



FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

**IDENTIFICACIÓN DE GENES Y/O ALELOS QUE DETERMINAN EL TIEMPO A
FLORACIÓN Y LA LONGITUD DE DISTINTAS FASES DEL PERIODO
REPRODUCTIVO EN SOJA A TRAVÉS DE MAPEO ASOCIATIVO**

IGNACIO GABRIEL VICENTIN

TESIS PARA OPTAR AL TÍTULO DE DOCTOR EN CIENCIAS AGRARIAS

DIRECTOR:

Dra. Ruth Heinz

Consejeros:

Dr. Javier Gilli

Dra. Celina E. Ghione

2022

**IDENTIFICACIÓN DE GENES Y/O ALELOS QUE DETERMINAN EL TIEMPO A
FLORACIÓN Y LA LONGITUD DE DISTINTAS FASES DEL PERIODO
REPRODUCTIVO EN SOJA A TRAVÉS DE MAPEO ASOCIATIVO**

Ignacio Gabriel Vicentin

Ingeniero Agrónomo – U.N.E.R.

Esta Tesis es presentada como parte de los requisitos para optar al grado académico de Doctor en Ciencias Agrarias, de la Universidad Nacional de Rosario y no ha sido previamente presentada para la obtención de otro título en ésta u otra Universidad. La misma contiene los resultados obtenidos en investigaciones llevadas a cabo en Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul, durante el período comprendido entre 2011 y 2017, bajo la dirección de la Dra. Ruth Heinz.

Ing. Agr. Ignacio Gabriel Vicentin

Dra. Ruth Heinz

Defendida: 06 de abril de 2022

Agradecimientos

A la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Rosario por admitirme en la carrera y acompañarme con excelente predisposición en este tiempo.

Al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, por permitirme y financiarme este proceso de formación.

A la Estación Experimental Agropecuaria Paraná por apoyarme y acompañarme continuamente en estos estudios de posgrado y su personal que en forma desinteresada me ayudó en diversas etapas de esta tesis.

A mi directora Ruth Heinz y mis consejeros Celina Ghione y Javier Gilli, por su guía en cada paso de este trabajo.

A Alejandra Cuatrín de la EEA Paraná por su valiosa ayuda y guía en los análisis estadísticos de los datos.

A Nelson Arrúa, Sergio Retamar y Diego Arrúa de la EEA Paraná por su ayuda en el trabajo de campo.

A Clarisa Bernardi y Celina Ghione de la EEA Marcos Juárez por guiarme en el laboratorio de bitemología para realizar las prácticas, análisis y las técnicas utilizadas en este trabajo con marcadores moleculares.

Al equipo de mejoramiento de soja de la EEA Marcos Juárez por su colaboración en los ensayos en Marcos Juárez.

A Adrián de Lucía y su equipo de la EEA Cerro Azul por su colaboración con los ensayos en Cerro Azul.

A Marcos Murgio de la EEA Manfredi por sus consejos al iniciar este trabajo.

A Lucio Lombardo, Belén Conde y Alvaro Andreucci de la EEA Marcos Juárez que me brindaron información en distintas etapas de este trabajo.

A Diana Fresoli y Patricia Beret por suministrarme semilla del cultivar Prot12FCA y su información de pedigree.

A Alan Severini, Diego Santos y Oscar Valentinuz por sus consejos para analizar los datos registrados.

A Oscar Valentinuz y Diego Santos por sus lecturas críticas de este manuscrito y sus valiosas recomendaciones.

A Norma Formento, Cristina Eberle y Lucrecia Gieco de la EEA Paraná por estar siempre a mi lado acompañándome en cada paso que daba.

Dedicatorias

A mis padres Horacio y Mirta que por su esfuerzo y trabajo me dieron la posibilidad de estudiar y con el tiempo llegar hasta este momento.

A mi esposa Roxana y mi hijo Lorenzo, por alentarme y estar siempre a mi lado todo este tiempo.

Publicaciones y Presentaciones a Congresos

- VICENTIN I., HEINZ R., GHIONE C., GILLI J. y A. CUATRIN. 2020. Diferencias e importancia del momento de floración y en el periodo reproductivo en sojas con similar longitud de ciclo. Serie Extensión INTA Paraná N° 85. p. 47-52. https://inta.gob.ar/sites/default/files/floracion_soja_2020.pdf [Verificación: mayo de 2020].
- VICENTIN I., HEINZ R., GHIONE C., GILLI J. y A. CUATRIN. 2020. Identificación de genes y/o alelos que determinan el tiempo a floración y la longitud del periodo reproductivo en soja a través de mapeo asociativo. 48vo. Congreso de la SAG. RESUMEN. BAG I Journal of Basic and Applied Genetics I Vol XXXI Suppl. (1): 130.
- VICENTIN I.G., GHIONE C.E., CUATRÍN A., HEINZ R.A., DE LUCIA A.D., BERNARDI C.N. and J.R. GILLI. Identification of genes and/ or alleles that determine the time to flowering and the length of the reproductive period in soybean through association mapping. (En revisión, enviado en marzo de 2021 a la revista Plant Molecular Biology Reporter).

Índice general

Introducción	1
Origen de la soja, distribución e importancia.....	1
Área sembrada y producción en el mundo e importancia en la argentina.....	3
La soja y el cambio climático.....	6
Respuesta de la soja al ambiente.....	10
Periodo reproductivo en soja.....	15
Mapeo de asociación.....	16
Hipótesis	21
Objetivo General	21
Objetivos Específicos	21
Materiales y métodos	22
Germoplasma.....	22
Fenotipado.....	24
Análisis estadístico.....	26
Genotipificación.....	28
Análisis estadístico.....	30
Identificación de asociaciones entre marcadores y caracteres evaluados.....	30
Identificación de genes candidatos.....	31
Resultados	33

Comparación de las condiciones metereológicas de los ciclos agrícolas evaluados en cada localidad.....	33
Condiciones agrometereológicas en la localidad de Paraná.....	36
Condiciones agrometereológicas en la localidad de Marcos Juárez.....	38
Condiciones agrometereológicas en la localidad de Cerro Azul.....	40
Fenotipificación en la localidad de Paraná.....	42
Caracterización de los grupos formados en la localidad de Paraná.....	45
Fenotipificación en la localidad de Marcos Juárez.....	49
Caracterización de los grupos de genotipos formados en la localidad de Marcos Juárez.....	50
Fenotipificación en la localidad de Cerro Azul.....	54
Caracterización de los grupos formados en la localidad de Cerro Azul.....	56
Genotipificación.....	60
Estudio de la estructura de la población con los marcadores SSR.....	60
Estudio de la estructura de la población con los marcadores SNP.....	61
Identificación de marcadores asociados con E-R1, R1-R3 R3-R6 y R3-R7.....	66
Identificación de los genes candidatos asociados a la fase días a floración corto y fases del periodo reproductivo prolongadas.....	68
Discusión	73
Fenotipificación.....	73

Diferencias en la longitud de distintas fases en periodos fenológicos en la población de mapeo de genotipos de soja, compuesta por genotipos argentinos y exóticos, agrupados por ciclo total similar.....	73
Genotipificación.....	77
Estructura del panel de mapeo e identificación de marcadores moleculares asociados a las diferentes fases fenológicas estudiadas.....	77
Genes candidatos y sus funciones biológicas o GO.....	77
Conclusión.....	87
Bibliografía.....	88
ANEXO I.....	111
ANEXO II.....	124
ANEXO III.....	145
ANEXO IV.....	263
ANEXO V.....	321

Índice de tablas

Tabla 1. Producción mundial de los principales cultivos de granos, ciclo agrícola 2018-19.....	3
Tabla 2. Principales países productores de soja a nivel mundial, ciclo agrícola 2018-19.....	4
Tabla 3. Principales cultivos de granos en Argentina, ciclo agrícola 2018-19.....	4
Tabla 4. Producción y superficie sembrada de soja en las diferentes provincias de la Argentina. Ciclo Agrícola 2018-19.....	5
Tabla 5. Exportación mundial de grano, harina y aceite de soja, ciclo agrícola 2018-19.....	5
Tabla 6. Estados fenológicos del cultivo de soja según la escala de Fehr and Caviness (1977).....	7
Tabla 7. Genotipos de soja participantes de los ensayos en las 3 localidades.....	23
Tabla 8. Ciclo agrícola, fechas de siembra, emergencia y número de genotipos de soja evaluados en cada localidad.....	25
Tabla 9. Marcadores SSR utilizados para el estudio de la estructura de la población.....	29
Tabla 10. Análisis de la varianza para el modelo AMMI de la variable duración de ciclo en días termales para los 61 genotipos evaluados en Paraná en 5 ciclos agrícolas	43
Tabla 11. Medidas de resumen para las variables estudiadas en la localidad de Paraná.....	43

Tabla 12. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 en días termales, y GM y HC para los 20 genotipos de soja dentro del grupo de ciclos cortos, evaluados en 5 ciclos agrícolas en la localidad Paraná.....	46
Tabla 13. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 en días termales, GM y HC para los 24 genotipos de soja dentro del grupo de ciclos intermedios, evaluados en 5 ciclos agrícolas en la localidad Paraná.	47
Tabla 14. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 en días termales, GM y HC para los 17 genotipos de soja dentro del grupo de ciclos largos, evaluados en 5 ciclos agrícolas en la localidad Paraná.....	48
Tabla 15. Análisis de la varianza para el modelo AMMI de la variable duración de ciclo en días termales de los 49 genotipos evaluados en Marcos Juárez en 2 ciclos agrícolas.....	49
Tabla 16. Medidas de resumen para las variables estudiadas en la localidad de Marcos Juárez.....	49
Tabla 17. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los cuatro genotipos de soja de ciclos cortos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.	52
Tabla 18. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los 12 genotipos de soja de ciclos intermedio cortos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.....	52
Tabla 19. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los 11 genotipos de soja de ciclos intermedio largos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.....	53
Tabla 20. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los 13 genotipos de soja de ciclos largos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.....	54

Tabla 21. Análisis de la varianza para el modelo AMMI de la variable duración de ciclo en días termales de los 11 genotipos evaluados en Cerro Azul en 3 ciclos agrícolas.....	54
Tabla 22. Medidas de resumen para las variables estudiadas en la localidad de Cerro Azul.....	55
Tabla 23. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los dos genotipos de soja de ciclos cortos en la localidad Cerro Azul evaluados en 3 ciclos agrícolas.....	57
Tabla 24. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los seis genotipos de soja de ciclos intermedios en la localidad Cerro Azul evaluados en 3 ciclos agrícolas.....	58
Tabla 25. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6, GM y HC para los tres genotipos de soja de ciclos largos en la localidad Cerro Azul evaluados en 3 ciclos agrícolas.....	59
Tabla 26. Marcadores SNP y cromosoma al que pertenecen, utilizados para realizar el segundo estudio de estructura de la población de genotipos de soja.....	62
Tabla 27. Asociaciones entre las fases del ciclo en soja E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7, con los marcadores SNP y DArT analizados, para la localidad de Paraná	66
Tabla 28. Asociaciones entre las fases del ciclo de soja E-R1, R1-R3 y R3-R6, con los marcadores SNP y DArT analizados, para la localidad de Marcos Juárez.....	67
Tabla 29. Asociaciones entre las fases del ciclo de soja E-R1, R1-R3 y R3-R6, con los marcadores SNP y DArT analizados, para la localidad de Cerro Azul.....	67
Tabla 30. Procesos biológicos (GO) de los genes candidatos que coincidieron con los descriptos para los genes citados por la bibliografía.....	68

Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.....	111
Tabla II-1. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.....	124
Tabla II-2. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Marcos Juárez.....	143
Tabla II-3. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Cerro Azul.....	144
Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.....	145
Tabla III-2. Observaciones especiales de algunos genes candidatos, genotipos asociados y fase fenológica asociada.....	258
Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.....	263
Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.	321
Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.	327

Índice de Figuras

Figura 1. Temperaturas medias máximas, medias y mínimas mensuales para las localidades de Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Observatorios Agrometereológico del INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).....	34
Figura 2. Lluvias mensuales para las localidades de Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Observatorios Agrometereológico del INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).....	35
Figura 3. Fotoperíodo registrado en las localidades de Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Observatorios Agrometereológico del INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).....	36
Figura 4. Temperaturas medias mensuales de los ciclos agrícolas 2012-13, 2013-14, 2014-15, 2015-16 y 2016-17, la media histórica 1930- 2014 y el fotoperíodo promedio mensual en la localidad de Paraná.....	37
Figura 5. Lluvias mensuales de los ciclos agrícolas 2012-13, 2013-14, 2014-15, 2015-16 y 2016-17 y de la serie histórica 1930-2014 en la localidad de Paraná.	38
Figura 6. Temperaturas medias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2013-14 y la media histórica 1967- 2017 y el fotoperíodo promedio mensual en la localidad de Marcos Juárez.....	39
Figura 4. Lluvias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2013-14 y de la serie histórica 1967-2017 en la localidad de Marcos Juárez.....	40
Figura 8. Temperaturas medias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2012-13 y 2015-16, la media histórica 1967-2015 y el fotoperíodo promedio mensual en la localidad de Cerro Azul.....	41

Figura 9. Lluvias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2012-13, 2015-16 y de la serie histórica 1967-2015 en la localidad de Cerro Azul.....	42
Figura 10. Correlaciones entre las variables Ciclo (E-R8), E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7, en días termales, para la localidad de Paraná. Significancias.....	44
Figura 11. Método del codo hasta K=10 para el agrupamiento de los genotipos evaluados en Paraná, de la variable duración de ciclo.....	45
Figura 12. Correlaciones entre las variables Ciclo (E-R8), E-R1, R1-R3 y R3-R6, en días termales, para la localidad de Marcos Juárez. Significancias	50
Figura 13. Método del codo hasta K=10 para el agrupamiento de los genotipos evaluados en Marcos Juárez, de la variable duración de ciclo.....	51
Figura 14. Correlaciones entre las variables Ciclo (E-R8), E-R1, R1-R3 y R3-R6, en días termales, para la localidad de Cerro Azul. Significancias	56
Figura 15. Método del codo hasta K=10 para el agrupamiento de los genotipos evaluados en Cerro Azul, de la variable duración de ciclo.....	57
Figura 16. Análisis del nivel de estructuración a través de STRUCTURE HARVESTER con la información obtenida utilizando los marcadores SSR.....	60
Figura 17. Estructura poblacional para K=2 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SSR.....	61
Figura 18. Estructura poblacional para K=4 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SSR.....	61
Figura 19. Análisis del nivel de estructuración a través de STRUCTURE HARVESTER con la información obtenida utilizando los marcadores SNP.....	64

Figura 20. Estructura poblacional para K=2 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SNP.....	64
Figura 21. Estructura poblacional para K=3 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SNP.....	65
Figura 22. Distribución de las frecuencias de las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p y sus combinaciones para cada cromosoma.....	71

