
BARC-SATT100	BARC-SATT294
BARC-SATT002	BARC-SATT307
BARC-SATT147	BARC-SATT353
BARC-SATT114	BARC-SATT324
BARC-SATT156	BARC-SATT357
BARC-SATT168	BARC-SATT358
BARC-SATT172	BARC-SATT367
BARC-SATT173	BARC-SATT373
BARC-SATT175	BARC-SATT409
BARC-SATT177	BARC-SATT414
BARC-SATT184	BARC-SATT534
BARC-SATT197	BARC-SATT577
BARC-SATT509	

El nombre completo de los loci incluye el prefijo BARC por "Bestville Agricultural Research Center", EUA, que usualmente se omite con fines de abreviación. SATT significa locus SSR cuyo motivo de repetición es un trinucleótido ATT.

Secuencias de los SSR utilizados

A continuación se detallan las secuencias "forward" y "reverse" de los "primers" utilizados en los distintos análisis. Las secuencias se obtuvieron de la base de datos de la soja (<http://129.186.26.94>). Las letras A, C, G y T indican los cuatro nucleótidos que conforman las secuencias de ADN. En la primera columna se indica el locus al que corresponden las secuencias.

Tabla 5: Secuencias de SSR utilizados en esta tesis.

Microsatélite	Forward	Reverse
BARC-SATT002	TGT GGG TAA AAT AGA TAA AAA T	TCA TTT TGA ATC GTT GAA
BARC-SATT005	TAT CCT AGA GAA GAA CTA AAA AA	GTC GAT TAG GCT TGA AAT A
BARC-SATT009	CCA ACT TGA AAT TAC TAG AGA AA	CTT ACT AGC GTA TTA ACC CTT
BARC-SATT030	AAA AAG TGA ACC AAG CC	TCT TAA ATC TTA TGT TGA TGC
BARC-SATT042	GAC TTA ATT GCT TGC TAT GA	GTG GTG CAC ACT CAC TT
BARC-SATT045	TGG TTT CTA CTT TCT ATA ATT ATT T	ATG CCT CTC CCT CCT
BARC-SATT100	ACC TCA TTT TGG CAT AAA	TTG GAA AAC AAG TAA TAA TAA CA
BARC-SATT114	GGG-TTA-TCC-TCC-CCA-ATA	ATA-TGG-GAT-GAT-AAG-GTG- AAA
BARC-SATT147	CCATCCCTTCTCCTCAAATAGAT	CTTCCACACCCTAGTTTAGTGA CAA
BARC-SATT156	CGCACCCCTCATCCTATGTA	CCA ACTAATCCCAGGGACTTAC TT
BARC-SATT168	CGCTTGCCCAAAAATTAATAGT A	CCATTCTCCAACCTCAATCTTAT AT
BARC-SATT172	AGCCTCCGGTATCACAG	CCTCCTTTCTCCCATTTT
BARC-SATT173	TGCGCCATTTATTCTTCA	AAGCGAAATCACCTCCTCT
BARC-SATT175	GACCTCGCTCTCTGTTTCTCAT	GGTGACCACCCTATTCTTAT
BARC-SATT177	CGTTTCATTCCCATGCCAATA	CCCGCATCTTTTCAACCAC

MATERIALES Y MÉTODOS

BARC-SATT184	GCGCTATGTAGATTATCCAAAT TACGC	GCCACTTACTGTTACTCAT
BARC-SATT197	CACTGCTTTTTCCCCTCTCT	AAGATACCCCAACATTATTG TAA
BARC-SATT226	GCGAAACAACACTCACTTAAGCAA TACAT	GCGTCCTCCTACCTTTCCTTATC
BARC-SATT231	GCGTGTGCAAAATGTTTCATCAT CT	GGCACGAATCAACATCAAAA CT
BARC-SATT249	GCGGCAAATTGTTATTGTGAGA C	GGCCAGTGTTGAGGGATTTAG A
BARC-SATT253	GCGCCCTAAATAAGATAAGACA AG	GCGTGGCCTTTTCCCATTTA
BARC-SATT259	TGGGCCATTTGGGCAGCTCGAC T	ATTCACACGCATCTGGAATAAT A
BARC-SATT294	GCGGGTCAAATGCAAATTAATTT TT	GCGCTCAGTGTGAAAGTTGTTT CTAT
BARC-SATT307	GCGCTGGCCTTTAGAAC	GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAG TAAG
BARC-SATT324	GTTCCAGGTCCCACCATCTAT G	GCGTTTCTTTTATACCTTCAAG
BARC-SATT353	CATACACGCATTGCCTTTCCTG AA	GCGAATGGGAATGCCTTCTTAT TCTA
BARC-SATT357	CCTGAGCAATTCATACITCC	TAACCGATCCGATCCTTGACA
BARC-SATT358	GCGGCGCTTTATGTAACAATAC GATTT	GCGAGTAAAAGCAGAGTCCGG AGTA
BARC-SATT367	GCGGATATGCCACTTCTCTCGT GAC	GCGGAATAGTTGCCAAACAATA ATC
BARC-SATT373	TCCGCGAGATAAATTCGTAAAA T	GGCCAGATACCAAGTTGTACT TGT
BARC-SATT409	CCTTAGACCATGAATGTCTCGA AGATA	CTTAAGGACACGTGGAAGATG ACTAC
BARC-SATT414	GCGTATTCCCTAGTCACATGCTA TTTCA	GCGTCATAATAATGCCTAGAAC ATAAA
BARC-SATT509	GCGCTACCGTGTGGTGGTGTG	GCGCAAGTGGCCAGCTCATCTA

	CTACCT	TT
BARC-SATT534	CTCCTCCTGCGCAACAACAATA	GGGGGATCTAGGCCATGAC
BARC-SATT577	CAAGCTTAAGTCTTGGTCTTCT CT	GGCCTGACCCAAAACCTAAGGGA AGTG

Reacciones de amplificación

Las reacciones de amplificación se realizaron en un volumen final de 12 μ l utilizándose los siguientes componentes:

H2O ultra pura	3,648 μ l
Buffer 10X (GIBCO, life Technologies)	1,2 μ l
ClMg2 15 mM (GIBCO, life Technologies)	0,36 μ l
dNTPs 10 mM (Promega)	0,252 μ l
Primer "forward" 10 μ M (Biodynamics)	0,18 μ l
Primer "reverse" 10 μ M (Biodynamics)	0,18 μ l
Taq polimerasa 5 U/ μ l (GIBCO, Life Technologies)	<u>0,18 μl</u>
	6 μ l
ADN genómico 5 ng/ μ l	<u>6 μl</u>
Total	12 μ l

Los primers utilizados son los específicos de cada locus estudiado. Las amplificaciones se realizaron en termocicladores MJ Research modelo PTC100, utilizando el siguiente programa de ciclado:

Cantidad de ciclos	Temperatura	Tiempo
1	94°C	3 minutos
35	94°C	25 segundos
	48°C	25 segundos
	68°C	25 segundos
	72°C	7 minutos
1	4°C	El resto de la noche.

Electroforesis de los geles de poliacrilamida

Luego de la amplificación, los productos se mezclaron con 4 µl de buffer de carga (98% formamida, 10mM de EDTA pH: 8,0; 0,05% de azul de bromo fenol y 0,05% de xilen-cianol), se desnaturalizaron a 94°C por 3 minutos y se sembraron 4 µl en geles desnaturalizantes de poliacrilamida (6% acrilamida/bisacrilamida 20:1; 8 M de urea; 40 ml/l de buffer TBE: Tris (0,8 g/l), ácido bórico (55 g/l), EDTA (40 ml/l), pH: 8,3). La corrida electroforética se realizó en cubas del tipo de las usadas para secuenciación nucleotídica (Modelo S2, Life Technologies) con buffer TBE 1X (inferior) y 0,5X (superior) durante dos horas a 1900V (Sambrook et al, 1989). En una primera etapa se estimaron los rangos de tamaño de los alelos analizando sólo 5 cultivares. Luego se analizó la totalidad de las variedades utilizándose el sistema de multiplex corriéndose hasta tres SSR en el mismo gel.

Para estimar el tamaño de los fragmentos (alelos) obtenidos, se realizó la extracción de los ADN amplificados por locus utilizando el sistema Concert Rapid PCR Purification System (GIBCO, Life Technologies). El producto de esta extracción se corre electroforéticamente en una sola calle de un gel de secuencia, generándose así una "escalera" de alelos. Las mismas, obtenidas para cada locus, se compararon con un marcador de tamaño molecular (25 pb de GIBCO, Life Technologies) junto con una reacción de secuenciación GATC del M13ssDNA adaptado para revelado con nitrato de plata y la variedad de referencia Williams de tamaño molecular conocido, estimándose así el tamaño de cada banda.

Reacción de revelado con nitrato de plata

Una vez concluida la corrida electroforética, los geles se revelaron con el método de nitrato de plata descrito por Promega Biotech. Los pasos a seguir son los siguientes:

1. fijar el gel durante 20 minutos en una solución de ácido acético 10%,
2. lavar 3 veces el gel con agua ultra pura durante 2 minutos cada vez,
3. teñir el gel sumergiéndolo en una solución de nitrato de plata 2%, 0,15% (v/v) de formaldehído 37%, durante 30-60 minutos,
4. retirar el gel de la solución de plata y lavar con agua ultra pura durante 5 segundos,
5. sumergir el gel en la solución reveladora (carbonato de sodio 3% p/v, 0,15% -v/v- de formaldehído 37%, 200 µl/l de tiosulfato de sodio 0,1 mg/l),

6. detener la reacción de revelado sumergiendo al gel en una solución de ácido acético 10% durante 5 minutos,
7. lavar muy bien el remanente de ácido acético con agua y dejar secar.

DESCRIPTORES MORFOLÓGICOS

Con el objeto de comparar los patrones moleculares generados con patrones morfológicos, se analizó un subgrupo de 50 cultivares chinos con 10 características morfológicas. Estos datos fueron tomados y gentilmente cedidos por el Dr. Profesor J. Gai.

Existen distintas categorías de datos por los que distintos autores han propuesto diversas clasificaciones. En esta tesis se ha propuesto la siguiente, correspondiente a Crisci, 1983:

Tipo de dato		Ejemplo	
		Carácter	Estado
Doble estado Son aquellos caracteres que presentan sólo 2 estados. Se ingresan como 0 y 1.	Estados excluyentes	Color de flor	Blanca Púrpura
	Multiestado cualitativos Son los que poseen 3 o más estados y expresan cualidades no mensurables.	Sin secuencia lógica. No pueden ser ordenados en una secuencia de magnitud	Color de tegumento
	Con secuencia lógica. Pueden ser ordenados en una secuencia de magnitud.	Tipo de crecimiento del tallo	Determinado Semideterminado Indeterminado

MATERIALES Y MÉTODOS

Multiestados Cuantitativos Son los que poseen 3 o más estados y expresan cualidades no mensurables.	Discontinuos. Cualidades expresables sólo por números enteros	Número de nodos en el tallo principal	Se construyeron intervalos
	Continuos. Cualidades expresables en una escala continua.	Altura de la planta	Se construyeron intervalos

Se analizaron las siguientes características morfológicas:

Carácter	Número de genes que codifican el carácter	Estados del carácter
Color de flor	1 W1/w1	Púrpura Blanco
Color de pubescencia	1 T/t	Castaño Gris
Tipo de crecimiento del tallo	2 Dt1/dt1 Dt2	Indeterminado Determinado Semideterminado
Color de tegumento	3 I/R/O	Amarillo Verde Negro Marrón
Color de hilo	4 I R T W1	Amarillo Negro Marrón Bordó
Días de siembra a floración	4 (se tomó como cuantitativo) E1, E2, E3, E4	De 29 a 116 días
Días de siembra a madurez	4 (se tomó como cuantitativo) E1, E2, E3, E4	De 84,5 a 194 días
Peso de 100 semillas	Cuantitativo	De 6,3 a 23,9gr
Altura de la planta	Cuantitativo	De 26 a 165cm
Número de nodos en el tallo principal	Cuantitativo	De 8,7 a 32 nodos

En la Tabla se indican los caracteres analizados, el número de genes que codifican cada carácter y el estado del carácter encontrado en el análisis.

ANÁLISIS DE DATOS

Construcción de las matrices básicas de datos

Todos los geles se analizaron manual e independientemente. Las bandas con igual movilidad se consideraron iguales. La mayoría de los datos fueron doble estado, por lo tanto todos los datos fenotípicos no binarios se transformaron en binarios para poder ser comparados con los datos moleculares (Sneath y Sokal, 1973; Clifford y Stephenson, 1975; Crisci y López Armengol, 1983). Tanto los fragmentos como los datos morfológicos se cargaron en una matriz básica de datos (MBD) como 1 (presencia de la banda o el carácter morfológico) o 0 (ausencia del carácter).

Para los datos multiestado cuantitativos continuos y discontinuos, se construyeron intervalos utilizando la siguiente fórmula empírica:

$$K=1+3,3\log N$$

donde K es el número de intervalos y N el número de variables.

Estimación de la diversidad genética

Se calculó la diversidad genética de cada locus (Polymorphic Index Content-PIC) de acuerdo a lo descrito por Diwan et al, 1997, Milbourne, 1997 y Anderson, 1993.

$$PIC=1-\sum p_i^2$$

donde:

j: es el locus y p_i es la frecuencia del alelo "i" para un "j".

Esta medida de diversidad genética estima el poder de discriminación de un locus, no sólo por el número de alelos que se expresan, sino por la frecuencia relativa de aparición de los mismos. El rango de los valores de PIC va de 0 (monomórfico) hasta 1 (altamente discriminatorio, con alelos en igual frecuencia) (Botstein et al, 1980; Keim

et al, 1992). Esta ecuación es equivalente a la de Hedrick, 2000 para cuantificar la heterosis en poblaciones de 50 o más individuos. En caso de poblaciones de menos de 50 individuos se corrige el valor multiplicándolo por $2N/2N-1$, siendo N el número de individuos en la población. El promedio de PIC es equivalente a D (Weir, 1996):

$$D=1-(1/J\sum p_i^2)$$

donde:

j: es el número de locus en el análisis y pi es la frecuencia del alelo "i" para el locus "j".

Su rango oscila entre 0 (homogeneidad) hasta 1 (máxima diversidad).

Para estudiar la significación de los índices de diversidad genética por locus se utilizó, en el caso de comparaciones entre tres poblaciones, el estadístico de Kruskal-Wallis (Sneath y Sokal, 1979, página 428). Este estadístico se distribuye como un $X^2_{(a-1)}$ para muestras grandes (más de 5 datos), siendo "a" el número de poblaciones en estudio. Para realizar las comparaciones entre dos poblaciones se utilizó el estadístico de Wilcoxon (Statistica v3.0, non parametrics, Wilcoxon matched pairs test).

Estos cálculos se realizaron con el fin de cuantificar la variabilidad de las poblaciones en estudio (China, Bolivia y Argentina).

Estimación de la heterogeneidad

En el caso de los microsátélites u otros marcadores diploides detectados por técnicas moleculares, es posible obtener simultáneamente información acerca de la heterocigosis (o en nuestro caso de la heterogeneidad) de un número de loci sobre todos los individuos de la población. Se consideró heterogénea a toda variedad que presentara más de un alelo por locus.

Para estimar la heterogeneidad de las poblaciones sobre todos los loci, se utilizó el estadístico descrito en Hedrick, 2000:

$$H''=(1/Nm)*\sum\sum H''_{ij}$$

donde:

Hij representa el valor del individuo *i*ésimo y el locus *j*ésimo,

N es el número de individuos en la población y

m el número de loci utilizados en el análisis

Los valores adoptados por Hij son 1 (en el caso de variedades heterogéneas) o 0 (en el caso de variedades homogéneas).

La varianza de este valor es

$$V(H'') = H''(1-H'')/Nm$$

La significación estadística de la heterogeneidad se calculó con el test de Student a dos colas y varianzas no homogéneas.

Cálculo de valores de similitud y construcción de histogramas

Los valores de similitud entre cultvares se calcularon utilizando el programa NTSyS-PC v 1.8 del "Numerical Taxonomic and Multivariate Analysis System" y el coeficiente de asociación de Jaccard.

La elección del tipo de coeficiente de asociación a ser utilizado, depende del tipo de datos analizados. Se ha demostrado empíricamente que en aquellos estudios donde predominan los caracteres doble estado, es conveniente transformar los datos multiestado en datos doble estado y utilizar coeficientes de asociación para realizar las comparaciones (Crisci, 1983; Sneath y Sokal, 1973). El coeficiente de asociación de Jaccard considera las bandas compartidas por los individuos (1:1) o la presencia de banda por uno de ellos y no por el otro (0:1 o 1:0) para estimar similitud, no contabilizándose en el cálculo cuando se comparte ausencia de banda (0:0). Por esto es uno de los coeficientes más utilizados para este tipo de estudios ya que la ausencia común de bandas es frecuente al utilizar marcadores moleculares y no necesariamente es indicadores de similitud entre individuos.

El coeficiente de Jaccard (J), tiene la siguiente forma:

$$J = a/a+b+c$$

donde:

a: es el número de caracteres en los cuales el mismo estado es compartido por ambos genotipos (1,1);

b: es el número de caracteres en los cuales el estado del carácter es poseído por un genotipo y no por el otro;

c: es el número de caracteres en los cuales el estado del carácter está ausente en un genotipo y presente en el otro.

Los valores del coeficiente de asociación de Jaccard varían entre 0 (ninguna similitud) y 1 (máxima similitud).

A partir de los valores de similitud obtenidos para los cultivares chinos y los datos disponibles para las variedades argentinas y bolivianas, se construyeron histogramas de frecuencias utilizando el programa Statistica v3.0 y la opción "gráficos".

Para comparar diferencias en similitud sobre la misma población utilizando distintos métodos de análisis se utilizó el estadístico de Spearman (Statistica v3.0, non parametrics, correlation coefficients).

Obtención y análisis de dendrogramas

Luego de obtenerse las matrices de similitud aplicando el coeficiente de Jaccard, se construyeron diversos dendrogramas para poder visualizar las relaciones fenéticas entre los cultivares. Para ello se utilizó el análisis de agrupamiento tipo SAHN (Secuencial, Aglomerative, Hierarchical, Nonoverlapping) con ligamiento promedio (UPGMA: Unweighthed Pair Group Method using Arithmetics Averages).

El método UPGMA y los otros métodos de ligamiento (simple y completo) poseen cuatro propiedades denominadas SAHN por sus siglas en inglés, que son las siguientes:

S (Secuencial): se realizan una serie de operaciones secuenciales recurrentes para llegar a la división final.

A (Aglomerativo): los cultivares son sucesivamente agrupados llegando eventualmente a un grupo que contiene a todos los cultivares.

H (Jerárquico): el número de subgrupos se va reduciendo en cada paso, creando una jerarquía taxonómica. Cada jerarquía puede ser dibujada como un árbol sin raíz o dendrograma.

N (Sin superposiciones): un cultivar que pertenece a un grupo no puede pertenecer a otro.

Estos métodos no reflejan en forma exacta la información obtenida a partir de las matrices de similitud debido a la forma bidimensional que se adopta en la representación en forma de árbol. Esta distorsión de los datos originales generada por el método de agrupamiento puede ser cuantificada construyendo, a partir del árbol obtenido, otra matriz de similitud denominada cofenética. Para comparar las matrices fenéticas y cofenéticas se utilizó el estadístico de Mantel (NTSys, 1.8 pc). Si el valor de correlación de las matrices es mayor que 0,8, se considera que el dendrograma

observado refleja de manera adecuada las relaciones fenéticas entre los cultivares (Crisci, 1987).

La interpretación de los dendrogramas se realiza analizándose primero los grandes grupos formados (relaciones de menor similitud) y luego los subgrupos hasta llegar a los núcleos, formados por 2 cultivares (relaciones de mayor similitud).

Cálculo del número mínimo de marcadores y número de genotipos

El número mínimo de marcadores necesarios para identificar a los cultivares de cada población (1) y la cantidad de genotipos que se pueden identificar según el índice de diversidad obtenido (2), se calcularon con la fórmula de Brown et al (1983):

$$n = \ln X / (\ln(1/(1-D))) \quad (1)$$

$$X = [1/(1-D)]^n \quad (2)$$

donde:

X: el número de genotipos únicos que pueden ser identificados (poder discriminatorio de los marcadores),

D: diversidad genética para todos los loci y

n: número de loci analizados.

Este parámetro requiere que no exista desequilibrio de ligamiento entre los marcadores. En nuestro caso, se utilizaron sólo marcadores SSR mapeados, por lo que se garantizó la independencia entre los mismos.

En la Figura 3 se muestran los 20 grupos de ligamiento de la soja y destacados en color los SRR utilizados en los distintos análisis.

MATERIALES Y MÉTODOS

Figura 3: Ubicación de los 33 loci SSR utilizados en los análisis, en los mapas de ligamiento para soja (*Glycine max* (L) merr).

Mapa genético para 20 grupos de ligamiento consenso de la soja definidos utilizando 3 poblaciones de mapeo: -USDA/Iowa, G max X G soja. Población F2 consistente en 59 plantas F2, -Universidad de Utah, Minsoy X Noir 1 RIL. Población de 240 líneas, -Universidad de Nebraska, Clark X Harosoy F2. Población de 57 plantas.

Además se indican los correspondientes grupos de ligamiento clásicos. Las distancias entre loci están indicadas en Centimorgan (cM). El número entre paréntesis al lado de cada loci es la diversidad genética por 100.

Linkage Group A1/U07

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

A1		U07		CH124	
	cM		cM		cM
A487II	5.1	Satt276 (72)	9.7	A676I_2	2.5
Satt276 (72)	0.6	Satt165 (66)	4.9	A036I_3	—
Satt572 (18)	8.9	Satt364 (56)	0.8		2.5
Satt165 (66)	2.4	Satt382 (74)	0.0		
Satt382 (74)	1.0	Satt248 (18)	0.0		
Satt593 (62)	1.1	Satt042 (74)	0.5	CH120+44	
Satt454 (56)	0.0	Satt471 (62)	1.9	Satt276 (72)	0.0
Satt526 (32)	0.0	A329	1.4	A083II_2	0.6
Satt364 (56)	0.0	Satt591 (66)	0.0	A065V_2	0.8
Satt471 (62)	0.0	K258	0.9	Satt572 (18)	8.5
Satt042 (74)	1.5	Satt300 (70)	0.0	K647I_2	0.0
K478V_2	1.5	Satt155 (70)	1.0	Satt593 (62)	1.8
Mng24IV	0.8	Satt073 (32)	0.3	Satt165 (66)	0.0
Bng074V_2	4.2	A110a	0.2	Satt382 (74)	1.7
Satt300 (70)	0.0	L194b	0.2	Satt042 (74)	0.0
Satt591 (66)	1.4	G214h	0.2	Satt471 (62)	1.0
Satt155 (70)	3.6	A053b	6.5	Satt300 (70)	18.0
A407I_2	0.0	A064b	0.0	B030I_2	20.3
Bng116T	2.9	R183	2.1	SYNOD26A(58)	0.2
Bng132D_1	7.8	Satt050 (34)	9.2	Satt385 (70)	9.1
A510II_1	1.6	T153b	1.6	Satt545 (80)	4.9
R183II	3.8	A262c	11.3	A256V_2	16.0
Satt050 (34)	1.6	Satt385 (70)	3.8	Satt200 (77)	0.3
B030T	2.2	BL053b	1.6	Satt511 (75)	0.0
A096II_1	1.6	Satt545 (80)	3.3	Satt258 (66)	0.0
K400D	8.2	A975a	5.4	Satt236 (75)	0.9
B172II	8.1	K636	9.4	Satt225 (62)	0.0
Satt385 (70)	3.2	Satt174 (61)	3.5	Satt211 (50)	—
A975D	3.6	Satt200 (77)	0.5		84.1
A256V_2	6.5	T155	0.0	Weak Link	
Satt599 (48)	3.2	Satt236 (75)	0.5	Bng161II2	—
Satt211 (50)	0.9	Satt511 (75)	0.8		
Satt511 (75)	0.0	Satt258 (66)	0.0		
Satt236 (75)	0.0	B170	0.0		
Satt225 (62)	2.0	Satt225 (62)	—		
A170T	0.8		82.1		
A104D	0.0				
Bng077I_1	5.3				
A082II	1.0				
Bng017D	—				
	96.8				

Linkage Group A2/U03

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

A2	cM
Bng181I	0.0
K636I	0.8
A256V_1	3.3
Bng077I_2	4.5
Satt390 (54)	10.7
Satt207 (58)	0.7
Satt480 (32)	3.3
Satt493 (48)	0.0
Satt589 (54)	1.9
A085I	3.0
A110V	5.0
Satt315 (48)	8.1
I	2.6
T153II_1	4.5
A486I	1.6
Satt187 (83)	5.4
GMENOD2B(79)	7.4
SAC7I_2	0.1
SAC3	2.3
A111I	2.7
A136V	3.9
P003T	1.7
Satt341 (34)	4.8
Sat_129 (68)	0.0
Sat_115 (60)	3.3
A638T	5.8
Bng121II	0.0
VSP27V	2.5
Satt377 (42)	3.8
Satt525 (18)	2.5
Satt233 (ND)	12.5
Satt508 (42)	0.0
Satt329 (70)	0.0
Satt327 (54)	5.0
A096II_2	0.0
A117D	1.5
R028	0.3
B132D	0.0
K417II_1	0.9
A690D	3.2
Satt470 (18)	3.1
mO103V	1.9
p28T_8	0.0
p28T_9	0.0
p28T_10	7.8
Satt133 (18)	2.7
Satt209 (ND)	3.1
Satt455 (46)	2.5
A505I	0.0
mO039T	11.6
T036T	2.4
Satt409 (78)	0.9
Bng225V	4.0
Bng029V	0.0
Bng205II	0.0
A572I	2.2
Satt228 (46)	3.2
Ap	8.5
Satt538 (34)	1.7
Satt378 (48)	8.8
Satt429 (56)	---

U03	cM
A170	1.3
Satt390 (54)	4.6
Set_064 (42)	12.9
Satt207 (58)	7.0
Satt493 (48)	0.6
Satt589 (54)	1.0
Satt177 (82)	1.1
A110b	8.1
Satt315 (48)	4.5
L199b	0
T153a	0
A262b	1.3
I	0.3
B172	0.4
B1.024	1.9
Satt187 (83)	1.3
A510a	3.5
GMENOD2B(79)	2.2
A975b	0.2
Satt424 (72)	5.0
A111a	16.8
Sat_115 (60)	4.9
Satt089 (48)	5.0
Satt119 (18)	0
Satt377 (42)	9.4
Satt233 (ND)	3.2
G214d	3.8
Satt437 (58)	1.4
Satt327 (54)	1.2
Satt329 (70)	1.7
A690a	1.7
Satt158 (70)	1.3
Satt470 (18)	0
Satt421 (42)	2.5
Sat_040 (68)	0.1
Sat_097 (ND)	0.4
K443	0.9
Satt333 (60)	11.7
A505	0.4
Satt455 (46)	0
B1.053a	0.7
A065	12.4
B1.036a	1.1
Satt409 (78)	9.7
Satt228 (46)	0.1
L144	7.5
Satt1538 (34)	0
Satt429 (56)	3.3
Satt378 (48)	---

CH43+23	cM
A085I_1	0
Satt177 (82)	0.3
Satt589 (54)	26.0
OPAM15b	6.2
I	6.5
Satt187 (83)	3.9
GMENOD2B(79)	43.0

CH05	cM
Sat_129 (68)	30.5
Satt437 (58)	6.8
A117II_1	7.8
A690D_1	1.7
OP_M12a	1.1
Satt329 (70)	8.2
Satt158 (70)	8.0
Ift	6.7
Sat_097 (ND)	3.9
OPAV06a	23.6
A505I_1	9.4
Satt409 (78)	107.7

CLG07	% r
Rhg4	0.4
I	---
O	18
Y13	31

CLG??	
Ift	---

CLG09	% r
Pgd2	21
Lup1	21
Ti	11
Ap	12
Iv3	---

184.6

Linkage Group B1/U04

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

B1	cM
----	----

A333I	0.0
T028I	0.0
B219V_1	11.4
A588I	0.0
Bng061I	9.3
A702II	1.8
Satt426 (48)	2.2
A109I	2.0
Satt509 (78)	0.0
Mng415II	5.6
A129V	0.0
A632II	0.9
Bng182T	0.0
A847II	0.9
B031II	0.0
Bng158T	0.1
A38II	0.4
pcr2_168	0.3
Satt251 (48)	4.1
Satt197 (74)	6.0
Sat_128 (70)	1.8
I13_28E	5.0
A089D_2	2.3
A118T	0.0
A520T	2.5
Satt519 (48)	2.7
A006V	5.3
mO01II	3.5
Satt597 (54)	3.5
Sct_026 (64)	1.7
Satt332 (18)	0.0
Satt415 (74)	0.8
Satt583 (74)	0.7
Satt430 (66)	1.6
Satt444 (18)	15.5
Sat_123 (66)	0.2
Satt359 (50)	19.2
R244II	1.7
I13_c6E	0.5
A598D	0.3
A567II	3.5
Satt453 (58)	0.0
Satt484 (46)	—
117.6	

U04	cM
-----	----

T028	17.5
K011a	21.0
A109c	3.9
Satt509 (78)	13.9
Satt197 (74)	7.7
A262a	3.2
T092	13.5
KI	0.9
BL043	0.0
Satt298 (60)	9.2
Sct_026 (64)	0.2
G214e	1.8
I204c	0.8
Satt430 (66)	0.0
Satt583 (74)	0.0
Satt415 (74)	0.1
Sat_095 (ND)	19.1
Satt359 (50)	1.9
Sat_123 (66)	24.5
L050q	8.1
Satt453 (58)	—
145.9	

CHex01 + CH10x+10y	cM
-----------------------	----

D2	23.5 ^{***}
A588I_1	3.7
A381I_2	13.5
OP_Q17	6.5
Satt509 (78)	0.0
Aco4	5.4
A847II_1	8.7
Satt197 (74)	11.7
Sat_128 (70)	27.2
Satt519 (48)	12.1
Satt298 (60)	13.9
Satt597 (54)	4.9
Sct_026 (64)	9.7
Satt583 (74)	0.4
Satt415 (74)	15.4
Sat_123 (66)	—
156.6	

CLG??