Abreviaturas

a.c.	Antes de Cristo
ADN	Ácido dexoxirubonucleico
Ambiente>Rep	Repeticiones anidadas por ambiente
AMMI	Additive main effects and multiplicative interaction
CA	Cerro Azul
cM	Centimorgan
CM	Cuadrado medio
CP	Componentes principales
Crom.	Cromosoma
DArT	Diversity Arrays Technology
EEA	Estación Experimental Agropecuaria
Enp	Endopeptidaza
E-R1	Periodo desde emergencia a inicio de floración
E-R1c	Periodo desde emergencia a inicio de floración corto
F	Valor F
FE	Fecha de emergencia
FS	Fecha de siembra
FT	Flowering Locus T
G x A	Interacción genotipo por ambiente
GO	Gene Ontology
GI	Gigantea
GL	Grupo de ligamiento
gl	Grados de libertad
GM	Grupo de Madurez
HC	Hábito de crecimiento
HRM	High Resolution Melting
INTA	Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
Kb	Kilobase
m	Metro
MJ	Marcos Juárez
m.s.n.m	Metros sobre el nivel del mar
Mha	Millones de hectáreas
MLM	Modelo Lineal Mixto
mm	Milímetros
Mpb	Millones de pares de bases
Mt	Millones de toneladas
PBI	Producto Bruto Interno

PCR	Polymerase chain reaction
Pná	Paraná
p-valor	Valor P
QTL	Quantitative trait loci
QTN	Quantitative trait nucleotide
r	Coefficiente de Correlación
R1	Inicio de floración
R1-R3	Fase desde inicio de floración a inicio de fructificación
R1-R3p	Fase desde inicio de floración a inicio de fructificación prolongado
R3-R6	Fase desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos
R3-R6p	Fase desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos prolongado
R3-R7	Fase desde inicio de fructificación a madurez fisiológica
R3-R7p	Fase desde inicio de fructificación a madurez fisiológica prolongada
SC	Suma de cuadrados
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
SSR	Simple Sequence Repeats
Sup.	Superficie
t	Tonelada
T	Temperatura media diaria
h ha ⁻¹	Toneladas por hectárea
Tb	Temperatura base
Tm	Temperatura máxima
To1	Temperatura óptima más baja
To2	Temperatura óptima más alta

IDENTIFICACIÓN DE GENES Y/O ALELOS QUE DETERMINAN EL TIEMPO A FLORACIÓN Y LA LONGITUD DE DISTINTAS FASES DEL PERIODO REPRODUCTIVO EN SOJA A TRAVÉS DE MAPEO ASOCIATIVO

RESUMEN

La soja es una planta anual con respuesta cuantitativa a días cortos, ampliamente cultivada en el mundo y uno de los principales cultivos en la Argentina por sus múltiples usos. En los últimos años el cambio climático ha condicionado la producción y estabilidad de los cultivos, principalmente por eventos transitorios de estrés hídrico y/o térmico. En este sentido, estudios previos sugieren que la adaptación a estos cambios, puede lograrse modificando el tiempo a floración y prolongando el período reproductivo y que existen en grupos de genotipos con igual duración de ciclo, algunos que se destacan con periodos reproductivos y/o sus diferentes fases prolongadas y con mayor estabilidad de rendimiento. Con el objetivo de identificar marcadores moleculares y genes asociados a diferentes longitudes de la fase días a floración y diferentes fases del periodo reproductivo en germoplasma de soja mediante el uso de mapeo asociativo, se utilizó un set de 94 genotipos de soja compuesto por cultivares y líneas experimentales de Argentina y germoplasma exótico, con diferente duración de ciclo y características agronómicas. Los ensayos se realizaron en condiciones de campo, en tres localidades y seis ciclos agrícolas. Los genotipos se agruparon de acuerdo a su duración de ciclo (Ciclo) y se estudiaron las variables días a floración (E-R1) y las fases desde inicio de floración a inicio de fructificación (R1-R3), días desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos (R3-R6) y días desde inicio de fructificación a madurez fisiológica (R3-R7). Se seleccionaron los genotipos con E-R1 cortos (E-R1c) y R1-R3, R3-R6p y R3-R7 prolongados (R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p). Se determinó la estructura poblacional con 14 marcadores SSR y se realizó una genotipificación a alta escala con marcadores DarTs y SNPs para identificar genes candidatos por mapeo asociativo. La búsqueda de genes candidatos se realizó en los genotipos que se seleccionaron por presentar E-R1c, R1-R3p, R3-R6p o R3-R7p o una combinación de éstas. Luego se seleccionaron los genes con procesos biológicos o anotaciones Gene Ontology (GO) coincidentes con genes descriptos previamente asociados a floración y

periodo reproductivo en soja y *A. thaliana*, así como genes con distinta función, pero conteniendo marcadores asociados en su secuencia. Los resultados mostraron una importante variación fenotípica en la población estudiada, incluyendo la variación de los genotipos, los ambientes y su interacción significativas para Ciclo. Se agruparon los genotipos por Ciclo en cada localidad y se identificaron 37, 19 y 5 genotipos en Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul respectivamente, por poseer una o más de las características buscadas, cinco genotipos se destacaron por combinar E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p y dos por combinar E-R1c, R1-R3p y R3-R6p. Se analizaron 7125 SNPs y 6465 DArTs y la estructura de la población que mejor ajustó fue K=2, que correspondió al origen y al grado de mejoramiento que presentó el germoplasma. El rango de selección de genes candidatos fue de 100 Kb a ambos lados de cada marcador seleccionado. Para un total de 209 marcadores seleccionados por estar asociados a E-R1c y/o R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p, se identificaron 1252 genes candidatos que poseían GO iguales a los de los genes descritos en estudios previos asociados a floración y periodo reproductivo, de los cuales 11 genes ya habían sido citados previamente y 31 genes contenían el marcador en su secuencia. Por otro lado, se identificaron 45 genes conteniendo los marcadores, con distinto GO a los descritos en la bibliografía, de los cuales 3 estaban asociados a crecimiento, desarrollo y cambio de fases fenológicas. La separación del periodo reproductivo en fases permitió detectar variabilidad a lo largo del periodo reproductivo. Los genes candidatos se asociaron en forma individual o en diferentes combinaciones con las fases estudiadas y con los marcadores. Se comprobó la existencia dentro de germoplasma con similar Ciclo, de genotipos con floraciones anticipadas y fases prolongadas del periodo reproductivo que resulta de alto interés y puede ser explotada. Del gran número de genes identificados, 95 podrían seleccionarse para su validación y posterior estudio, lo que permitiría incorporarlos como herramienta en los programas de mejoramiento para acelerar la selección en busca de genotipos con estas características.

Palabras claves: Soja, mapeo de asociación, fases del periodo reproductivo, floración.

IDENTIFICATION OF GENES AND/ OR ALLELES THAT DETERMINE THE TIME TO FLOWERING AND THE LENGTH OF DIFFERENT PHASES OF THE REPRODUCTIVE PERIOD IN SOYBEAN THROUGH ASSOCIATION MAPPING

ABSTRACT

Soybean is widely cultivated in the world and one of the main crops in Argentina. In recent years, climate change has conditioned crop production and stability, mainly due to temporal stress. Adaptation can be achieved by modifying flowering time and lengthening the reproductive period. With the aim of identifying molecular markers and genes associated with different lengths of days to flowering and in reproductive period phases through the use of association mapping, a set of 94 soybeans was used. The trials were carried out under field conditions, at three locations and six years. The genotypes were grouped according to their duration cycle (Cycle) and the following variables were analyzed: days from emergence to beginning bloom (E-R1), days from beginning bloom to beginning pod (R1-R3) days from beginning pod to full seed (R3-R6) and days from beginning pod to physiological maturity (R3-R7), selecting the genotypes with short E-R1 (E-R1c) and prolonged R1-R3, R3-R6 and R3-R7 (R1-R3p, R3-R6p and R3-R7p). Significant variation of the genotypes, the environments and their interaction for Cycle was observed. Genotypes were grouped by Cycle in each locality and 61 genotypes were identified with 1 or more of the traits sought. For the association mapping 7125 SNPs and 6465 DArTs were analyzed and the population structure determined with 14 SSR markers that best adjusted was $K = 2$. Candidate genes were selected in a range of 100 Kb at both sides of a selected marker. For a total of 209 markers associated with E-R1c, R1-R3p, R3-R6p and R3-R7p, 1252 candidate genes were identified, being only 11 of them previously cited. Splitting the reproductive period in different phases allowed the detection of variability through it. Candidate genes were associated individually or in different combinations with the traits and with the markers. It was verified the existence of genotypes with early blooms and or prolonged phases of the reproductive periods within germplasm with similar Cycle. Of the large number of genes identified, 95 could be selected for validation and subsequent

study, which would allow their incorporation as a tool in breeding programs to accelerate the selection in search of genotypes with these characteristics.

Key words: Soybean, association mapping, reproductive stage phases, flowering.

INTRODUCCIÓN

ORIGEN DE LA SOJA, DISTRIBUCIÓN E IMPORTANCIA

La soja es una planta anual ampliamente cultivada en el mundo. Originaria del sureste asiático, pertenece al género *Glycine* dentro de la Familia *Fabaceae* o *Leguminosae*. Este género se divide en 2 subgéneros: *Glycine* (con especies perennes) y *Soja* (Moench) F. J. Herm. (con especies anuales). El subgénero *Soja* incluye la soja cultivable *Glycine max* (L.) Merr. y la soja silvestre anual *Glycine soja* Sieb. & Zucc. (Pathan and Sleper, 2008).

La soja posee un genoma haploide de 1100 millones de pares de bases (Mpb). Ambas sojas, cultivable y silvestre, son paleopoliploides, $2n = 40$ con un número base de cromosomas de 20 y perfectamente compatibles entre cruzamientos (Hymowitz, 2004). Posee aproximadamente el 35 % del genoma diploidizado (Shultz *et al.*, 2006) y dos momentos de poliploidización o duplicación transcurrieron en su evolución como especie (Shomeaker *et al.*, 1996).

Existen unas 17 000 accesiones de *Glycine max*, distribuidas en bancos de germoplasma en 70 países, de los cuales, China posee la mayor colección con cerca de 26 000, seguida por Estados Unidos con 19 000 accesiones (Pathan and Sleper, 2008).

Se estima que la soja surgió como especie domesticada en China aproximadamente en el 1500 a 1100 a.c. (Hymowitz, 2004) o incluso mucho antes, entre 6000 a 9000 años atrás (Sedivy *et al.*, 2017). Inicialmente se distribuyó desde China a los diferentes países asiáticos. Esto permitió un proceso de domesticación múltiple a través de eventos o esfuerzos independientes en las regiones de China, Japón y Corea. Sedivy *et al.* (2017) fundamentan esta domesticación en eventos independientes debido a diferencias significativas en accesiones de estas regiones, en cuanto a sus grupos genéticos, en sus cloroplastos y genomas nucleares.

Recién en 1737 se la conoció en Europa y entre 1765 a 1855 se hicieron las primeras introducciones en Estados Unidos (Hymowitz, 2004). Luego, mediante cruzamientos dirigidos y selección, se lograron los primeros cultivares mejorados hacia inicios de 1947 (Hyten *et al.*, 2007).

En Brasil se introdujo en 1882, pero su difusión se inició a principios del siglo 20 (Salines, 1997) y a partir de la década del 30 se empezó a investigar el cultivo y a realizar ensayos comparativos de rendimiento (Miyasaka y Medina, 1981).

En Argentina, las primeras plantaciones fueron en 1862. En 1909 se comenzó a ensayar en distintas escuelas agrícolas y entre 1912 y 1920 se realizaron los primeros ensayos comparativos de rendimiento de cultivares introducidos en Córdoba. En la década del 80 empezaron a surgir los primeros cultivares de soja desarrollados en Argentina, tanto de empresas privadas como de entidades públicas como el INTA, que comenzó con su programa de mejoramiento en 1978 (Salines, 1997).

El interés en la soja surge debido a sus múltiples usos. En el Este asiático se la ha utilizado principalmente en alimentación humana y en forma tradicional para la preparación de tofu, brotes de soja, pasta de soja y salsa de soja. Además, se la utiliza en alimentación animal y en diversos usos industriales como la fabricación de adhesivos, plásticos, pinturas, detergente, jabón, pegamentos, lecitina, derivados de la harina con alto contenido de proteínas, aceite y derivados y biocombustibles (Liu, 2004; ASSAGA, 2002).

La soja se destaca por su capacidad de fijar nitrógeno atmosférico en simbiosis con bacterias del suelo, que la hacen una excelente opción para la rotación de cultivos, se adapta a un amplio rango de suelos y climas y produce más proteína comestible por unidad de superficie que cualquier otro cultivo. En base seca, su grano se compone con un 40 % de proteína, 20 % de aceite, 35 % de carbohidratos y 5 % de cenizas aproximadamente (Liu, 2004).

Las semillas de soja poseen proteínas y aceites de alta calidad. El aceite contiene una alta concentración de ácidos grasos insaturados, incluyendo oleico, linoleico y linolénico, siendo los dos últimos esenciales para los humanos. Las proteínas contienen todos los aminoácidos esenciales, la mayoría presente en cantidades cercanas a las requeridas para humanos y animales. Además, se la considera un alimento funcional, ya que su consumo regular puede ayudar a reducir enfermedades cardiovasculares, diabetes, hipertensión, prevenir cáncer de mama y próstata, reducir síntomas de la osteoporosis, arterioesclerosis, mejorar la memoria y aliviar síntomas de

menospausia. Esto es debido a su contenido en isoflavonas, tocoferoles, lecitina, saponina, oligosacáridos e inhibidores de tripsina (Liu, 2004).

ÁREA SEMBRADA Y PRODUCCIÓN EN EL MUNDO E IMPORTANCIA EN LA ARGENTINA

Dentro de la producción de granos a nivel mundial y para el ciclo agrícola 2018-19, la soja ocupó el cuarto lugar después del maíz, el trigo y el arroz al igual que en superficie cultivada (Tabla 1) según el Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA, 2020a, b). Y como semilla oleaginosa, se destacó con el primer lugar en superficie sembrada y producción, seguida de colza, girasol, maní y semilla de algodón.

Tabla 1. Producción mundial de los principales cultivos de granos, ciclo agrícola 2018-19.

Cultivo	Área mundial	Rendimiento	Producción
	Mha	t ha ⁻¹	Mt ha ⁻¹
Maíz	191,67	5,89	1122,46
Trigo	215,48	3,39	731,45
Arroz	162,67	4,58	499,16
Soja	125,49	2,85	358,28
Cebada	48,06	2,89	138,70
colza	36,59	1,98	72,37
Girasol	25,94	1,95	50,55
Maní	27,84	1,68	46,75
Algodón semilla	32,89	1,32	43,26

Fuente USDA (2020a, b). Mha: millones de hectáreas; Mt: millones de toneladas.

Entre los países productores, Argentina ocupó el tercer lugar en volumen de producción y en superficie sembrada, después de Estados Unidos y Brasil (Tabla 2).

Tabla 2. Principales países productores de soja a nivel mundial, ciclo agrícola 2018-19.

Cultivo	Área sembrada	Rendimiento	Producción
	Mha	t ha ⁻¹	Mt ha ⁻¹
Estados Unidos	36,24	3,40	120,52
Brasil	35,90	3,26	117,00
Argentina	16,60	3,33	55,30
India	11,33	0,96	10,93
China	8,41	1,90	15,97

Fuente USDA (2020b). Mha: millones de hectáreas; Mt: millones de toneladas.

Y para el mismo ciclo agrícola, la soja fue el principal cultivo en superficie sembrada y en producción en la Argentina, seguido del maíz, el trigo y el girasol (Tabla 3).

Tabla 3. Principales cultivos de granos en Argentina, ciclo agrícola 2018-19.

Cultivo	Área	Rendimiento	Producción
	Mha	t ha ⁻¹	toneladas
Soja	16,60	3,33	55 300 000
Maíz	6,10	8,36	51 000 000
Trigo	6,05	3,22	19 500 000
Girasol	1,88	2,04	3 830 000

Fuente USDA (2020b); MAGYP (2020). Mha: millones de hectáreas.

En 15 provincias se siembra soja, destacándose Buenos Aires, Córdoba, Santa Fe y Entre Ríos con las mayores superficies sembradas y con las mayores producciones (Tabla 4).

Luego de la cosecha, la producción de soja se destina para su uso interno y para exportación como grano, harina y/o aceite. En exportación, Argentina ocupó el primer lugar para harina y aceite de soja, seguida por Brasil, Estados Unidos y Paraguay en el ciclo agrícola 2018-19 (Tabla 5).

Tabla 4. Producción y superficie sembrada de soja en las diferentes provincias de la Argentina. Ciclo Agrícola 2018-19.

Provincia	Sup. Sembrada	Producción
	ha	t
Buenos Aires	5 542 393	17 667 049
Córdoba	4 454 424	15 355 555
Santa Fe	2 838 202	10 520 091
Entre Ríos	1 177 700	3 252 276
Santiago del Estero	1 028 772	3 142 543
La Pampa	484 600	1 583 251
Salta	439 512	1 186 684
Chaco	466 994	1 038 828
San Luis	308 500	668 660
Tucumán	185 900	607 826
Catamarca	42 100	135 800
Formosa	25 000	60 500
Jujuy	7240	20 272
Corrientes	5190	13 712
Misiones	3750	10 844

Fuente: Magyp (2020).

Tabla 5. Exportación mundial de grano, harina y aceite de soja, ciclo agrícola 2018-19.

País	Grano	Harina	Aceite
	Mt	Mt	Mt
Brasil	74,947	15,977	1,079
Estados Unidos	47,564	12,296	0,881
Argentina	9,103	28,832	5,261
Paraguay	5,500	2,550	0,710

Fuente USDA (2020a). Mt: millones de toneladas.

La soja es un cultivo importante para nuestro país por su generación de divisas y empleos a lo largo de toda la cadena de agronegocios. Una estimación en 2016, menciona que estaban relacionados casi 400 000 empleos a su cultivo, procesamiento y comercialización, con un movimiento económico de 27 646 millones de dólares, lo que es equivalente al 3,2 % del PBI en 2014-15 (Senesi *et al.*, 2016).

La expansión en superficie sembrada de soja, que se fue dando en el país desde la década del 80, y con un gran salto en los 90, se podría relacionar a la introducción de la soja transgénica, el incremento de la siembra directa, la adaptación del cultivo a varias regiones, el margen económico relativo favorable frente a otras producciones, mejoramiento en la estructura del transporte y reducción de costos en el sector de exportación, el incremento de la demanda mundial y a mayores precios del grano y los subproductos (Rossi, 2005). Sumado a esto, Argentina cuenta con un fuerte complejo de procesamiento e industrialización. Posee unas 50 plantas procesadoras de soja para obtener aceite y harina, que en 2015 alcanzó una capacidad de molienda total de 189 000 t día⁻¹. Estas plantas procesadoras están ubicadas en zonas rurales y en zonas cercanas a los centros de embarque (Vilella *et al.*, 2010; Senesi *et al.*, 2016).

LA SOJA Y EL CAMBIO CLIMÁTICO

El incremento de la producción y la estabilidad de los rendimientos en soja son desafíos necesarios para sostener la demanda futura del cultivo y deben ser considerados ante los cambios climáticos que se vienen dando en los últimos años, asociados según Nellemann *et al.* (2006) a pérdidas de rendimiento.

Existen antecedentes que indican que tanto la agricultura de precisión (Cassman, 1999; Wang, 2001; Mondal y Basu, 2009) como el mejoramiento genético (Tester y Landridge, 2010; Ceccarelli *et al.*, 2010; Jaradat, 2016) podrían reducir estas pérdidas de rendimiento por superficie de forma sostenible y sustentable. En este sentido la adaptación a cambios moderados en el clima, y de carácter transitorios, puede ser lograda seleccionando cultivares con periodos de floración y duración del ciclo apropiados (Craufurd y Wheeler, 2009) ya que el desarrollo fenológico de los cultivos se considera el carácter varietal más importante de adaptación a ambientes con problemas de deficiencias hídricas (Sadras *et al.*, 2002). La plasticidad de la floración en un cultivo es muy útil, principalmente en ambientes donde la disponibilidad de agua en este periodo es incierta o variable, esto se debe a que la fructificación puede ocurrir en periodos más favorables (Ludlow y Muchow, 1990). Por lo que es muy importante estudiar y conocer los estadios fenológicos de los

cultivos. Para el caso del cultivo de soja, la escala más utilizada que describe los principales estadios fenológicos externos es la de Fehr and Caviness (1977) (Tabla 6).

Tabla 6. Estados fenológicos del cultivo de soja según la escala de Fehr and Caviness (1977), extraída de Kantolic *et al.* (2004).

Estados vegetativos			Estados reproductivos		
Estado	Denominación	Descripción	Estado	Denominación	Descripción
VE	Emergencia	Cotiledones sobre la superficie del suelo.	R1	Comienzo de floración	Una flor abierta en cualquier nudo del tallo principal.
VC	Cotiledonar	Los bordes de las hojas unifoliadas no se tocan; cotiledones desplegados.	R2	Plena floración	Una flora abierta en alguno de los dos nudos superiores del tallo principal con una hoja totalmente desarrollada.
V1	Un nudo	Hojas unifoliadas desarrolladas; en la primera hoja trifoliada los bordes de los folíolos no se tocan	R3	Comienzo de fructificación	Una vaina de 5 mm de largo en alguno de los cuatro nudos superiores del tallo principal con una hoja totalmente desarrollada.
V2	Dos nudos	Primera hoja trifoliada totalmente desarrollada	R4	Plena fructificación	Una vaina de 2 cm de largo en alguno de los cuatro nudos superiores del tallo principal con una hoja totalmente desarrollada. La cavidad de la vaina en la que desarrollará cada semilla se encuentra recubierta por una membrana.
V3	Tres nudos	Hojas unifoliadas y dos trifoliadas totalmente desarrolladas	R5	Comienzo de llenado de granos	Semilla de 3 mm de largo en una vaina en alguno de los cuatro nudos superiores del tallo principal con una hoja totalmente desarrollada.
...			R6	Máximo llenado de granos	Una vaina contiene una semilla que ocupa toda la cavidad, en alguno de los cuatro nudos superiores del tallo principal.
...			R7	Comienzo de madurez	Una vaina normal ubicada en el tallo principal ha alcanzado su color de madurez.
Vn	n nudos	n nudos con hojas totalmente desarrolladas	R8	Plena madurez	Un 95% de las vainas han alcanzado su color típico de madurez.

El rendimiento en general para todos los cultivos de granos resulta de dos componentes, el primero constituido por el número de granos por unidad de área, que puede dividirse en el caso de soja en subcomponentes como número de nudos por unidad de área, número de vainas por nudo y número de granos por vaina. El otro componente es el peso de los granos (Kantolic *et al.*, 2004).

Estos componentes se definen en el periodo crítico. Según Sadras *et al.*, (2002), el periodo crítico en soja para la determinación del rendimiento, está comprendido entre R3-R4 hasta R6. Según los autores, un estrés en este periodo y más específicamente entre R4.5 y R5.5, podría producir que vainas y semillas pequeñas aborten y como la floración se completa, tendría un efecto directo sobre el rendimiento. Si el estrés se ubica entre R6 y R6.5 podría provocar una disminución en el peso de los granos y luego de R6.5 hasta R7 los efectos serían de menor magnitud debido a que las semillas habrían alcanzado casi su peso seco final.

Existen diversos trabajos que han estudiado el efecto del estrés hídrico y el riego durante el periodo reproductivo de soja. Ashley and Ettridge (1978) en un trabajo que se realizó durante 3 años, estudiaron el efecto del riego en el desarrollo vegetativo y reproductivo de cultivares de soja, y observaron que comenzar el riego al inicio del periodo reproductivo tuvo poco efecto en el peso seco de la planta, pero sí se producía un aumento del número de vainas y del rendimiento, respecto al tratamiento sin riego. Brown *et al.* (1985) estudiaron la respuesta a déficits hídricos iniciados en los estadios R2 y R4 durante dos años y en cuatro genotipos de soja. Ellos pudieron observar que tanto el estrés a partir de R2 como a partir de R4, producía una reducción significativa del rendimiento, afectando negativamente el peso de los granos y el número de los mismos, observando el mayor efecto si el estrés se iniciaba a partir de R4. Doss *et al.* (1974), estudiaron el efecto del estrés hídrico en varios estadios de crecimiento sobre el rendimiento en soja, y observaron que la reducción del rendimiento dependía tanto del momento en que iniciaba el periodo de estrés como en su duración. El rendimiento en cierta proporción se reducía de acuerdo al año considerado si el estrés ocurría durante el periodo de floración o al inicio del llenado de vainas, pero cuando el estrés se manifestaba hacia finales del llenado de granos, el efecto sobre el rendimiento se verificaba en todos los años. Andreani *et al.* (1991), estudiando los efectos de déficit hídricos transitorios durante distintas fases del periodo reproductivo, observaron que, en la fase desde R1 hasta R4, el número de vainas por unidad de superficie se veía disminuido ante un estrés hídrico en una menor magnitud,

respecto a si el estrés se presentaba entre R4 hasta pleno llenado de granos (R6). Esto lo atribuyeron a la mayor plasticidad de la planta en R1-R4 para la formación de nuevas flores y frutos y la generación de semillas más pesadas.

También han sido evaluados distintos tipos de manejo, frente a la ocurrencia de estrés transitorio. Di Mauro *et al.* (2018), evaluaron en dos ambientes contrastantes en disponibilidad de agua, dos tipos de manejo que los definieron como de potencial de rendimiento y de tolerancia al estrés, y que diferían en la densidad de siembra, espaciamiento entre surcos y en genotipos. No observaron una opción de manejo que se mostrara mejor ante las condiciones de estrés hídrico con las que se trabajó. De acuerdo a sus resultados, proponen que la densidad de siembra, el espaciamiento entre surcos y la selección de genotipos, podrían ubicarse en un orden jerárquico secundario para hacer frente a distintos escenarios climáticos. Juntos con el uso de pronósticos climáticos y una adecuada fecha de siembra, serían herramientas que permitirían un adecuado desarrollo del cultivo, coincidiendo el periodo crítico donde se define el rendimiento del cultivo, con un mejor balance de agua.

Dentro de las estrategias que podrían intervenir ante un estrés transitorio, se menciona el hábito de crecimiento indeterminado que prolongaría el periodo reproductivo. Este tipo de crecimiento permitiría mantener el número de ramas, nudos, flores y frutos dando cierta estabilidad a los genotipos. Ludlow and Muchow (1990) y Sadras *et al.* (2002), mencionan que la floración indeterminada y prolongada en los cultivos podría compensar la pérdida de flores y frutos causados por un estrés transitorio, permitiendo coincidir la fructificación con periodos favorables sin estrés. En soja, Asumadu *et al.* (1998) pudieron observar que se lograban incrementos en la duración de la floración combinando genotipos conocidos con diferentes ambientes (específicamente considerando cambios en el fotoperiodo) y que una mayor duración de la floración se asociaba a un incremento de biomasa y rendimiento en grano en madurez de cosecha. Además, Kantolic *et al.* (2001, 2005, 2007) en diferentes estudios en sojas indeterminadas extendiendo el fotoperiodo desde R3 (inicio de fructificación), pudieron observar que se producía una mayor duración de la fase R3-R6, siendo la respuesta variable entre genotipos, y que en general se promovía una mayor producción de nudos, correspondiéndose con incrementos en el número de vainas y semillas. El peso promedio de las semillas tendió a reducirse, y no hubo cambios consistentes en el número de

semillas por vaina. La respuesta a la extensión del fotoperiodo de la fase R6-R7 no fue clara y fue mucho más variable. Siguiendo con este tipo de estudios, Nico *et al.*, (2015) fundamentaron que la mayor biomasa producida como el mayor número de nudos, vainas y granos que se obtenían al prolongar el periodo reproductivo en soja, modificando el fotoperiodo postfloración, se deberían a un incremento de la radiación fotosintéticamente acumulada y a un alivio en la interferencia intranodal.

Por otra parte, diferentes estrategias fisiológicas importantes pueden ser asociadas al periodo reproductivo en soja y sus fases y al número final de granos. Rotundo *et al.* (2012), trabajando en Argentina en una localidad con 25 cultivares de los GM IV y V y en 2 años, y en dos localidades en Estados Unidos con 61 cultivares de los GM II y III en un año, estudiaron los procesos fisiológicos asociados al número de semillas en soja. Estos procesos fueron acumulación de biomasa (como tasa de crecimiento, $\text{g m}^{-2} \text{d}^{-1}$ de la fase R1-R5), su partición a las estructuras reproductivas (como el cociente entre el peso seco de vainas y semillas en R5 y la biomasa acumulada entre R1-R5) y la eficiencia para proveer de asimilados a las semillas durante R1-R5 (proporción entre número de semillas y el peso seco de vainas y semillas en R5). Pudieron observar que en general, la variación del rendimiento estaba asociada a diferencias en el número de semillas por unidad de área y no a las diferencias en el peso seco de los granos. Otro resultado general que obtuvieron fue que, la variación en el número de semillas estuvo correlacionada positivamente con la tasa de crecimiento en el periodo R1-R5 y con la eficiencia para proveer de asimilados a las semillas durante R1-R5 y no observaron una relación con la duración de R1-R5 o con el coeficiente de partición en dicha fase. Otra observación de los autores fue que, en los genotipos con mayor rendimiento, las combinaciones distintas de estas variables fisiológicas y de la duración de R1-R5 generaban un alto número de semillas por unidad de área.