D2	—
CLG??	—
Aco4	—

Linkage Group B2/ U26

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

B2	cM
Satt577 (68)	6.6
A523V	0.7
BLT1311_2	0.0
A043T	1.8
A135D	0.7
A685I	13.5
A343V_1	0.0
A242T_1	5.1
A352H	1.5
Satt126 (46)	9.8
Bng069T_2	0.1
Satt467 (18)	16.0
Satt168 (77)	2.2
Satt416 (76)	4.4
A018T	1.5
BLT04911_2	2.2
A329V	3.2
Satt304 (42)	0.9
Satt083 (ND)	3.3
A509T	2.6
Satt601 (32)	2.2
Satt318 (42)	1.9
Set_094 (68)	0.0
Mng003V	0.0
BL53T	5.9
Satt556 (82)	2.5
Satt020 (59)	8.7
Satt066 (70)	7.6
Mng4741D_1	0.0
BL24	6.0
Set_064 (18)	0.0
Satt534 (66)	0.0
A741I	1.1
BL9411_1	1.1
Satt063 (64)	3.7
mR048V	0.0
A516I	0.0
A5931I	4.6
A519T_1	0.5
Mng247T	9.7
T005T	0.0
B221	0.0
A230T	0.0
H3_601I	7.4
A427T_1	0.0
A4041I_2	0.0
A183	---
	139.6

U26	cM
Satt577 (68)	9.4
L191	2.1
T270	9.2
Satt126 (46)	27.7
Set_034 (42)	4.7
Satt168 (77)	1.5
Satt416 (76)	7.7
Sat_083 (62)	3.0
Satt556 (82)	0.0
Satt474 (50)	0.0
Satt070 (66)	0.1
Set_094 (68)	0.1
Satt272 (58)	0.1
Satt122 (50)	0.1
Satt020 (59)	0.1
G214r	0.2
BL057	0.9
L201	0.2
G214s	3.6
Satt066 (70)	8.9
Satt534 (66)	12.6
A516	3.1
A234	10.8
Satt560 (64)	10.8
G214l	---
	106.6

CHex02	cM
Satt577 (68)	23.2
BLT013T3	22.7
A685I_1	---
	46.0

CH17+55+15	cM
BL42D_1	6.4
OP_T02	6.4
A352I_1	0.0
Satt126 (46)	23.7 *
Satt168 (77)	1.9
Satt416 (76)	15.4 *
A584V_2	8.4 *
OP_E02a	1.2 *
Snt_009 (84)	2.2
CAAGTG450	0.0
Satt070 (66)	0.4
DOP_F04	0.5
Satt474 (50)	0.9
Satt556 (82)	0.0
Set_094 (68)	0.0
OP_D01c	0.0
OP_C09	0.0
OPAF15a	2.5
Satt272 (58)	0.0
Satt020 (59)	10.9
Satt534 (66)	5.1
Satt063 (64)	6.7
A51611_1	0.0
A59311_1	0.0
CAAGTG240	6.3
A519T_1	---
	99.1

CLG17	% r
<i>Idh2</i>	26
<i>Fan</i>	22
<i>Fas</i>	---

CLG??	
<i>Rps5</i> (?)	---

Linkage Group C1/U22

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

C1	cM
Satt565 (78)	21.0
SOYGPATR(62)	1.7
Sct_186 (56)	6.7
Satt396 (32)	0.8
Satt194 (54)	2.9
A463D	0.0
A078V	1.8
A059D	1.3
K300I	20.0
A946I_1	11.5
Bng019D	0.0
K472V	6.3
Satt578 (46)	16.4
A519T_3	0.0
Bng140T	1.0
Bng161D	0.0
Dia	4.4
Satt399 (62)	0.7
Sat_085 (82)	0.0
Satt361 (50)	0.8
Satt139 (82)	1.7
Satt190 (66)	0.0
Satt136 (72)	6.4
Satt294 (58)	2.8
Satt195 (48)	1.8
Satt476 (58)	1.0
Sat_042 (88)	5.3
Bng143I	9.9
A063I	2.5
Bng064II	13.7
Bng012II	0.0
Bng044II_2	28.6
Satt524 (58)	2.0
Satt338 (74)	4.8
Satt180 (76)	3.1
Satt164 (48)	—
181.0	

U22	cM	CH51	cM
Satt565 (78)	0.0	Satt565 (78)	0.0
Sct_186 (56)	0.0	Sct_186 (56)	2.7
SOYGPATR(62)	7.7	SOYGPATR(62)	—
A35I	5.7		2.7
A463	12.2		
K00I	26.7		

CH34	cM
Sat_085 (82)	8.4
Satt294 (58)	2.5
Satt476 (58)	2.7
Satt195 (48)	0.0
Sat_042 (88)	6.9
Bng064DI	—
N	20.6

CLG21	% r
<i>Fle</i>	10
<i>Dia2 (?)</i>	—

CH50	cM
Satt338 (74)	2.2
Satt180 (76)	2.9
Satt164 (48)	—
A074	5.1
I.175	—
134.1	

CLG??	
N	—

181.0

Linkage Group C2/U09

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

C2	cM
----	----

U09	cM
-----	----

CH57+18+ 53+06+25	cM
----------------------	----

CLG??

CLG01	% r
-------	-----

A1211	14.1
Bng035I	0.8
A122D	7.0
Bng132D_2	3.5
Satt227 (32)	3.8
Sat_062 (ND)	4.8
mQ086T	0.0
mO0081I	11.9
Satt520 (70)	2.3
Satt291 (34)	4.1
A6551I	3.2
A338V	22.4
Satt170 (18)	3.3
GMAC7L (ND)	3.4
Satt322 (48)	4.2
Bng228V	0.0
K2621I	2.6
K255I	0.0
Bng014I	1.9
A426T_1	19.5
Satt450 (0)	8.8
B160I	0.8
A635T	0.0
I.148V	5.2
Satt363 (70)	0.9
Sat_076 (73)	0.0
Satt286 (70)	9.0
Sle281I_1	1.3
Satt277 (70)	0.9
Satt365 (54)	1.2
Satt557 (64)	0.8
Satt289 (48)	0.0
Satt134 (62)	1.0
Bng164I	0.9
Satt100 (58)	0.0
per2_150	2.2
Satt319 (34)	4.3
B131I	1.3
A397D	7.7
B1T029I	0.0
A5381I	0.0
P029T	0.0
K474D_1	0.9
K3651I	0.0
K474I_2	0.0
A748I	5.8
Satt460 (48)	2.5
Satt307 (76)	0.0
Set_028 (70)	3.6
Satt316 (76)	2.0
Satt202 (66)	3.3
C056	9.0
A6761I	2.5
Satt371 (74)	4.8
Satt357 (54)	---
Weak Link	---
Satt205 (54)	---

A121	12.8
Sat_130 (62)	10.3
A059	1.6
L199a	0.6
A262d	9.3
Sat_062 (ND)	5.9
Satt432 (18)	2.7
Satt281 (86)	3.1
Satt520 (70)	0.0
Satt422 (74)	0.1
Satt291 (34)	31.8
Satt170 (18)	3.4
A426	1.2
GMAC7L (ND)	9.5
L059	8.5
Satt363 (70)	0.0
Satt376 (48)	0.0
L148	0.8
R092	0.4
Sat_076 (73)	1.2
Satt286 (70)	2.2
B1.032a	3.2
Satt277 (70)	4.5
Satt557 (64)	0.0
Satt365 (54)	0.6
Satt489 (68)	0.0
Satt319 (34)	0.0
Satt134 (62)	0.0
Satt289 (48)	0.0
A109a	0.2
L050c	0.0
Satt100 (58)	1.5
Satt460 (48)	0.0
A397	0.4
Satt079 (58)	0.9
B1.029	0.4
K365	0.6
Satt307 (76)	0.0
Set_028 (70)	3.3
Satt316 (76)	1.2
Satt202 (66)	3.6
C056	20.5
Satt371 (74)	4.3
A676	2.9
Satt357 (54)	---
	154.4

Pgi	4.3
Sat_130 (62)	25.8
A1091I_3	16.5
Sat_062 (ND)	4.6
OP_E08	7.9
Satt422 (74)	2.6
A6551I_1	2.7
Satt457 (32)	25.8
Satt305 (64)	8.8
A426T_1	31.9
R092V_3	3.3
A063I_2	2.2
A635T_1	0.4
I.148V_1	1.0
Sat_076 (73)	2.7
Satt286 (70)	5.0
Satt277 (70)	2.5
K011T_3	2.4
T	22.8
P029T_1	0.0
A5381I_1	1.3
Satt307 (76)	0.0
Set_028 (70)	2.2
Satt433 (58)	0.0
A748V_1	1.2
Satt316 (76)	3.3
Satt202 (66)	16.2
Satt371 (74)	10.7
R183T_2	---
	208.1

Aco3	12.0
Spt	13.0
Y12	20.0
E1	4.0
T	---
Df5	15.0
Fg3	14.0
T	---
Fg4	4.0
Fg3	---
Fg4	---

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

D1a	cM
RI53T	0.0
Me	0.0
L031T	0.0
A398D	6.2
Mng307V	2.1
Satt184 (68)	10.2
Bng097T_1	0.6
Bng090T	0.8
K019I	6.3
per2_153	0.0
R013I_2	2.7
K478V_1	1.0
A947V	4.6
R249V	2.1
A691T	0.0
B214I_1	4.5
Satt368 (76)	0.0
Satt032 (18)	3.5
Satt482 (46)	4.5
Satt532 (72)	0.0
Satt605 (42)	0.7
Satt342 (34)	0.0
Satt320 (32)	1.7
Satt221 (34)	0.6
Satt502 (42)	2.6
Satt548 (78)	0.0
Satt321 (64)	4.3
Mng474D_2	0.0
kTI	0.0
BI86D	3.5
per2_124	1.7
Sle3D_4	0.0
K395T_1	0.5
Sle_002	0.4
Sle3I_14	1.9
Satt402 (66)	0.5
Satt603 (58)	0.3
Satt179 (70)	0.0
Satt254 (56)	0.8
Satt383 (62)	0.0
Satt267 (70)	1.2
Satt515 (32)	0.0
Satt295 (34)	3.3
Satt203 (64)	0.9
Satt580 (66)	1.9
Satt370 (18)	0.0
Satt283 (ND)	4.4
Satt507 (32)	3.2
Sat_106 (70)	0.7
Satt198 (50)	3.7
Satt077 (42)	1.4
Satt436 (78)	4.8
Sat_036 (76)	—
Q	94.6
Mng287II	9.0
Bng119V	0.7
K647V	0.0
Bng074V_1	5.9
K417II_2	0.7
Bng057II	2.6
Satt071 (54)	1.2
Satt407 (18)	2.4
Satt408 (54)	1.6
Satt129 (50)	4.0
C063	0.8
B219V_2	0.0
Bng098II	—
Weak Link	28.9
Satt360 (34)	—

U08	cM
Satt184 (68)	2.3
M373	17.3
Satt531 (46)	0.0
R013	16.1
K227	4.2
Satt368 (76)	0.0
Satt482 (46)	0.0
Satt032 (18)	0.4
Satt605 (42)	0.4
Satt532 (72)	0.0
Satt502 (42)	0.8
Satt547 (54)	0.8
Satt603 (58)	0.0
A235b	0.0
Satt383 (62)	0.0
Satt179 (70)	2.3
NP008	0.1
Satt402 (66)	0.1
Satt203 (64)	2.3
Satt370 (18)	2.6
Satt507 (32)	1.7
Sat_110 (34)	0.0
Sat_106 (70)	1.2
Satt198 (50)	0.6
Satt439 (48)	0.0
Satt436 (78)	1.0
Satt468 (48)	2.6
Sat_036 (76)	14.2
A295	9.9
Satt071 (54)	9.1
Satt408 (54)	1.9
Satt147 (68)	4.0
L058	3.7
C063	—

CI149	cM
OPAM01	11.5
Satt184 (68)	—
	11.5

CH16+01	cM
OP_110	14.6
Satt321 (64)	0.5
Satt502 (42)	1.8
Satt532 (72)	11.7
Satt368 (76)	0.0
B214T_1	0.0
A691T_1	0.9
Satt482 (46)	0.0
OP_S16	1.0
Satt320 (32)	5.6
Satt603 (58)	0.0
Satt515 (32)	0.9
Satt254 (56)	0.9
Satt580 (66)	0.9
Satt267 (70)	0.0
Satt402 (66)	0.0
DUBC204	4.2
Satt203 (64)	12.7
Satt507 (32)	1.0
Sat_106 (70)	4.3
Satt439 (48)	1.1
Satt468 (48)	1.8
Satt198 (50)	0.0
Satt436 (78)	0.0
Satt077 (42)	9.8
Sat_036 (76)	21.6
A702T_2	15.1

CLG03	% r
G	4
DI	—

CLG??	
PdI	—
Satt147 (68)	0.6
Satt408 (54)	13.7
PdI	4.4
B219V_2	—
	134.9

Linkage Group D1b + W/U19

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

W	cM
Satt216 (??)	4.5
Bng0971_2	5.7
A725	4.7
A481	---
	14.9

D1b	cM
Satt157 (80)	11.8
Satt558 (34)	6.5
Satt296 (46)	5.3
Satt266 (32)	5.5
A605V	1.7
A7471	3.7
Bng0471	0.0
Mng1371	1.8
Satt428 (66)	0.0
Satt579 (72)	0.0
Satt282 (68)	0.0
Satt290 (54)	0.8
Satt537 (76)	0.0
Satt005 (84)	0.0
Satt600 (72)	0.8
Satt604 (34)	0.0
Satt189 (71)	0.0
Satt506 (46)	0.0
Satt141 (82)	0.3
Satt350 (76)	0.8
Sat_135 (84)	5.0
Satt041 (59)	3.6
BI9411_2	0.5
Satt546 (32)	7.9
A519T_2	8.2
Satt172 (74)	3.4
Satt274 (46)	3.6
L161V	1.7
A343V_2	0.4
K411	3.8
T270T	6.3
B139V	2.1
BLT013H_1	6.4
Satt271 (64)	---
	92.7

U19	cM
Sat_096 (ND)	6.5
A725	6.1
L216b	10.4
Satt095 (74)	12.2
Satt157 (80)	4.1
Satt558 (34)	8.0
Satt296 (46)	0.0
Satt542 (64)	20.6
Satt412 (66)	4.4
Satt290 (54)	1.1
Satt189 (71)	0.3
Sat_135 (84)	0.1
Satt600 (72)	0.1
1.050g	0.0
Satt579 (72)	0.0
Satt604 (34)	0.0
Satt537 (76)	0.0
Satt350 (76)	0.0
Satt506 (46)	0.1
Satt141 (82)	0.1
Sat_089 (77)	0.2
K011b	7.1
Satt041 (59)	2.9
Satt546 (32)	18.1
Sat_069 (83)	18.1
G214a	1.5
A343	3.4
Satt459 (42)	12.3
A135a	0.4
BL013	1.5
Satt271 (64)	---
	139.6

CHI33x+33y+ 26b+28x+28y	cM
Satt216 (??)	15.8
Satt095 (74)	14.6
A586T_3	3.5
Satt157 (80)	30.2
Satt542 (64)	8.1
Satt266 (32)	6.6
A605V_1	5.6
Sat_135 (84)	5.2
Satt428 (66)	0.0
Satt290 (54)	0.0
Satt282 (68)	0.0
Satt579 (72)	0.0
Satt537 (76)	0.0
Satt412 (66)	0.9
Satt005 (84)	0.0
Satt600 (72)	0.0
Satt350 (76)	0.4
Satt141 (82)	21.6
<u>CGGGAC300</u>	6.0
<u>CAGGGC400</u>	9.8
<u>CGGGAC230</u>	12.9
<i>Idh1</i>	0.2
Sat_069 (83)	2.1
Satt172 (74)	8.3
Satt459 (42)	2.0
<i>OPAM15c</i>	22.5
A135V_2	11.4
Satt271 (64)	---
	188.5

CLG??
<i>Rps4</i> (?)

CLG11	% r
<i>Rjt</i>	27
<i>Idh1</i>	25
<i>F</i>	---

Linkage Group D2/U12

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

D2	cM
Satt008 (32)	2.9
A095T	12.2
A257V	17.4
A124I	0.0
B146I	2.2
Satt135 (66)	0.0
Satt458 (78)	2.9
Satt014 (18)	3.1
Satt498 (00)	0.9
Satt486 (32)	4.7
Satt372 (76)	13.0
Satt002 (66)	6.0
Satt154 (64)	1.6
Satt582 (18)	5.8
Satt443 (00)	4.1
Satt397 (50)	1.9
A083T	2.1
Satt208 (48)	3.2
Satt447 (00)	2.6
per2_182	2.7
K258I	4.5
Satt389 (76)	5.8
Satt461 (42)	4.2
K286V	2.0
i6_2I	0.8
Satt311 (76)	1.2
Sat_114 (72)	0.0
Satt514 (72)	0.0
Satt226 (70)	1.7
Satt528 (64)	0.9
Satt464 (48)	1.7
Satt543 (76)	0.0
Satt082 (64)	0.0
Satt488 (58)	1.7
Satt574 (46)	5.2
BLT049H_3	1.2
Sat_001 (84)	1.6
Satt301 (80)	11.7
Sat_022 (64)	5.6
Satt186 (74)	3.9
Satt310 (64)	5.3
Satt031 (62)	0.0
Satt413 (64)	0.0
A141T	6.5
Sct_137 (18)	0.0
Satt256 (58)	0.0
Satt386 (58)	—

155.2

U12	cM
BL032b	2.1
A064a	7.4
I.072	2.2
Satt008 (32)	9.2
Satt328 (18)	0.0
A401a	1.3
G214i	3.4
A124	1.9
Satt458 (78)	0.8
Satt135 (66)	17.2
Satt002 (66)	9.0
Sat_092 (79)	0.4
Satt154 (64)	9.8
Satt389 (76)	4.9
Satt311 (76)	0.0
Fr2	3.2
Satt543 (76)	2.9
Sat_001 (84)	0.4
G214j	0.0
Satt301 (80)	0.6
I.026b	1.2
K011c	5.8
I.204c	14.7
A141a	0.9
Sat_086 (80)	6.7
Satt256 (58)	0.4
Satt386 (58)	3.4
Sct_137 (18)	—

121.5

CH13+	cM
29/35+37	—
A095T_1	0.0
Satt008 (32)	13.5
A401T_2	22.5
Satt458 (78)	9.1
Satt014 (18)	0.8
Satt486 (32)	6.3
Satt372 (76)	1.5
Mdh	7.4
Satt002 (66)	7.5
Sat_092 (79)	0.1
Satt154 (64)	20.2
Satt208 (48)	1.1
OP_M15	2.3
CAAC7TG360	7.4
K258I_2	0.0
Satt389 (76)	5.3
OPAD11c	2.0
Satt082 (64)	2.0
Satt488 (58)	0.0
Satt226 (70)	1.2
Satt543 (76)	0.0
Sat_114 (72)	0.0
Satt528 (64)	0.0
Satt514 (72)	0.9
Satt311 (76)	0.0
Satt461 (42)	3.5
Sat_001 (84)	0.0
Satt301 (80)	21.9
OP_F14	3.3
Satt186 (74)	4.3
Sat_022 (64)	0.7
Satt413 (64)	2.7
Satt031 (62)	6.8
Satt256 (58)	0.0
Satt386 (58)	—

154.9

CLG20	% r
Rxp	16

Mdh (?) —

CLG??	% r
Fr2	—

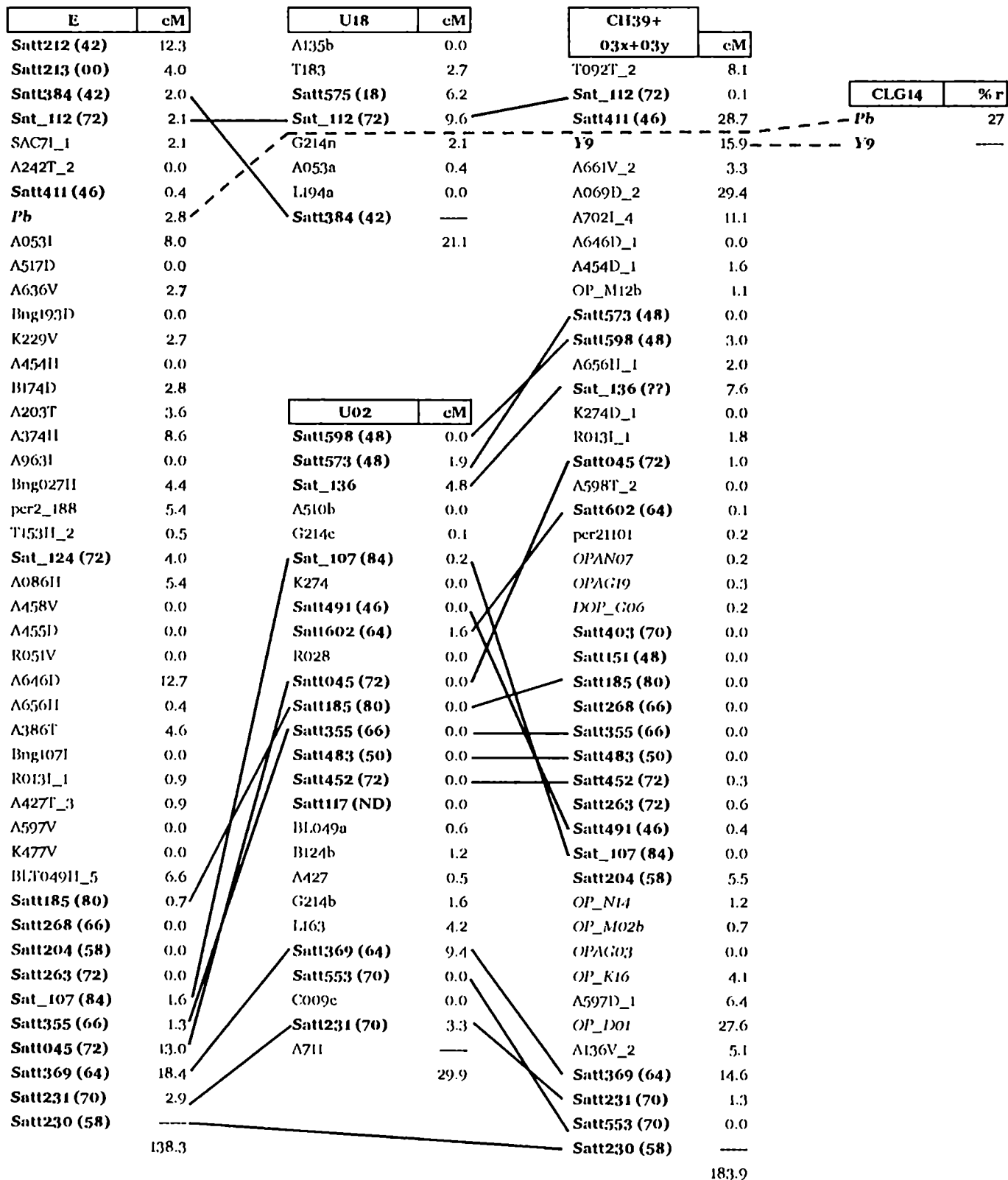
Linkage Group E/U18 + U02

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical



Linkage Group F/U13a + U13b

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

F	cM
Satt146 (76)	0.0
Satt325 (74)	1.7
GMRUBP (58)	0.0
Satt343 (78)	0.2
Satt586 (78)	0.0
Satt030 (79)	4.5
j11	0.0
K250H	2.5
BLT030	3.5
Satt269 (80)	3.8
Satt252 (64)	0.2
Satt423 (42)	2.9
Satt149 (48)	0.0
BLT010D_1	3.1
Satt160 (66)	5.8
Satt206 (0)	3.0
BLT057T	13.3
A401T	3.1
K390T	0.0
A806D	3.1
Satt516 (58)	3.6
G248H_2	0.1
K002H	0.0
Mng228D	0.0
Bng075H	2.0
Satt425 (18)	1.1
Satt374 (18)	0.0
Satt595 (54)	1.1
Sat_133 (74)	1.9
B202I	1.5
K265D	0.0
K314D	0.0
Bng004T	8.2
Bng118D	6.5
Mng157I	0.8
A186D	0.0
A757V	0.0
BLT025V	3.1
Satt114 (74)	14.4
Satt334 (54)	15.2
Set_033 (46)	3.1
Sat_120 (58)	1.5
Satt510 (70)	2.3
K644I_1	0.0
B212T	0.0
R045I	6.7
A708D	0.0
A245T	2.4
Satt335 (50)	2.1
Satt362 (66)	3.6
Satt072 (54)	1.2
Set_188 (48)	6.7
Bng190D	2.5
Bl	13.5
K014I_2	0.0
B148V	2.0
Satt144 (42)	1.4
Satt554 (64)	3.4
E049bT	3.4
A566T	3.2
Satt218 (0)	9.0
Satt395 (18)	3.6
Sat_074 (78)	6.1
T092I	0.8
Bng172T	10.4
K102I_2	---
199.7	---

Weak Link
Satt171 (66)

U13a cM

Satt569 (78)	0.0
G214k	0.1
Satt193 (78)	0.0
Satt030 (79)	0.2
Satt343 (78)	0.0
Satt325 (74)	2.2
GMRUBP (58)	2.8
BL030	0.7
Satt145 (66)	0.0
Satt269 (80)	8.4
Satt423 (42)	3.5
W1	5.3
Sat_039 (62)	37.2
Sat_133 (74)	0.0
K265	13.6
L063	0.4
A186	2.4
SOYHSP176(48)	0.4
Satt334 (54)	0.0
K644a	1.0
R045	0.0
Rpp1	3.3
Satt510 (70)	0.0
Set_033 (46)	1.8
Sat_120 (58)	8.2
A708	0.7
Set_188 (48)	2.1
Satt490 (72)	5.9
L195	2.6
K014	7.2
Satt554 (64)	8.0
Satt522 (62)	---

U13b cM

Sat_074 (78)	1.8
Satt395 (18)	---
1.8	---

CH27+30+
21+47+52 cM

Satt146 (76)	0.0
Satt325 (74)	0.1
CTCGAG600	0.3
DOP_A04	0.2
CTCGAG720	0.3
Satt193 (78)	0.0
Satt343 (78)	0.0
Satt569 (78)	0.0
Satt586 (78)	0.0
Satt030 (79)	5.3
GMRUBP (58)	3.6
OPAN06	2.3
Satt145 (66)	0.3
Satt269 (80)	4.6
Satt423 (42)	1.4
Satt348 (56)	1.5
Satt252 (64)	8.5
A020H_2	12.4
DUBC767	30.4
JOP_E14	1.9
Sat_039 (62)	25.8
Satt516 (58)	4.5
K002H_1	7.1
Satt374 (18)	0.3
Satt425 (18)	5.8
Satt595 (54)	0.4
Sat_133 (74)	23.1
SOYHSP176(48)	2.2
Satt114 (74)	2.5
Satt334 (54)	1.0
K644H_1	13.8
Sat_120 (58)	24.4
Set_188 (48)	3.6
Satt072 (54)	3.8
Satt490 (72)	2.3
Satt144 (42)	30.1
Satt554 (64)	4.7
Satt522 (62)	17.7
Sat_090 (42)	8.4
Sat_074 (78)	8.8
OPAV06b	---
263.8	---

Weak Link

OPADI4b	---
OP_B10	---
A018V_2	---
A118V_2	---

CLG08 %r

Ms1	30.0
W1	4.0
Ms6	17.0
Adht	---
Ms1	?
Wm	4.0
W1	---
Ms1	30.0
W1	4.0
Ms6	13.0
Y23	2.0
St5	---

CLG13 %r

Rsv1	4.0
Rpv1	---
Rps3	?

CLG??

Rpp1	---
------	-----

CLG??

Bl	---
----	-----

Linkage Group G/U05

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

G	cM
Satt038 (76)	0.0
I13_c6V	1.9
Satt1309 (62)	0.0
B053T	2.7
Bng1221	3.1
Satt570 (46)	0.8
Satt356 (18)	4.7
Satt217 (46)	1.0
Satt235 (58)	2.8
K0691_1	6.3
Sat_131 (78)	2.6
Satt324 (46)	4.0
Bng225D	6.1
A112T	0.0
L156T	10.5
R0171	5.1
Satt394 (68)	9.7
Satt594 (68)	2.0
Mng2731D_2	0.0
Sat_088 (78)	0.0
Satt427 (54)	2.8
Satt564 (54)	0.0
Satt533 (46)	0.9
Satt504 (46)	0.0
Sat_094 (76)	4.6
Satt303 (68)	0.8
Satt352 (48)	0.0
Satt566 (46)	1.8
Satt131 (00)	3.2
Satt340 (32)	1.1
Satt501 (18)	4.0
A14811	0.0
K44311	0.0
R092V	0.0
A426T_3	5.1
A427T_2	0.0
A020D	0.0
mP238D_1	3.4
B15111_1	3.6
A0731	0.0
A584D	0.7
i8_311	0.2
Slc_001	0.0
p40_5_1T	0.0
Mng078T	0.0
Mng177T	0.0
Mng217T	0.0
B15111_2	0.2
A816V	0.0
A890V	4.4
Satt505 (58)	0.7
Satt400 (00)	0.0
Satt199 (64)	0.8
Satt012 (82)	1.6
Satt503 (34)	0.0
Satt517 (72)	9.7
Satt288 (84)	7.8
A88511	1.0
K493V	7.8
p28_13_2	2.9
A245T_2	2.6
Satt472 (70)	3.4
Sat_117 (ND)	5.0
A235T_1	2.3
I13_5411E	9.4
Bng069T_1	4.9
A37811	0.0
L12011	0.2
L18311	0.5
A586T_2	5.3
A68111	---
Weak Link	167.2
Satt224 (34)	---
Satt401 (00)	---

U05	cM
Satt163 (56)	3.3
Satt038 (76)	1.9
Satt309 (62)	16.7
Satt130 (64)	0.9
Satt235 (58)	8.3
Sat_131 (78)	1.3
Satt324 (46)	5.2
BL036b	2.0
Satt394 (68)	0.0
L156	0.1
Satt115 (ND)	3.1
A510c	1.1
Satt010 (32)	0.0
R017	1.9
L002b	0.6
L050b	5.4
Satt566 (46)	0.0
Satt303 (68)	0.0
Sat_088 (78)	2.2
Satt564 (54)	0.0
Satt138 (74)	3.4
Satt199 (64)	0.0
Satt505 (58)	0.7
G214f	3.1
Satt012 (82)	0.0
Satt517 (72)	10.3
Satt288 (84)	5.2
T005	16.2
Satt472 (70)	1.8
A235a	0.3
Satt191 (68)	0.3
L002a	2.9
L154	12.7
A690b	2.0
Sat_187 (46)	2.4
A378	1.6
A586	---

CHI1+CHI4	cM
OP_F07	16.5
Satt275 (32)	0.0
Satt038 (76)	3.5
Satt309 (62)	12.2
Satt235 (58)	7.7
Sat_131 (78)	0.0
Satt324 (46)	7.4
OPAE12	1.7
OP_E02b	0.1
A112D_1	3.8
OP_S09	2.0
OPAM15a	0.0
Satt394 (68)	4.5
OP_U09a	5.1
Sat_088 (78)	2.7
Satt566 (46)	1.3
Satt352 (48)	0.0
Satt303 (68)	0.0
Satt594 (68)	0.0
Satt427 (54)	2.1
Satt138 (74)	0.9
Satt533 (46)	0.0
DUBC423	9.1
OP_M09	1.9
Satt199 (64)	0.0
Satt505 (58)	0.3
OPAJ11a	0.4
Slc1_1	0.0
Satt012 (82)	0.0
A12111_2	3.5
A816V_1	18.9
Satt288 (84)	13.6
T005V_2	3.2
OP_M02a	7.3
Satt472 (70)	2.3
OP_H04	0.0
OPAD08	0.7
A23511_1	12.5
A586T_2	0.0
A37811_1	0.0
L18311_1	0.0
Sat_064 (84)	2.7
Mpi	4.3
A68111_1	---

CLG??

Rhg1

CLG??

Rps5 (?)

CLG??

Rps4 (?)

CLG18

DI2

% r

Mpi

Weak Link

K011T_4

Linkage Group 11/U10

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

H	cM
Bng154H	2.0
Bng067H	9.9
A381D	6.7
A132H	3.0
mR051H	1.8
H3281_2	0.1
mO091V	4.1
Satt568 (42)	0.0
Sat_127 (ND)	4.3
K009D	0.0
A069D	0.0
A089D_1	0.7
A036I	8.5
Satt192 (62)	4.1
Sett009 (42)	2.0
Bng145D	2.4
per2_175	6.7
A703D	4.4
A130I	0.7
A404I_1	7.1
Satt541 (58)	0.0
Satt469 (18)	1.7
Sat_122 (66)	0.9
Sat_118 (82)	6.2
Satt314 (46)	0.0
Satt279 (70)	0.8
Satt222 (00)	0.0
Satt253 (64)	5.2
Mng374H	0.0
Ing104V	0.0
Ing202V_1	0.0
Mdh	6.4
K327H	5.6
B069I	10.5
A810H	4.6
Satt302 (58)	6.5
Satt142 (70)	0.0
Satt293 (66)	8.4
Satt181 (64)	12.8
A858H	0.0
B072H	4.3
K014I_1	2.6
L195V	0.3
A570I	2.0
A162I	5.1
Satt434 (66)	10.5
K007	—
163.4	

U10	cM
-----	----

L185	9.8
Satt353 (48)	2.5
A381	3.0
R249a	23.1
A089	10.5
Satt192 (62)	1.2
Satt442 (66)	1.3
BL053c	1.3
BL046	9.8
A131	0.0
A404	1.2
Sat_122 (66)	0.9
Satt052 (54)	1.4
Satt279 (70)	0.7
Satt253 (64)	0.0
Satt314 (46)	5.4
BL019a	7.4
Ps	3.8
Satt302 (58)	5.0
Satt293 (66)	0.0
Satt142 (70)	4.1
A748	0.1
Satt317 (54)	17.8
Satt434 (66)	9.5
K007a	—
120.0	

CH38/41	cM
---------	----

Satt442 (66)	7.3
Sett009 (42)	3.6
Satt192 (62)	14.2
A404T_3	2.3
Satt541 (58)	0.0
Satt469 (18)	3.9
Sat_118 (82)	4.8
Satt253 (64)	1.8
Satt279 (70)	0.0
Satt314 (46)	0.0
JOP_C07	1.3
DUBC413	17.3
Satt302 (58)	5.4
Satt293 (66)	0.0
Satt142 (70)	11.4
BI48T_2	—
73.2	

CLG20	% r
-------	-----

<i>Rxp</i>	16.0
<i>Mdh (?)</i>	—

CLG??

<i>Ps</i>	—
-----------	---

Weak Link

Satt246 (48)	—
---------------------	---

Linkage Group I/U17

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

I	cM
---	----

Satt451 (46)	0.0
Satt571 (72)	2.4
Satt419 (68)	7.4
Satt367 (60)	5.7
Satt127 (34)	1.0
Satt587 (34)	1.7
B214H_2	0.0
A144H	0.0
A688D	3.5
L185H_1	0.7
Mng371H	0.2
i6D_1	0.9
K01H_1	0.1
A407I_1	1.7
Satt239 (66)	0.0
Satt496 (64)	11.9
Satt354 (76)	6.7
A515I	9.3
L048I	0.8
A955H	3.9
Sat_105 (34)	0.0
Satt270 (72)	5.5
Satt049 (32)	9.2
A102T_1	1.4
Satt330 (34)	3.4
Satt292 (62)	7.1
Satt148 (66)	4.0
GMLPS12 (48)	2.0
Satt162 (58)	2.8
A007I	4.3
K287D	0.8
B039I	9.8
Bng168V	0.0
A664H_2	0.0
A644H	0.0
Bng155I	2.8
A510H_3	3.2
Sct_189 (66)	0.0
Satt440 (70)	----

114.6

U17	cM
-----	----

BL053d	0.2
T098	19.9
Satt571 (72)	2.1
Satt451 (46)	0.0
Satt419 (68)	5.4
Satt367 (60)	2.0
Satt587 (34)	2.1
Satt127 (34)	0.5
L204b	0.5
A352b	0.1
Sct012 (18)	0.1
BL002	0.8
Satt239 (66)	1.6
A109b	12.4
Satt354 (76)	0.8
Satt270 (72)	0.0
Sat_105 (34)	1.9
A955a	8.6
Satt049 (32)	4.2
K644b	0.0
Sat_104 (ND)	15.1
Satt330 (34)	3.6
Satt292 (62)	3.1
Satt162 (58)	11.7
GMLPS12 (48)	3.0
Satt148 (66)	11.5
L026a	0.9
L050f	1.7
K011d	3.0
Satt440 (70)	0.0
Sct_189 (66)	2.2
Chi	----

119.0

CH104+19	cM
----------	----

OP_E03	26.3
Satt587 (34)	6.6
Enp	21.8
Ln	6.0
Satt049 (32)	5.6
OPAF15b	0.0
K644H_2	23.4
GMLPS12 (48)	6.3
Satt148 (66)	0.0
OP_Y10	2.2
B039H_1	9.3
Satt440 (70)	0.0
Sct_189 (66)	7.9
A664H_2	----
	115.5

CLG04	% r
-------	-----

Enp	9.0
Ln	----
VI	36.0
Ln	26.0
P2	----

CLG??

Chi

Linkage Group J/U01

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

J	cM
---	----

A363D_2	0.0
it_2	0.0
Bng202V_2	6.0
B101T	0.0
Bng179T_1	3.8
Satt405 (34)	0.7
Satt249 (66)	2.6
Satt287 (42)	6.4
Set_046 (46)	0.0
Satt285 (58)	5.9
A060T	2.8
B046I_2	8.1
A204T	1.6
B074H	5.5
E107H	0.0
mO109V	1.7
per2_190	3.6
B166I	1.8
K384I	0.7
A450V_1	5.6
p40_2T_2	0.4
Bng044H_1	0.0
B17049D_2	4.1
Set_065 (54)	2.3
Satt596 (74)	0.0
Satt414 (72)	0.0
Scan003 (18)	3.6
Satt280 (42)	0.0
Satt456 (54)	0.8
Satt406 (72)	2.8
Satt380 (58)	0.0
Sat_093 (80)	1.8
Satt183 (48)	1.8
Satt529 (54)	1.4
Set_001 (54)	15.4
B122I	0.0
Bng063T	7.5
per2_135	5.7
K375I	1.1
Satt244 (74)	4.3
B032T_1	0.8
G8_15	3.7
Sle3_4mD	3.7
Satt431 (70)	1.9
A724T	0.0
A233D	4.9
A199H_2	0.0
per2_176	---

125.4

U01	cM
-----	----

Satt405 (34)	11.6
Satt285 (58)	0.0
A060a	3.1
Set_046 (46)	25.3
Satt456 (54)	0.0
Satt529 (54)	0.0
L216a	0.2
L050a	0.0
Satt183 (48)	0.6
Satt596 (74)	0.0
Scan003 (18)	0.3
Satt414 (72)	0.0
Satt132 (58)	0.4
gl73a	0.8
Satt380 (58)	0.5
Set_001 (54)	0.0
Satt215 (62)	22.8
Satt244 (74)	4.9
K375	1.8
R189	5.2
Satt548 (78)	4.9
G815	6.0
Satt431 (70)	9.5
A132	---

93.3

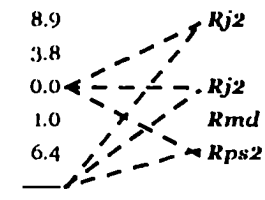
CH32+	cM
-------	----

36+12	
Satt287 (42)	0.8
Satt249 (66)	7.6
Set_046 (46)	0.0
Satt285 (58)	1.6
A060T_1	34.9
per2190I	6.0
Set_065 (54)	5.2
Satt414 (72)	1.5
Satt596 (74)	0.9
Satt132 (58)	0.0
Satt406 (72)	1.7
Satt380 (58)	2.8
Sat_093 (80)	0.8
Set_001 (54)	35.2
Satt244 (74)	1.7
Satt547 (54)	0.7
JOP_F01	8.9
Satt431 (70)	3.8
A233D_1	0.0
JOP_F10	1.0
A724T_1	6.4
A199H_2	---

121.6

CLG19	% r
-------	-----

Aco2	45.0
Rj2	---
Rj2	2.0
Rmd	2.0
Rps2	---



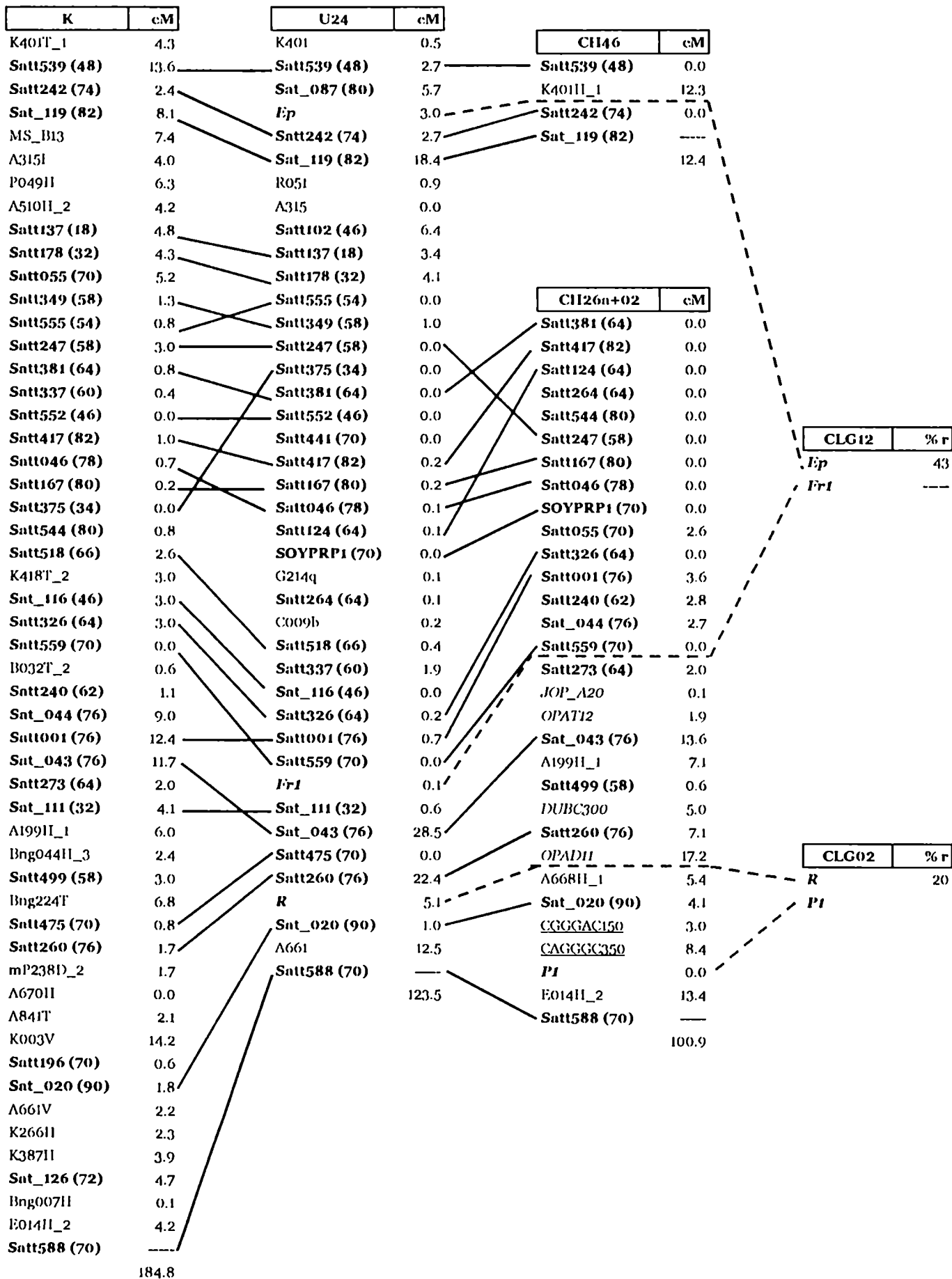
Linkage Group K/U24

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical



Linkage Group L/U14

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

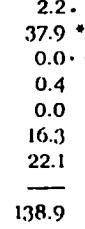
Classical

L	cM
BLT0101_2	1.5
A1691I	3.0
Sle3_4sD	0.0
Satt495 (48)	2.9
Satt232 (46)	1.8
Satt446 (32)	3.4
R1761I	0.8
Satt182 (80)	6.3
Satt238 (18)	0.0
Snt_071 (74)	2.5
Satt388 (46)	1.7
Bng0711I	5.4
A264I	0.0
i81I_2	0.7
A450V_2	0.0
A106D	1.8
Satt143 (76)	0.6
Snt_134 (78)	0.0
Satt523 (46)	0.8
Satt278 (46)	0.7
Satt418 (68)	0.7
Satt398 (74)	4.6
B164D	1.9
A023I	1.2
Satt497 (46)	1.6
Satt313 (76)	3.8
Satt284 (66)	1.6
Satt462 (84)	3.4
E014	0.0
B0461_1	0.9
A071T_5	0.0
A071V_1	2.0
B162T_2	4.4
p28_10V_2	0.0
pcG488_1	5.8
Satt481 (46)	0.0
Satt156 (66)	2.7
Sct_010 (00)	3.8
Satt076 (66)	3.4
Satt561 (48)	0.0
Satt527 (56)	1.4
Satt166 (74)	0.9
Satt448 (42)	1.7
gy3E	4.5
A132T_2	5.2
Snt_099 (54)	9.4
G17_3	1.0
A461T	4.9
Satt006 (32)	1.8
A489D	1.2
Satt229 (00)	10.3
Satt373 (68)	0.6
Satt513 (58)	2.1
Bng088T	2.1
A363D_1	0.0
A537D_1	1.7
Bng095I_1	0.0
R201V	0.0
K385V	—
	125.2

U14	cM
BL007	0.7
BL010	1.2
Satt446 (32)	0.2
Satt232 (46)	2.3
Satt182 (80)	6.8
Satt238 (18)	0.7
Snt_071 (74)	0.0
BL039	9.1
Satt523 (46)	3.1
B124a	0.0
A459	0.0
Satt143 (76)	0.0
Snt_134 (78)	0.6
Satt398 (74)	0.0
Satt418 (68)	0.8
A204	0.9
Satt313 (76)	0.8
Satt284 (66)	0.2
G214l	0.7
G214m	5.2
Satt462 (84)	3.9
L050d	18.0
Satt481 (46)	1.4
Satt156 (66)	15.3
Snt_113 (66)	2.1
Satt527 (56)	0.4
L050e	0.2
Satt561 (48)	5.4
Snt_099 (54)	9.9
G173b	2.6
D1I	2.6
Satt006 (32)	3.1
A489	6.3
L103b	0.2
K385	5.6
Satt513 (58)	0.4
Satt373 (68)	3.8
A363b	0.0
A802	0.0
B174a	—
	112.4

CH09+08	cM
Satt495 (48)	15.8
Satt182 (80)	12.9
Snt_071 (74)	6.2
Satt398 (74)	0.0
Satt143 (76)	0.9
Satt278 (46)	0.0
JUBC090	0.5
Snt_134 (78)	1.9
Satt497 (46)	15.6
B0461_1	3.7
Satt462 (84)	2.3
L1	2.2
A071V_1	37.9 ****
D1I	0.0
A461T_1	0.4
DUBC015	0.0
Satt006 (32)	16.3
Satt373 (68)	22.1
OPAl120	—
	138.9

CLG05	% r
Pq11	16.0
Pqdt	18.0
L1	37.0
D1I	—
E3	28.0



Linkage Group M/U11

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

M	cM
GMSC514 (58)	2.7
Satt404 (32)	9.7
Satt590 (80)	4.8
Satt201 (58)	3.6
Satt150 (60)	5.0
A351T	10.0
Mng339V	5.2
Satt567 (58)	4.5
Satt540 (80)	4.5
R079H	1.5
Bng222H	11.1
A131T	4.4
Satt463 (78)	6.0
Satt245 (80)	1.3
A9461_2	3.3
Satt323 (58)	1.3
Satt220 (54)	6.4
Bng179T_2	0.0
K41711_3	2.3
Satt536 (54)	0.0
Sat_003 (74)	3.5
Satt175 (78)	3.3
Satt494 (48)	1.2
Sct_147 (42)	4.9
A22611_1	0.0
K024D	0.8
A715V	4.7
Satt306 (54)	3.3
Mng186V	0.7
E043	8.1
K070T	5.0
AC	4.2
Satt551 (66)	4.4
Sat_121 (76)	7.7
Satt250 (48)	4.1
Satt346 (70)	8.3
K227I	2.7
A064T	10.4
A504D	0.0
Mng381T	8.6
Satt336 (66)	---

173.5

U11	cM
-----	----

Satt404 (32)	9.1
Satt590 (80)	7.4
Satt150 (60)	20.6
Satt567 (58)	1.9
Satt435 (56)	0.0
R079	0.0
A060b	6.9
Satt463 (78)	2.8
Satt245 (80)	4.1
A584	0.4
Satt220 (54)	2.1
Satt323 (58)	0.3
1.204d	0.0
Satt536 (54)	0.6
Sat_003 (74)	7.1
Satt494 (48)	8.4
Satt306 (54)	14.3
M121	1.1
Satt551 (66)	0.5
Bl.025	7.8
Sat_121 (76)	1.3
Satt250 (48)	6.3
Satt210 (58)	13.5
Satt336 (66)	2.4
Satt308 (72)	----

116.0

CH40+42	cM
---------	----

Satt590 (80)	14.1
Satt567 (58)	4.8
Satt540 (80)	9.4
DOP_1114	9.4
Satt463 (78)	2.3
Satt245 (80)	4.3
OP_N04	1.6
Sat_003 (74)	0.0
Satt536 (54)	0.2
Satt323 (58)	2.4
Satt175 (78)	28.9
Satt551 (66)	8.1
Sat_121 (76)	10.1
Satt210 (58)	2.3
A064T_1	12.7
Satt308 (72)	---
	110.7

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

N	cM
A071T_6	0.0
AC_telo	0.0
A071T_3	0.0
A071T_10	0.0
A071T_4	7.9
R022	7.6
Satt159 (72)	0.8
Satt152 (82)	0.9
Satt009 (66)	7.8
Satt530 (84)	2.8
K418T_1	0.0
A071T_1	0.6
K395T_2	3.5
i4_2	0.0
A280D	0.0
A426D_2	0.0
Sle_003	0.2
Bng095I_2	1.6
BLT049D_1	0.8
Sle2D_3	0.9
Satt584 (74)	0.9
Satt485 (58)	0.0
Satt393 (66)	2.0
Sat_084 (70)	5.4
Satt125 (48)	11.1
Sat_033 (74)	6.4
Satt387 (64)	4.2
peG488_2	0.0
B162T_1	0.0
L103T	0.8
mO128T	9.0
Satt521 (46)	5.0
Satt549 (50)	4.8
A808V	0.0
BLT015D	3.6
Satt339 (74)	0.0
GMABAB (80)	1.5
Satt237 (70)	5.4
Sat_091 (80)	17.5
Satt257 (58)	5.5
Satt410 (00)	9.7
E049	0.0
K494I_1	3.5
A537D_2	5.3
Bng068V	0.0
A802D	—
	137.8

U06	cM
I2	23.2
BL004	1.5
Satt159 (72)	0.5
Satt152 (82)	1.0
Satt009 (66)	2.2
Satt530 (84)	0.0
Sat_084 (70)	0.9
A280	0.7
Satt393 (66)	0.0
Satt584 (74)	8.4
Satt080 (34)	4.8
Satt387 (64)	0.0
L103a	0.0
B162	7.5
Rpg4	15.1
Satt521 (46)	4.8
Satt549 (50)	2.3
GMABAB (80)	0.8
Satt339 (74)	0.3
Satt237 (70)	0.0
BL015	1.1
Satt255 (62)	0.0
Sat_091 (80)	3.4
Satt312 (68)	1.7
G214g	0.0
Satt234 (42)	19.5
Satt022 (72)	0.8
Sat_125 (86)	10.1
A455	4.9
A363a	—
	115.6

CH22	cM
Rps7	14.3
OPAC12b	4.1
OP_N03	5.1
Satt152 (82)	1.0
Satt159 (72)	2.2
Satt009 (66)	5.5
OP_U09b	0.0
Satt530 (84)	0.8
A280D_1	1.5
OP_F13	0.0
Satt393 (66)	0.0
Satt125 (48)	0.9
Satt584 (74)	0.0
Satt485 (58)	0.0
Sat_084 (70)	15.9
Sat_033 (74)	4.0
B162T_1	0.0
Satt387 (64)	16.5
GMABAB (80)	9.7
Sat_091 (80)	23.9
Satt257 (58)	8.9
Satt022 (72)	—
	114.4

CLG10	% r
I2	27.0
Rps1	—
Rps7	13.0
Rps1	—
Hm	7.0
CLG??	—
Rpg4	—

Linkage Group O/U21

USDA/Iowa St. Univ.

Univ. of Utah

Univ. of Nebraska

Classical

O	cM	U21	cM	CLG15	% r
Sat_132 (70)	2.4	Satt358 (46)	3.9		
Satt358 (46)	8.5	Satt487 (70)	0.0	CLG15+45/07	cM
Satt500 (70)	1.7	Sat_132 (70)	12.4	Sat_132 (70)	0.0
Satt492	2.9	Satt445 (76)	20.0	Satt358 (46)	0.0
A081T	7.1	G214o	3.9	Satt487 (70)	5.3
G2481I_1	0.0	Satt259 (66)	1.2	Satt500 (70)	5.4
Storage_1	10.6	Satt347 (42)	17.9	Satt445 (76)	27.6
A882D	4.5	K011e	2.6	K265V_2	1.6
Satt259 (66)	6.9	Satt262 (62)	0.0	Satt259 (66)	0.5
L1851I_2	1.9	Satt473 (58)	0.2	Satt347 (42)	15.8
Bng015V	14.0	Satt128 (18)	0.0	Satt345 (82)	1.8
Satt420 (50)	4.6	BL049b	0.0	Satt188 (70)	0.0
Satt576 (80)	1.6	Satt241 (54)	0.6	Satt479 (66)	0.9
Satt094 (64)	0.8	G214p	0.4	Satt173 (82)	0.0
Satt466 (18)	0.0	Satt585 (48)	0.0	Satt262 (62)	0.0
Satt550	0.9	Satt466 (18)	0.0	Satt473 (58)	0.0
Satt479 (66)	0.0	Satt479 (66)	0.0	OP_L06	10.7
Satt585 (48)	0.8	Satt188 (70)	0.2	DUBC402	2.7
Satt473 (58)	0.0	Satt420 (50)	1.3	Satt563 (56)	13.3
Satt262 (62)	1.1	Satt173 (82)	12.1	Satt477 (58)	15.0
Mng273D_1	2.0	Satt478 (82)	11.5	SOYLBC (78)	2.8
Bng123T	0.8	Satt477 (58)	4.0	Satt592 (58)	7.2
Bng062D	1.4	Satt123 (32)	8.9	Satt581 (48)	17.7
T003H	3.5	l_gh	8.3	E2	18.3
Satt345 (82)	0.0	l204a	30.6	Sat_038 (62)	0.5
Satt173 (82)	3.7	Satt243 (68)	6.7	Satt153 (50)	1.8
Satt478 (82)	12.1	BL027	0.4	Satt243 (68)	0.5
Mng2081I	10.0	T010a	0.9	Pgmt	12.4
mQ117V	0.0	Sat_108 (87)	0.0	Sat_109 (76)	1.3
Satt477 (58)	0.8	Sat_109 (76)	9.7	Sat_108 (87)	11.5
A878T	15.9	A955b	11.4	M8E6mr2	—
Satt592 (58)	4.5	Scan001 (18)	—		180.8
Satt581 (48)	2.9		169.5		
Satt331 (18)	1.7				
Bng070I	2.4				
BL57T	20.5				
Mng211D	0.8				
Satt153 (50)	0.0				
Sat_038 (62)	1.0				
A102T_2	0.8				
Satt243 (68)	7.8				
T027D	0.0				
BLT027D	1.6				
Sat_108 (87)	0.5				
Mng085D_1	1.3				
Sat_109 (76)	9.4				
A664I_1	—				
	176.1				
Weak Link					
Satt188 (70)	—				



RESULTADOS

CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÓMICA Y CONFECCIÓN DE UN DOCUMENTO ÚNICO DE IDENTIDAD GENÓMICA PARA 103 VARIEDADES TRADICIONALES DE SOJA CHINA MEDIANTE SSR

Para la confección del documento único de identidad genómica correspondiente a un grupo de 103 variedades tradicionales chinas y la variedad de referencia Williams, se utilizaron 33 SSR seleccionados entre los que están distribuidos en los 20 grupos de ligamiento de los mapas consenso de soja. Así se buscó asegurar una buena representatividad genómica de la descripción de la variabilidad genética analizada. Las bandas correspondientes a los alelos se observaron y computaron como se detalla en Materiales y Métodos. Todos los loci analizados presentaron más de un tipo alélico. Los patrones de presencia/ausencia para las 103 variedades tradicionales chinas y la variedad de referencia Williams obtenidos para cada uno de los 33 loci SSR analizados, se observan en la Tabla 6.

A partir de los datos de presencia/ausencia obtenidos para cada SSR, se construyó una Matriz Básica de Datos (MBD) y, utilizando el coeficiente de asociación de Jaccard, se calcularon los valores de similitud genética. Se obtuvo un valor medio de similitud de 0,137 con valores mínimos y máximos de 0 y 0,89 respectivamente. El rango de valores de similitud más representado es el que va de 0,099 a 0,123. Todos los pares de variedades chinas presentan alguna vez un valor de similitud que cae dentro de ese rango. En la Figura 4 se observa la distribución de los valores de similitud.

Se encontraron de 5 a 21 alelos por locus con un promedio de 11,72 y un desvío de 4,06. Los valores de diversidad genética (PIC) tuvieron un máximo de 0,86 y un mínimo de 0,37 con un valor medio de 0,73 y un desvío de 0,12. La heterogeneidad varietal ascendió a 9,2% con 58 variedades tradicionales de 103 con patrones heterogéneos (56%). Hongmidou resultó ser la más heterogénea con 19 loci heterogéneos de 33 SSR analizados. De los 386 alelos totales encontrados, 64 se presentaron sólo una vez, por lo que el porcentaje de alelos raros ascendió a 16,6%.

Estos datos resultaron ser suficientes para establecer un documento único de identidad genotípica para las 104 variedades estudiadas (103 chinas y Williams). En la Tabla 7 se observan los loci analizados, su correspondiente grupo de ligamiento, el número de alelos obtenido por locus, el rango de tamaño en pares de bases y la diversidad genética (PIC). A modo de ejemplo en la Figura 5 se observa el patrón alélico del SSR-231 para 23 variedades tradicionales de soja china.

RESULTADOS

Tabla 6: Documento Único de Identidad Genómica para 103 variedades tradicionales de soja china.

En la tabla se observan los datos de presencia/ausencia para cada uno de los 33 SSR analizados para las 103 variedades chinas y la variedad de referencia Williams. Se indican los nombres de las variedades, el SSR utilizado y los alelos en pares de bases.