RESPUESTA DE LA SOJA AL AMBIENTE

La soja tiene una respuesta fotoperiódica cuantitativa a días cortos. Esto significa que la inducción floral en los meristemas se acelera a medida que se acorta el fotoperíodo, hasta hacerse mínima por debajo de una longitud crítica, dependiente del genotipo. El fotoperiodo se define como

las horas en que el sol se encuentra por encima del horizonte (tiempo denominado como heliofanía astronómica o duración del día) más los crepúsculos, definidos como “el tiempo en que el sol va desde 6° por debajo del horizonte hasta llegar a él” (Fernández-Long *et al.*, 2015). El periodo reproductivo (desde floración hasta madurez) responde principalmente, a la longitud del fotoperíodo y a la temperatura del ambiente, antes y después de la floración (Kantolic y Slafer, 2007, 2005, 2001; Han *et al.*, 2006; Sadras *et al.*, 2002). La respuesta a la temperatura (Upadhyay *et al.*, 1994; Cober *et al.*, 2001 y Cooper, 2003) podría deberse a mecanismos genéticos distintos a los asociados a la respuesta por la longitud del fotoperíodo. Otros autores también señalan que el efecto de la temperatura estaría asociado a una moderación de la tasa de crecimiento y desarrollo a través del ciclo de vida de la planta, influyendo en la fotosíntesis, respiración y arquitectura de la planta (Niessl *et al.*, 1995; Asumadu *et al.*, 1998; Kantolic y Slafer, 2001).

En Argentina los cultivares se clasifican por grupos de madurez (GM) de acuerdo al sistema americano en 13 grupos, del 000 al X. Dentro de cada GM las respuestas fotoperiódicas son similares en cuanto a sensibilidad fotoperiódica y fotoperíodo crítico, por lo que resulta clave su consideración para definir el área de adaptación de los cultivares. Se considera que, con fechas de siembra del mes de noviembre en su área de adaptación, un cultivar se comporta como de ciclo medio. Al sembrarlo en una latitud más al norte se comporta como de ciclo corto y más al sur como de ciclo largo (Baigorri *et al.*, 1997). Cultivares de 2 o 3 GM pueden compartir una misma zona de adaptación, donde estos pueden crecer y desarrollarse satisfactoriamente (Heatherly and Elmore, 2004).

En la actualidad se conocen 14 loci asociados al tiempo a floración y madurez en soja de acuerdo a la duración del fotoperíodo: *E1* y *E2* (Bernard, 1971), *E3* (Buzzell, 1971), *E4* (Buzzell y Voldeng, 1980), *E5* (Mc. Blain y Bernard, 1987), *E6* (Bonato y Vello, 1999), *E7* (Cober y Voldeng, 2001), *E8* (Cober *et al.*, 2010), *E9* (Kong *et al.*, 2014) y *E10* (Samanfar *et al.*, 2017). Para el carácter juvenil se conocen a *J* (Ray *et al.*, 1995) y 2 a 3 loci sin clasificación (Carpentieri-Pípulo *et al.*, 2000, 2002; Cober, 2011). Por otra parte, se han descrito hasta 348 QTLs asociados a floración, periodo reproductivo, llenado de semilla y madurez (Molnar *et al.*, 2003; Samanfar *et al.*, 2017; Watanabe *et al.*, 2012). Muchos de estos QTLs podrían ser específicos para diferentes poblaciones, debido a que se ubican en diferentes regiones genómicas, pero controlan los mismos caracteres

(Tasma *et al.*, 2001). Además, se han descrito 2 genes homólogos de *Arabidopsis thaliana* *FT2a* (*E9*) y *FT5a* como involucrados en el control de la floración en soja y la presencia de otros 8 genes *FT* con funciones aún no conocidas (Kong *et al.*, 2010).

En trabajos previos se ha determinado que el alelo dominante *E1* respecto a los recesivos *e1-nl*, *e1-fs* y *e1-as*, retrasa la floración entre 14,4 y 20 días en ensayos de campo y en condiciones controladas cuando se incrementan las horas de luz (Xia *et al.*, 2012; Bernard, 1971; Mc Blain *et al.*, 1987; Cober *et al.*, 1996; Xu *et al.*, 2013). *E1* está ligado a *E7* a una distancia de 6,2 cM, el cual retrasa 5 días la floración (Cober y Voldeng, 2001). Ambos genes se reportaron como asociados al locus *T* de color de pubescencia (Cober y Voldeng, 2001; Molnar *et al.*, 2003) y han sido localizados en el grupo de ligamiento (GL) C2, ligados a los marcadores microsatélites Satt277, Satt365 y Satt319 (Molnar *et al.*, 2003). Además, esta región del mapa de soja ha sido estudiada por otros investigadores por presentar genes relacionados a floración, madurez y sensibilidad al fotoperíodo en soja (Tasma *et al.*, 2001; Molnar *et al.*, 2003; Tasma *et al.*, 2011). El alelo *E1* (*Glyma.06G207800*) codifica para una proteína con una posible función de adhesión al ADN relacionada distantemente al dominio B3 y es parte de la vía del fitocromo A, donde controla 2 genes (*GmFT2a* o *E9* y *GMFT5a*) en forma coordinada (Xia *et al.*, 2012; Zhao *et al.*, 2016). El alelo *E2* (*GMGIa*, *Glyma.10G221500*), retrasa la floración cuando se incrementan las horas de luz y está localizado en la posición 136,3 cM del GL O (Shin and Lee, 2012; Cober *et al.*, 2010) ligado a los marcadores Satt581 y Satt331 (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>). Este gen ha sido reportado como ortólogo del gen *Gigantea* (*GI*), asociado a la floración en *Arabidopsis thaliana* (Huq *et al.*, 2000; watanabe *et al.*, 2011). El locus *E3* o *FT3* (*E3*, *e3-tr*, *e3-ns* y *e3-fs*) codifica la proteína GMPHYA3 del fotoreceptor fitocromo A (*Glyma.19G224200*) (Xu *et al.*, 2013; Shin and Lee, 2012; Watanabe *et al.*, 2009). El alelo dominante retrasa la floración en ensayos de campo en 5 días y determina también madurez tardía (15 días) cuando se incrementan las horas de luz por día (Buzzell, 1971; Mc Blain *et al.*, 1987; Cober *et al.*, 1996). Molnar *et al.*, (2003) localizaron este locus en el GL L, cerca del marcador Satt229, entre Satt099 y el extremo de este GL a 28,0 cM del locus *Dt1* de HC indeterminado (Cregan *et al.* 1999). El locus *E4*, correspondiente al gen *Glyma.20G090000*, cuenta con 5 variantes de alelos recesivos (*e4-SORE-1*, *e4-oto*, *e4-tsu*, *e4-kam* y *e4-kes*), está localizado en el GL I, ligado a distintos marcadores y al gen *Enp* que codifica para

la isoenzima endopeptidaza en el orden Satt239-Satt496-*E4-Enp*-Satt354 (Tsubokura *et al.*, 2013; Abe *et al.*, 2003; Molnar *et al.*, 2003). El alelo dominante determina un retraso en la floración cuando se incrementan las horas de luz por día y codifica para la proteína GMphyA2 del fitocromo A (Tsubokura *et al.*, 2013; Xu *et al.*, 2013). Existen pocos estudios sobre los loci *E5*, *E6* y *E8*. El alelo dominante *E5* produciría floración y madurez tardía respecto de su recesivo en fotoperíodos prolongados, y tendría un efecto similar a *E2* (Mc Blain y Bernard, 1987), pero su existencia es cuestionada por Dissanayaka *et al.* (2016). El locus *E6* solo se ha estudiado en cultivares de latitudes bajas o zonas tropicales y al contrario de los demás genes de la serie *E* mencionados, su alelo dominante involucra precocidad en floración y madurez (Bonato y Vello, 1999) al aumentar las horas de luz por día. El locus *E8*, fue mapeado en el GL C1 entre los marcadores Satt_404 y Satt136, y su alelo dominante retrasaría la floración y madurez en condiciones de fotoperiodos largos (Cober *et al.*, 2010). El alelo dominante del locus *E9*, al igual que el Locus *E6*, otorga precocidad, adelantando la floración 9 a 10 días y la madurez en 15 a 16 días en condiciones de días largos. Se ubica en el GL J (cromosoma 16) entre los marcadores Satt215 y Satt431 donde se localiza el gen candidato *GmFT2a*, *Glyma.16G150700* (Kong *et al.*, 2014; Zhao *et al.*, 2016). El locus *E10* determina un retraso en la madurez de 5 a 10 días respecto a su recesivo *e10* cuando los días se alargan. Se ubica en el GL A2 y posee como gen candidato a *FT4*, *Glyma.08G363100* (Samanfar *et al.*, 2016) que codifica para una proteína FLOWERING LOCUS T (FT).

Para el carácter “juvenil” el locus *J* con el alelo recesivo retrasaría la floración en unos 15 días aproximadamente (Ray *et al.*, 1995), la dominancia es prácticamente completa y está influenciado por el fondo genético de cada genotipo. Además, Carpentieri-Pípolo *et al.* (2000, 2002 y Cober (2011), describen 2 a 3 pares de genes, que al menos en 2 loci deberían estar en su forma recesiva para que se exprese este carácter. El locus *J* se ubica en el cromosoma 4 (GL C1) y corresponde al gen *Glyma.04G050200*, homólogo de *EARLY FLOWERING 3* de *Arabidopsis*, donde *J* promueve la floración temprana respecto de las 8 variantes de la forma recesiva *j1* a *j8*. Por un lado, *J* actúa en la supresión de la expresión de *E1* bajo condiciones inductivas de días cortos y por otro su expresión se ve suprimida bajo la acción combinada de *E3* y *E4* (Yue *et al.*, 2017; Lu *et al.*, 2017).

Los loci *E* otorgan sensibilidad diferencial al fotoperíodo y sus diferentes combinaciones alélicas permiten la adaptación de la soja a distintos ambientes (Kong *et al.*, 2014; Buzzell y Voldeng 1980; Mc Blain y Bernard, 1987; Cober *et al.*, 1996; Cober y Voldeng, 2001; Ray *et al.*, 1995). En cada caso el retraso en floración y madurez es parcialmente dominante, mientras que la floración y madurez tempranas son recesivas, excepto los loci *E6* y *J* observados en sojas tropicales y *E9* en sojas de latitudes altas de Japón (Bonato y Vello, 1999; Kong *et al.*, 2014; Ray *et al.*, 1995). *E1* otorga gran sensibilidad al fotoperíodo, mientras que *E2* y *E3* que no poseen efectos significativos por si solos, juntos poseen efecto comparable a *E1* (Upadhyay *et al.*, 1994). Luego de la floración, individualmente *E1*, *E2* y *E3* poseen poco efecto, sin embargo, la combinación de los genes *E1* y *E2* expresan epistasia, dando mayor sensibilidad al fotoperíodo desde la aparición de la primera hasta la última flor y de primera flor hasta madurez (Summerfield *et al.*, 1998). Por otro lado, plantas homocigotas para el alelo recesivo *e3*, necesitan la presencia del alelo recesivo *e4* para florecer en condiciones de días largos con relaciones de radiación rojo: rojo lejano bajas (Tsubokura *et al.*, 2013).

Estos genes también tienen efectos pleiotrópicos en otras características como rendimiento y altura (Samanfar *et al.*, 2016; Kong *et al.*, 2014).

Dos loci con dominancia parcial, uno con 3 alelos epistáticos (*Dt1*, *dt1*, *dt1-1*) y otro con dos alelos (*Dt2*, *dt2*), y sus posibles combinaciones, determinan el tipo de crecimiento de la planta (Bernard, 1972; Thompson *et al.*, 1997). Esto da como resultado genotipos con HC determinado, indeterminado o semideterminado, que poseen una distinta relación o yuxtaposición de sus desarrollos vegetativos y reproductivos (Fehr, 1993; Kantolic, 2008). Bernard (1972) observó en un trabajo que realizó con los cultivares Harosoy y Clark y sus isoclinas para HC, que genotipos con HC determinado comenzaban a florecer uno o dos días antes, dejaban de florecer 2 a 3 semanas antes que los genotipos de HC indeterminados, y presentaban menor número de nudos en el tallo principal y menor altura. Por su parte los genotipos de HC semideterminados obtuvieron valores intermedios. Luego Heatherly and Elmore (2004), mediante una revisión de trabajos sobre HC en soja, no encontraron una relación clara entre el HC y la longitud del periodo reproductivo. Posteriormente Tasma *et al.* (2011) y Samanfar *et al.* (2016) mencionan en sus trabajos que el gen *Dt1*, también afecta el tiempo a floración y madurez y se ubica en el GL L.

PERIODO REPRODUCTIVO EN SOJA

Específicamente para periodo reproductivo se cita que la presencia de los genes *E2*, *E3* y *E4* prolongan el periodo desde floración a madurez (Mc Blain *et al.*, 1987; Saindon *et al.*, 1989). Komatsu *et al.*, (2012) identificaron 2 QTLs asociados al periodo entre floración y madurez, *qDfm1* en el cromosoma 11 (GL B1) asociado al marcador Satt519 y Satt583 y en el cromosoma 10 (GLO) el QTL encontrado correspondía a *E2* entre Satt592 y Satt_038, e influenciaba tanto el periodo a floración como el de floración a madurez. *qDfm1* prolongaría en promedio 4,3 días y *E2* 3 días el periodo reproductivo en soja.

Cheng *et al.* (2011) en poblaciones F1, F2 y F3 de nueve cruzamientos, detectaron 6 QTLs asociados a periodos reproductivos desde floración a madurez fisiológica. *qRP-c-1*, *qRP-g-1*, *qRP-m-1*, *qRP-m-2*, *qRP-l-1* y *qRP-o-1* en los grupos de ligamiento C1, G, M, L y O. El QTL *qRP-c-1* podría estar ligado o ser *E8* y *qRP-l-1* a *E3* de acuerdo a su posición dentro de los grupos de ligamiento.

Cuando, Kim *et al.* (2012) buscaron en *G. max* y *G. soja* genes homólogos a los de *A. thaliana* asociados a las vías de floración dependiente del fotoperiodo, identificaron 118 genes involucrados en tiempo a floración, madurez de vainas, inicio de fructificación, periodo reproductivo y llenado de granos.

Xu *et al.*, (2013), trabajando en 2 ciclos agrícolas con 53 genotipos de soja con diferente sensibilidad al fotoperíodo, y regulando la longitud del día con luz artificial, pudieron observar que *E3* y *E4* estaban involucrados tanto en el control del tiempo a floración como en el crecimiento vegetativo y reproductivo luego de la misma, como maduración y terminación del tallo.