RESULTADOS

SSR ATT-002								
Alelos - Peso molecular en pares de bases	148	145	142	139	136	133	130	139
Nombre de la variedad								
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	1
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	1	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	1
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	1
Daheidou	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	1
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	1	1	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	1	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	1	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	1
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	1	1
Duludou	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	1
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	1	0	1
Willams	0	0	0	0	0	0	0	1
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Mayidan	0	0	0	0	1	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	1	0	0
Duchang huangdou	0	0	1	0	0	0	0	1
Xiazhidou	0	0	0	0	0	1	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	1	0	1	0	0
Dalichadou	0	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	1	1
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	1	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	1
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	1	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	1	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dawudou	0	0	0	0	1	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	1
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	1

RESULTADOS

Qingyang zaouxuan	0	0	0	0	1	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	1	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	1	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	1	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Zongpidou	0	0	1	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	1	1	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	1	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	1	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	1	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	1	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	1
Xianyou sandou	0	0	1	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dazaohuang	0	0	0	1	0	1	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	1
Zigong dongdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	1
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	1	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	1	0	0	1
Wenshu tianedan	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	1	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	1	0	0	1
Fanxian pingdingniوماو	0	0	0	0	0	1	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	1	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-005																			
Alelos - Peso molecular en pares de bases	189	186	180	177	174	171	168	165	162	159	156	153	150	147	144	141	135	129	XX X
Nombre de la variedad																			
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ajjiaoqing	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR SATT-168											
Alelos - Peso molecular en pares de bases	240	237	234	231	228	225	222	203	200	196	193
Nombre de la variedad											
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daheidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yiwu liuyuedou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Duludou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Heihuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

RESULTADOS

Dabaimedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qingyang zaouxuan	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tongren xilidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Aijiaqing	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Nongchang ercao	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-231												
Alelos - Peso molecular en pares de bases	244	241	238	235	232	229	226	223	220	217	214	194
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baoan dadou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Daheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimai	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Willams	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaijiao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dawudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dazaohuang	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taiping zihua	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihuacao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-249											
Alelos - Peso molecular en pares de bases	262	259	256	253	250	247	244	241	226	220	217
Nombre de la variedad											
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baimaoshuang	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dajinhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 6hao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Longshan liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mayidan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Duchang huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Dalichadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua tiejia	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taixing heidou	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimeidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuhegi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mabugang dongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dapu huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Heike maodou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xianyou sandou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-253							
Alelos - Peso molecular en pares de bases	169	153	150	147	141	138	133
Nombre de la variedad							
Hulin bayuemang	0	0	1	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	1	0
Baimaoshuang	0	0	0	1	0	1	0
Baoan dadou	0	0	1	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	1	0	1	0
Daheidou	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	1	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	1	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0
Baihuadou	0	0	1	0	0	1	0
Lishui daliandou	0	0	1	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	1	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	1	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	1	0
Duludou	0	0	1	0	0	0	0
Dabaimai	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	1	0
Willams	0	1	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	1	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	1	0
Liuyuehuang	0	1	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	1	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	1	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	1
Guangchang laoshushi	0	0	0	1	0	1	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	1	0
Huangdou	0	1	0	0	0	0	0
Hongmidou	1	0	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	1	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	1	0	0	0	0
Baihua	0	0	1	1	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	1	0
Baihuamo shidou	0	0	0	1	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	1	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	1	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	1	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	1	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	0	1	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	1	0
Dahedou	0	0	0	0	0	1	0
Raoshangun	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0
Dabaimidou	0	0	1	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	1	0
Buyang134	0	1	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	1	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0
Mabugang dongdou	0	0	0	1	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	1	0
Dapu huangdou	0	0	0	1	0	1	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	1	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	1	0	0	0
Shuangseudou	0	0	0	0	0	1	0
Anshun baijiadou	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	1	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	1	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	1	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0
Zongpidou	0	0	0	1	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	1	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	1	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	1	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	1	0
Chian qingpi	0	0	0	1	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	1	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	1	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	1	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	1	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	1	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	1	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	1	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0
Hebian jiangseudou	0	0	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	1	0
Qujia huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	1	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	1	0
Wenshu tianedan	0	1	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	1	0	1	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	1	0
Gucheng yishuhou	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangseudou	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	1	0

RESULTADOS

SSR ATT-259								
Alelos - Peso molecular en pares de bases	163	160	157	154	151	148	133	127
Nombre de la variedad								
Hulin bayuemang	0	0	0	0	1	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	1	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	1	0	1	0	0
Baoan dadou	0	0	0	1	0	0	0	1
Dajinhuang	0	0	0	1	0	0	1	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	1	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	1	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	1
Tiegandou	0	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	1	0	1	0
Wendeng baidou	0	0	0	1	0	0	1	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	1	0
Dabaimei	0	0	0	1	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	1	0	0	0	1
Willams	0	0	0	0	1	0	0	0
Hengshan hongdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Mayidan	0	0	0	0	0	0	1	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	1
Zhenba jiangsedou	0	1	0	0	0	0	1	1
Daqingsi	0	0	0	1	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	1	0	1
Xiazhidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	1	0	0	1	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	1
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	1	1
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	1	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dawudou	0	0	0	0	1	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	1	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	1	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	1	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	1	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	1	1
Chunheidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	1
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	0	0	0	0	1
Yuxi huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Zongpidou	0	1	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	1
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	1
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Chian qingpi	0	1	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	1
Aijiaqing	0	0	0	0	0	0	0	1
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	1
Xianyou sandou	0	0	0	0	1	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	1	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	1	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	1
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaochundou	0	0	0	0	1	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	1	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	1	1
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	1	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	1	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	1	0
Gucheng yishulou	0	0	0	0	0	0	0	1
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	1	0

RESULTADOS

SSR ATT-294												
Alelos - Peso molecular en pares de bases	296	290	287	284	281	278	275	272	269	266	257	248
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Duludou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Willams	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaouxuan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Aijiaqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniuniao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

RESULTADOS

SSR ATT-324									
Alelos - Peso molecular en pares de bases	256	245	242	239	236	231	228	216	200
Nombre de la variedad									
Hulin bayuemang	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baimaoshuang	0	0	1	0	0	0	1	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 6hao	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heze pingdingdo	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Williams	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mayidan	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Taixing heidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Raoshangun	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Buyang134	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yulin daluangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xianyou sandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Touxinlu	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Emei liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniوماو	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	1	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-353										
Alelos - Peso molecular en pares de bases	137	131	126	123	120	117	111	108	105	96
Nombre de la variedad										
Hulin bayuemang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Dajinhuang	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 4hao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Baihuadou	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Heze pingdingdo	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimai	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Willams	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Huashan huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Daqingsi	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Xiazhidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Hongmidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Heiyao huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihua tiejia	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Liuhe xiaoyeqing	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Dahedou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Buyang134	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xihuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Aijiaqing	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zigong dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Hebian jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Emei liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Wenshu tianecan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fanxian pingdingniuma	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-357							
Alelos - Peso molecular en pares de bases	339	330	324	318	306	221	215
Nombre de la variedad							
Hulin bayuemang	0	0	0	1	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	1	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	1
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	1
Dajinhuang	0	0	0	1	0	0	1
Daheidou	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	1
Yiwu liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	1	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	1
Lishui daliandou	0	1	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	1	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	1
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	1
Duludou	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	1
Tiejiaqing	0	0	0	1	0	0	1
Willams	0	0	0	0	0	0	1
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	1
Longshan liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Mayidan	0	1	1	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	0	0	1
Daqingsi	0	1	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	1
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	1
Dalichadou	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	1	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	1
Chamo shidou	0	0	0	1	0	0	0
Baihua	0	0	0	1	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	1	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	1	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	1	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	1	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	1
Honghua liuyue	0	1	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	0	0	0	0	1
Dawudou	0	0	0	1	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	1
Raoshangun	0	0	0	1	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	1

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	1
Buyang134	0	0	0	0	0	0	1
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	1
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0
Xiawangwudou	0	1	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	1
Chunheidou	0	0	0	0	1	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0
Tongren xilidou	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	1
Baoshan houzima	0	0	0	1	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	1
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	1
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	1
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Wuzhou siyuehuang	1	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	1	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	1	0	0	0	0	0
Chian qingpi	1	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	1	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	1
Shandouzi	0	1	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	1	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	1	0
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	1	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	1	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	1
Hebian jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	1	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	1
Taiping zihua	0	0	0	1	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	1	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	1
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	1
Wandoutuan	0	0	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniuniao	0	0	0	0	0	0	1
Gucheng yishuliu	0	0	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	1	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	1

RESULTADOS

SSR ATT-534																	
Alelos - Peso molecular en pares de bases	265	259	256	253	250	247	244	241	238	235	232	229	226	223	220	214	208
Nombre de la variedad																	
Hulin bayuemang	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Willams	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ajjiaoqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-030											
Alelos - Peso molecular en pares de bases	176	173	170	167	164	161	158	155	152	149	146
Nombre de la variedad											
Hulin bayuemang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Willams	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dawudou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Dahedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Anshun bajjiadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ajjiaoqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Shanzibai	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-045											
Alelos - Peso molecular en pares de bases	158	155	152	149	146	143	140	137	134	131	125
Nombre de la variedad											
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dajinhuang	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Fengshouhuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0
Willams	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dalichadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabaimeidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaouxuan	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Buyang134	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Wuheqi huangdou	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Chunheidou	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun bajiaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Aijiaqing	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-175												
Alelos - Peso molecular en pares de bases	183	178	175	172	168	165	162	159	156	153	150	146
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuadou	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Duludou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dawidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shuaangedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dazaohuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zigong dongdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-177							
Alelos - Peso molecular en pares de bases	122	119	116	113	110	107	101
Nombre de la variedad							
Hulin bayuemang	0	0	0	1	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	1	0
Baimaoshuang	1	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	1	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	1	1	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 4hao	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	1	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	1	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0
Baihuadou	0	0	1	0	0	1	0
Lishui daliandou	0	0	1	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	1	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	1	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	1	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0
Duludou	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimei	0	0	1	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	1	1	0	0
Willams	0	0	0	1	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	1	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	1	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	1	0
Liuyuehuang	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1
Mayidan	0	0	0	1	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	1	0
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	1	1	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	1	0
Guangchang laoshushi	0	0	1	1	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	1	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0
Hongmidou	0	0	0	1	1	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	1	0
Baihua	0	0	0	1	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	1	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	1	0
Taixing heidou	0	0	0	1	0	1	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	1	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	1	0	1	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	1	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	1	0
Dawudou	0	0	0	0	1	0	0
Dahedou	0	0	0	1	0	0	0
Raoshangun	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaouxuan	0	0	0	0	1	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	1	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	1	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Mabugang dongdou	0	0	1	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	1	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	1	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	1	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	1	0
Baoshan houzima	0	0	0	1	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	1	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Daqingdou	0	0	0	1	0	0	0
Zongpidou	0	0	1	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	1	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	1	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	1	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	1	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	1	0
Aijiaoqing	0	0	0	1	0	0	0
Shandouzi	0	0	1	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	1	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	1	0	0
Dazaohuang	0	0	0	1	1	0	0
Touxinlu	0	0	1	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	1	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	1	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	1	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	1	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	1	1	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	1	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	1	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0
Shanzibai	0	0	1	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-577								
Alelos - Peso molecular en pares de bases	130	124	121	118	112	109	103	100
Nombre de la variedad								
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	1
Linxun suoyiling	0	0	1	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	1	0	1	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	1	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	1	0	0	1	0	0
Daheidou	0	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	1	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	1	0	0	1
Lishui daliandou	0	0	0	0	1	1	0	0
Tiegandou	0	0	0	1	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	1	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	1	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Duludou	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimei	0	0	1	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	1	0	1	0	0	0
Willams	0	0	0	1	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	1	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	1	0	1
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Xiazhidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	1	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	1	0	0	0	0
Huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Heiyao huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	1	0	0
Baihua	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Taixing heidou	0	0	1	0	1	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	1
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	1	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	1	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	1	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	1	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabaimeidou	0	0	1	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1
Buyang134	0	1	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	1
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	1	0	0
Dapu huangdou	0	0	1	0	1	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	1	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	1	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	1	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	1	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	1	1	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	1	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	1	0	0	0
Ajjiaqing	0	0	0	1	0	0	0	0
Shandouzi	0	1	0	0	1	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	1	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dazaohuang	0	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	1	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	1
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	1	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	1	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	1	0	1
Baihuacao	0	1	0	0	0	1	0	1
Wandoutuan	0	0	1	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniوماو	0	0	0	0	1	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-042												
Alelos - Peso molecular en pares de bases	180	177	176	174	172	171	168	165	159	156	150	147
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Willams	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Hengshan hongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabajiao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Dahedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xihuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-173																		
Alelos - Peso molecular en pares de bases	262	250	247	244	241	238	235	229	226	223	220	217	214	211	208	205	198	185
Nombre de la variedad																		
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Aijiaqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-373																				
Alelos - Peso molec. en pares de bases	163	160	157	154	151	148	142	145	138	129	126	123	121	118	115	112	100	97	91	88
Nombre de la variedad																				
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Heze pingdingdo	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimai	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Willams	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taixing heidou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabajiao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Dabaimaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Touxinlu	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-172					
Alelos - Peso molecular en pares de bases	235	232	224	221	209
Nombre de la variedad					
Hulin bayuemang	0	1	0	0	0
Linxun suoyiling	0	1	0	0	0
Baimaoshuang	1	1	0	0	0
Baoan dadou	0	1	0	0	0
Dajinhuang	0	1	0	0	0
Daheidou	0	0	0	1	0
Jindou 4hao	0	1	0	0	0
Jindou 1hao	0	1	0	0	0
Jindou 6hao	0	1	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	1	0	0	0
Qingmingdou	0	1	0	0	1
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	1	0	0	0
Lishui daliandou	0	1	0	0	1
Tiegandou	0	0	0	1	0
Heze pingdingdo	0	0	0	1	0
Fengshouhuang	0	1	0	0	0
Wendeng baidou	0	1	0	0	0
Duludou	0	1	0	0	0
Dabaimai	0	0	0	1	0
Tiejiaqing	0	1	0	1	0
Willams	0	0	0	1	0
Hengshan hongdou	0	1	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	1	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0
Liuyuehuang	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	1	0
Mayidan	0	0	0	1	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	1
Daqingsi	0	1	0	0	0
Duchang huangdou	0	1	0	0	0
Xiazhidou	0	1	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	1	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	1
Huangdou	0	1	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	1	0
Heiyao huangdou	0	0	0	1	0
Chamo shidou	0	0	0	1	0
Baihua	0	1	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	1
Baihuamo shidou	0	0	0	0	1
Taixing heidou	0	0	0	1	1
Dabajiao	0	1	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	1	0	0	0
Honghua liuyue	0	1	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	0	1	0
Dawudou	0	0	0	1	0
Dahedou	0	0	0	1	0
Raoshangun	0	0	0	0	1
Huangdou	0	1	0	0	0
Dabaimeidou	0	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	1	0
Buyang134	0	0	0	1	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	0	0	1	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	1	0	0	0
Mabugang dongdou	0	1	1	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	1	0
Dapu huangdou	0	0	0	1	0
Chunheidou	0	0	0	0	1
Xishui liuyuedou	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	1	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0
Anshun baijiaodou	0	0	1	0	0
Heike maodou	0	1	0	0	0
Baoshan houzimao	0	1	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	1	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	0	0	1	0
Zongpidou	0	0	0	1	0
Xihuangdou	0	0	0	1	0
Shitang wuyuedou	0	1	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	1	0
Wuzhou siyuehuang	0	1	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	1	0
Binyang xiaqingdou	0	1	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	1
Chian qingpi	0	1	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	1	0	0	0
Aijiaoqing	0	1	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	1	0
Xianyou sandou	0	1	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	1	0
Dazaohuang	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	1	0
Zigong dongdou	0	0	0	1	0
Zaochundou	0	1	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	1	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	1	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	1	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	0	1	0
Nongchang ercao	0	0	0	1	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	1
Baihuacao	0	0	0	1	0
Wandoutuan	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	1	0
Gucheng yishuhou	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	1
Heihuangdou	0	0	0	1	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0
Shanzibai	0	0	0	0	1

RESULTADOS

SSR ATT-009																					
Alelos - Peso molecular en pares de bases	233	224	221	218	215	209	206	203	200	197	194	191	188	185	182	179	165	162	154	138	135
Nombre de la variedad																					
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dajinhuang	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Willams	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Hengshan hongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Chunheidou	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-414												
Alelos - Peso molecular en pares de bases	337	334	331	325	322	316	313	310	307	301	294	266
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimai	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dabajiao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longyan qiuwudou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ajjiaqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-307										
Alelos - Peso molecular en pares de bases	143	140	137	134	128	125	122	114	113	104
Nombre de la variedad										
Hulin bayuemang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Longshan liuyuehuang	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mayidan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Honghua liuyue	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Buyang134	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Tongren xilidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xihuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shandouzi	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dazaohuang	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Touxinlu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Nanbu qingpidou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-114												
Alelos - Peso molecular en pares de bases	121	118	115	109	106	103	100	97	94	91	88	82
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dajinhuang	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Daheidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 6hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimei	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Willams	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Taixing heidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabajiao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huaiyin qiulheidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Zongpidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiutudou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Aijiaqing	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Touxinlu	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-184								
Alelos - Peso molecular en pares de bases	186	183	180	178	172	169	148	146
Nombre de la variedad								
Hulin bayuemang	1	0	1	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	1
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	1	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	1	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	1	1	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	1	1	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	1	1	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	1	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuadou	0	0	1	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	1	0	0	0
Tiegandou	0	0	1	0	1	0	1	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	1	0	1	0
Fengshouhuang	0	0	1	0	0	1	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	1	1	0
Duludou	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabaimai	0	0	0	0	0	1	0	0
Tiejiaqing	0	1	0	0	0	0	1	0
Willams	0	0	0	0	0	1	0	0
Hengshan hongdou	0	0	1	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	1	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Mayidan	0	0	1	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	1	0
Duchang huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	1	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	1	0	0	0
Dalichadou	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Hongmidou	0	1	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	1	0	0	1	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	1	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Taixing heidou	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabaijiao	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	1	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	1	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	1	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	1	0	0	1	1	0
Dahedou	0	0	0	0	0	1	0	0
Raoshangun	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	1	0	0	0	0	0

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	1	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	1	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	1	0	0	0	0	1	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	1	0	0	1	0	1	0
Mabugang dongdou	0	0	1	0	0	0	1	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	1	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	1	0
Heike maodou	0	0	0	0	1	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	1	0
Yuxi huangdou	0	1	0	0	0	0	1	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Zongpidou	0	0	1	0	1	0	1	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	1	0	1	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Chian qingpi	1	0	0	0	0	0	1	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	1	0	0	0
Aijiaqing	0	0	0	0	0	0	1	0
Shandouzi	0	1	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	1	0	1	0
Baimaodou	0	1	0	0	1	0	1	0
Dazaohuang	0	0	0	0	1	0	1	0
Touxinlu	0	0	1	0	0	0	1	0
Zigong dongdou	0	1	0	0	0	0	1	0
Zaochundou	0	0	1	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	1	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	0	1	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Qijia huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	1	0
Nongchang ercao	0	0	1	0	0	0	1	0
Wenshu tianedan	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	1	0
Wandoutuan	0	1	0	0	0	0	1	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	1	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	1	0
Qichun jiangsedou	0	1	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	1	0	0	0	0	1	0
Shanzibai	0	1	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-509									
Alelos - Peso molecular en pares de bases	247	238	203	200	197	194	191	188	179
Nombre de la variedad									
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Daheidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Tiejiaqing	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Willams	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Mengla xiaohuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaohundou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Nongchang ercao	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	1	0

RESULTADOS

SSR ATT-100													
Alelos - Peso molecular en pares de bases	174	168	165	156	150	147	144	141	138	135	116	113	101
Nombre de la variedad													
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Willams	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Ajjiaoqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-156								
Alelos - Peso molecular en pares de bases	232	229	226	223	220	210	207	204
Nombre de la variedad								
Hulin bayuemang	0	0	0	1	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	1	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	1	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	1	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	1
Daheidou	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	1
Yiwu liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	1	0	0	0	1
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	1	0
Tiegandou	0	0	1	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	1	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	1	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Duludou	0	0	0	1	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	1
Tiejiaqing	0	0	1	0	0	0	1	0
Willams	0	0	1	0	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	1
Heihuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	1
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Zhenba jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	1	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Xiazhidou	0	0	0	1	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	1	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	1	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	1	0	0	1
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0
Chamo shidou	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	1	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabajiao	0	0	1	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	1
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	1
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	1

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	1	0	0
Buyang134	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Mabugang dongdou	0	0	0	1	0	0	1	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	1	0
Dapu huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	1	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	1	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	1	0
Heike maodou	0	0	0	1	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Daqingdou	0	0	0	1	0	0	0	1
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	1	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	1
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	1
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	1	0	0	0	1
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	1
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	1	0
Ajjiaoqing	0	0	0	0	0	0	1	0
Shandouzi	0	0	0	1	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	1	0
Baimaodou	0	0	0	1	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	1
Zigong dongdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	1
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	1	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	1	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihuacao	0	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	1	0	0	1	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	1	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1
Qichun jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0
Heihuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	1	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-197													
Alelos - Peso molecular en pares de bases	204	201	196	190	187	184	181	178	175	172	161	145	136
Nombre de la variedad													
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Daqingsi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Anshun baijiadou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzima	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zongpidou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Chian qingpi	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zigong dongdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Wandoutuan	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Fanxian pingdingniوماو	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-147																		
Alelos - Peso molecular en pares de bases	150	158	173	176	179	182	185	188	191	194	197	200	203	206	209	211	215	218
Nombre de la variedad																		
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Baimaoshuang	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Wendeng baidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Hengshan hongdou	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Longshan liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yaohuangdou	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Buyang134	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Heike maodou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daqingdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Zaohuangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaqingdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Aijiaoqing	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Zaochundou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

SSR ATT-409															
Alelos - Peso molecular en pares de bases	203	197	194	188	179	176	173	170	167	164	161	158	155	152	149
Nombre de la variedad															
Hulin bayuemang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Qingmingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Baihuadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heze pingdingdo	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Duludou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Tiejiaqing	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Willams	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Hengshan hongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mayidan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Guangchang laoshushi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Dabajiao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Honghua liuyue	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaoxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Buyang134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiawangwudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dapu huangdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tongren xilidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Anshun baijiaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zongpidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Aijiaqing	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Xianyou sandou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Baimaodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Dazaohuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Wenshu tianedan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Fanxian pingdingniumao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

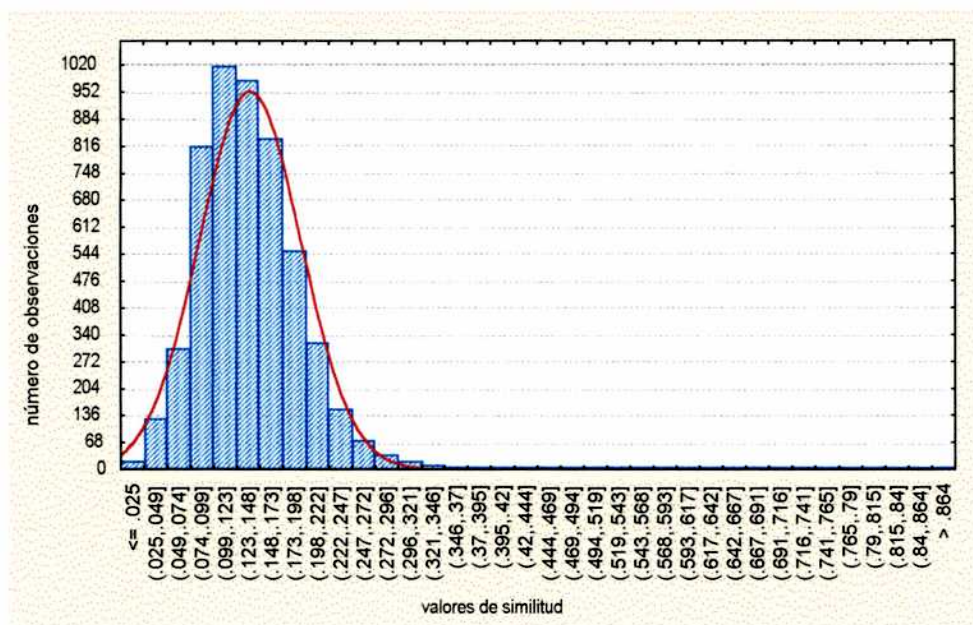
RESULTADOS

SSR ATT-367												
Alelos - Peso molecular en pares de baseS	231	228	225	222	219	216	213	210	207	204	191	188
Nombre de la variedad												
Hulin bayuemang	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Linxun suoyiling	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Baimaoshuang	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Baoan dadou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dajinhuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Daheidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Jindou 4hao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Jindou 1hao	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Jindou 6hao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Yiwu liuyuedou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Qingmingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuhang liuyuedou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuadou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Lishui daliandou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tiegandou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heze pingdingdo	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Fengshouhuang	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Wendeng baidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Duludou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimei	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Tiejiaqing	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Willams	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hengshan hongdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Longshan liuyuehuang	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Huashan huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Liuyuehuang	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heihuangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Mayidan	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zhenba jiangsedou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daqingsi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Duchang huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiazhidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Guangchang laoshushi	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dalichadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Huangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hongmidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Heiyao huangdou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Chamo shidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihua	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Baihua tiejia	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuamo shidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Taixing heidou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Dabajiao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Liuhe xiaoyeqing	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Honghua liuyue	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huaiyin qiuhaidou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dawudou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Dahedou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Raoshangun	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Huangdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Dabaimeidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

RESULTADOS

Qingyang zaouxuan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Buyang134	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuheqi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Daqingdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Qingyuan xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mabugang dongdou	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Xiawangyudou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dapu huangdou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Chunheidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xishui liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tongren xilidou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shuaangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Anshun baijiadou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Heike maodou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Baoshan houzimao	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Yuxi huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Mengla xiaohuangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Daqingdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Zongpidou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xihuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shitang wuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Xiping xiaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Wuzhou siyuehuang	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Binyang xiaoqingdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yulin dahuangdou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chian qingpi	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Longyan qiuwudou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Aijiaqing	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Shandouzi	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Xianyou sandou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baimaodou	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dazaohuang	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Touxinlu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Zigong dongdou	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zaochundou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Hebian jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Emei liuyuedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Nanbu qingpidou	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Qujia huangdou	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Shangzhuang shuibaidou	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Taiping zihua	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Nongchang ercao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Wenshu tianedan	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Baihuacao	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wandoutuan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Fanxian pingdingniuniao	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Gucheng yishuhou	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Qichun jiangsedou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Heihuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Enshi zaohuangdou	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Shanzibai	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

Figura 4: Distribución de los valores de similitud para 103 variedades chinas y Williams.



Los valores de similitud se calcularon utilizando el coeficiente de asociación de Jaccard. El histograma se obtuvo utilizando la función gráficos del programa Statistica v3.0.

RESULTADOS

Tabla 7: Descripción general de los resultados obtenidos del análisis de 103 variedades chinas utilizando 33 SSR.

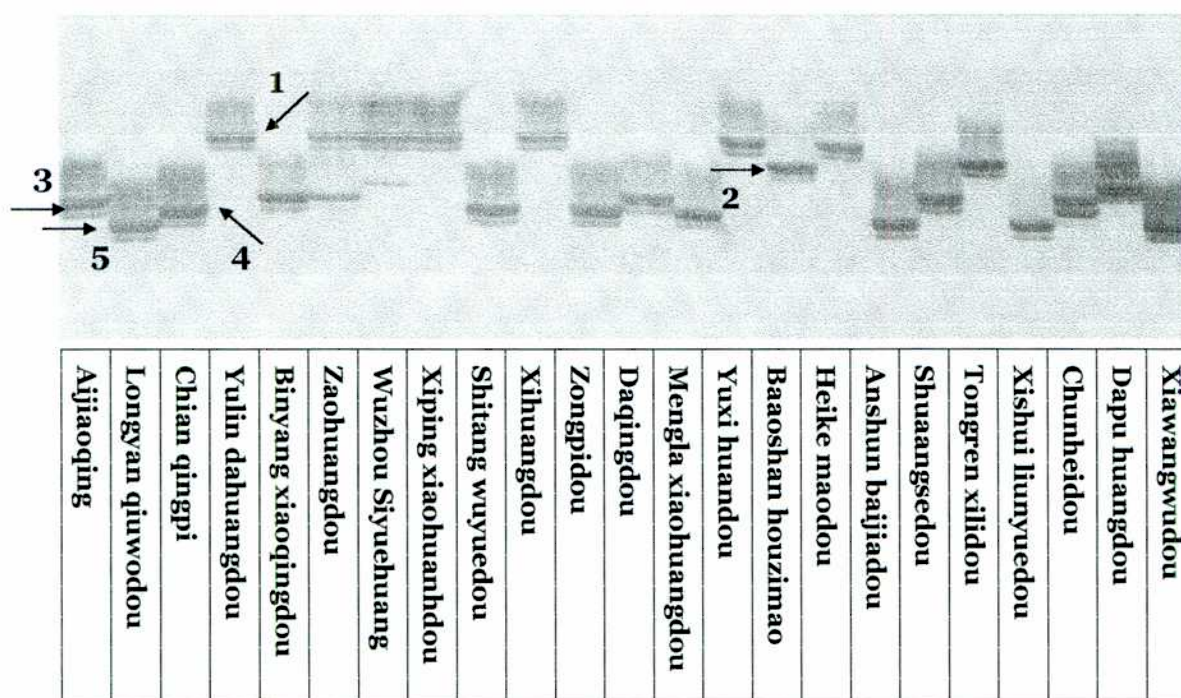
LOCUS BARC-SATT	Grupo de ligamiento	Número de alelos/locus	Rango de tamaño de los alelos (en pares de bases)	Diversidad genética (PIC)
002	D2/U12	8	148-127	0,81
005	D1b+W/U12	19	189-129	0,85
009	N/U6	21	233-138	0,86
030	F/U13a+U13b	11	176-146	0,80
042	A1/U07	12	180-147	0,79
045	E/U18+U02	11	158-125	0,67
100	C2/U09	13	174-101	0,81
114	F/U13a+U13b	12	121-82	0,71
147	D1a+Q/U08	18	218-150	0,81
156	L/U14	8	232-204	0,64
168	B2/U26	11	240-193	0,80
172	D1b+W/U19	5	235-209	0,60
173	Q/U21	18	262-185	0,84
175	M/U11	12	183-146	0,74
177	A2/U03	7	122-101	0,72
184	D1a+Q/U08	8	186-146	0,53
197	B1/U04	14	204-136	0,82
231	E/U18+U02	12	244-194	0,80
249	J/U01	11	262-217	0,73
253	H/U10	7	169-133	0,63
259	Q/U21	8	163-127	0,73
294	C1/U22	12	296-248	0,64
307	C2/U09	10	143-104	0,78
324	G/U05	9	256-200	0,46
353	H/U10	10	137-96	0,68
357	C2/U09	7	336-215	0,67
367	I/U17	12	232-188	0,83

RESULTADOS

373	L/U14	20	163-88	0,86
409	A2	15	205-149	0,74
414	J/U01	12	337-266	0,73
509	B1/U04	9	247-179	0,37
534	B1/U04	17	265-208	0,85
577	B2/U26	8	130-100	0,68
		11,72 (4,06)		0,73 (0,12)

Se observan los loci analizados, su correspondiente grupo de ligamiento, el número de alelos obtenido por locus, el rango de tamaño en pares de bases y la diversidad genética (PIC). El mapa genético utilizado para elegir los marcadores es el que se detalla en la Figura 3 de Materiales y Métodos. En "negrita" se destacan los valores máximos y mínimos obtenidos para el número de alelos por locus y la diversidad genética. En la última fila se detalla el promedio de alelos por locus y la diversidad genética para todos los loci (D). El desvío standard se indica entre paréntesis.