Nico *et al.* (2019), estudiando el efecto del fotoperíodo y de la sensibilidad fotoperiódica en los procesos que determinan el rendimiento en soja, observaron un efecto positivo de la sensibilidad fotoperiódica en postfloración, en isolíneas con diferente sensibilidad fotoperiódica que poseían los alelos dominantes *E2* y *E3* o con el fondo genético del cultivar Clark. Esta mayor sensibilidad fotoperiódica, junto a condiciones que promovieron un mayor fotoperiodo

postfloración, retrasaron el desarrollo del cultivo, que resultó en una captura mayor de radiación y en una mayor producción de nudos, asociados positivamente al rendimiento.

En cultivares comerciales argentinos y líneas experimentales se han detectado algunos genotipos que expresan períodos reproductivos más largos que el resto de los genotipos con similar longitud de ciclo (Kantolic and Slafer, 2001; Bernardi *et al.*, 2013; Sánchez, 2013) y algunos de estos genotipos han mostrado mayor estabilidad en ensayos comparativos de rendimiento (Murgio *com pers.*, 2012). Esta variabilidad en el periodo reproductivo dentro de un mismo GM también se ha observado en trabajos de investigadores en otros países (Jiang *et al.*, 2014; Liu *et al.*, 2017; Li *et al.*, 2017; Jiang *et al.*, 2019). Además, una floración más temprana sería una alternativa para prolongar el periodo reproductivo manteniendo una similar duración de ciclo. A su vez, como se mencionó anteriormente, se han identificado diferentes estrategias fisiológicas y sus combinaciones, en grupos de genotipos de similar ciclo de madurez y de alto rendimiento en Argentina y Estados Unidos, como la duración de R1-R5, la acumulación de biomasa, su partición a las estructuras reproductivas y la eficiencia para proveer de asimilados a las semillas, para lograr un alto número de semillas por unidad de área, principal componente del rendimiento (Rotundo *et al.* (2012).

El entendimiento de la composición genética de estos genotipos podría permitir a los programas de mejoramiento seleccionar directamente las combinaciones de genes más favorables.

MAPEO DE ASOCIACIÓN

Como una alternativa al mapeo tradicional biparental, el mapeo por asociación, explota los eventos de recombinación históricos a nivel poblacional (Nordborg y Tavare, 2002), ofreciendo tres ventajas: (1) incremento en la resolución de mapeo (explora todos los eventos de recombinación que han ocurrido en la historia de la evolución de la muestra, lo que permite obtener una mejor resolución con respecto al mapeo de familias biparentales) (Myles *et al.*, 2009) (2) reducción del tiempo de investigación (la variación natural que existe en el germoplasma

disponible puede ser utilizada directamente sin necesidad de realizar cruzamientos iniciales para generar poblaciones segregantes), y (3) hallazgo de un mayor número de alelos (Yu y Buckler, 2006).

En el mapeo de asociación se utilizan poblaciones no estructuradas, generalmente intraespecíficas, que son caracterizadas fenotípica y genotípicamente para detectar asociaciones estadísticas entre los polimorfismos genéticos y la variación del carácter heredable. Y el polimorfismo es detectado mediante inferencia estadística. La condición para detectar estas asociaciones es la asociación no aleatoria (desequilibrio de ligamiento) de la variación del carácter con el polimorfismo observado (Oraguzie *et al.*, 2007).

El desequilibrio de ligamiento se puede definir como la asociación no aleatoria de alelos en diferentes loci en un mismo cromosoma. Esta es, cuando un alelo en un locus se encuentra junto a un alelo específico en otro locus más frecuentemente de lo esperado, respecto a si ambos alelos recombinaran independientemente en una población. Pero esto no implica ligamiento automáticamente (Oraguzie *et al.*, 2007; Sorkheh *et al.*, 2008).

En el mapeo por asociación se estudia la variación poblacional para descubrir una asociación significativa entre un carácter y un gen o marcador molecular (Wang *et al.*, 2008). En general, puede clasificarse en dos categorías: (1) mapeo por asociación de genes candidatos, que relaciona polimorfismos en genes seleccionados como candidatos a controlar la variación fenotípica de caracteres específicos; y (2) mapeo por asociación de todo el genoma, que estudia la variación genética en todo el genoma para encontrar señales de asociación para varios caracteres complejos (Risch y Merikangas, 1996).

Las principales etapas de los estudios de asociación son: (1) selección de los individuos de la población, (2) determinación del nivel y la influencia de la estructura de la población, (3) fenotipado de la población para el carácter de interés, (4) genotipado de la población y (5) análisis de asociación entre genotipos y fenotipos (Ersoz *et al.*, 2007).

El éxito para el uso del análisis de asociación en plantas depende de la estructura de la población y las relaciones genéticas, las cuales pueden derivar en asociaciones espurias entre

marcador y carácter y consecuentemente dificultar la identificación de los loci que verdaderamente afectan el carácter en análisis (Ersoz *et al.*, 2007; Gupta *et al.*, 2005; Chan *et al.*, 2011).

Debido a la naturaleza autógama de la soja, es probable que haya un alto grado de parentesco en la población, que puede incrementar la probabilidad de encontrar asociaciones espurias entre marcador y carácter (Hyten *et al.*, 2007). Varias estrategias estadísticas han sido desarrolladas para tener en cuenta la estructura de la población y los parentescos. Una estrategia robusta de análisis es el uso de modelos lineales mixtos (MLM), que tienen en cuenta de manera simultánea los niveles múltiples de parentesco (Yu y Buckler, 2006).

Debido a que los marcadores SSR son multialélicos, reproducibles, basados en PCR y generalmente neutros, son estos los marcadores moleculares predominantes para determinar la estructura de la población a través del estudio de parentesco (Zhu *et al.*, 2008). Los marcadores SNPs son los usados preferencialmente para la detección de los genes de interés en los estudios de asociación (Rafalski, 2002).

Entre los programas utilizados para análisis de asociación, TASSEL es el más frecuentemente usado para el mapeo por asociación en plantas (Bradbury *et al.*, 2007) y el programa STRUCTURE es el más utilizado para estimar Q (estructura poblacional) (Pritchard *et al.*, 2000). TASSEL provee una función para estimar K (coeficiente de parentesco) desde un set de marcadores al azar con cobertura genómica. El método Q + K es implementado en TASSEL como un modelo lineal mixto (MLM).

$$y = X\beta + Zu + e$$

donde “y” es el vector de observaciones; “ β ” es un vector desconocido conteniendo efectos fijos incluyendo marcadores genéticos y estructura poblacional (Q); “u” es un vector desconocido de efectos genéticos aditivos aleatorios; “X” y “Z” son matrices conocidas; y “e” es el vector de efectos residuales.

Específicamente para soja, existen trabajos como el de Zhang *et al.* (2015) que estudiando 309 genotipos pudieron asociar días a floración, días a madurez y días desde floración a madurez con 27, 6 y 18 SNPs respectivamente, distribuidos en diferentes cromosomas utilizando mapeo de asociación. Liu *et al.* (2016) estudiando 146 genotipos, identificaron 19 QTLs distribuidos en 11 cromosomas asociados a días a floración, días desde floración a madurez y días a madurez. Mao *et al.* (2017), estudiaron una población de 91 cultivares de China y Estados Unidos, y el carácter tiempo a floración (R1) y lograron identificar 87 QTLs asociados. Con 235 cultivares de soja, Wang *et al.* (2018), realizaron un estudio de asociación de genoma amplio y detectaron 30 QTLs en 16 cromosomas asociados a tiempo a floración y madurez y algunos estuvieron asociados a los genes *E1*, *E2*, *E3* y *E4*. Recientemente Li *et al.* (2019) evaluando 278 genotipos de soja en tres localidades y dos años mediante un estudio de mapeo de asociación de genoma amplio, utilizando la tecnología SLAF-seq, pudieron identificar 37 SNPs distribuidos en 14 cromosomas. Estos SNPs estaban asociados a diferentes periodos reproductivos como días a inicio de floración, a plena floración, a inicio de fructificación, a plena fructificación, a inicio de llenado de granos y a pleno llenado de granos. Dentro de los genes candidatos no identificaron a los ya descritos y clonados *E1*, *E2*, *E3*, *E4*, *E9* y *J*, pero si identificaron 14 genes con el marcador dentro o cerca de QTLs conocidos y cinco de estos genes eran homólogos de *A. thaliana*, asociados a las distintas vías de promoción y/o represión de la floración.

De acuerdo a lo mencionado anteriormente, en genotipos de soja de similar ciclo de vida, es posible encontrar variación en distintas fases del periodo reproductivo. Asimismo, se han descrito diversos marcadores y genes candidatos asociados a diferentes fases del ciclo del cultivo, que luego de su confirmación en germoplasma de interés podrían utilizarse en programas de mejoramiento. Algo que también se puede mencionar es la existencia de variabilidad en los resultados de diferentes trabajos citados, y esto puede deberse principalmente al uso de poblaciones distintas en cada estudio, a las técnicas diversas de genotipado o estudios genéticos aplicados y al fenotipado en diferentes localidades y años, debido a que el ciclo del cultivo y sus fases, son caracteres complejos definidos por numerosos genes, algunos con mayor efecto que otros y que interactúan entre sí y con el ambiente. Además, aún no existen estudios con poblaciones compuestas, con genotipos desarrollados en Argentina, y que exploren la posible variabilidad

fenotípica y la asocien a nuevos marcadores y genes candidatos como también a los descritos en estudios previos.

Para aportar información en este último punto, se plantearon las siguientes hipótesis y objetivos:

HIPÓTESIS

- En una población de mapeo de asociación, compuesta en parte por genotipos desarrollados en Argentina y en parte por genotipos exóticos y que poseen distinta duración de ciclo, es posible detectar diferencias en la longitud del periodo a floración y en la longitud de diferentes fases en el periodo reproductivo, permitiendo agrupar los genotipos con similar longitud de ciclo.
- El uso de mapeo asociativo permitirá identificar los loci y/o alelos que determinan periodos cortos a floración y de diferentes fases más prolongadas dentro del periodo reproductivo entre genotipos con similar longitud de ciclo, y se los podrá asociar a la información sobre genes y Gene Ontology (GO) ya existente.

OBJETIVO GENERAL

Identificar marcadores moleculares y genes asociados a diferentes longitudes del período días a floración y de distintas fases del periodo reproductivo en germoplasma de soja.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar y analizar la existencia de diferencias en la longitud de distintas fases en periodos fenológicos en una población de mapeo de genotipos de soja, compuesta por genotipos argentinos y exóticos, agrupados por ciclo total similar.
- Estudiar y determinar la estructura del panel de mapeo e identificar marcadores moleculares asociados a las diferentes fases fenológicas estudiadas.
- Identificar genes candidatos, describir y analizar sus funciones biológicas o GO según información ya existente.

MATERIALES Y MÉTODOS

GERMOPLASMA

Para estudiar la longitud de distintos periodos fenológicos, se utilizó un set de 94 genotipos provenientes del banco de germoplasma de soja del INTA EEA Marcos Juárez. Estos eran cultivares comerciales desarrollados en Argentina por empresas privadas e instituciones públicas y líneas experimentales, y germoplasma exótico (cultivares y/o accesiones). El Banco de Germoplasma Público del INTA, tiene la potestad y la función de almacenar todo el germoplasma disponible en Argentina como parte de la soberanía genética, siempre que sea sin fines comerciales como así también de accesiones exóticas. Para seleccionar los genotipos del panel de mapeo, se buscaron genotipos de diferente origen geográfico y duración de ciclo, hábito de crecimiento y con distintas características agronómicas, maximizando de esta manera la diversidad de la población (Tabla 7). Un detalle de los genotipos con el origen, nombres completos, pedigree, grupo de madurez (GM), hábito de crecimiento (HC), características especiales, año de obtención y/o inscripción y las fuentes utilizadas para su descripción, se encuentran en el ANEXO I, Tabla I-1.

La distribución de los genotipos en las diferentes localidades se realizó considerando el grupo de madurez de cada uno y resultados de evaluaciones de fenología en años previos a los ensayos, realizados en las 3 localidades. Todos los genotipos cumplieron su ciclo en las localidades donde se sembraron, pero como se buscó detectar variabilidad en diferentes fases fenológicas más allá de la adaptación de los genotipos a las localidades, los grupos de madurez utilizados, no corresponden perfectamente a los recomendados para producción para las localidades de evaluación, siendo en algunos casos demasiado cortos o largos.

Los GM comprendieron del II al X, y dentro de las características especiales se pueden observar genotipos con granos con alto contenido de proteína, alto contenido de aceite, sin lipoxigenasa (triple nulo lipoxigenasa), sin inhibidores de tripsina Kunits, alto contenido de aminoácidos azufrados (metionina y cisteína), bajo contenido de ácido linolénico, sin lectinas y genotipos desarrollados para alimentos especiales como brotes de soja, edamame y tofu. Otras

características que presentan los genotipos son alto rendimiento, resistencia y/o tolerancia a chinches fitófagas e insectos, resistencia a roya asiática (*Phakopsora pachirhizi* Syd. & P. Syd.) y resistencia a podredumbre de raíz y del tallo (*Phytophthora sojae* Kauffman & Gerdeman).

Tabla 7. Genotipos de soja participantes de los ensayos para cada una de las 3 localidades.

N°	GM	Genotipo	Pná	MJ	CA	N°	GM	Genotipo	Pná	MJ	CA
1	VII	LAE9758803-B	√		√	48	IV	J040284		√	
2	VII	LAE9764703	√		√	49	VII	IAC100	√		
3	VII	LAE9962801	√		√	50	VIII	Kinoshita	√		√
4	VI	LAE9756701	√			51	V	Maria50	√		
5	VII	LAE9757504	√		√	52	V	MD70100	√		
6	VII	LAE9956204	√		√	53	IV	Mireya42		√	
7	IV	Moyayimame	√			54	III	NA3005		√	
8	VII	Tamba	√			55	III	NA3289		√	
9	VI	PI416937	√			56	V	NA5009	√		
10	III	A3770		√		57	V	NEM31,07	√		
11	VI	PROT12FCA	√			58	VI	Ocepar11	√		√
12	VI	LAE0690102	√			59	II	PI54608-1		√	
13	IV	A4613		√		60	V	PI71465		√	
14	VI	Fukuyutaka	√			61	VI	PI90768	√		√
15	V	A5409	√			62	IV	PI92689		√	
16	V	A5417	√			63	VI	PI123440	√		√
17	V	A5520	√			64	V	PI157440	√	√	
18	V	A5777	√			65	VI	NS6002	√		
19	V	A5901	√			66	VII	PI200492	√		√
20	VI	A6040	√			67	V	PI371611		√	
21	VI	A6126	√		√	68	IV	PI385942	√		√
22	VI	A6411	√			69	VIII	PI416819	√		√
23	VII	A7321	√		√	70	VII	PI417115			√
24	VIII	A8000			√	71	V	PI458256		√	
25	III	ACA360		√		72	X	PI459025	√		√
26	IV	ACA420		√		73	VIII	PI462312	√		√
27	VI	NattoKotsubu	√			74	III	PI542044		√	
28	V	ACA530	√			75	III	PI547875		√	
29	VI	Akishimore	√		√	76	III	PI547878		√	
30	V	ALIM1,57	√			77	III	PI547879		√	
31	IV	ALIM3,44		√		78	IV	PI548351		√	√
32	V	LAE0696358	√			79	VI	PI587880A	√		√
33	VI	BRM926600	√		√	80	VI	INTA Paraná 6200	√		
34	V	Champaqui5,4	√			81	VII	PI594754			√

Continuación **Tabla 7.** Genotipos de soja participantes de los ensayos para cada una de las 3 localidades.