Figura 5: Patrón electroforético del SSR-231 para 23 variedades chinas.



En la parte inferior se detallan los nombres de las variedades tradicionales utilizadas. Las flechas indican los distintos alelos. Los tamaños se estimaron según se especifica en Materiales y Métodos. Alelos: 1: 238pb, 2: 235pb, 3: 223pb, 4: 220pb, 5: 217pb.

Para analizar las relaciones fenéticas entre todos los cultivares se construyó, a partir de los valores de similitud, un fenograma utilizando el método de agrupamiento SAHN y UPGMA (ligamiento promedio) según se especifica en Materiales y Métodos. El agrupamiento de las variedades según sus relaciones fenéticas se observa en la Figura 6.

Para analizar el grado de distorsión del método de construcción de árboles respecto de la matriz de similitud, se construyó, a partir del fenograma, una nueva matriz de similitud denominada matriz cofenética. La correlación entre ambas matrices se estudió utilizando el coeficiente de correlación de Mantel, obteniéndose un valor de 0,633 (p : 0,0198 para 100 permutaciones). Según Crisci, 1987, los índices de correlación superiores a 0,8 indican una representación adecuada de la matriz de similitud por parte del fenograma. Así, el fenograma obtenido no está representando de manera fiel a la matriz de similitud, decidiéndose entonces analizar ambos.

En el análisis del fenograma se observó que Dahedou se agrupa con el ancestro argentino Williams con valor de similitud 0,208. El par de variedades chinas con mayor similitud es el formado por Baihua tiejia y Qingmindou (0,889). Baihuamo shidou y Chunheidou se unen al resto del grupo a un valor de similitud de 0,111, que es el menor valor de similitud al que se unen dos cultivares cualquiera. Éstos son los que están menos relacionados con el resto del grupo. Por lo tanto, según el fenograma, algunos de los cultivares chinos estarían más relacionados con Williams que con otros cultivares chinos.

Para hallar el cultivar menos relacionado con el resto del grupo a partir de la matriz de similitud, se calcularon las similitudes promedio de cada uno respecto del resto. En este caso, el menor valor de similitud promedio resultó corresponder a Williams, resultando ser la variedad menos relacionada con el resto. Esta variedad tiene su máximo valor de similitud con Baihua (0,22), que en el fenograma formaba parte del grupo que se unía a ella, y no con Dahedou, con quien formaba un nodo, aunque es la segunda más similar (0,208). Los cultivares que antes eran los menos relacionados con el resto ahora se encuentran entre los veinte (de 104 totales) con menores valores de similitud promedio sobre todos los genotipos. El mayor valor de similitud en el fenograma pertenece al par de variedades con el mayor valor de similitud en la matriz.

Si bien el árbol no está reflejando de manera fiel las relaciones entre los cultivares, algunas de las relaciones concuerdan con los valores de similitud puros. El par de mayor similitud en el árbol se corresponde con el de mayor similitud en la matriz de datos, pero el par de menor similitud no se corresponde, si bien está dentro

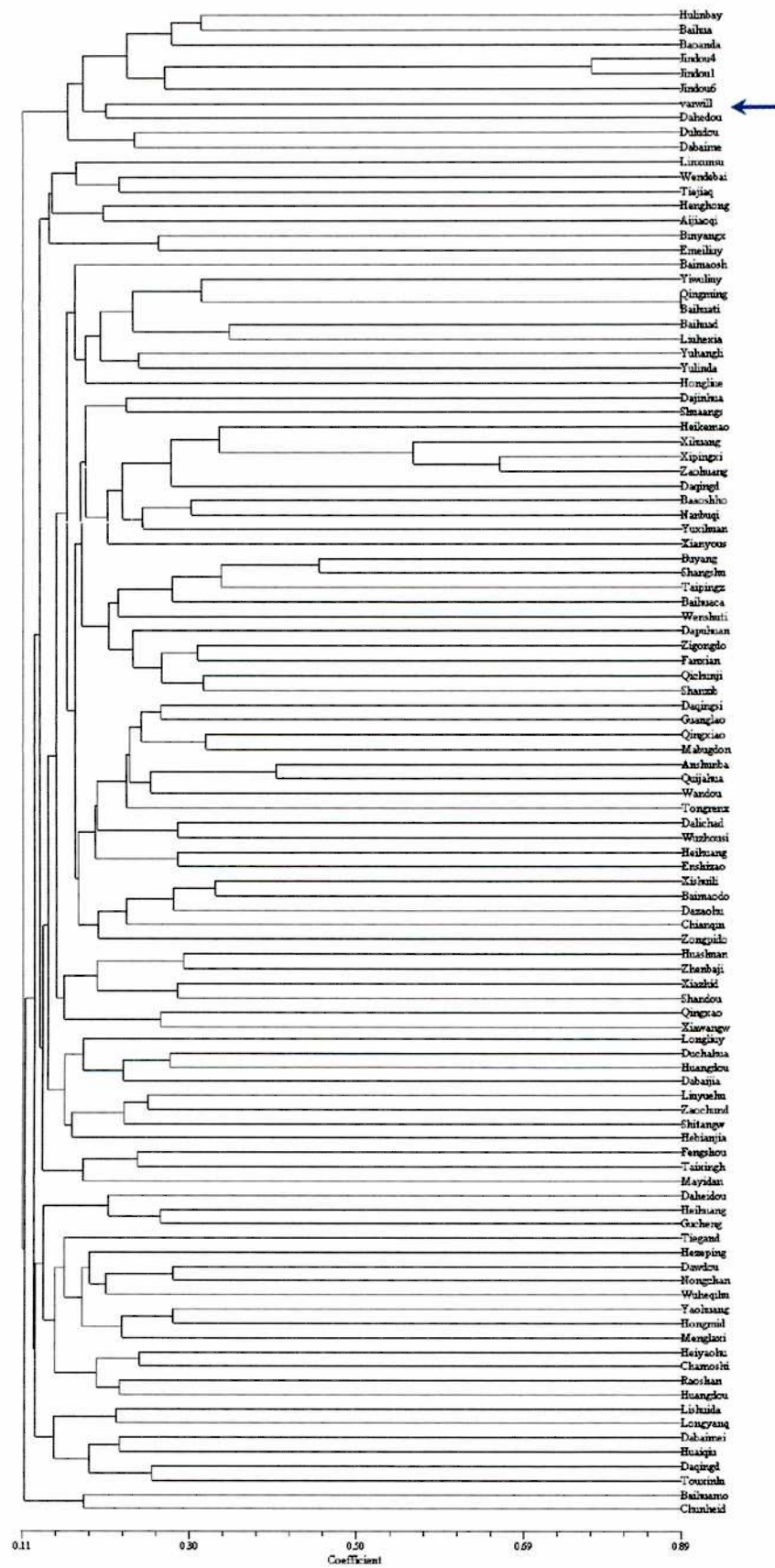
RESULTADOS

de los 20 valores promedio de similitud menores. Williams tiene el menor valor de similitud promedio, resultando ser la variedad menos relacionada con el resto.

Figura 6: Fenograma para 103 variedades tradicionales chinas de soja y la variedad de referencia Williams utilizando 33 SSR.

En la figura se observa el agrupamiento obtenido para los cultivares chinos y la variedad de referencia Williams (indicada con una flecha azul). Ésta se agrupa con el resto del grupo chino a un valor de similitud mayor que Baihuamo shidou y Chunheidou, aunque al analizar la matriz de similitud es Williams la variedad menos relacionada.

RESULTADOS



ANÁLISIS DE LA CORRELACIÓN DE LOS DATOS MOLECULARES CON LOS MORFOLÓGICOS Y LAS ÁREAS PRODUCTIVAS

Con el objeto de analizar y comparar los datos moleculares obtenidos con los descriptores fenológicos y con las áreas productivas de China, se construyeron 4 bases de datos: tres para 50 cultivares analizados con, 10 características morfológicas, 33 SSR o para las 3 diferentes zonas productivas de soja; y una cuarta para 103 cultivares según las 3 diferentes zonas productivas de soja (indicadas en la Tabla 1). En la Tabla 8 se observa el Documento Único de Identidad Fenotípica para las 50 variedades chinas analizadas, utilizando los caracteres morfológicos.

Los datos morfológicos no binarios se transformaron en binarios para poder ser comparables con los moleculares. Se construyó una MBD y se calcularon los valores de similitud utilizando el coeficiente de asociación de Jaccard. Se obtuvo un valor medio de similitud de 0,269 y valores mínimos y máximos de 0,048 y 0,714 respectivamente. El rango con mayor frecuencia de genotipos resultó ser el que va de 0,140 a 0,159. A fines comparativos se analizaron también los valores de similitud para los 50 cultivares pero utilizando los 33 SSR con los que se confeccionó el DUIG para el total. En este caso se obtuvo un valor medio de similitud de 0,149 y valores mínimos y máximos de 0,042 y 0,674. El rango con mayor frecuencia de cultivares resultó ser el que va de 0,131 a 0,148. En la Figura 7 se observa la distribución de estos valores de similitud.

RESULTADOS

Tabla 8: Documento Único de Identidad Fenotípica (DUIF) para 50 variedades chinas utilizando 10 características morfológicas.

Variedad	Color de flor	Color de pubescencia	Tipo de crecimiento	Color de semilla	Color de hilo
Baimaoshuang	P	t	Semi	Y	Y
Baoan dadou	w	t	Semi	Y	Y
Dajinhuang	w	t	Semi	Y	Y
Jindou 1 hao	w	T	Ind	Y	Bl
Jindou 6 hao	w	T	Semi	Y	Y
Yuhang liuyuedou	P	T	Det	Y	Br
Baihuadou	P	T	Semi	Y	Bl
Lishui daliandou	w	T	Semi	Y	Br
Fengshouhuang	w	T	Semi	Y	Br
Wendeng baidou	w	t	Det	Y	Y
Tiejiaqing	w	T	Semi	G	Br
Huashan huangdou	w	T	Semi	Y	Rbr
Mayidan	P	t	Semi	Y	Br
Yaohuangdou	w	t	Ind	BL	Bl
Zhenba jiangsedou	P	T	Semi	G	Bl
Duchang huangdou	P	T	Det	Y	Bl
Xiazhidou	w	T	Semi	Y	Br
Guangchang laoshushi	P	t	Semi	Y	Br
Hongmidou	P	T	Ind	Br	Br
Baihua	w	t	Semi	Y	Y
Taixing heidou	w	T	Det	Bl	BL
Liuhe xiaoyeqing	P	t	Semi	G	Br
Dawudou	w	T	Semi	Br	Br
Fuyang 134	P	T	Ind	Y	Rbr
Qingyuan	P	T	Det	G	BL

RESULTADOS

xiaohuangdou					
Longchuanmabuc ongdou	P	t	Det	Y	Br
Dapu huangdou	w	T	Det	Br	Br
Chunheidou	w	T	Det	Bl	BL
Shuangseudou	w	T	Semi	Y	Br
Baoshan houzima	P	T	Det	Br	Br
Yuxi huangdou	P	T	Semi	Y	Bl
Mengla xiaohuangdou	P	T	Semi	Y	Bl
Daqingdou	P	T	Ind	G	Bl
Zongpidou	w	T	Semi	Br	Br
Xihuangdou	P	t	Semi	Y	Br
Xiping xiaohuangdou	w	t	Semi	Y	Br
Wuzhou siyuehuang	P	T	Ind	Y	Br
Zaohuangdou	w	t	Semi	Y	Br
Binyang xiaoqingdou	P	T	Semi	G	Br
Chian qingpi	P	T	Semi	G	Bl
Longyan qiuwudou	P	T	Semi	Bl	Bl
Shandouzi	w	T	Det	Y	Bl
Dazaohuang	w	T	Semi	Y	Br
Zaochundou	P	T	Det	Y	Bl
Houbian jiangsedou	w	T	Semi	Br	Br
Nanbu qingpidou	P	T	Semi	G	Bl
Nongchang erca	w	t	Det	Y	Br
Wenshu tianedan	w	t	Semi	Y	Br
Baihuacao	P	t	Semi	G	Br
Wandoutuan	w	t	Det	Y	Br

RESULTADOS

Variedad	Días a floración	Días a madurez	Peso de 100 semillas	Altura de la planta (cm)	Número de nodos en el tallo principal
Baimaoshuang	29,0	100,0	12,0	34,0	10,5
Baoan dadou	34,5	99,3	13,2	32,0	12,5
Dajinhuang	32,0	95,3	15,7	42,9	12,2
Jindou 1 hao	40,1	119,9	14,0	63,3	14,8
Jindou 6 hao	32,5	125,8	14,3	89,5	24,5
Yuhang liuyuedou	36,8	90,2	14,0	40,4	11,6
Baihuadou	50,7	156,0	18,9	55,3	15,7
Lishui daliandou	97,3	194,0	22,1	113,0	32,0
Fengshouhuang	38,0	127,0	13,4	43,3	14,0
Wendeng baidou	49,3	144,0	6,8	26,0	8,7
Tiejiaqing	43,3	132,0	18,0	36,7	12,4
Huashan huangdou	68,3	131,3	13,2	37,8	14,6
Mayidan	78,3	167,3	6,3	66,0	22,7
Yaohuangdou	78,7	161,0	8,2	165,0	33,3
Zhenba jiangsedou	79,0	164,0	18,3	84,7	18,3
Duchang huangdou	44,5	100,5	10,4	32,5	11,5
Xiazhidou	96,3	163,0	14,4	116,7	25,0
Guangchang laoshushi	89,7	163,0	10,4	95,3	25,0
Hongmidou	53,9	143,3	8,2	75,1	23,4
Baihua	34,5	146,0	11,1	41,5	11,9
Taixing heidou	37,0	84,5	19,1	38,3	11,7
Liuhe xiaoyeqing	61,7	145,5	22,1	119,2	26,3

RESULTADOS

Dawudou	41,3	100,4	9,5	51,9	11,7
Fuyang 134	41,0	96,0	11,3	57,0	15,2
Qingyuan xiaohuangdou	76,3	143,4	16,3	89,4	26,8
Longchuanmabu dongdou	82,0	140,0	14,2	58,2	24,7
Dapu huangdou	47,7	128,0	9,38	40,7	12,0
Chunheidou	47,5	128,7	7,98	34,5	14,5
Shuangsedou	54,3	141,7	15,9	66,3	16,7
Baoshan houzima	52,3	134,0	18,6	60,3	13,7
Yuxi huangdou	66,6	155,7	14,6	88,8	23,2
Mengla xiaohuangdou	62,5	134,7	8,9	64,0	18,0
Daqingdou	78,0	163,3	11,4	91,0	22,7
Zongpidou	93,0	160,5	12,5	106,4	23,4
Xihuangdou	71,0	141,3	9,8	58,0	19,0
Xiping xiaohuangdou	68,0	144,0	8,7	74,0	18,7
Wuzhou siyuehuang	90,0	163,9	21,2	94,7	26,7
Zaohuangdou	66,7	141,3	10,6	72,7	20,0
Binyang xiaoqingdou	47,3	110,3	11,0	35,7	15,0
Chian qingpi	116,0	192,0	23,9	123,7	26,0
Longyan qiuwudou	98,7	183,3	19,1	76,7	19,3
Shandouzi	80,3	152,4	15,5	70,3	22,4
Dazaohuang	50,1	108,0	9,7	61,6	16,3
Zaochundou	44,0	96,0	7,9	34,3	13,0
Houbian jiangsedou	73,0	174,7	11,2	91,3	22,7
Nanbu qingpidou	54,0	139,3	19,6	78,7	17,0

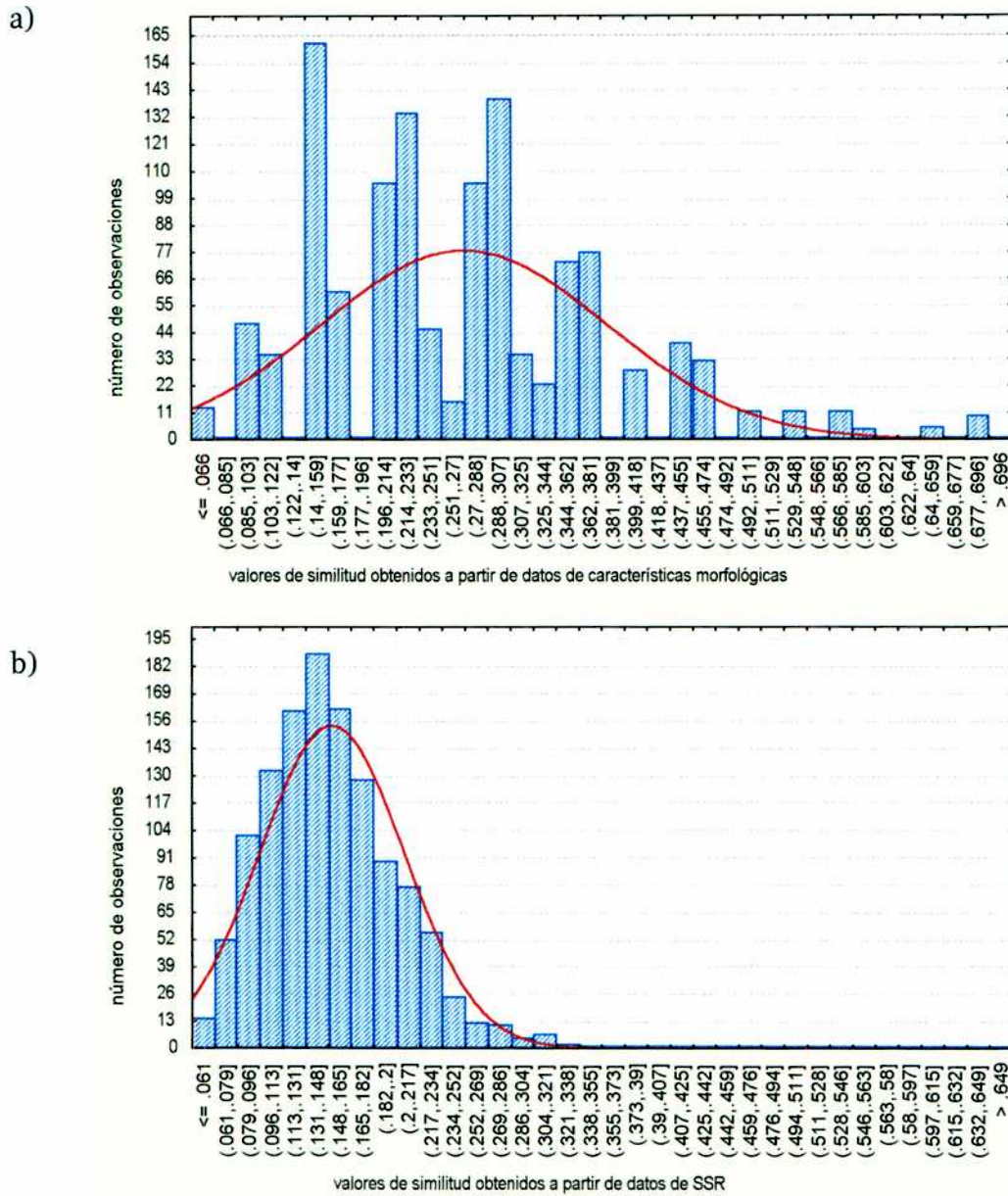
RESULTADOS

Nongchang ercao	42,8	118,8	9,3	44,6	14,2
Wenshu tianedan	52,7	148,7	15,1	69,3	18,0
Baihuacao	48,4	120,3	9,2	44,7	12,9
Wandoutuan	41,8	116,9	14,9	43,8	13,1

En la tabla se observan los resultados del análisis de las características morfológicas (enunciadas en la primera fila) para los cultivares analizados (enunciados en la primera columna). Los datos se transformaron según se indica en Materiales y Métodos para su comparación con los datos moleculares.

P: púrpura, W: blanco, T: castaño, t= gris, Det: tipo de tallo determinado, Semi: tipo de tallo semideterminado, Ind: tipo de tallo indeterminado, G: verde, Y: amarillo, Br: marrón, Bl: negro, Rbr: bordó.

Figura 7: Distribución de los valores de similitud para los 50 cultivares chinos utilizando SSR y características morfológicas.



En la sección a) se observa la distribución de los valores de similitud para 50 variedades chinas utilizando 10 características morfológicas. Se obtuvo un valor medio de 0,269. En la sección b) se observa la distribución para los mismos cultivares pero utilizando 33 SSR. Se obtuvo un valor medio de 0,149.

Las matrices de similitud se compararon entre sí utilizando el coeficiente de correlación de Spearman. Al comparar datos moleculares con áreas productivas se obtuvo un coeficiente de correlación igual a 0,121 ($p=10^{-5}$), entre datos morfológicos y áreas productivas, 0,055 ($p=0.05$) y entre datos moleculares y morfológicos 0,058 ($p=0.04$).

La correlación entre las matrices de similitud es baja debido a que las variables utilizadas para establecer la similitud entre los individuos están analizando diferentes partes del genoma. Los 10 caracteres morfológicos analizados están seleccionados para diferenciar a las variedades por sus características agronómicas (fenotípicas) y genealógicas, mientras que los moleculares explican mejor el fondo genético de los genotipos. Según Yamanaka, 2001, sólo el SSR 373 está fuertemente asociado a uno de los genes que determinan el número de días a la floración (FT3) y el SSR 156 está asociado a uno de los genes que determinan la forma de la hoja (LS5-1, carácter no medido en este trabajo). Ninguno de los otros loci de microsatélites analizados está ligado a alguno de los caracteres estudiados, por lo tanto es lógico pensar que los valores de similitud calculados entre genotipos sean diferentes según cada método. Esto se ve reflejado en los valores de similitud obtenidos a partir de los datos de SSR, tanto por el valor medio como por el rango de mayor frecuencia de genotipos.

El análisis de los loci en función de los cultivares, muestra que hay dos alelos de SSR que coinciden con el mayor intervalo de días a floración. Estos alelos pertenecen a los SSR 184 y 409, que no aparecen ligados a caracteres relacionados con la madurez en los mapas de ligamiento de la soja.

La correlación de los caracteres morfológicos y los moleculares con las áreas productivas también reveló ser casi nula. Ni la distribución norte-sur de las variedades ni otro criterio geográfico relativo a las áreas de cultivo de las provincias de la República Popular de China, está asociada con los patrones de similitud según datos morfológicos o moleculares. La distribución norte-sur de las variedades es indicativa de los grupos de madurez (que involucra los caracteres cuantitativos días a floración y días a madurez). En nuestro trabajo no se encontró correlación entre estos parámetros y marcadores moleculares o morfológicos.

El análisis de las relaciones entre los cultivares a partir de los valores de similitud reveló que, para los caracteres morfológicos, el menos relacionado con el resto es Zhenbaji de la zona central. El mayor valor de similitud promedio lo tiene Xishui liuyuedou (0,324) de la zona sur y el par de mayor similitud está conformado por Taixing heidou y Heze pingdingdo (0,714).

RESULTADOS

En cuanto a los caracteres moleculares, el cultivar menos relacionado es Dabajiao de la zona sur. La variedad tradicional de mayor similitud promedio es Zaohuangdou (0,198) de la zona sur y el par de mayor similitud es Dalichadou y Hongmidou (0,674). Por lo tanto se evidencia una vez más que los distintos métodos están analizando diferentes zonas del genoma, explicando las relaciones entre los cultivares de diferente manera.

COMPARACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE VARIEDADES CHINAS, ARGENTINAS Y BOLIVIANAS DE SOJA

Generalmente se asume que la variabilidad genética en soja es limitada, debido a que es un cultivo que ha pasado por intensos programas de selección artificial (mejoramiento) y a que es exótico para los principales países productores (EUA, Brasil, Argentina, China, Paraguay y Bolivia).

Para evaluar esta suposición y cuantificar la pérdida de diversidad genética o erosión genética debida a los procesos de mejoramiento moderno, se compararon datos de 103 variedades tradicionales chinas, 100 variedades comerciales argentinas y 12 bolivianas utilizando marcadores moleculares (SSR).

Para esto se utilizaron los datos obtenidos en 1998 por la Dra. S. Giancola para 100 variedades argentinas y 30 SSR, y datos para 12 variedades bolivianas y 20 SSR provenientes del banco de datos del Ex INASE. Las comparaciones se realizaron sobre datos para los 20 SSR disponibles para los tres grupos (señalados con la letra "b" en la Tabla 3 del capítulo de Materiales y Métodos). Se compararon los números de alelos por locus, la diversidad genética (PIC), los niveles de heterogeneidad, el número de alelos compartidos, el mínimo de marcadores necesarios para lograr la identificación de los cultivares y el número de cultivares que se pueden identificar dado el índice de diversidad (D) de cada población. En el caso de la población boliviana, se utilizó el índice de diversidad corregido de Hedrick, 2000 debido al número poblacional bajo respecto de las otras dos poblaciones.

En la Tabla 9 se observan los resultados para las variedades bolivianas. Para más detalles sobre las variedades argentinas ver Giancola, 1998 y Giancola, 2001.

En la Tabla 10 se observan los resultados de las comparaciones para los tres grupos estudiados.

En la Figura 8 se observan los alelos compartidos por las tres poblaciones utilizando 12 de los 20 SSR analizados.

RESULTADOS

Tabla 9: Datos para 12 variedades bolivianas utilizando 20 SSR obtenidos de la base de datos del Ex INASE.

LOCUS BARC-SATT	Grupo de ligamiento	Número de alelos/locus	Rango de tamaño de los alelos	Diversidad genética (PIC)
002	D2/U12	2	-	0.19
005	D1b+W/U12	2	160-157	0,1376
009	N/U06	5	-	0.64
030	F/U13a+U13b	3	168-156	0,4203
042	A1/U07	4	180-165	0,5362
045	E/U18+U02	1	133	0
168	B2/U26	3	231-225	0,5072
172	D1b+W/U19	2	232-226	0,1594
175	M/U11	4	192-165	0,5
177	A2/U03	4	121-106	0,6811
231	E/U18+U02	2	235-220	0,2898
249	J/U01	2	-	0.26
253	H/U10	2	250-146	0,3188
259	Q/U21	3	155-137	0,3985
294	C1/U22	2	-	0.5
324	G/U05	2	230-227	0,3406
353	H/U10	3	-	0.25
414	J/U01	2	-	0.38
534	B2/U26	4	-	0.49
577	B2/U26	2	-	0.33
		2,7 (1,031)		0,357 (0,169)

Se detalla el locus analizado, el grupo de ligamiento al que pertenecen los SSR estudiados, el número de alelos por locus, el rango de tamaño de los alelos y la diversidad genética corregida para $N < 50$, según Hedrick, 2000. Entre paréntesis se encuentran los desvíos standard.

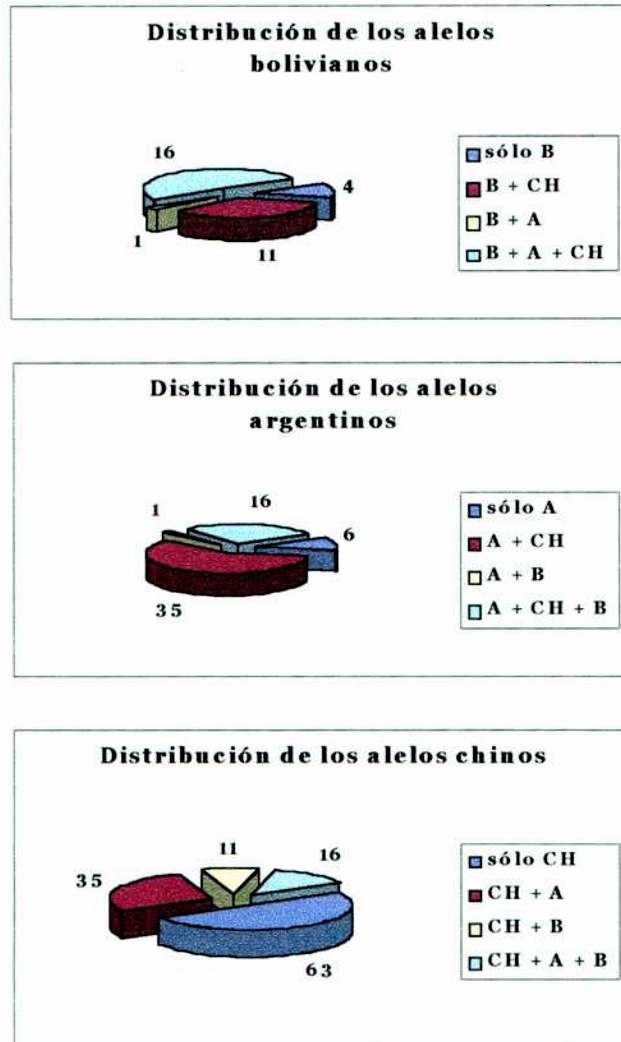
RESULTADOS

Tabla 10: Comparación entre variedades tradicionales chinas y variedades comerciales argentinas y bolivianas.

Variable	Grupo analizado		
	Chinas	Argentinas	Bolivianas
Número de variedades analizadas	103	100	12
Número medio de alelos por locus (ds)	11,15 (4,00)	4,70 (1,26)	2,7 (1,03)
Presencia de alelos raros	47	6	9
Diversidad genética para todos los loci (ds)	0,7285 (0,0990)	0,6175 (0,0985)	0,3750 (0,1689)
Valores máximos y mínimos de diversidad genética (PIC)	0,86	0,80	0,65
	0,46	0,41	0
Heterogeneidad (varianza)	0,094 (4,1.10 ⁻⁵)	0,014 (6,9.10 ⁻⁶)	0,079 (3,0.10 ⁻⁴)
Porcentaje de variedades heterogéneas	48%	18%	75%
Número mínimo de marcadores	3,56	4,79	5,28
Número de genotipos que se pueden identificar	2,11.10 ¹¹	2,2.10 ⁸	1,2.10 ⁴

En la tabla se observan todas las variables analizadas en la comparación de los tres grupos (primera columna). Ds: desvío standard.

Figura 8: Número de alelos compartidos por los grupos chino, argentino y boliviano.



Los gráficos tipo torta muestran cómo se comparten los alelos encontrados, para 12 SSR analizados, en cada población. A: Argentina; B: Bolivia; CH: China. Los números representan la cantidad de alelos en cada caso. El signo “+” significa que las poblaciones que se mencionan comparten la cantidad de alelos indicada en la fracción de la torta.

Las diferencias encontradas entre los grupos en el número de alelos, la diversidad genética y el nivel de heterogeneidad, se estudiaron estadísticamente. Los resultados se muestran en las Tablas 11 y 12.

Tabla 11: Estudio de la significación de las diferencias entre los grupos.

Grupos comparados	Cantidad de alelos	Diversidad genética(PIC)
CH/A/B	45,75 VC:5,99 α :0,05	36,42 VC:5,99 α :0,05
CH / A	S (0,000089)	S (0,000089)
CH / B	S (0,000089)	S (0,000089)
B / A	S (0,000438)	S (0,000089)

Para el análisis de significación de las diferencias entre las poblaciones se utilizó el test de Kruskal-Wallis según Sockal y Rolf, 1979. El valor crítico (VC) se obtuvo de una tabla $X^2_{(a-1)}$, siendo "a" el número de poblaciones en estudio. Si el VC es menor que el estadístico, la prueba se considera significativa. Para realizar las comparaciones entre dos poblaciones se utilizó el estadístico de Wilcoxon y el programa Statistica v3.0. "S" significa que la diferencia entre las medias del parámetro estudiado es estadísticamente significativa. Entre paréntesis se indica el valor de "p" obtenido al realizar el test. CH: chinas; A: argentinas; B: bolivianas. En la comparación del número de alelos hay que tener en cuenta que el número de variedades bolivianas analizadas es mucho menor respecto de la cantidad de variedades chinas y argentinas. Por lo tanto, es de esperar que exista una diferencia más marcada entre la población boliviana y las restantes que entre las chinas y las argentinas. En el caso de la diversidad genética, el índice fue corregido por número poblacional bajo por lo que los parámetros se consideran comparables.

Tabla 12: Estudio de la significación de los niveles de heterogeneidad.

Grupos comparados	Significación (valor de "p")
CH / A	S (2,7.10 ⁻³⁰)
A / B	S (0,00028)
CH / B	NS (0,406)

En la Tabla se observa la significación de la prueba y el p obtenido luego de realizar el test de "t" para varianzas no homogéneas. CH: China, B: Bolivia; A: Argentina. "S" significa que la diferencia entre las medias del parámetro estudiado es estadísticamente significativa. "NS" significa que las diferencias en el parámetro estudiado son significativamente distintas. Entre paréntesis se indica el valor de "p" obtenido al realizar el test. CH: chinas; A: argentinas; B: bolivianas.

El análisis utilizando el estadístico de Kruskal-Wallis indica que los tres grupos difieren tanto en su número de alelos por locus como en la diversidad genética y por lo tanto no pertenecen a la misma población, es decir, que han evolucionado de manera independiente unas de otras conformando cada una, una población particular. La diversidad genética es el resultado de la evolución, que en el caso de las plantas cultivables incluye la domesticación, el mejoramiento tradicional y el moderno. Estos procesos aumentan las diferencias generando poblaciones distintas con características específicas y adaptaciones especiales.

La cantidad de alelos por locus es un reflejo de la variabilidad existente en los distintos grupos. La mayor cantidad de alelos corresponde a la población de origen chino. Esta tiene un 312% más de alelos que la población boliviana y un 137% más que la argentina. La siguiente población con mayor número de alelos es la argentina, con un 74% más de alelos que la boliviana. Si bien todas estas diferencias resultaron ser estadísticamente significativas al ser analizadas con el estadístico de Wilcoxon, en el caso de los grupos argentino y chino, la mayor cantidad de variedades analizadas está influyendo en la mayor variabilidad alélica observada respecto del grupo boliviano.

En el cálculo de la diversidad genética (PIC o D) influyen, además del número de alelos, la frecuencia de éstos en la población, siendo un indicador más preciso de la variabilidad entre poblaciones. El grupo chino presenta apenas un 18% más de diversidad genética (D) que la población argentina pero un 94% más que la boliviana. Mientras que la población argentina presenta una diversidad genética que es un 65% mayor que la boliviana. Todas estas diferencias resultaron ser estadísticamente significativas al ser analizadas con el estadístico de Wilcoxon. En este caso el valor de D para la población boliviana fue modificado por número poblacional bajo y se considera comparable con las otras dos poblaciones.

La heterogeneidad en el grupo chino resultó ser el 571% mayor que en el grupo argentino y sólo el 19% mayor que en el boliviano, quien presentó una heterogeneidad un 464% mayor que el grupo argentino. Es de esperar que el grupo chino compuesto principalmente por variedades no comerciales presente mayor heterogeneidad en contraposición a los otros dos grupos, formados por variedades comerciales que deben ser analizadas en sus niveles de homogeneidad antes de ser liberadas al mercado. Sin embargo las variedades bolivianas presentaron una heterogeneidad estadísticamente equivalente al grupo chino. Por otra parte, el 48% de las variedades chinas resultaron heterogéneas, mientras que el grupo argentino presentó sólo el 18% y el boliviano el 75%. En este último caso, el porcentaje de variedades heterogéneas es aún mayor que para el grupo chino, por lo que se sospechan menores controles en el mantenimiento de

RESULTADOS

la homogeneidad de estas variedades. Igualmente estos análisis fueron realizados sobre datos de microsatélites, que reflejan mejor el fondo genético de las variedades, y no sobre caracteres morfológicos, a partir de los cuales se estudia la homogeneidad para realizar las inscripciones.

La presencia de alelos raros fue marcadamente mayor en la población china respecto de la argentina y de la boliviana, evidenciando que una base genética más amplia ha dado lugar a las variedades chinas.

Según la fórmula de Brown et al, 1983, los 20 SSR utilizados en el análisis resultarían suficientes para diferenciar a los genotipos. Entre 4 y 6 marcadores de SSR de alta diversidad genética (igual o mayor al promedio) se necesitan para lograr diferenciar a las tres poblaciones. En el caso de las variedades chinas, los 20 SSR utilizados son suficientes para diferenciar más de 1000 millones de genotipos, mientras que en el caso de las argentinas, son capaces de diferenciar más de 100 millones y para las bolivianas hasta unos 10.000. Estos números reflejan la variabilidad existente en cada población y la capacidad de este tipo de marcadores para identificar genotipos.

RELACIONES FENÉTICAS ENTRE LOS TRES GRUPOS DE VARIEDADES

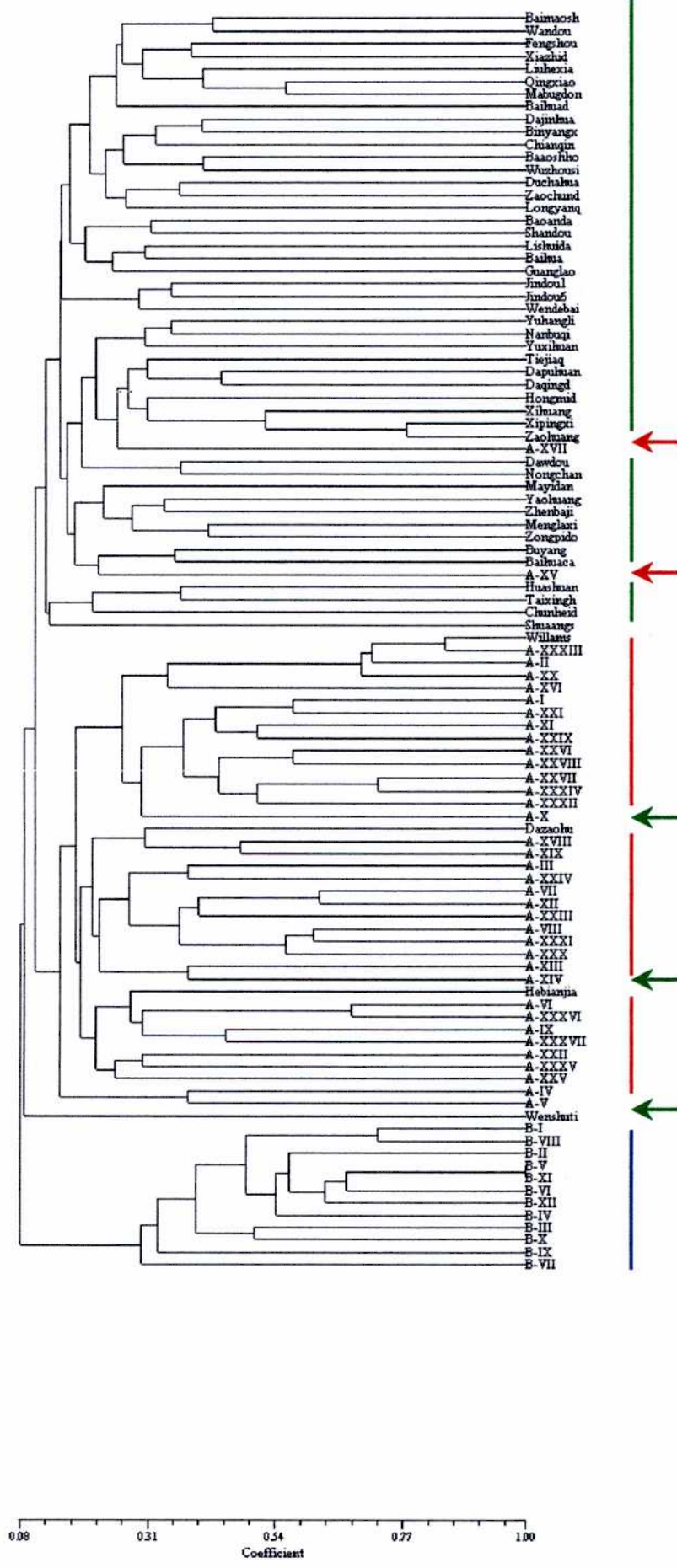
Para analizar las relaciones fenéticas entre los tres grupos a partir de las características estudiadas, se seleccionó un subgrupo de 38 variedades argentinas (incluyendo 5 ancestros) y otro de 50 chinas, además de las 12 bolivianas. El análisis de agrupamiento se realizó a partir de datos para 12 SSR. Se construyó una MBD, se calcularon los valores de similitud utilizando el coeficiente de asociación de Jaccard y finalmente se obtuvo un fenograma, que se observa en el Figura 9.

RESULTADOS

Figura 9: Fenograma representando las relaciones fenéticas de los tres grupos de variedades estudiados.

En color verde se indican a las variedades chinas, en rojo a las argentinas y en azul a las bolivianas. Se observa mezcla de variedades en el caso de las chinas y las argentinas. Las bolivianas forman una rama única.

RESULTADOS



El fenograma muestra que las variedades bolivianas se unen a los grupos de chinas y argentinas con una similitud de 0,078, mientras que estos dos últimos grupos se mezclan entre sí. Wenshu tianedou es el cultivar menos relacionado con el grupo chino y argentino, uniéndose a ambos a una de similitud de 0,085. La variedad A-XV se une con un grupo de cultivares chinos a una similitud de 0,123 y la A-XVII lo hace con una similitud de 0,186. La variedad de referencia Williams, que al construir un fenograma sólo para las chinas se unía a ellas con una similitud de 0,208, ahora lo hace a 0,103. Dazaohuang se une con un grupo de argentinas a 0,299 y el cultivar Hebian jiangsedou lo hace con otro grupo argentino a un valor de similitud de 0,273. Por lo tanto se observa que algunas de las variedades chinas y argentinas se encuentran relacionadas, quizás por haber participado las primeras en programas de mejoramiento de las segundas.

A partir del análisis de correlación entre la matriz de similitud y la cofenética se obtuvo un coeficiente de correlación igual a 0,755 (p : 0,0198 para 100 permutaciones). Si bien este coeficiente no es extremadamente bajo, se decidió estudiar las relaciones entre los cultivares basándose en la matriz de similitud original para contrastar los resultados con el fenograma.

Se encontró que la variedad menos relacionada con el grupo chino y el argentino es Wenshu tianedou con el menor valor de similitud promedio sobre todos los genotipos (0,07678). Este dato es concordante con el árbol. Williams se une con su máximo valor de similitud a la argentina A-XXXIII (0,833) y la landrace china con la que tiene mayor valor de similitud es Buyang (0,25), que se encuentra dentro de las 10 de mayor similitud. El siguiente valor de similitud promedio menor es el de la variedad A-XV (0,07757). Esta variedad tiene su mayor similitud con Buyang (0,294) y alta similitud con otras chinas, algunas de las cuales se agrupan con ella en el árbol (Buyang, Zongpidou y Baihuacao). Los cultivares con los que tiene similitud 0 son en su mayoría argentinos y no presenta este valor con ninguna china. La variedad A-XVII tiene su máximo valor de similitud con A-XXXIII (0,333) y la tercera y cuarta más parecidas a ella son las chinas Xiping xiaohuangdou y Xihuangdou (0,316), que están dentro del grupo de cultivares con los que se une en el fenograma. Además tiene alta similitud con otras chinas que están dentro del mismo grupo en el fenograma (Zaohuangdou y Daqingdou). La mayoría de las variedades bolivianas forman pares de mayor similitud con otras bolivianas, mezclando alguna argentina (A-XIV) y algunas chinas (Longyang, Chianqi).

Por lo tanto se puede decir que los valores de similitud están reflejando el fenograma, que el grupo boliviano se diferencia de los otros dos, no compartiendo el

RESULTADOS

mismo fondo genético y que las variedades A-XV y A-XVII tienen un fondo genético con una considerable similitud al chino, más que al argentino.

COMPARACIONES ENTRE LOS GRUPOS CHINO Y ARGENTINO

Para estudiar más en detalle las relaciones entre los grupos chino y argentino, que aparentemente se encuentran más relacionados, se construyó un fenograma para 90 cultivares chinos y 37 variedades argentinas, pero esta vez utilizando 24 SSR compartidos (denotados con la letra "a" en la Tabla 3 del capítulo de Materiales y Métodos). El árbol se observa en la Figura 10.

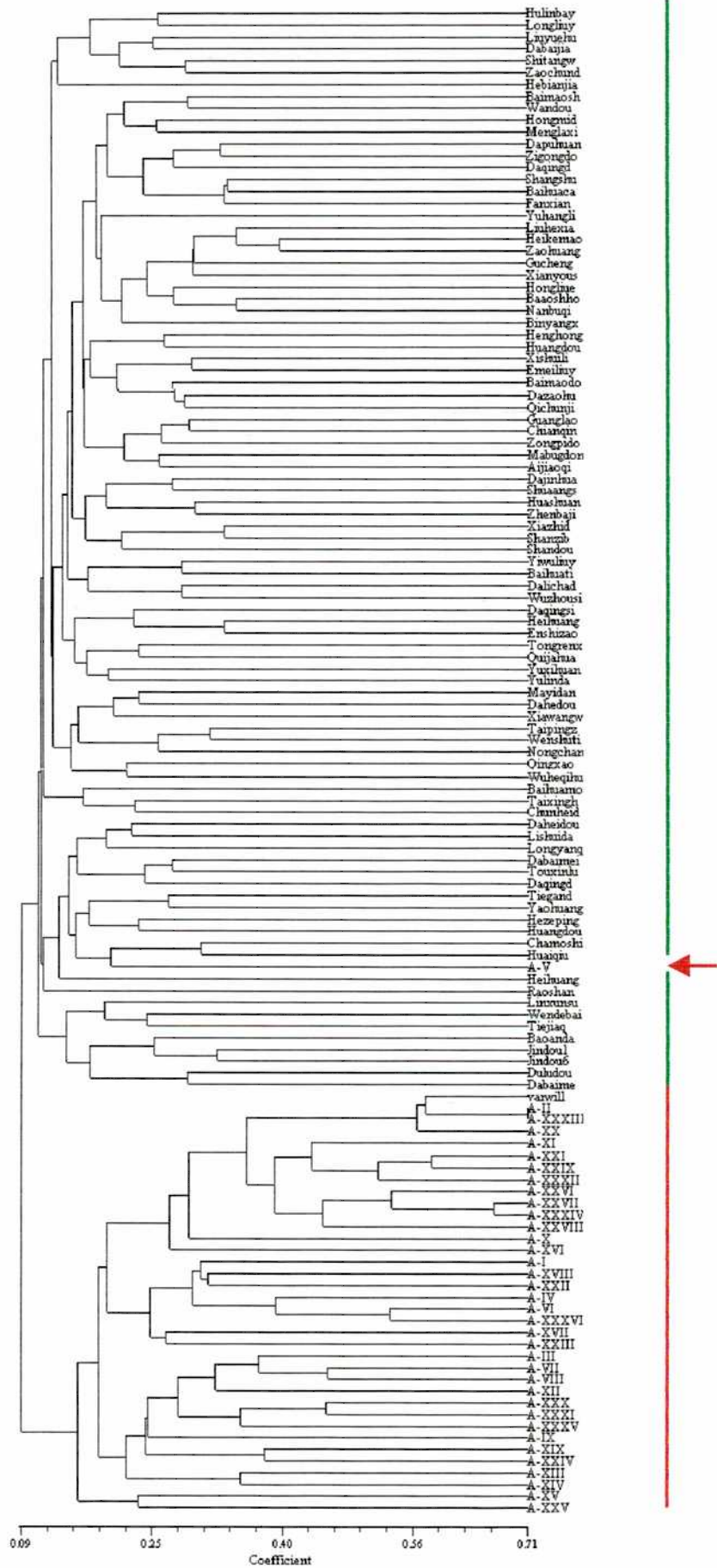
Figura 10: Fenograma representando las relaciones fenéticas de 90 cultivares chinos y 38 variedades argentinas.

En color verde se indican a las variedades chinas y en rojo a las argentinas.

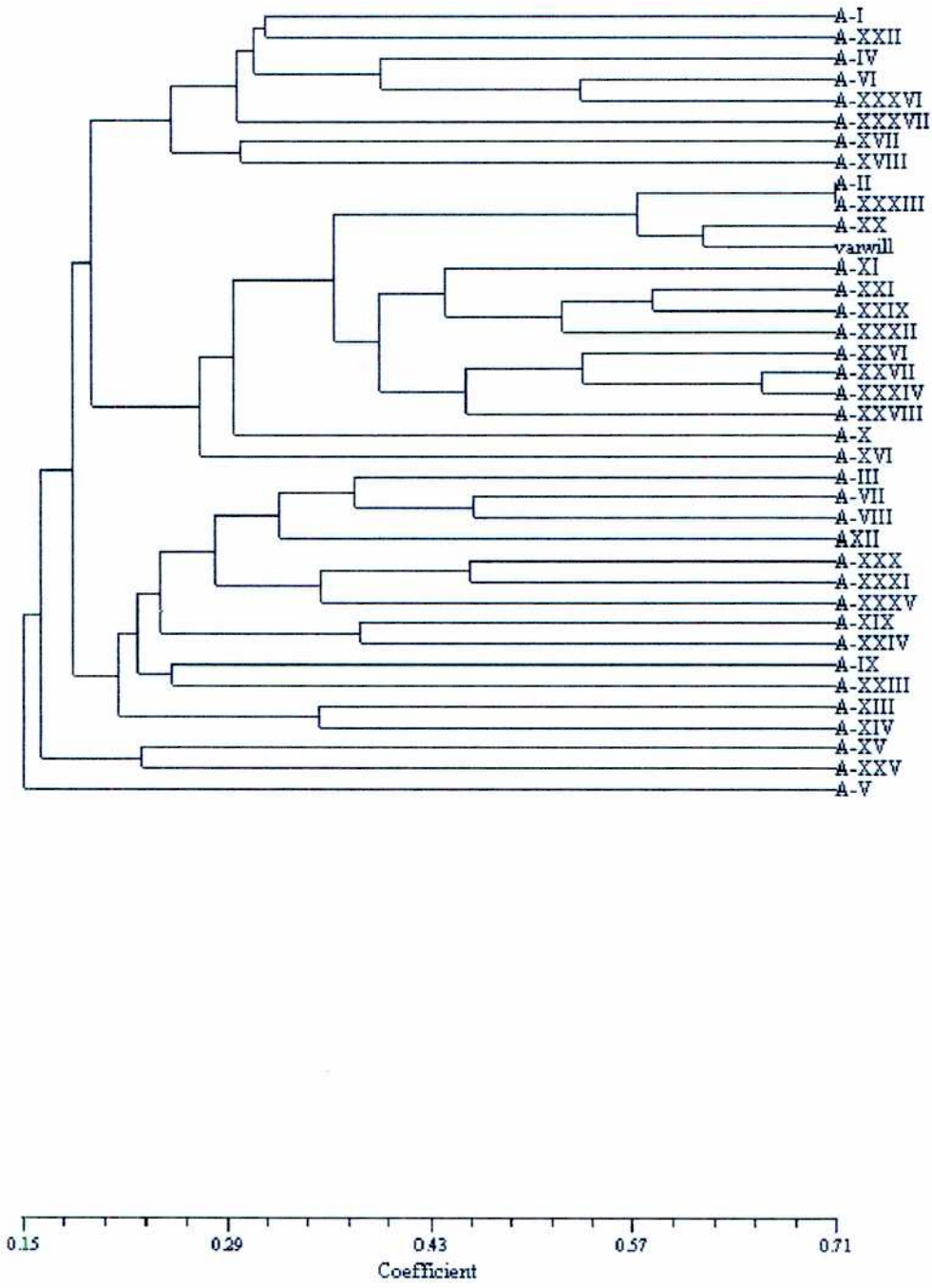
En la página 164 se observa el fenograma para las 38 variedades argentinas solamente.

La variedad A-V se separa del resto del grupo argentino.

RESULTADOS



RESULTADOS



El análisis del fenograma indica que Williams se encuentra muy relacionada con 3 variedades argentinas, A-II y A-XXXIII (que son las dos argentinas más parecidas) y A-XX. A-V, que antes aparecía mezclada con las argentinas, ahora se mezcla con las landraces chinas Chamo shidou y Huaiyin qiuhedou a un valor de similitud de 0,197. En cambio, A-XVII, que antes aparecía mezclada con las chinas, ahora lo hace con un grupo argentino. Las variedades argentinas que menos se parecen al grupo argentino son A-XV, que antes se agrupaba con las chinas, y A-XXV, que antes lo hacía con las del mismo grupo.

Al analizar la correlación entre la matriz de similitud y la cofenética, se obtuvo un coeficiente de correlación igual a 0,711 (p : 0,0198 con 100 permutaciones). Este coeficiente, si bien no es extremadamente bajo, muestra cierta desviación del árbol respecto de la matriz de similitud, por lo tanto se decidió analizar también ésta.

El cultivar menos relacionado con el resto es el chino Baihuamo shidou (0,080). La variedad argentina A-V que en el árbol aparecía mezclada con las chinas, tiene dentro de sus 8 valores de similitud mayores a una de las chinas con las que se une en el árbol (Chamo shidou). A-XVII, que al utilizar 12 SSR se unía con el grupo chino, se parece mucho a A-XXXIII (0,333), conformando los mayores pares de similitud con variedades argentinas y muy pocas chinas. Williams tiene su mayor parecido con A-XXXIII (0,629) y entre los valores mayores de similitud tiene a varias argentinas. A-XXV que se encuentra poco relacionada con las argentinas en el árbol, tiene sus mayores valores de similitud con ellas. La variedad A-XV tiene los mayores valores de similitud con A-XX, A-XXV y A-XXXV pero, los siguientes 3 cultivares que más se le parecen son chinos (Dabaimei, Baimaodo y Daqingdou). Luego mezcla entre los mayores valores de similitud a chinas y argentinas por igual.

Otra vez se evidencia que la variedad argentina A-XV tiene un fondo genético que es similar al chino. Aunque en el fenograma no se mezcla con las chinas, se separa claramente de las argentinas y la matriz de similitud demuestra que continúa siendo la argentina menos parecida a su grupo y la más parecida a las chinas.

RESULTADOS

COMPARACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE VARIEDADES CHINAS Y ARGENTINAS DE SOJA

Para completar el estudio comparativo entre cultivares chinos y argentinos se analizaron los parámetros de la Tabla 10, pero esta vez utilizando los 24 SSR con los que se construyeron la matriz de similitud y el fenograma. Igual que en el caso anterior, se utilizaron 100 variedades argentinas y las 103 landraces chinas.

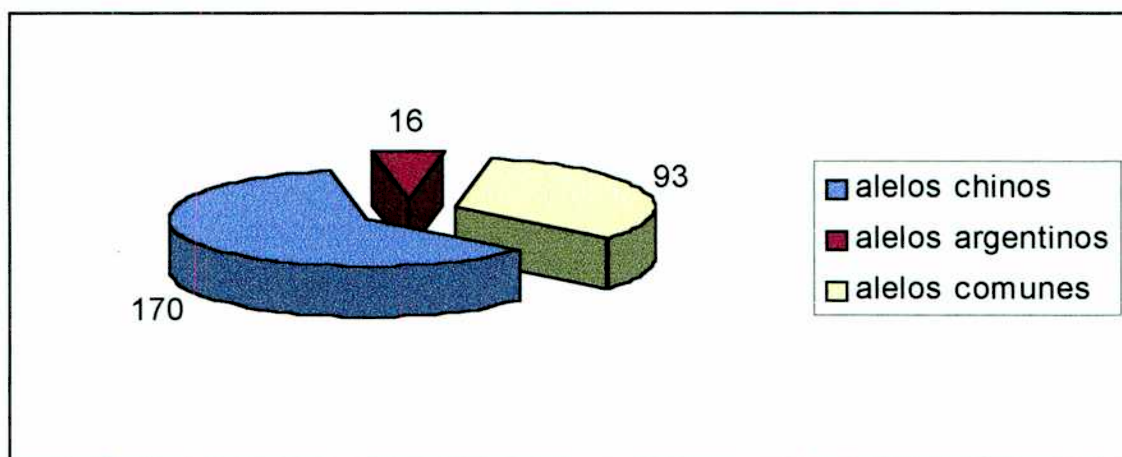
En la Tabla 13 se detallan los resultados para las dos poblaciones y el análisis estadístico. En la Figura 11 se muestra el gráfico tipo torta donde se detallan como comparten los alelos estas dos poblaciones.

Tabla 13: Comparación entre variedades tradicionales chinas y variedades comerciales argentinas utilizando 24 SSR.

Variable	Grupo analizado		Análisis estadístico
	Chinas	Argentinas	
Número de variedades analizadas	103	100	-
Número medio de alelos por locus (ds)	11,375 (3,976)	4,583 (1,213)	S (0,00002)
Presencia de alelos raros	64	6	-
Diversidad genética para todos los loci (ds)	0,736 (0,093)	0,608 (0,103)	S (0,03183)
Valores máximos y mínimos de diversidad genética (PIC)	0,86 0,46	0,80 0,41	-
Heterogeneidad (varianza)	0,0935 (3,4.10 ⁻⁵)	0,0135 (5,6.10 ⁻⁶)	S (1,2.10 ⁻²⁸)
Porcentaje de variedades heterogéneas	50%	24%	-
Número mínimo de marcadores	3,48	4,92	-
Número de genotipos que se pueden identificar	7,6.10 ¹³	5,8.10 ⁹	-

En la tabla se observan todas las variables analizadas en la comparación de los dos grupos (primera columna). Ds: desvío standard. Se analizaron 103 cultivares chinos y 100 argentinos. Para el análisis de significación del número de alelos por locus y diversidad genética se utilizó el test de Wilcoxon y el programa Statistica v3.0. La heterogeneidad se calculó como se indica en Materiales y Métodos y su significación se estudió mediante un test de "t" de dos colas para varianzas no homogéneas utilizando el programa Excel 97. S significa que la diferencia es estadísticamente significativa. En la última fila, el valor entre paréntesis es p.

Figura 11: Alelos compartidos por 103 cultivares chinos y 100 variedades argentinas para 24 SSR compartidos.



En la torta se indican los alelos que pertenecen sólo a variedades chinas o argentinas y los que son compartidos por ambos grupos.

Todos los parámetros estudiados resultaron ser estadísticamente diferentes. Como se esperaba, el grupo chino presentó mayor número de alelos por locus que el argentino, resultando ser un 148% mayor. La diversidad genética (D) resultó ser en un 21% mayor para los cultivares chinos respecto de las variedades argentinas. De los 279 alelos encontrados para las dos poblaciones el 60,93% resultó pertenecer exclusivamente a los cultivares chinos y sólo el 5,73% a las argentinas, compartiendo el 33,33% de los alelos encontrados. Hubo 64 alelos raros en la población china, mientras que en la argentina aparecieron sólo 6 para los 24 loci analizados. La heterogeneidad varietal de los cultivares chinos fue casi el 600% mayor que para las variedades argentinas. El 50% de las variedades chinas presentaron algún patrón heterogéneo, mientras que para el grupo argentino el 24% de las variedades presentó ese tipo de patrones.