N°	GM	Genotipo	Pná	MJ	CA	N°	GM	Genotipo	Pná	MJ	CA
35	V	Champaqui5,7	√		√	82	VIII	PI594756			√
36	VI	Davis	√		√	83	VII	PI594760B			√
37	II	DM2200	√			84	VIII	PI594766			√
38	III	DM3100	√			85	VII	PI594767B			√
39	IV	Enrei	√			86	V	RA514	√		√
40	VIII	Crockett	√			87	VI	RA605	√		√
41	IV	DM4600	√			88	V	INTA Paraná 5500	√		
42	IV	DM4670	√			89	III	SPS3900		√	
43	VII	Fainta760	√		√	90	III	TJ2037		√	
44	VII	FT-2			√	91	IV	TJ2049		√	
45	VIII	Himeshirazu	√		√	92	V	TJ2055	√		√
46	II	Harosoy	√	√		93	III	Williams82		√	
47	VI	J036074	√		√	94	VII	Yori1	√		√

GM: Grupo de Madurez; Pná: Paraná; MJ Marcos Juárez; CA: Cerro Azul.

FENOTIPADO

Los experimentos de campo se realizaron en Paraná (INTA EEA Paraná, 31° 50'48,13''S, 68 m.s.n.m.) sobre suelos argiudoles acucos serie Tezanos Pinto, en Marcos Juárez (INTA EEA Marcos Juárez, 32° 43'09,73''S, 100 m.s.n.m.) sobre suelos argiudoles típicos profundos de la Serie Marcos Juárez y en Cerro Azul (INTA EEA Cerro Azul, 27° 39'15,04''S, 283 m.s.n.m.) sobre suelos argiudoles típicos combinado con argiudoles líticos en manchones, Serie Medio.

Los ensayos de fenotipificación se realizaron en 6 ciclos agrícolas y tres localidades. Las siembras se realizaron en el mes de noviembre en Paraná y Marcos Juárez. En Cerro Azul solo en un ciclo agrícola 2011/12 la siembra fue en noviembre, en los ciclos agrícolas 2012/13 y 2015/16 la siembra se retrasó a los meses de diciembre y enero respectivamente, debido a condiciones climáticas imperantes y humedad del suelo (Tabla 8).

Tabla 8. Ciclo agrícola, fechas de siembra, emergencia y número de genotipos de soja evaluados en cada localidad.

Ciclo agrícola	Paraná			Marcos Juárez			Cerro Azul		
	FS	FE	Genotipos	FS	FE	Genotipos	FS	FE	Genotipos
2011/12	-	-	-	01/11/2011	19/11/2011	40	02/11/2011	08/11/2011	22
2012/13	27/11/2012	08/12/2012	48	-	-	-	14/12/2012	20/12/2012	38
2013/14	19/11/2013	26/11/2013	52	06/11/2013	24/11/2013	52	-	-	-
2014/15	24/11/2014	01/12/2014	48	-	-	-	-	-	-
2015/16	17/11/2015	22/11/2015	61	-	-	-	20/01/2016	26/01/2016	15
2016/17	23/11/2016	03/12/2016	61	-	-	-	-	-	-

-: no se realizó ensayo; FS: Fecha de siembra; FE: Fecha de emergencia.

Se sembró un surco por genotipo de 3 m de largo con una densidad de plantas de 9 a 10 por metro lineal, y los surcos se dispusieron de a pares distanciados a 0,52 m entre sí, 2 m entre pares y 3 m entre bloques para facilitar el registro de datos. Se trabajó con diseño en bloques completamente aleatorizado y 3 repeticiones.

La semilla se trató con curasemilla y se inoculó. Los ensayos se protegieron contra liebres con alambrado eléctrico perimetral y el control de malezas se realizó con herbicidas y en forma manual.

Las evaluaciones del estado fenológico se realizaron cada 2 a 3 días en 10 plantas por repetición y se registró fecha de emergencia, la evolución del ciclo vegetativo y reproductivo según Fehr y Caviness (1977) y de acuerdo a lo descrito por Zhang *et al.* (2015), Liu *et al.* (2016), Mao *et al.* (2017) y Wang *et al.* (2018). Se registraron los días a emergencia, V1, R1, R3, R5, R6 y R8 para todas las localidades, y en Paraná se incluyó el registro de los días a R7. La fecha de ocurrencia de cada estado fenológico se definió cuando el 50 % de las plantas alcanzaron la morfología descrita por la escala. Los datos luego fueron corregidos por la temperatura media diaria utilizando la función descrita por Piper *et al.*, (1996), quienes consideran que la tasa de desarrollo en un día t [D(t)] es una función de la temperatura:

$$\begin{array}{ll}
D(t) = 0 & \text{si } T < T_b \\
D(t) = (T - T_b) / (T_{o1} - T_b) & \text{si } T_b < T < T_{o1} \\
D(t) = 1 & \text{si } T_{o1} < T < T_{o2} \\
D(t) = (T_m - T) / (T_m - T_{o2}) & \text{si } T_{o2} < T < T_m \\
D(t) = 0 & \text{si } T > T_m
\end{array}$$

Donde T es la temperatura media diaria, T_b es la temperatura base por debajo de la cual no hay desarrollo, T_{o1} es temperatura óptima más baja, T_{o2} es temperatura óptima más alta y T_m es temperatura máxima por encima de la cual no hay desarrollo. Para el período entre emergencia a R5 se tomaron como temperaturas cardinales $T_b = 2,5$, $T_{o1} = 25$, $T_{o2} = 30$ y $T_m = 55$ °C y para el periodo desde R5 a R7 $T_b = -48$, $T_{o1} = 28$, $T_{o2} = 30$, $T_m = 55$ °C. Los días termales acumulados entre dos estados fenológicos, representan la duración corregida de la fase. Los datos de temperaturas diarias se obtuvieron de las estaciones agrometeorológicas de los INTA EEA Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Los datos de fotoperiodo se estimaron utilizando la planilla de cálculo de variables astronómicas VARAST 1.0 (Fernández-Long *et al.*, 2015).

La estimación de los días termales se realizó trabajando en forma individual la información registrada de cada genotipo y repetición por ciclo agrícola. Se trabajó en hojas de cálculo Excel, donde a la información diaria de temperaturas máximas, medias y mínimas de cada día por ciclo agrícola, se la relacionaba con la fenología registrada por genotipo y repetición observada en cada día, estimando mediante la ecuación descripta el valor de día termal y luego se realizó la sumatoria de los días termales de la duración de cada fase estudiada.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Se procedió a separar y analizar los datos por localidad debido a que estas compartían muy pocos genotipos entre sí.

Con el objeto de evaluar la estabilidad en la duración de ciclo, desde emergencia a madurez de cosecha, de los genotipos evaluados, se realizó un análisis de interacción genotipo ambiente

(AMMI) con la variable duración de ciclo en días (corregido por la temperatura media diaria), de los genotipos que al menos tuvieron 2 años de evaluación. Este método combina el análisis de varianza con el análisis de componentes principales (CP), donde el análisis de varianza permite estudiar los efectos principales de los genotipos y ambientes y los análisis de CP la interacción G x A la cual es tratada de forma multivariada para su interpretación (Crossa *et al.*, 1990).

Además, los genotipos participantes se agruparon mediante un análisis de conglomerados no jerárquico de K-means de acuerdo a su duración de ciclo (desde E hasta R8). La selección del número óptimo de grupos se realizó teniendo en cuenta el método del codo (Everitt and Hothorn, 2011), el cual es un método subjetivo que se basa en la construcción de una gráfica de la inercia aportada por el agrupamiento, en relación al número de grupos formados. En la misma, se debe definir visualmente el cambio marcado en la evolución de la inercia, se puede comprobar que en la gráfica llega un punto en el que un aumento de K no conlleva una reducción significativa de la distancia, este punto se llama “codo” e indica el número de clusters K que se debe tomar para el algoritmo de K-means.

Para estudiar la posible existencia de diferencias en la longitud del periodo reproductivo entre genotipos, en una primera etapa se estudiaron las fases del periodo reproductivo E-R1, R1-R3 y R3-6 para las tres localidades. Posteriormente, se incorporó la fase R3-R7 solo para la localidad de Paraná, ya que era donde se contaba en forma completa del registro de días a R7 para cada genotipo evaluado. El fundamento de la selección de estas fases deriva de que periodos a floración cortos (E-R1) según Cooper (2003), en un estudio utilizando datos de 18 ciclos agrícolas en una localidad, podrían prolongar el periodo reproductivo, con una mayor captación de recursos por el cultivo y con un efecto positivo en el rendimiento. El periodo R1-R3 según el estudio de Nico *et al.*, (2015), fue el más sensible a modificaciones en el fotoperiodo y mostró gran variación en su duración al modificar el fotoperiodo. El periodo R3-R6 se consideró de acuerdo a lo estudiado por Kantolic y Slafer (2001, 2005, 2007), que observaron que periodos prolongados R3-R6 se asociaban a aumentos de nudos, vainas y granos, relacionados a una mayor intercepción de radiación y a una más eficiente distribución de fotoasimilados entre las vainas de un mismo nudo, sumado a que la respuesta a la extensión del fotoperiodo del periodo R6-R7 no fue clara y mucho más variable. Además, se tuvo en cuenta la definición de Sadras *et al.*, (2002), del periodo crítico

para la determinación del rendimiento en soja, que lo ubica entre R3-R4 hasta R6 y que un estrés en este periodo y más específicamente entre R4.5 y R5.5, podría producir que vainas y semillas pequeñas aborten y como la floración se completa, tendría un efecto directo sobre el rendimiento”.

El periodo R3-R7, se decidió incorporarlo según lo mencionado por Kantolic *et al.* (2004). que mencionan que en R6 a pesar de que las vainas maximizan su peso seco, aún resta al menos un 20 % del crecimiento de los granos, y a lo mencionado por Sadras *et al.* (2002) que mencionan que si el estrés se ubica entre R6 y R6.5 podría provocar una disminución en el peso de los granos. Luego de R6.5 hasta R7 los efectos serían de menor magnitud debido a que las semillas han alcanzado casi su peso seco final.

Luego, se procedió a la realización de un análisis de la varianza a un factor para determinar la duración de las fases a estudiar en días (corregidos por la temperatura media diaria), y la existencia de diferencias estadísticamente significativas entre genotipos dentro de cada uno de los grupos formados. La prueba de comparación múltiple utilizada fue la de Scott & Knott Alfa=0,05. Se utilizó el programa estadístico Infostat (Di Rienzo *et al.*, 2017).

Luego se identificaron los genotipos con menor duración desde emergencia a inicio de floración (E-R1c) y/o con fases más prolongadas del periodo reproductivo: mayor duración desde inicio de floración a inicio de fructificación (R1-R3p), mayor duración desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos (R3-R6p) y mayor duración desde inicio de fructificación a madurez fisiológica (R3-R7p).

GENOTIPIFICACIÓN

Para el estudio y determinación de la estructura del panel de mapeo e identificación de marcadores moleculares asociados a los periodos fenológicos estudiados, se trabajó con ADN extraído de dos a tres folíolos de un grupo de 15 plántulas por genotipo, cuando las hojas unifoliadas estuvieron desarrolladas, mediante el protocolo de extracción bromuro de hexadecil-trimetil-amonio (CTAB) (Murray and Thompson, 1980).

El total de genotipos de soja se analizó con 14 marcadores SSR distribuidos a lo largo del genoma con el fin de determinar la estructura poblacional en el Laboratorio de Biotecnología del INTA EEA Marcos Juárez (Tabla 9).

Tabla 9. Marcadores SSR utilizados para el estudio de la estructura de la población.

Nombre	Grupo de ligamiento	Cebador directo	Cebador inverso
Satt545	A1-GM05	CAATGCCATTCCATATTTGTT	CAATTGCCCTAGTTTTGATAG
Satt453	B1-GM11	GCGGAAAAAAAAACAATAAACAACA	TAGTGGGGAAGGGAAGTTACC
Satt168	B2-GM14	CGCTTGCCCAAAAATTAATAGTA	CCATTCTCCAACCTCAATCTTATAT
Satt202	C2-GM06	GGAATGCATGAGTATTAACCTCTTAT	GGGCTAACGAACATGTAACCTTATCAAC
Satt281	C2-GM06	AAGCTCCACATGCAGTTCAAAAC	TGCATGGCACGAGAAAGAAGTA
Satt184	D1a-GM01	GCGCTATGTAGATTATCCAAATTACGC	GCCACTTACTGTTACTCAT
Satt472	G-GM18	GCGAATACATAAACTCAAATTCAAATCA	GCGTCTATAAATTTTCATTCATAGTTTCA
Satt288	G-GM18	GCGGGGTGATTTAGTGTTTGACACCT	GCGCTTATAATTAAGAGCAAAAAGAAG
Satt309	G-GM18	GCGCCTTCAAATTTGGCGTCTT	GCGCCTTAAATAAAACCCGAAACT
Satt469	H-GM12	GCGGGGAAAGGAAGAATAAAC	GCGCAGACCTCCTTTCTTTATACAT
Satt440	I-GM20	TGAGAACGTTTGAAAAGAGAT	GAAGAGATTAAGCATAAAGAATACTT
Satt596	J-GM16	TCCCTTCGTCCACCAAAT	CCGTCGATTCCGTACAA
Satt182	L-GM19	GGTCCACATGAAATGAAGGT	TCTCAGCCTGCAAAGAAAA
Satt245	M-GM07	AACGGGAGTAGGACATTTTATT	GCGCCTCCTGAATTTCAAAGAATGAAGA

Las secuencias de los cebadores para los marcadores SSR fueron obtenidas de la SoyBase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>) y como metodología de análisis se realizó amplificación por PCR y geles de poliacrilamida al 15 % con detección mediante tinción con bromuro de etidio.

Además, se realizó una genotipificación a alta escala a través de la tecnología DArTSeq, donde se obtuvieron marcadores SNP y DArT, utilizando el servicio de la empresa Diversity Arrays Technology (Camberra, Australia). Los marcadores DArTs son dominantes y corresponden a la presencia/ausencia de SNPs e indels en los sitios de reconocimiento de las enzimas de restricción e indels en los fragmentos de restricción, detectados “in silico”.

Los ADNs de la población fueron preparados siguiendo el protocolo de la empresa (www.diversityarrays.com). Los marcadores SSR y 220 SNP (11 por cromosoma) se utilizaron

para determinar la estructura poblacional y los marcadores SNP y DArT se emplearon para determinar las asociaciones entre fenotipo y genotipo.

La tecnología DArtSeq es una plataforma de genotipado por secuenciación (genotyping by sequencing, GBS) que consiste en una reducción de la complejidad del genoma mediante el uso de enzimas de restricción. Esta metodología permite separar la fracción repetitiva del genoma de las secuencias presentes en una baja proporción que son informativas para el descubrimiento de un gran número de marcadores DArts y SNPs (Li *et al.*, 2015).

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

La matriz de la estructura de la población (Q) se obtuvo utilizando el software STRUCTURE versión 2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000). Se utilizó el modelo mezcla y de frecuencias alélicas correlacionadas, con un período de burn-in de 50 mil y 500 mil iteraciones. Para calcular el número de subpoblaciones (K), se realizaron 5 corridas independientes entre los niveles de K de 2 a 10. Se seleccionó el mejor agrupamiento basándose en el estadístico ad hoc ΔK (Evanno *et al.*, 2005) con el software STRUCTURE HARVESTER (Earl and VonHolt, 2012; Evanno *et al.*, 2005). El mapeo por asociación de genes candidatos se realizó con el software TASSEL versión 5, utilizando la matriz de parentesco generada por el mismo software.

IDENTIFICACIÓN DE ASOCIACIONES ENTRE MARCADORES Y CARACTERES EVALUADOS

De las asociaciones resultantes primero se seleccionaron las que poseían un valor P o nivel de significancia menor o igual a 0,05 y luego se realizó una segunda selección, de acuerdo a Komatsu *et al.*, (2012), de las asociaciones más estables que son las que se repitieron en al menos 2 años en cada localidad.

IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS

Para la identificación de genes candidatos y descripción y análisis de sus funciones biológicas o Gene Ontology (GO), se inició con la confección de una tabla con las asociaciones seleccionadas y se determinó la presencia o ausencia de cada marcador en cada genotipo evaluado, utilizando la base de datos de la genotipificación a alta escala con marcadores DArTs y SNPs suministrada por la empresa Diversity Arrays Technology.

Luego, se seleccionaron solo aquellos marcadores identificados en los genotipos que presentaron diferencias significativas dentro de cada localidad y grupo, para las variables floración anticipada (E-R1c) y/o las fases estudiadas prolongas (R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p).

Para la identificación de genes candidatos se trabajó según lo descrito por Zhang *et al.* (2015), Oraguzie *et al.* (2007), Liu *et al.* (2016), Wang *et al.* (2018) y Mao *et al.* (2017), buscando genes descritos para soja y genes ortólogos y homólogos de la especie *A. thaliana* asociados a floración, periodo reproductivo, crecimiento y desarrollo de la planta, y genes con iguales procesos biológicos o anotaciones Gene Ontology (GO) descritos por la bibliografía e indexadas en Phytozome (Goodstein *et al.*, 2019, <https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>) y SoyBase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>). Para esto, primeramente, se seleccionaron todos los genes asociados en una distancia de 100 Kb a ambos lados de un marcador dado, rango establecido de acuerdo al desequilibrio de ligamiento de esta población (decaimiento del desequilibrio de ligamiento para $r^2 = 0,2$, 193 Kb) (Ghione C., Com. pers., 2019) que fue coincidente con los estudios en diferentes poblaciones de soja de Hyten *et al.*, (2007), Mao *et al.* (2017) y Wen *et al.*, 2014. Los genes asociados se ubicaron utilizando la base de datos Phytozome (Goodstein *et al.*, 2019, <https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>). Se armó una base de datos con la descripción de las funciones o procesos biológicos de los genes encontrados (GO) utilizando la base de datos SoyBase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>). Luego se armó otra base de datos con los genes y los GO descritos para soja y para los ortólogos y homólogos en la planta modelo *A. thaliana* siguiendo los trabajos de Kim *et al.* (2012) y Kong *et al.* (2010), y la base de datos SoyBase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>), asociados a floración, crecimiento, desarrollo, madurez y periodo reproductivo.

Luego se hizo una comparación entre ambas bases de datos y se seleccionaron los genes que coincidían en nombres y GO descriptos por la bibliografía.

Asimismo, se seleccionaron los genes candidatos con GO diferente a los descriptos en la bibliografía pero que contenían un marcador molecular, para su estudio y análisis.

RESULTADOS

COMPARACIÓN DE LAS CONDICIONES METEREOLÓGICAS DE LOS CICLOS AGRÍCOLAS EVALUADOS EN CADA LOCALIDAD

Para comparar las condiciones metereológicas en las tres localidades de evaluación, se analizaron previamente los registros de las series históricas en cada localidad, obtenidos de las estaciones agrometereológicas de los INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).

Respecto a las temperaturas máximas medias mensuales observadas tanto en Paraná como en Marcos Juárez, estas son similares, registrándose entre 16,9 y 30,9 °C en todo el año. En cambio, Cerro Azul se destaca por haber registrado temperaturas máximas medias mensuales entre 0,5 y 4 °C superiores a las otras dos localidades a través del año. Si consideramos los meses desde noviembre a marzo, que sería en general el periodo donde se desarrolla el cultivo de soja, aproximadamente en Paraná y Marcos Juárez en noviembre se registraron 27 °C, ascendiendo a 30 °C en enero, para luego descender a 27 °C en marzo. En Cerro Azul, los valores observados son superiores, desde 28,9 °C en noviembre, alcanzando 31,5 °C en enero y luego descendiendo a 29,5 °C en marzo (Figura 1). La temperatura media mensual en Paraná alcanzó un mínimo de 12 °C en julio y un máximo de 24,9 °C en enero, en Marcos Juárez alcanzó un mínimo de 10,4 °C en julio y un máximo de 24,1 °C en enero y en Cerro Azul se registró un mínimo de 16,1 °C en julio y un máximo de 26 °C en enero. Mientras que, en el periodo de noviembre a marzo, en Paraná se observaron temperaturas de 20,9 °C en noviembre, ascendiendo a 24,9 °C en enero y descendiendo a 21,8 °C en marzo. Para los mismos meses y en Marcos Juárez, se registraron valores de 20,9, 24,1 y 21,4 °C, y para Cerro Azul 23,2, 26 y 24,3 °C respectivamente (Figura 1).

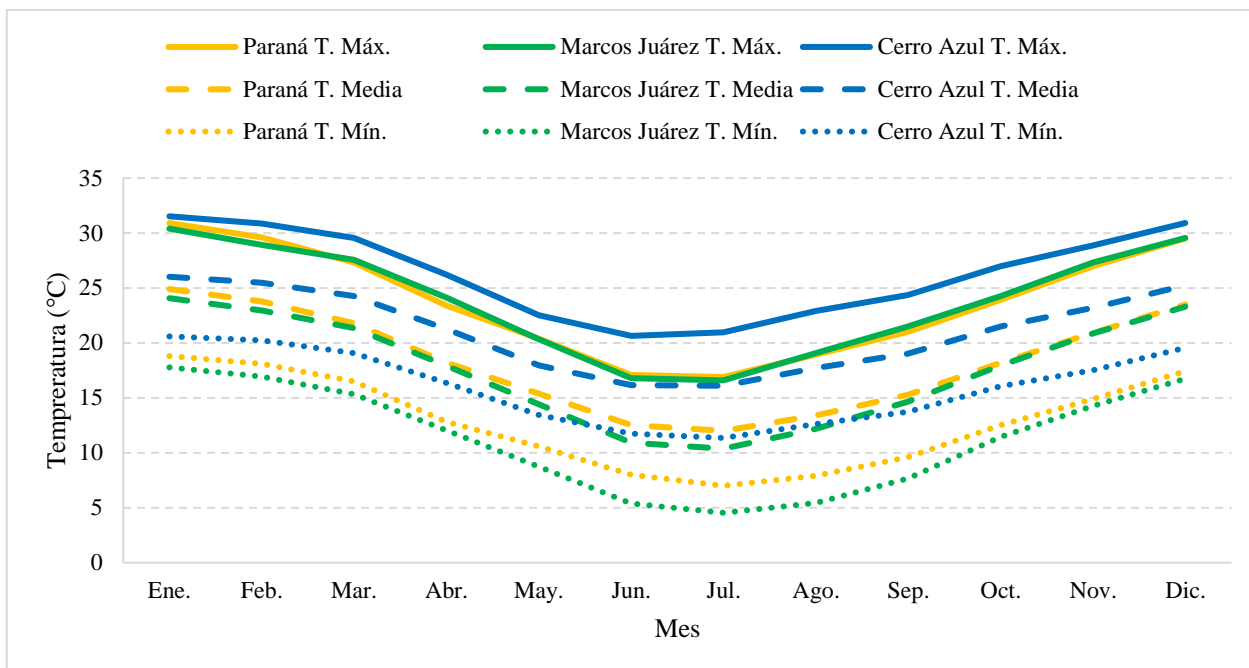


Figura 1. Temperaturas medias máximas, medias y mínimas mensuales para las localidades de Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Observatorios Agrometereológico del INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).

Con respecto a las temperaturas mínimas medias mensuales, las tres localidades presentan diferencias. En la localidad de Paraná se registraron valores entre 7 y 18 °C, en Marcos Juárez entre 4,5 y 17,8 °C y en Cerro Azul desde 11,3 a 20,6 °C anualmente. En Paraná se registraron valores de 14,9 °C en noviembre, ascendiendo a 18,8 °C en enero para luego descender a 16,5 °C en marzo. En Marcos Juárez se registró 14,3 °C en noviembre, 17,18 °C en enero y 15,3 °C en marzo. Y en Cerro Azul, se registraron valores de 17,5 °C en noviembre, ascendiendo a 20,6 °C en enero para luego descender a 19,1 °C en marzo (Figura 1).

En cuanto a lluvias se observan diferencias entre las localidades, destacándose Cerro Azul con un mayor registro anual de lluvias. Anualmente se registraron en Paraná 1109 mm, en Marcos Juárez 889,5 mm y en Cerro Azul 2005,3 mm. En el periodo desde noviembre a marzo, se registraron aproximadamente 643 mm en Paraná, 570 mm en Marcos Juárez y 882 mm en Cerro Azul (Figura 2).

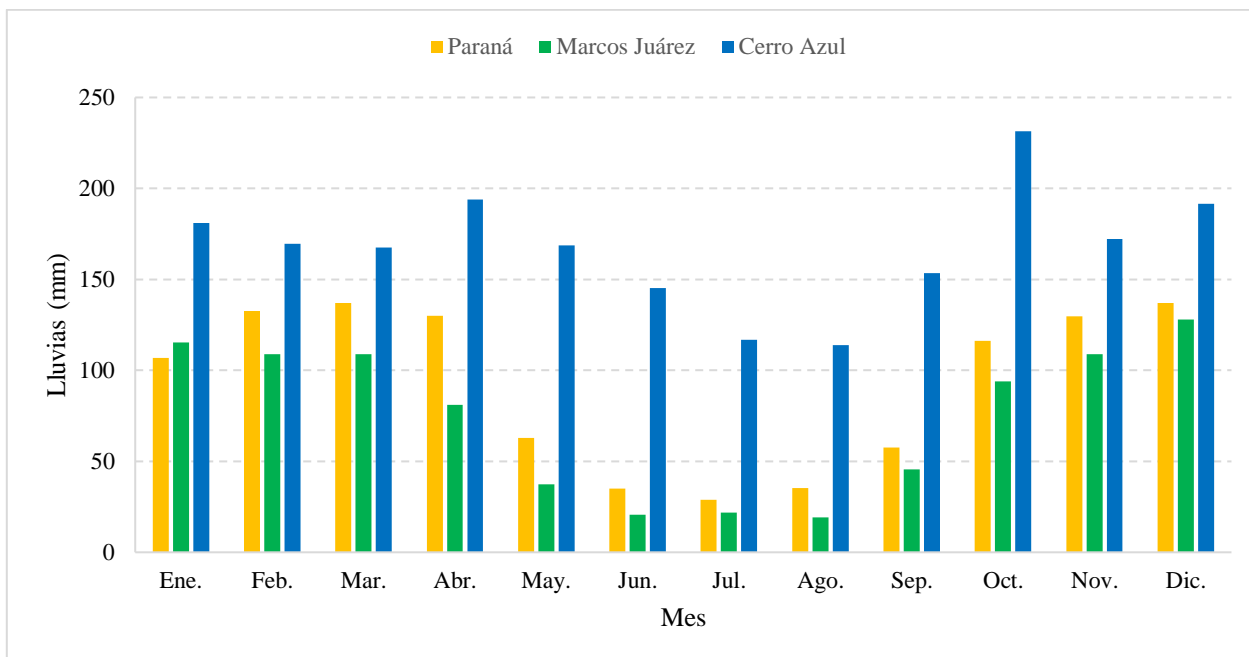


Figura 2. Lluvias mensuales para las localidades de Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Observatorios Agrometeorológico del INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).

El fotoperiodo, son las horas en que el sol se encuentra por encima del horizonte (heliofanía astronómica o duración del día) más los crepúsculos. Este fue mayor en Cerro Azul y muy similar entre Paraná y Marcos Juárez a lo largo del año. Alcanza su valor máximo en el mes de diciembre con 14,7 hs para Cerro Azul y 15 hs aproximadamente para Paraná y Marcos Juárez. Entre mediados de marzo y abril, las 3 localidades alcanzan un valor similar superando levemente las 12,5 hs de luz. En el periodo desde noviembre a marzo, se observa que tanto en Paraná como en Marcos Juárez el fotoperiodo toma valores desde 13,7 hs en noviembre, ascendiendo a 15 hs en diciembre para luego descender a 13 hs en marzo. Por otro lado, en Cerro Azul, el fotoperiodo se ubica entre 14,4 hs en noviembre, ascendiendo levemente a 14,7 hs en diciembre y luego descendiendo a 13 hs en marzo (Figura 3).