Estos resultados confirman que la población argentina ha sufrido procesos de selección que han erosionado la diversidad genética. La falta de variedades que presentan alelos raros y el menor número de alelos por locus reflejan un fondo genético homogéneo para toda la población, que puede deberse a una base genética más estrecha a partir de la cual se han originado estos cultivares respecto de los chinos. La selección de variedades homogéneas (requisito indispensable para el registro de las mismas previo a su comercialización) se ve reflejada en la baja heterogeneidad de la población argentina y en el bajo número de variedades heterogéneas. Se estimó en 4 el número mínimo de SSR necesarios para identificar a todos los genotipos de soja china y en 5 los necesarios para el grupo argentino. La cantidad de genotipos que pueden ser identificados con sólo 24 SSR está por encima de los 1000 millones, reflejando la capacidad de estos marcadores para identificar genotipos.

RESULTADOS

ANÁLISIS DE LA HOMOGENEIDAD DE 7 VARIEDADES ARGENTINAS

Con el fin de analizar la posibilidad de utilizar a los SSR como herramientas para llevar a cabo los análisis DHE, se estudió la homogeneidad de 7 variedades argentinas de uso comercial con 15 SSR que habían revelado buen nivel de polimorfismo al ser ensayados sobre 100 variedades argentinas en 1998. En la Tabla 14 se observan los resultados obtenidos.

Tabla 14: Ensayo detallado de homogeneidad en 7 variedades argentinas utilizando 15 SSR.

Variedades	01			02			03			04		
	A	B	C	A	B	C	A	B	C	A	B	C
SSR												
414	1	1	0/15	2	2	1/15	2	2	7/15	1	1	0/15
231	1	1	0/15	1	1	0/15	1	1	0/15	1	1	0/15
175	1	1	0/15	2	2	1/15	2	2	7/15	1	1	0/15
5	1	1	0/15	1	1	0/10	2	2	7/15	1	1	0/13
324	1	1	0/15	2	2	1/15	1	1	0/15	1	1	0/15
534	2	2	7/15	2	2	1/15	1	1	0/15	3	3	2/15
9	1	1	0/15	1	1	0/14	2	2	1/15	1	1	0/13
177	1	1	0/15	3	3	2/15	1	1	0/15	1	1	0/15
259	1	1	0/15	2	3	5/15	2	2	7/15	2	2	1/15
173	1	1	0/15	1	1	0/15	2	2	3/15	1	1	0/15
226	1	1	0/14	1	1	1/15	2	2	7/15	2	2	1/13
30	1	1	0/15	2	2	1/15	2	2	7/15	1	1	0/14
42	2	2	7/15	2	2	5/15	1	1	0/15	1	1	0/15
168	1	1	0/14	1	1	0/15	2	2	7/15	1	1	0/14
294	1	1	0/15	1	1	0/15	2	2	7/14	1	1	0/15
Tasa alélica	14/223			18/219			60/224			4/217		
Heterogeneidad	0,0628			0,0822			0,2678			0,0184		

Se analizaron muestras representativas de semillas pertenecientes a siete variedades argentinas (codificadas de 01 a 07 y representadas en la fila 1 por su código) utilizando 15 SSR de alta diversidad genética (identificados en la columna 1). La tabla muestra el número de alelos por variedad, el número de perfiles generados por SSR, la tasa alélica (plantas fuera de tipo/plantas totales analizadas) y la heterosis. A: número de alelos/SSR; B: número de perfiles/SSR; C: plantas fuera de tipo/total de plantas analizadas (tasa alélica).

RESULTADOS

Variedades	05			06			07		
	A	B	C	A	B	C	A	B	C
SSR									
231	1	1	0/11	2	2	1/5	1	1	0/11
175	1	1	0/9	1	1	0/5	3	3	4/8
324	1	1	0/9	1	1	0/8	1	1	0/8
177	1	1	0/14	1	1	0/8	2	2	1/15
259	1	1	0/14	1	1	0/8	1	1	0/14
173	2	2	1/8	1	1	0/4	1	1	0/9
226	2	2	1/7	2	2	1/7	3	3	5/10
30	-	-	-	-	-	-	1	1	0/8
294	1	1	0/9	1	1	0/5	1	1	0/10
Tasa alélica	2/81			2/50			10/93		
Heterogeneidad	0,0247			0,04			0,1075		

Se analizaron muestras representativas de semillas pertenecientes a siete variedades argentinas (codificadas de 01 a 07 y representadas en la fila 1 por su código) utilizando 15 SSR de alta diversidad genética (identificados en la columna 1). La tabla muestra el número de alelos por variedad, el número de perfiles generados por SSR, la tasa alélica (plantas fuera de tipo/plantas totales analizadas) y la heterosis. A: número de alelos/SSR; B: número de perfiles/SSR; C: plantas fuera de tipo/total de plantas analizadas (tasa alélica).

Todas las variedades analizadas, al ser ensayadas en campo, mostraron ser uniformes morfológicamente. Sin embargo el análisis con SSR mostró diferencias.

La variedad 03 presenta diferencias para 8 SSR de los 15 analizados. Entre 7 y 8 plantas (de 15 analizadas) mostraron alelos fuera de tipo, mientras que el resto de los haplotipos mostraron el "alelo original". Se consideró "alelo original" a aquel que había sido descrito en el análisis realizado por Giancola en 1998 o, en el caso de variedades no analizadas previamente, al alelo más frecuente entre las 15 plantas analizadas. El cultivar menos variable fue el 04, mostrando un máximo de 2 plantas fuera de tipo en 15 analizadas.

Cuando se analizó la variabilidad de los loci se observó que el SSR-226 presentaba 16 plantas fuera de tipo de 81 analizadas, mientras que el SSR-231 mostró ser el menos variable, con sólo 1 planta fuera de tipo para 87 analizadas.

Para estudiar las relaciones de similitud entre las plantas de los genotipos que presentaron la mayor y la menor heterogeneidad, se construyeron fenogramas y se analizaron las matrices de similitud.

Para el genotipo 04 se encontró que una sola planta tiene el menor valor de similitud promedio sobre todas las demás (0,76). Este valor la separa de las otras 14 en el fenograma. Doce de las 15 plantas se unen a un valor de similitud de 1 en el fenograma (es decir que presentan el mismo patrón alélico y por lo tanto son idénticas). El valor de similitud promedio es 0,935, siendo 0,66 el menor valor de similitud y 1 el mayor.

En el caso de la variedad 03, el menor valor de similitud promedio es 0,515. En el fenograma representa a los dos grupos de plantas que se forman debido a como comparten los alelos. El promedio de valores de similitud es 0,803, siendo 0,409 el menor valor de similitud y 1 el mayor.

Si bien todas las variedades resultaron ser morfológicamente homogéneas al ser analizadas a campo, es evidente, que analizadas con marcadores moleculares, tienen niveles de heterogeneidad mayores que lo esperado, apareciendo incluso plantas heterocigotas. Este hecho debe ser tomado en cuenta si se piensa en utilizar estas técnicas moleculares en el registro de variedades.

ANÁLISIS DE LA CONSERVACIÓN DE GERMOPLASMA UTILIZANDO 7 VARIEDADES ARGENTINAS

En la Tabla 15 se observan los resultados del análisis de conservación de germoplasma, realizado sobre muestras representativas de semillas pertenecientes a 7 variedades argentinas de prolongado uso comercial, durante 4 años utilizando 32 marcadores microsátélites. En todos los casos, los alelos esperados son los que se corresponden con los obtenidos en el año 1996, momento en el que se realizó el primer análisis.

Tabla 15: Análisis de la conservación de germoplasma en el tiempo.

Las variedades representadas en la primera columna, están codificadas de "A" a "G", seguidas del año en el que se recolectaron. En la primera fila se detallan los 32 SSR utilizados en el análisis. Los datos están presentados en pares de bases. Los números en negrita y letra itálica representan los alelos que han cambiado en el tiempo. Dp: dato perdido.

RESULTADOS

SSR	175	231	414	5	324	9	534	30
Variedad								
A-96	165	243	295	141	241	dp	260	164
A-97	165	243	295	141	241	dp	260	164
A-98	165	243	295	141	241	214	260	164
A-99	165	243	295	141	241	214	260+ 266	164
B-96	171	243	301	141	225	163	260	164
B-97	171	243	301	141	225	163	260	164
B-98	171	243	301	141	225	163	260	164
B-99	171	243	301+ 259	141	225	163	260	164
C-96	171	216	301	141	225	214	260	161
C-97	171	216	301	141	225	214+ 163	260	161
C-98	171	216	301	141	225	214+ 163	260	161
C-99	dp	216	301	141	dp	163	260	161
D-96	179	216	295	162	228	214	266	161
D-97	179	216	295	162	228	214	266	161
D-98	179	216	295	162	228	214	266	161
D-99	179	216	295	162	228	214	266	161
E-96	171	219	295	dp	225	214	260	152
E-97	171	219	295	dp	225	214	260	152
E-98	171	219	295	dp	225	214	260	152
E-99	171	219	295	dp	225	214	260	152
F-96	171	216	301	141	225	163	260	164
F-97	171	216	301	141	225	dp	260	dp
F-98	171	216	301	141	225	136	260	152
G-96	171	219	dp	dp	225	181	266	152
G-97	171	219	301	dp	225	181	266	152
G-98	171	219	301	dp	225	181	266	152
G-99	171	219	301	dp	225	181	266	152

RESULTADOS

SSR	226	294	168	172	358	373	307	156
Variedad								
A-96	325	244	227	221	350	125	118	206
A-97	325	244	227	221	350	125	118	206
A-98	325	244	227	221	350	125	118	206
A-99	325	244	227	221	350	125	118	206
B-96	325	244	233	224	356	125	127	206
B-97	325	244	233	224	356	125	127	206
B-98	325	244	233	224	356	125	127	206
B-99	325	244	233	224	356	125	127	206
C-96	325	244	227	221	350	125	118	206
C-97	325	244	227	221	350	125	118	206
C-98	325	244	227	221	350	125	118	206
C-99	dp	244	227	221	350	125	118	206
D-96	331	278	233	224	356	101	138	206
D-97	331	dp	233	224	356	101	138	206
D-98	331	278	233	224	356	101	138	206
D-99	331	278	233	dp	356	dp	dp	206
E-96	325	244	233	224	356	89	127	206
E-97	325	244	233	224	356	89	127	206
E-98	325	dp	233	224	356	89	dp	206
E-99	325	244	233	224	356	89	127	206
F-96	325	244	227	224	350	125	127	206
F-97	325	244	227	224	dp	dp	127	206
F-98	325	dp	227	224	350	125	127	206
G-96	325	244	233	dp	356	dp	127	222
G-97	325	dp	233	224	356	101	127	222
G-98	325	244	233	224	356	101	127	222
G-99	325	244	233	224	356	101	127	222

RESULTADOS

SSR	197	367	184	147	42	177	259	173
Variedad								
A-96	191	206	168	175	dp	120	151	198
A-97	191	206	168	175	169	120	151	198
A-98	191	206	168	175	169	120+ 113	151	198
A-99	191	206	168	175	169	113	151	198
B-96	191	206	168	189	169	113	151	198
B-97	173	206	168	189	169	113	151	198
B-98	173	206	168	189	169	113	151	198
B-99	173	206	168	189	dp	113	151	198
C-96	173	206	168	175	169	113	151	198
C-97	173	206	168	175	dp	113	151	198
C-98	173	206	168	175	169	113	151	198
C-99	173	206	168	175	169	113	151	dp
D-96	182	206	146	189	169	108	151	245
D-97	182	206	146	189	dp	108	151	245
D-98	182	206	146	189	169	108	151	245
D-99	182	206	146	189	169	108	151	245
E-96	15	206	146	210	169	113	154	245
E-97	185	206	146	210	169	113	154	245
E-98	185	206	146	210	dp	113	154	245
E-99	185	206	146	210	169	113	154	245
F-96	173	206	168	189	172	113	151	198
F-97	173	206	168	189	dp	113	151	198
F-98	173	206	168	189	172	113	151	198
G-96	191	223	168	189	dp	120	154	207
G-97	191	223	168	189	dp	120	154	207
G-98	191	223	168	189	dp	120	154	207
G-99	191	223	168	189	dp	120	154	207

	249	357	353	45	114	253	577	100
Variedad								
A-96	251	215	126	140	109	147+ 135	119	165
A-97	251	215	126	140	109	147	119	165
A-98	251	215	126	140	109	147	119	165
A-99	251	215	126	140	109	147	119	165
B-96	251	215	126	134	109	147	119	147
B-97	251	215	126	134	109	147	119	147
B-98	251	215	126	134	109	147	119	147
B-99	251	215	126	134+ 143	109+ 97	147	119+ 115	147
C-96	251	215	126	134	109	153	119	165
C-97	251	215	126	134	109	153	119	165
C-98	251	215	126	134	109	153	119	165
C-99	251	215	126	134	109	153	119	165
D-96	257	215	126	134	121	147	115	147
D-97	257	215	126	134	121	147	115	147
D-98	257	215	126	134	121	147	dp	147
D-99	257	215	126	134	121	147	115	dp
E-96	251	215	126	140	97	135	115	147
E-97	251	215	126	140	97	135	115	dp
E-98	251	215	126	140	97	135	115	147
E-99	251	215	126	140	97	135	115	dp
F-96	251	215	126	134	109	147	119	147
F-97	251	215	126	dp	109	147	119	dp
F-98	251	215	126	134	109	147	119	147
G-96	251	215	111	134	82	147	119	dp
G-97	251	215	111	134	dp	147	119	147
G-98	251	215	111	134	82	147	119	147
G-99	251	215	111	134	82	147	119	147

Para la mayoría de los marcadores utilizados no hubo cambios en el tipo alélico encontrado para las 7 variedades. Sin embargo, 4 de las 7 variedades analizadas presentaron nuevos alelos en 1, 3 o 4 de los SSR analizados. En total hubo 9 cambios de patrones en 128 patrones totales analizados (4 años y 32 SSR). En el caso de la variedad A, se observaron variaciones en el SSR 534, 177 y 253. Para la variedad B en los SSR 414, 045, 114 y 577. En la variedad C en el SSR 009 y en la F en el SSR 042. En este contexto, la mutación no sería locus específica ya que se observó en diferentes marcadores.

Desde el punto de vista de la similitud, las variedades que presentaron alguna modificación en los patrones alélicos a través de los años no tuvieron valores de similitud de a pares menores que 0,88, ni valores de similitud promedio menores a 0,93.

Por lo tanto, la variación observada de los patrones alélicos en el tiempo, está afectando la similitud entre las plantas cosechadas en los diferentes años en una muy pequeña proporción, menor aún que la detectada en el análisis de homogeneidad. Hay que tener en cuenta que la variabilidad intravarietal detectada por esta técnica es elevada y que al no estar, quizás, representada toda la variación alélica de la población en cada año estudiado, se pueden estar observando alelos ya existentes, que no fueron detectados por error de muestreo. Esto estaría sumando variabilidad en el tiempo que no es real, ya que está basada en falta de homogeneidad en el fondo genético de la variedad.

Si consideramos que la variación poblacional está representada cada año, entonces, la polinización cruzada y los errores en el mantenimiento de la pureza a campo son factores a tener en cuenta como causantes de los cambios en los patrones en el tiempo. Pero, además, pueden existir otras causas como cruzamiento desigual, que explicaría la generación de los alelos nuevos, uno mayor y otro menor al esperado, o errores en la polimerización del ADN en el momento de la duplicación. La ADN polimerasa pudo haberse deslizado una repetición debido a la cantidad de bases iguales, agregando nucleótidos (fenómeno denominado "slippage"). Si alguno de estos dos últimos eventos ha sido la causa de la variación, entonces, esta inestabilidad puede ser atribuida más a una alta tasa de mutación del marcador que a mezcla de semillas o polinización cruzada.



DISCUSIÓN

OBTENCIÓN DE UN DOCUMENTO ÚNICO DE IDENTIDAD GENÓMICA PARA 103 VARIEDADES TRADICIONALES DE SOJA CHINA

Con el fin de obtener el "documento único de identidad genómica" de 103 cultivares chinos de soja, se utilizaron 33 SSR seleccionados en función de su ubicación en los mapas de ligamiento (de forma que constituyan una muestra lo más representativa que sea posible de los distintos cromosomas de la soja) y de su nivel de variación alélica.

Se detectaron entre 5 y 21 alelos por locus, una diversidad genética de 0,37 a 0,86 y un rango de valores de similitud con mayor frecuencia de variedades entre 0,099 y 0,123. Es decir que los marcadores analizados fueron muy adecuados para describir la variabilidad genética de esta especie. Trabajos anteriores muestran que el número medio de alelos por locus para esta especie oscila entre 3 y 26 y que los valores de diversidad genética se encuentran entre 0,36 y 0,95. Akkaya y colaboradores (1992) utilizaron un grupo de 43 genotipos de soja de los cuales 13 eran ancestrales, 25 eran cultivares norteamericanos de las regiones norte y sur y 5 introducciones de *Glycine Soja* (Sieb. y Zuc.). Ninguno de los 43 genotipos mostró ser heterocigota (producir más de un patrón alélico) para los 3 SSR estudiados, para los que se encontraron 7 alelos en promedio. En cambio, en esta tesis se detectó un nivel de heterogeneidad relativamente alto dentro de los cultivares chinos, el cual ascendió a 9,2% y el de alelos raros a 16%. De los 103 cultivares chinos analizados el 56% resultó ser heterogéneo siendo Hongmidou el que presentó mayor cantidad de patrones heterogéneos (19 de 33 SSR analizados).

Ronwen y colaboradores (1994) utilizaron 56 cultivares de soja, 32 introducciones, 5 variedades de soja salvajes y 12 "landraces" chinas para representar la diversidad de la especie. Analizaron 7 SSR y encontraron de 5 a 10 alelos por locus y una diversidad genética de 0,52 a 0,88 para cultivares no ancestrales. Mientras que para los ancestrales encontraron hasta 26 alelos por locus y una diversidad máxima de 0,95.

Diwan y colaboradores (1997) analizaron 20 SSR para 35 genotipos ancestrales de soja (que representaban el 95% de los alelos en el germoplasma norteamericano de soja) y 36 líneas comerciales pertenecientes a los grupos de madurez I a IV. En el primer grupo el número de alelos varió de 5 a 16 y la diversidad de 0,64 a 0,91. En el segundo grupo el número de alelos varió de 3 a 13 y la diversidad de 0,50 a 0,86.

En 1998, Giancola completó el análisis de 100 variedades comerciales argentinas utilizando 30 SSR. Encontró de 2 a 8 alelos por locus y valores de diversidad de 0,36 a 0,80.

En resumen, la diversidad genética para las variedades comerciales llega a valores de 0,88, mientras que para cultivares ancestrales o "landraces" llega a 0,95. En cuanto al número de alelos por locus, los cultivares comerciales tienen hasta 13 alelos, mientras que los ancestrales tienen hasta 26 alelos. Por lo tanto los valores obtenidos en nuestro trabajo están dentro de los esperados para la especie y particularmente en el caso de número de alelos por locus, nuestros datos concuerdan con los obtenidos para las "landraces".

El fenograma obtenido para los 103 cultivares chinos y la variedad ancestral de referencia Williams, de acuerdo a los resultados de esta tesis, no es reflejo fiel de la matriz de similitud. Williams es, de acuerdo a sus valores de similitud, el cultivar que está, en realidad, más lejanamente relacionado con los genotipos chinos, a pesar de ser también ancestro de los cultivares chinos modernos, lo cual es coherente dado que no están representados en este estudio. Se sabe que los cultivares chinos de soja constituyen uno de los orígenes de diversidad del resto de los cultivares, pero la expansión al resto del mundo ocurrió hace más de 200 años, por lo que es muy difícil determinar con la resolución de esta técnica relaciones filogenéticas entre cultivares tan lejanamente relacionados. Si Williams tiene algún ancestro chino y está entre las "landraces" estudiadas, no se ve reflejado en este análisis debido al tiempo transcurrido desde que ocurrió el cruzamiento hasta la actualidad.

Tanto la matriz de similitud como el fenograma muestran que el número de marcadores utilizados resultó ser suficiente para establecer el documento único de identidad genómica, sin detectarse variedades duplicadas. Es más, según la fórmula diseñada por Brown, 1983, con este nivel de polimorfismo serían suficientes entre 3 y 4 marcadores (3,55 exactamente) para identificar a los 103 genotipos chinos. La selección de 4 SSR de alta diversidad genética (mayor o igual al promedio) no fue suficiente para separar a todos los genotipos. Pero al agregar sólo un SSR más, se logró identificar a todos los genotipos perfectamente. Esto no ocurrió con otras poblaciones estudiadas, donde la presencia de genotipos duplicados, como en el caso de las variedades bolivianas B-V y B-XI, no permitió identificarlos a todos con pocos marcadores. Se necesitaron 28 SSR para lograr separar a los 12 genotipos bolivianos. En el caso del grupo argentino, se necesitaron 27 SSR para identificar 100 genotipos. En ambos casos, la fórmula de Brown, 1983 indicaba que 5-6 SSR serían suficientes para lograr una perfecta identificación.

CUANTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÓMICA DEL GERMOPLASMA CHINO, ARGENTINO Y BOLIVIANO

Para comparar los datos obtenidos sobre los 104 cultivares analizados (103 chinos + Williams), se tomaron los resultados de Giancola, 1998, sobre 100 variedades comerciales argentinas y 30 SSR, más los datos obtenidos por el Ex INASE sobre 12 variedades bolivianas y 20 SSR.

En una primera etapa se analizaron 20 SSR comunes para los tres grupos. Las tres poblaciones resultaron ser diferentes en su número de alelos por locus, diversidad genética, número mínimo de marcadores necesarios para identificar a todos los genotipos, número de genotipos que se pueden identificar a partir de la diversidad calculada y porcentaje de alelos raros. En cuanto a los niveles de heterogeneidad, los grupos chino y argentino resultaron tener valores significativamente distintos, igual que los grupos argentino y boliviano. Pero la comparación entre variedades chinas y bolivianas resultó ser no significativamente distinta.

El grupo de cultivares bolivianos presenta un número de alelos por locus bajo, con un porcentaje de alelos raros alto (17%) en comparación con los cultivares argentinos (6%) y los chinos (21%). Quizás, debido al bajo número de variedades analizadas, los alelos que aparecen sólo una vez estén en realidad más representados en todo el grupo de variedades comerciales bolivianas y no sean por lo tanto alelos tan poco frecuentes. La diversidad genética es baja respecto de los otros dos grupos, aún habiendo corregido el valor de D por número poblacional bajo. Por lo tanto, es probable que las variedades bolivianas provengan de un grupo reducido de genotipos a partir de los cuales se han ido mejorando, obteniéndose así las variedades comerciales. De hecho, dos de los genotipos resultaron ser idénticos, después de ser analizados con 20 SSR. Análisis posteriores mostraron que se necesitaron 28 SSR para poder diferenciar a los 12 genotipos. Este grupo de variedades presenta alta heterogeneidad en comparación con las variedades argentinas, tanto es así que no difiere significativamente del grupo chino de "landraces". Tres cuartas partes de las variedades bolivianas presentan algún patrón heterogéneo, nivel que no se da ni entre las variedades chinas ni en las argentinas. Aparentemente, la homogeneidad varietal no se ha controlado lo suficiente y/o son variedades que no han pasado por sistemas de registro tan rigurosos como por los que han pasado las variedades argentinas. En el fenograma, aparecen como un grupo que claramente se separa de los otros dos,

marcando que no existe ninguna relación fenética entre ellos. El análisis de la matriz de similitud muestra que existe un alto parecido entre cultivares del grupo boliviano y que este parecido baja si se los compara con cultivares chinos o argentinos.

En cuanto a los grupos chino y argentino, se obtuvieron diferencias en todos los parámetros estudiados, tanto analizando 20 como 24 SSR. Los cultivares chinos, mostraron una diversidad genética y número de alelos por locus estadísticamente mayores que los encontrados en variedades comerciales. Las "landraces" estudiadas presentaron alta cantidad de alelos raros. Esto concuerda con lo manifestado por Akkaya (1992) para especies silvestres emparentadas donde la mayoría de los alelos raros se encontraban en uno de los genotipos de *G. soja*, pariente no domesticado de *G. max*. Así, se evidencia que el fondo genético a partir del cual probablemente han surgido los cultivares chinos es amplio y que la evolución se ha dado por medios tradicionales, con menor intervención de la mano del hombre en la selección de variantes con determinadas características agronómicas para realizar luego cruzamientos artificiales. La heterogeneidad también resultó ser marcadamente diferente. Las variedades comerciales requieren demostrar homogeneidad fenotípica para su registro y posterior comercialización. Esta homogeneidad fenotípica se ve reflejada en el fondo genético total, generando patrones de microsatélites más homogéneos que en el caso de las "landraces", que al momento de este estudio no estaban sujetas a controles en sus niveles de homogeneidad tan estrictos como los dictados por UPOV. Esto sugiere que muchas de las llamadas "landraces" son el resultado de una mezcla de genotipos o que no han sufrido procesos de selección intensivos, manteniendo un fondo genético heterogéneo.

Por lo tanto, los sistemas utilizados para mejorar a los cultivares influyen en la pérdida de diversidad genética debido a que los procesos intensivos de mejoramiento con alta selección de variantes con determinadas características agronómicas y eliminación de otras, provocan la pérdida de alelos raros de la especie, modificando la frecuencia de los mismos en la población y disminuyendo su número total. La autofecundación repetitiva luego llevará a la eliminación de los heterocigotas lo que, sumado a la usual selección de unos pocos individuos resultantes altamente endocriados para la multiplicación de la variedad, suele redundar en una reducción de la heterogeneidad varietal. Por lo tanto, nuestro análisis comparativo confirma que, en la selección de las variedades modernas argentinas, se produjo una erosión de la diversidad genética relativa para esta especie.

Este resultado es concordante con lo manifestado por Morgante (1994). En su análisis de líneas públicas de soja de los Estados Unidos en comparación con cultivares

ancestrales, encontró que sólo 6 de estos cultivares contribuyeron en un 68% al germoplasma del norte de ese país, porque todos menos 1 de los alelos encontrados en los cultivares de soja modernos también se encontraban en los ancestrales. En el mismo estudio se observó que a medida que aumentaba la domesticación la variación alélica disminuía. Powell (1996) manifiesta que la caída de la diversidad en arroz fue del 28%. En nuestro caso, la caída de la diversidad llegó al 21%, comparando las poblaciones chinas y argentinas y hasta el 94% si se compara la china con la boliviana (si bien, en este último país, el número de variedades analizadas es mucho menor, y podría considerarse que la comparación no es proporcional, debemos recordar que el índice de diversidad se corrigió por número poblacional bajo).

Igualmente, esto no significa que la diversidad que existe en las variedades comerciales no sea suficiente para continuar con el desarrollo de nuevos genotipos con caracteres de interés. Lo que está indicando es que la base genética de la especie es más amplia que la que actualmente se usa para mejoramiento, que ha existido erosión genética y que el germoplasma exótico puede contribuir con nueva variabilidad interesante. En efecto, el germoplasma chino ha intervenido en muchos programas de mejoramiento recientes tanto en el ámbito local como internacional (Delannay, 1983; Morgante, 1994; Kisha, 1998).

A partir del análisis del fenograma y de la matriz de similitud, se observó que algunos cultivares argentinos muestran valores relativamente altos de similitud con los chinos, tanto cuando la comparación se hizo con 20 como con 24 microsatélites, evidenciando que existe un fondo genético con cierto grado de similitud entre algunos de ellos. Ejemplo de esto es la variedad A-XV, sugiriendo ancestros chinos en el desarrollo de parte del germoplasma argentino. Esta idea también está apoyada en el hecho de que el 85% de los alelos encontrados en las variedades argentinas corresponden a alelos de las "landraces". Sin embargo, es importante destacar que, debido a que los microsatélites pueden formar parte de genes estructurales y tener historias evolutivas complejas, no se puede descartar que algunos alelos de igual tamaño sean producto de linajes evolutivos distintos (convergencia evolutiva). Esto puede resultar en una falsa suposición donde identidad de estado (=tamaño de alelo) no implica identidad de descendencia (=estructura e historia genética común). De todos modos, no resulta muy probable (parsimonioso) la convergencia evolutiva de varios loci diagnósticos en forma simultánea y coordinada. A los fines de nuestros análisis, la buena correlación de los patrones de bandas de microsatélites con la genealogía aportada por los mejoradores de las variedades, indican que los microsatélites funcionan como excelentes herramientas para determinar relaciones

entre individuos del tipo de parentesco, pedigrí (al menos para genealogías cortas) y estructuras poblacionales, por lo que, si existe una relación genealógica entre las variedades argentinas y chinas, ésta probablemente se corresponde con un parentesco cercano.

Los altos niveles de diversidad que se obtienen al utilizar SSR los hacen muy útiles para distinguir genotipos cercanos. En nuestro trabajo, 33 SSR resultaron suficientes para establecer una "huella digital" única y específica para los 103 cultivares chinos estudiados. Esto está en concordancia con estudios previos donde se establece que entre 30 y 35 SSR son suficientes para distinguir entre genotipos cercanos (Powell, 1996). La alta diversidad poblacional encontrada en la soja china nos permitió identificar a todos los cultivares con sólo 5 SSR, mientras que el grupo argentino requirió 27 SSR (Giancola, 1998) y la boliviana 28.

CORRELACIÓN DE LOS DATOS MOLECULARES CON LOS MORFOLÓGICOS Y LAS ÁREAS PRODUCTIVAS

Con el fin de analizar si las relaciones entre los cultivares establecidas a partir de datos moleculares coinciden con aquellas explicadas por caracteres fenológicos se realizaron comparaciones entre estos métodos. También se buscó evidenciar si alguno de estos métodos de análisis reflejan la distribución de los cultivares en las diferentes áreas productivas de China,

Estudios previos en soja muestran que los patrones de agrupamiento de variedades basadas en datos de SSR sólo fueron capaces de evidenciar una correlación bien clara con datos de pedigrí, de pertenencia a la especie biológica y, más parcialmente, con las regiones geográficas de origen (China, Japón) (Akkaya, 1992; Morgante, 1994; Gizlice, 1996; Diwan, 1997; Giancola, 1998; Kisha, 1998).

En el caso de las variedades tradicionales chinas utilizadas en nuestro análisis, no fue posible comparar con las relaciones de pedigrí (porque no se conocen), pero sí la asociación con los requerimientos fotoperiódicos o de distribución de dichas variedades (áreas productivas), parcialmente coincidentes con los grupos de maduración, para la cual no se encontró relación tanto comparando caracteres morfológicos ($r: 0,055$) como microsatélites ($r: 0,121$). A partir de los datos obtenidos por Giancola, 1998, se analizó la correlación entre los grupos de madurez (indicativos de los requerimientos fotoperiódicos) y los SSR, obteniéndose un valor de r bajo ($0,24$). Este tipo de relación tampoco se encontró en estudios realizados con variedades norteamericanas, donde sólo se evidenciaron aquellas obvias de pedigrí, especie y origen.

En cuanto a la asociación de los marcadores microsatélites con caracteres morfológicos, se evidenciaron nuevamente correlaciones casi nulas ($r: 0,058$). En el análisis de Giancola, 1998, (para variedades argentinas) se obtuvo un valor de $0,246$, que resultó ser también extremadamente bajo. En ambos casos, los valores de similitud obtenidos utilizando marcadores morfológicos resultaron ser mayores que los obtenidos por marcadores moleculares. Los altos valores de similitud son resultado de una menor variabilidad y una baja cobertura genómica de los marcadores en términos de loci polimórficos representativos analizados. En este análisis se utilizaron 10 caracteres morfológicos en comparación con 33 moleculares, aunque debido a que muchos de los caracteres morfológicos están codificados por más de un gen, la cobertura genómica es algo mayor al número aritmético de caracteres analizados. En base a los descriptores para los cuales se posee información de transmisión genética se

puede calcular que el número mínimo de loci representados por los 10 descriptores morfológicos es de 19. Sin embargo, también debe tenerse en cuenta que los diferentes loci codificantes para los caracteres fenotípicos no son siempre independientes, dado que se sabe que algunos caracteres morfológicos comparten genes y aún así se miden como si fueran independientes, como es el caso días a floración y días a madurez. En definitiva, los caracteres morfológicos están estableciendo relaciones entre las variedades describiendo en forma diferente el genoma, explicando, en parte, por qué se obtuvieron valores de regresión tan bajos. Por otra parte, los caracteres morfológicos son seleccionados para obtener un mejor rendimiento agronómico (como es el caso del "peso de 100 semillas") y para obtener una combinación de características que permitan la identificación y diferenciación de las variedades. Esto puede lograrse sin que se modifique el fondo genético, que es mejor descrito por los marcadores moleculares.

En conclusión, los estimadores de la similitud genética están afectados por una serie de factores como el número y la distribución de los marcadores en el genoma (cobertura genómica) y la naturaleza de los mecanismos evolutivos que subyacen a la variación medida (Powell, 1996). Además, el ligamiento génico y la relativamente menor variabilidad génica de este germoplasma (comparado con el de otras especies) son factores que pueden afectar el supuesto de independencia de ciertas variables violando ciertos supuestos durante el análisis de los datos (Barret, 1998).

Todo esto está evidenciando la alta variabilidad detectada por el método molecular en contraposición al método morfológico. Desde el punto de vista del registro de variedades, estas diferencias pueden producir grandes controversias ya que los caracteres moleculares establecen las relaciones de parecido entre las variedades de manera diferente que los caracteres morfológicos y detectan mayores diferencias, hecho que podría debilitar, a futuro, el sistema de protección de variedades. Sin embargo en la última reunión del Grupo de Técnicas Bioquímicas y Moleculares (BMT) de la UPOV, se discutió largamente respecto del uso de las técnicas moleculares para el registro de las variedades. Expertos de diferentes países discutieron tres posibles modelos de introducción de las técnicas moleculares: 1) uso de los marcadores moleculares para predecir la presencia de caracteres tradicionales (por medio de la detección de genes específicos o por el uso de los marcadores moleculares que están ligados a caracteres cuantitativos); 2) calibración de un umbral para caracteres moleculares contra la distancia mínima en caracteres morfológicos; 3) desarrollo de un sistema completamente nuevo para el registro de las variedades. Además se discutió sobre

DISCUSIÓN

cómo desarrollar análisis de homogeneidad y estabilidad varietal, para los cuales se considera que aún se deben realizar estudios claves.

Todos estos esfuerzos tendientes a incorporar a las técnicas moleculares en el registro de las variedades demuestran que existe una necesidad creciente de los países por optimizar sus procedimientos, ahorrar espacio, tiempo y bajar costos. Por lo tanto, en un futuro, quizás no tan lejano, comiencen a implementarse estas técnicas.

ESTUDIO DE LA HOMOGENEIDAD DE VARIEDADES COMERCIALES ARGENTINAS

Para estudiar la posibilidad de adaptar el uso de los microsatélites al sistema de protección de variedades, se realizaron ensayos de homogeneidad y estabilidad de los marcadores en el tiempo.

De acuerdo a las regulaciones del ex INASE, sólo se admite una semilla fuera de tipo en 1000 (tratándose de semillas básicas y considerando caracteres morfológicos). Este nivel se eleva a 4-5 si se trata de semillas de primera o segunda multiplicación respectivamente (Resolución N°214/99, INASE). Todas las tasas alélicas calculadas en esta tesis al utilizar SSR resultaron ser mayores a las establecidas en la Resolución, siendo como mínimo 3,7 veces más alta que lo estipulado cuando se utilizan semillas de segunda multiplicación.

En 1998 la Dra. Sandra Giancola encontró y propuso una similitud máxima de 0,80 para distinguir variedades cercanas tanto con caracteres morfológicos como con microsatélites. Desde el punto de vista de la distinguibilidad, esa similitud máxima significaría un umbral por sobre el cual no se consideraría a las variedades como distintas. En el caso de analizar homogeneidad, se debe encontrar una similitud mínima que funcione como umbral por debajo del cual no se considere a la variedad homogénea.

Sería lógico pensar que el umbral de homogeneidad para este cultivo y con la actual variabilidad genética se encuentre entre 0,8 (nivel mínimo requerido para considerar a dos variedades distintas según Giancola, 1998) y 1 (máxima similitud).

Para analizar esta variabilidad se estudiaron los niveles de similitud dentro de la misma variedad. Como parámetro de comparación se consideró a la similitud total ya que es la que involucra tanto a individuos muy parecidos como a los más diferentes y es indicativa de la similitud interna de toda la variedad.

La variedad O4, que resultó ser la más homogénea, tiene un promedio de similitud total de 0,935. La variedad O3, que resultó ser la más heterogénea, tiene un promedio de similitud total de 0,803.

En nuestro caso la similitud total tanto para la variedad más homogénea como para la más heterogénea, resultó estar dentro del rango de 0,8 a 1 de similitud para el cual se había establecido la homogeneidad. Si el umbral de la homogeneidad se establece en 0,8 como mínimo, podemos decir que las variedades analizadas son homogéneas en su fondo genético analizadas con 15 SSR.

Igualmente la aplicación futura de estas técnicas requerirá del análisis previo de las variedades con los marcadores a usar, de la misma manera que se hace con los

DISCUSIÓN

caracteres morfológicos. Este análisis deberá hacerse especie por especie y deberá buscarse en cada caso el tipo de marcador más adecuado y el número de marcadores a ser utilizados, estableciéndose el umbral correspondiente. Otros estudios llevados a cabo en maíz, trigo y colza (BMT-TWA/Maize/1/3; BMT-TWA/Wheat/1/1; BMT-TWA/Oilseed Rape/1/4) para estudiar la uniformidad de las variedades y el nuestro (Vicario et al, 2001), muestran que existe variabilidad intravarietal de los loci de microsatélites y que ésta es (probablemente) mayor que la observada con caracteres tradicionales.

Por el momento, en el caso de la soja, es posible determinar un umbral tentativo de homogeneidad no menor que una similitud de 0,80, analizada sobre 15 SSR distribuidos sobre los diferentes grupos de ligamiento.

ESTUDIO DE LA CONSERVACIÓN DEL GERMOPLASMA EN EL TIEMPO

Los perfiles de los 32 microsatélites analizados en el ensayo de estabilidad mostraron variaciones a lo largo de los distintos años.

La variación de los patrones de microsatélites en función de los años puede deberse a diferentes causas como la mezcla de semillas, errores en el mantenimiento de la pureza, polinización cruzada o mutación del microsatélite, tanto por cruzamiento desigual como por el mecanismo de deslizamiento de la ADN polimerasa ("slippage").

Se ha enunciado que los microsatélites "nacen" en regiones del ADN donde existen motivos simples repetidos. Luego, estas secuencias simples ancestrales mutan expandiéndose por un proceso denominado deslizamiento ("slipped-strand mispairing") que ocurre durante la síntesis de ADN (Chambers, 2000). Este proceso consiste en agregar más nucleótidos de los que hay en la hebra molde, debido a que la ADN polimerasa se "confunde" al aparearse sobre secuencias similares. Este proceso también puede terminar en la pérdida de alguna de las repeticiones. En la práctica, parece haber un cierto límite superior para el tamaño de los microsatélites, debido a que el aumento de tamaño genera una mayor susceptibilidad a las deleciones o las sustituciones de nucleótidos únicos, además de estar relacionado con la ocurrencia de ciertas enfermedades (Chambers, 2000). Así se generan arreglos menores o se crean arreglos que pueden servir como punto de anclaje en contra del proceso de "slippage". La división del microsatélite en unidades menores puede hacer que éste se degrade hasta convertirse nuevamente en regiones con motivos simples. Esto último puede ser visto como la "muerte" del microsatélite (Chambers, 2000).

El fenómeno de "slippage" genera mutaciones que no son específicas de locus (Schlottre y Tautz, 1992) y hace que la nueva mutante esté relacionada con el alelo del cual provino (Goldstein, 1995). Entonces, si los SSR mutan, hay que determinar cuál es esa tasa de mutación para establecer cuántos cambios por generación o unidad de tiempo (año) por SSR se deben esperar y tolerar.

En 1997, Diwan y Cregan establecieron un rango de tasas de mutación de SSR en soja basándose en las tasas de mutación en humanos y el número de meiosis requeridas para generar una nueva variedad sobre 20 loci. El objeto de estudio era determinar si las diferencias observadas en los patrones de microsatélites en el tiempo se debían a mutación, a errores en el mantenimiento de la pureza o a polinización cruzada. A partir de los datos de tasas de mutación de microsatélites encontradas en humanos, ellos calcularon el rango de tasas de mutación en microsatélites para la soja. Según Weber y Wong, 1993, Hammond et al, 1994 y Edwards et al, 1992, la tasa de

mutación de SSR en humanos van de $5,6 \cdot 10^{-4}$ a $2,3 \cdot 10^{-5}$. Diwan y Cregan multiplicaron ese rango de tasas de mutación por el número de generaciones requerido para generar una nueva variedad de soja de acuerdo al pedigrí (10) y el número de SSR con el que analizaron a la variedad generada (20). Así obtuvieron la tasa de formación de alelos nuevos en la que las variaciones de los patrones de los SSR se deben sólo a mutaciones y no a errores en el mantenimiento de la pureza. Luego, el rango de alelos nuevos por pedigrí es ese rango de tasas de formación de nuevos alelos multiplicado por 20 (número de locus analizados).

En esta tesis se analizaron a las variedades durante 3 generaciones con 32 SSR. Eso da un rango de tasas de mutación que va de 0,05376 a 0,00221, que multiplicado por 32 da un rango de alelos nuevos por variedad de 1,72 a 0,07. Los alelos nuevos encontrados por variedad fueron: A: 3; B: 4; C: 1; D: 0; E: 0; F: 1; G: 0.

Por lo tanto, las variedades A y B tienen tasas que no caen dentro del rango de formación de nuevos alelos debidas a mutación del SSR y entonces las variaciones encontradas podrían ser debidas a errores en el mantenimiento de la pureza, a que la extrapolación de la tasa de mutación de los humanos a la soja no sea correcta, o a que puedan existir tasas muy diferentes al promedio general según el locus analizado. En cambio para las variedades C y F, el número de cambios caen dentro del rango previsto y las variaciones encontradas podrían deberse a mutación del microsatélite.

Pero además, debemos tener en cuenta que la variabilidad intravarietal detectada por esta técnica es elevada y que, quizás, no esté representada toda la variación alélica del grupo en cada año estudiado. Por lo que se pueden estar observando alelos ya existentes que, por error de muestreo, no se detectaron anteriormente. Esta variabilidad en el tiempo no real, está lejos de ser debida a mutaciones o mezclas de semillas, y es un punto también a tener en cuenta al momento de establecer umbrales de heterogeneidad y falta de estabilidad.

Con este análisis se comprobó que existen variaciones en los patrones de SSR a través de los años, que pueden tener diferentes causas y que deberán considerarse al momento de establecer las condiciones de aplicación de los SSR en los estudios DIIE. Este tipo de variaciones no se observó en los caracteres morfológicos.

Igualmente, en función de estos resultados, podemos decir que la selección de los marcadores para realizar los ensayos de estabilidad debe tener en cuenta que la tasa de mutación de ciertos microsatélites puede ser más alta de lo necesario, sugiriendo diferencias en el tiempo del fondo genético o inestabilidades que no son reales. Las tasas de mutación calculadas en este trabajo indican que sería necesario admitir un número a determinar de variantes en los patrones de microsatélites a medida que

DISCUSIÓN

transcurre el tiempo desde su registro y que el número de microsatélites a analizar para establecer la estabilidad de las variedades debe ser lo suficientemente elevado como para poder detectar esas variaciones. En esta tesis se ha demostrado que entre 1 y 2 variantes nuevas de SSR pueden ser encontradas en un período de 4 años luego de analizar 32 SSR por variedad.



CONCLUSIONES

CONCLUSIONES

- Pudo elaborarse un documento único de identidad genómica para 103 variedades tradicionales de soja china utilizando 33 microsatélites y así analizar las relaciones fenéticas entre las mismas.
- Se demostró que el sistema de análisis basado en marcadores moleculares (microsatélites) explica las relaciones entre los cultivares analizando diferentes porciones del genoma que las características morfológicas y que ninguno de estos dos sistemas puede agruparlos según los requerimientos fotoperiódicos.
- Diversos autores consideran que entre 30 y 35 microsatélites son suficientes para caracterizar genotipos de soja. En esta tesis se determinó que sólo 5 SSR son suficientes para identificar genotipos de soja de tipo "landrace".
- Al comparar los cultivares chinos con un grupo representativo de variedades argentinas y bolivianas se vio que los primeros poseen mayor diversidad genética total por lo que los procesos actuales de mejoramiento de las variedades han erosionado la diversidad genética de las variedades comerciales. Los cultivares chinos mostraron tener alta similitud con alguna de las variedades argentinas evidenciando que comparten un fondo genético por lo que debe haber algún ancestro chino en los programas de mejoramiento de ciertas variedades locales.
- Las variedades bolivianas presentaron altos valores de similitud sólo entre ellas evidenciando que pertenecen a programas de mejoramiento diferentes a los argentinos y que su germoplasma no tiene un fondo genético relacionado con el argentino o el chino.
- En 1998 se determinó un umbral mínimo de distancia entre variedades de soja cercanas con el propósito de su diferenciación y registro. En nuestro trabajo, la heterogeneidad encontrada utilizando marcadores de ADN, permitió verificar que para caracteres morfológicos uniformes a campo las diferencias mayores encontradas entre individuos de igual variedad no son inferiores a 0,8 si se ensayan con SSR, permitiendo establecer ese nivel como piso para determinar que un cultivar es homogéneo.
- Estos resultados claramente muestran que los valores de tolerancia de plantas fuera de tipo deben ser re establecidos si en un futuro se utilizan a los marcadores microsatélites para ensayar uniformidad. Dado que la homogeneidad es resultado de la estabilidad de la variedad y a la inversa, también los criterios de estabilidad de las variedades deberán ser modificados. Se deberán seleccionar marcadores (en tipo, número y nivel de diversidad que detectan), que sean seguidos en el tiempo y

CONCLUSIONES

evaluados en diferentes plantas durante los procesos de mejoramiento. Así se podrán establecer rigurosamente los requisitos de DHE.

- Nuestro trabajo indica que existe cierta variación de los patrones de SSR en el tiempo. Esta variación puede deberse tanto a la mezcla de semillas, a la contaminación con polen proveniente de otras variedades o a que el ensayo no representó toda la heterogeneidad varietal. En cuanto a la evolución propia del SSR, hay que tener en cuenta que existe variación y que ésta no es menor, debiéndose considerar para establecer nuevos umbrales de estabilidad. Se propone un umbral de 1 a 2 variantes en los patrones de SSR cada 4 años por variedad analizada con 32 SSR bajo las condiciones en las que se realizaron estos ensayos.
- Como conclusión se puede decir que la selección de los marcadores para realizar los estudios DHE debe tener en cuenta dos aspectos importantes. Primero, que las diferencias en los marcadores neutros pueden ser menos significativas que las encontradas en marcadores morfológicos, que le aseguran al productor propiedades agronómicas homogéneas respecto de las semillas que están comprando. Segundo, la tasa de mutación de ciertos loci puede ser mayor de lo establecido para caracteres morfológicos, sugiriendo diferencias en el fondo genético o inestabilidad que no es real.
- Antes del uso de estas técnicas en el registro de variedades de soja, es requisito indispensable el análisis de un gran número de microsatélites utilizando variedades representativas para poder establecer qué grupo de microsatélites es el más adecuado para establecer homogeneidad y estabilidad de las variedades.

Analyste.
Dr. Laura Vicaris



Dr. H. E. Hopp



BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA

1. Acta 1978 de Protección de Obtenciones Vegetales. Página web: www.upov.int/eng/convtns/1978/act1978.htm.
2. Akkaya MS, Bhagwat AA, Cregan P: **Length polymorphism of simple sequence repeat DNA in soybean**. *Genetics* 1992 **132**: 1131-1139.
3. Akkaya MS, Shoemaker RC, Specht JE, Bhagwat AA, Cregan PB: **Integration of simple sequence repeat (SSR) DNA markers into a soybean linkage map**. *Crop Sci.* 1995 **35**: 1439-1445.
4. Anderson JA, Churchill GA, Autrique JE, Tanksley SD Sorrells ME: **Optimizing parental selection for genetic linkage maps**. *Genome* 1993 **36**: 181-186.
5. Barret BA, Kidwell KK: **AFLP-based genetic diversity assessment among wheat cultivars from the Pacific Northwest**. *Crop Sci.* 1998 **38**: 1261-1271.
6. Bell CJ, Ecker JR: **Assignment of 30 microsatellite loci to the linkagemap of Arabidopsis**. *Gemonics* 1994 **19**: 137-1444.
7. Biochemical and Molecular Techniques. Technical Working Party for Agricultural Crops. **Maize. 1/3**. Unión para la Protección de Obtenciones Vegetales, 2001.
8. Biochemical and Molecular Techniques. Technical Working Party for Agricultural Crops. **Oilseed Rape. 1/4**. Unión para la Protección de Obtenciones Vegetales, 2001.
9. Biochemical and Molecular Techniques. Technical Working Party for Agricultural Crops. **Wheat. 1/1**. Unión para la Protección de Obtenciones Vegetales, 2001.
10. Botstein D, White RL, Skolnik M, Davis RW: **Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polimorfism**. *Am. J. Hum. Genet.* 1980 **32**: 314-331.
11. Broun P, Tankley SD: **Characterization and genetic mapping of simple repeat sequences in the tomato genome**. *Mol Gen Genet.* 1996 **250**: 39-49.
12. Brown SM, Hopkins MS, Mitchell SE, Senior ML, Wang TY, Duncan RR, Gonzalez-Candelas F, Kresovich S: **Multiple methods for the identification of polymorphic simple sequence repeats (SSRs) in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]**. *Theor. Appl. Genet.* 1996, **93**: 190-198.
13. Brunel DA: **Microsatellites markers in *Heliantus annus* L.** *Plant and Molecular Biology* 1994, **24**: 397-400.
14. Clifford HT, Stephenson W: **An introduction to numerical classification**. Academic Press, New York, 229 pages. 1975.
15. Cregan P: Web page <http://129.186.26.94/SSR.html>.

BIBLIOGRAFÍA

16. Crisci JV, López Armengol MF: **Introducción a la teoría y práctica de la taxonomía numérica**. Secretaría General de los Estados Americanos. Programa Regional de Desarrollo Científico y Tecnológico. Washington, DC, 132 pages. 1983.
17. Chambers GK, MacAvoy ES: **Microsatellites: consensus and controversy**. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B*, 2000 **126**: 455-476.
18. Delanney X, Rodgers DM, Palmer RG: **Relative genetic contribution among ancestral lines to north American soybean cultivars**. *Crop Sci.* 1983, **23**:944-949.
19. Devos KM, Bryan GJ, Collins AJ, Stephenson P, Gale MD: **Application of two microsatellites sequences in wheat storage proteins as molecular markers**. *Theor Appl Genet* 1995, **90**:247-253.
20. Diwan N, Cregan P: **Automated sizing of fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean**. *Theor. Applied Genet.* 1997 **95**: 723-733.
21. Dow BD, Ashley MV, Howe HF: **Characterization of highly variable (GA/CT)_n microsatellites in bur oak (*Quercus macrocarpa*)**. *Theor Appl Genet* 1995, **91**:137-141.
22. Echaide M, Paniego N, Muñoz M, Fernández L, Zandomeni R, Hopp HE: **Development of molecular markers for sunflower. Results of a joint venture between seed companies and INTA**. *Proceedings del XVI Seminario Panamericano de Semillas*. 1998.
23. Edwards A, Hammond H A, Jin L, Caskey C T, Chakraborty R: **Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeats loci in four human population groups**. *Genomics*, 1992, **12**: 241-253.
24. Estimaciones agrícolas: **Ministerio de Economía**. *Ministerio de Economía Press* 2001.
25. Giancola SM: **Caracterización y diferenciación de germoplasma de soja (*Glycine max* L. Merr.) mediante marcadores moleculares**. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, Buenos Aires, Argentina. 1998.
26. Giorda L, Baigorri H: **El cultivo de la soja en Argentina**. *Centro Regional Córdoba. EEA Marcos Juárez-EEA Manfredi*. INTA Press 1997.
27. Gizlice Z, Carter TE, Gerig TM, Burton JW: **Genetic diversity patterns in North American public soybean cultivars based on coefficient of parentage**. *Crops Science* 1996 **36**: 753-765.

28. Goldstein DB, Linares AR, Cavalli-Sforza LL, Feldman MW: **An evaluation of genetic distances for use with microsatellites loci.** *Genetics* 1995, **139**: 463-471.
29. Guidelines for the conduct of test for distinctness, homogeneity and stability, soybean (*Glycine max* (L) Merrill). UPOV/TG/80/3, 1983.
30. Hammond H A, Zhong Y, Caskey C T, Chakarabarty R: **Evaluation of 13 short tandem repeats loci for use in personal identification applications.** *Am J Hum Genet*, 1994, **55**: 175-189.
31. Hedrick P W: **Genetics of pupolations.** *Jones and Bartlett publishers*, Sudbury, Massachusetts. Segunda edición, 2000. Arizona State University.
32. Hymowitz T, Sing: **Taxonomy and speciation.** Capítulo 2. En: *Soybeans: Improvement, production and uses.* Segunda edición, 1987.
33. Instituto Nacional de Estadísticas de Bolivia. Página web: <http://www.ine.gov.bo/cgi-bin/iwdie.exe>
34. Keim P, Beavis W, Schupp J, Freestone R: **Evaluation of Soybean RFLP Marker Diversity in Adapted Germplasm.** *Theor. Appl. Genet* 1992, **85**: 205-212.
35. Kisha TJ, Diers BW, Hoyt JM, Sneller CH: **Genetic diversity among soybean plant introductions and North American germplasm.** *Crop Science* 1998 **38**: 1669-1680.
36. Kukuck H, Kobabe G, Wezel G: **Fundamentals of plant breeding.** Editorial Springer-Verlag. Edición 1991. 236páginas.
37. Lagerkrantz U, Ellengren H, Anderson L: **The abundance of varios polymorphic micorsatellites motif differ between plantas and vertebrates.** *Nuclei Ac Res* 1993, **21**: 1111-1115.
38. **Ley de Semillas y Creaciones Fitogenéticas N°20247.** Ministerio de Economía y Obras y Servicios Públicos. Secretaría de Agricultura, ganadería, Pesca y Alimentación.
39. Mantel NA: **The detection of disease clustering and a generalized regression approach.** *Cancer Res.* 1967 **27**:209-220.
40. Maughan PJ, Saghai Maroof MA, Buss GR: **Micorsatellite and amplified sequence length polymorfism in cultivated and wild soybean.** *Genome* 1995, **38**: 715-723.
41. Milbourne D, Meyer R, Bradshow JE, Baird J, Bonar N, Provan J, Powell W, Waugh R: **Comparison of PCR-based marker systems for the analysis of genetic relationships in cultivated potato.** *Mol. Breed.* 1997 **3**: 127-136.

BIBLIOGRAFIA

42. Morgante M, Rafalski A, Biddle P, Tingey S, Olivieri AM: **Genetic mapping and variability of seven soybean simple sequence repeats loci.** *Genome* 1994, **37**: 763-769.
43. Origin, Description and Pedigree of Chinese Soybean Cultivars Released from 1932 to 1995. **Technical Bulletin 1871.** *USDA. Agricultural Research Service. September, 1999.*
44. Paniego N, Echaide M, Muñoz M, Fernandez L, Torales S, Faccio P, Fuxan I, Carrera M, Zandomeni R, Suárez EY, Hopp E: **Microstellite isolation and characterizaton in sunflower (*Helianthus annus L.*).** *Genome* 2001, **45**: 34-43.
45. Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tiggey S, Rafalsky A: **The comparision of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellites). Markers for germoplasm analysis.** *Mol. Breed.* 1996, **2**: 225-238.
46. Powell W, Machray GC, Provan J: **Polymorphism revealed by simple sequence repeats.** *Trends in Plant Science* 1996 vol. 1 N° 7: 215-222.
47. Roder MS, Planschle J, Konig SU, Borner A, Sorrels ME, Tanksley SD, Ganai MW: **Abundance variability and chromosomal location of microsatellites in wheat.** *Molecular and general genetics* 1995, **246(3)**: 327-333.
48. Rohlf FJ: **NTSYS-pc, Numerical taxonomy and multivariate analysis system.** V 2.0 Exeter Publ.Ltd, Setauket, NewYork. 1989.
49. Rongwen J, Akkaya MS, Bhagwat AA, Lavi U, Cregan PB: **The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification.** *Theor. Appl. Genet.* 1995, **90**: 43-48.
50. Saghai-Marooof MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW: **Ribosomal DNA spacer length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 1981 **81**: 8014-8018.
51. Sambrook J, Fritsch EF Maniatis, T: **Molecular cloning. A laboratory manual.** 2° Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York. 1989.
52. Sedyama T, Almeida LA, Miyasaka S, Kiihl RAS: **Genética e Melhoramiento.** En: *A soja no Brasil Central.* Campinas: Fundacao Cargill. p.21-74.
53. Sedyama T, Teixeira R, Reis, MS: **Melhoramiento da soja.** En: *Melhoramiento de espécies cultivadas.* Aluzio Borém Editor. P. 487-533.
54. Schlotterer C, Tautz D: **Slippage synthesis of simple sequence DNA.** *Nucleic Ac Res* 1992, **20**: 211-215.

55. Senior ML, Heun M: **Mapping maize microsatellites and polimerase chain reaction confirmation of the targeted repeats using CT primers.** *Genome* 1993, **36**: 884-889.
56. Smith KJ, Huyser W: **World distribution and significance of soybeans.** Capítulo 1. En: *Soybeans: Improvement, production and uses*. Segunda edición, 1987.
57. Smith S, Register J: **Genetic purity and testing technologies. DNA-based methodologies replace biochemistry.** Prothyta, *ISTA Congress*. Pretoria. Sudáfrica. 1998.
58. Sneath PHA, Sokal RR: **Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification.** W. H. Freeman and Co. San Francisco, California, 573 pages. 1973.
59. Thomas MR, Scott NS: **Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphism when analyzed as sequence tagged sites (STS).** *Theor Appl Genet* 1993, **86**: 985-990.
60. United States Department of Agriculture: **<http://www.fas.usda.gov/oilseeds/circular/1997/97-08/aug97opd2.htm>**
61. Vallone SD, Giorda, LM: **Enfermedades de la soja en Argentina.** *INTA Centro Regional Córdoba, Editorial de INTA* 1997.
62. Vicario AL, Giancola SM, Echaide M, Hopp HE: **Application of microsatellite markers for the assessment of distinctness, uniformity and stability (DUS testing) of commercial soybean varieties and landraces.** *Proceedings of the 26th International Seed Testing Association (ISTA) Congress*, Angers, France. 2001.
63. Weber J L, Wong C: **Mutation of human short tandem repeats.** *Hum Mol Genet*, 1993, **2**:1123-1128.
64. Weir BS: **Genetic data analysis II.** Capítulo 4. Sinauer publishers, Suntherland Massahusetts, USA. 1996
65. Wu KS, Tanksley DS: **Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellite in rice.** *Mol Gen Genet* 1993, **241**: 225-235.
66. Yamanaka N, Ninomiya S, Hoshi M, Tsubokura Y, Nagamura M Y, Sasaki T, Harada K: **An informative linkage map of soybean reveals QTLs for flowering time, leaflet morphology and regions of segregation distortion.** *DNA Res*, 2001, **27**; **8 (2)**: 61-72.

BIBLIOGRAFIA

67. Yanagisawa T, Hayashi M, Hirai A, Harada K: **DNA fingerprinting in soybean (*Glycine max.* (L) Merrill) with oligonucleotide probes for simple repetitive sequences.** *Euphitica* 1994, **80**: 129-136.