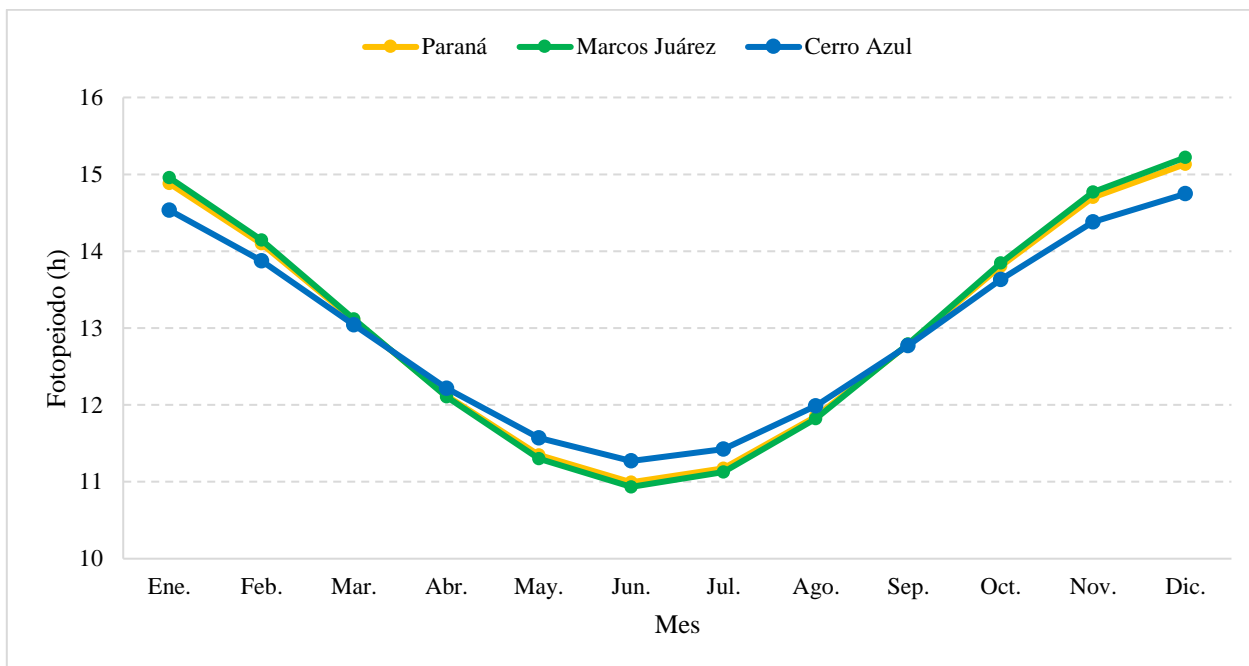


Figura 3. Fotoperíodo registrado en las localidades de Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul. Observatorios Agrometeorológico del INTA EEA Paraná (serie 1964-2014), Marcos Juárez (serie 1967-2017) y Cerro Azul (serie 1967-2015).

Esta comparación nos permite observar diferencias entre las 3 localidades tanto en temperatura, como en lluvias y fotoperíodo, que influyen de distinta manera en el desarrollo del cultivo de soja.

CONDICIONES AGROMETEREOLÓGICAS EN LA LOCALIDAD DE PARANÁ

En la figura 4 se observa la evolución de las temperaturas medias mensuales y el fotoperíodo para cada ciclo agrícola evaluado en la localidad de Paraná y el registro de la serie histórica 1930-2014. Los 5 ciclos agrícolas fueron levemente más cálidos respecto de los registros de la serie histórica, considerando la temperatura media mensual de los meses de desarrollo del cultivo desde noviembre a abril. Se destacó el ciclo agrícola 2013-14 con el mes de diciembre con 26,9°C, 3,4°C por encima del valor de la serie histórica, mientras que los ciclos agrícolas 2012-13, 2013-2014 y 2015-16 en el mes de marzo presentaron temperaturas levemente inferiores a la temperatura media de la serie histórica.

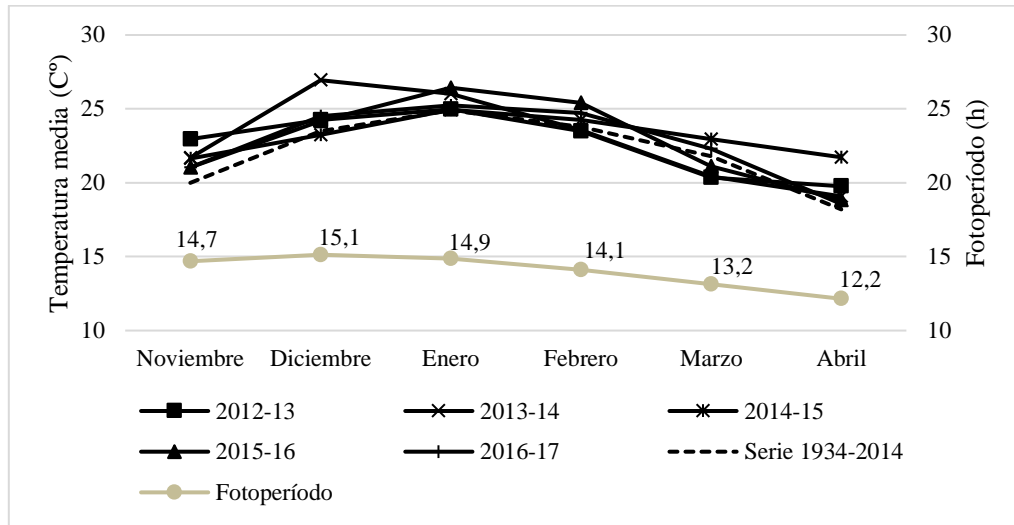


Figura 4. Temperaturas medias mensuales de los ciclos agrícolas 2012-13, 2013-14, 2014-15, 2015-16 y 2016-17, la media histórica 1930- 2014 y el fotoperíodo promedio mensual en la localidad de Paraná. Fuentes: Observatorio Agrometeorológico del INTA EEA Paraná; VARAST 1.0 (Fernández-Long *et al.*, 2015).

Respecto a las lluvias, en la localidad de Paraná el promedio anual en la serie histórica es de 1027 mm y para el periodo del cultivo desde noviembre a abril de 715 mm. En general las lluvias superaron a la media de la serie histórica durante el periodo del cultivo en los cinco ciclos agrícolas evaluados, destacándose 2015-16 con 1025 mm, 310 mm por encima de la media, mientras que en el ciclo agrícola 2012-13 se registraron 683 mm, 32 mm por debajo de la media de la serie histórica (Figura 5).

La distribución de las lluvias en los meses fue variable de acuerdo al ciclo agrícola con 128 y 172 mm por mes aproximadamente, no condicionando el crecimiento y desarrollo de los ensayos.

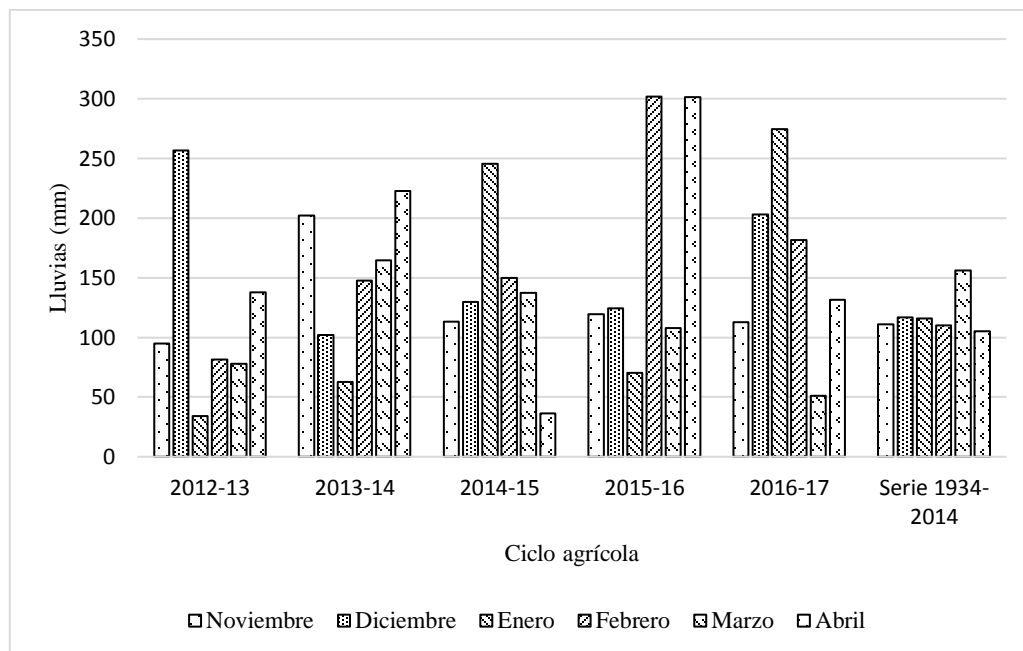


Figura 5. Lluvias mensuales de los ciclos agrícolas 2012-13, 2013-14, 2014-15, 2015-16 y 2016-17 y de la serie histórica 1930-2014 en la localidad de Paraná. Fuente: Observatorio Agrometeorológico del INTA EEA Paraná.

CONDICIONES AGROMETEREOLÓGICAS EN LA LOCALIDAD DE MARCOS JUÁREZ

En Marcos Juárez, los ciclos agrícolas comprendieron los meses desde noviembre a abril. Ambos ciclos agrícolas (2011-12 y 2013-14) no presentaron grandes diferencias en cuanto a temperaturas medias, siendo levemente más cálidos respecto a los datos de la serie histórica 1967-2017 (Figura 6).

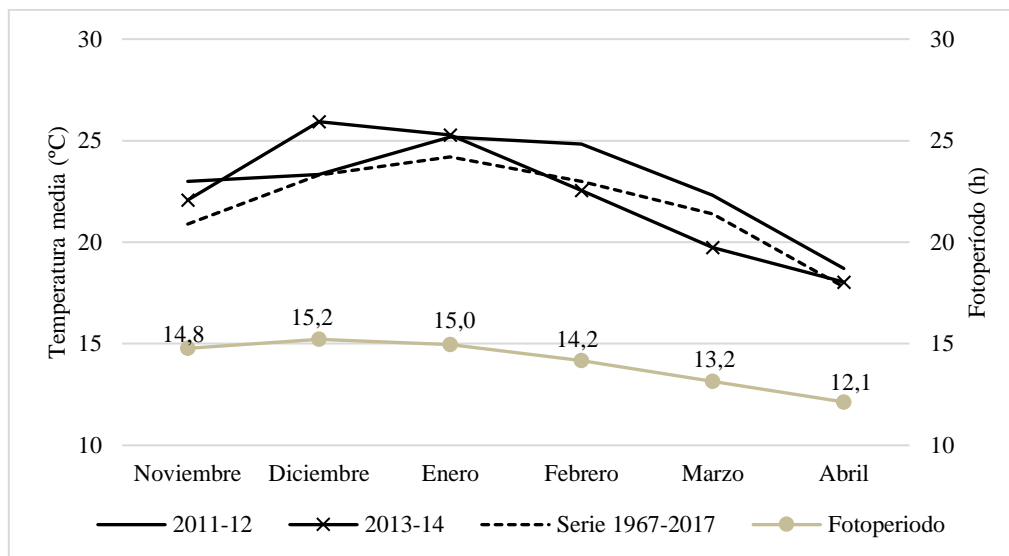


Figura 6. Temperaturas medias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2013-14 y la media histórica 1967- 2017 y el fotoperíodo promedio mensual en la localidad de Marcos Juárez. Fuentes: Observatorio Agrometereológico del INTA EEA Marcos Juárez; VARAST 1.0 (Fernández-Long *et al.*, 2015).

Respecto a las lluvias (Figura 7), en la localidad de Marcos Juárez el promedio anual es de 894 mm y para el periodo del cultivo desde noviembre a abril de 652 mm. En el ciclo agrícola 2011-12 se registraron 433 mm para el periodo del cultivo, unos 218 mm menos que la media de la serie histórica para el mismo periodo. Este déficit de lluvias estuvo presente en todos los meses del periodo del cultivo a excepción del mes de marzo donde prácticamente se igualó a la serie histórica. El ciclo agrícola 2013-14 se destacó, por el contrario, con 122 mm por encima de la media histórica para el periodo del cultivo, sobresaliendo los meses de noviembre (274 mm) y febrero (190 mm) como los meses con más milímetros registrados.

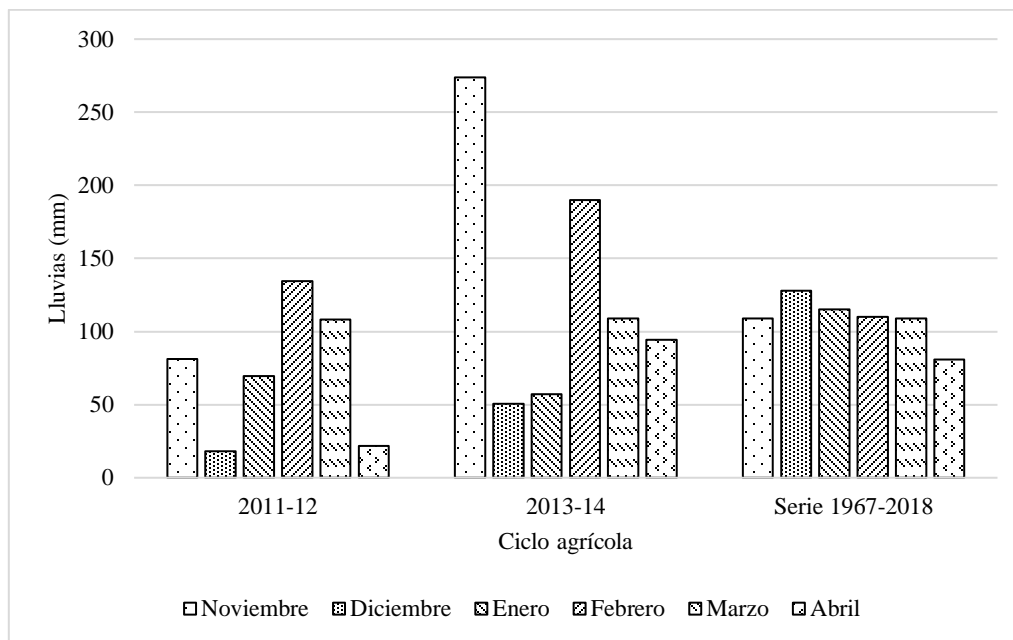


Figura 7. Lluvias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2013-14 y de la serie histórica 1967-2018 en la localidad de Marcos Juárez. Fuente: Observatorio Agrometeorológico del INTA EEA Marcos Juárez.

CONDICIONES AGROMETEREOLÓGICAS EN LA LOCALIDAD DE CERRO AZUL

En el caso de Cerro Azul, las fechas de siembra fueron en los meses de noviembre, diciembre y enero, para los ciclos agrícolas 2011-12, 2012-13 y 2015-16 respectivamente, principalmente por razones ambientales y de humedad de suelo que no permitieron la siembra de acuerdo a lo planificado. Se incluyó al mes de mayo dentro de los meses del periodo del cultivo, debido al retraso de la fecha de siembra en enero de 2016 que, si bien se vio reflejado como un acortamiento general del ciclo de los genotipos evaluados, también significó un retraso del momento de la cosecha.

No se presentaron grandes diferencias en las temperaturas medias de los 3 ciclos agrícolas evaluados respecto a la serie histórica 1967-2015 (Figura 8), siendo el ciclo agrícola 2011-12 levemente más cálido, destacándose con 28,1°C de temperatura media en el mes de febrero.

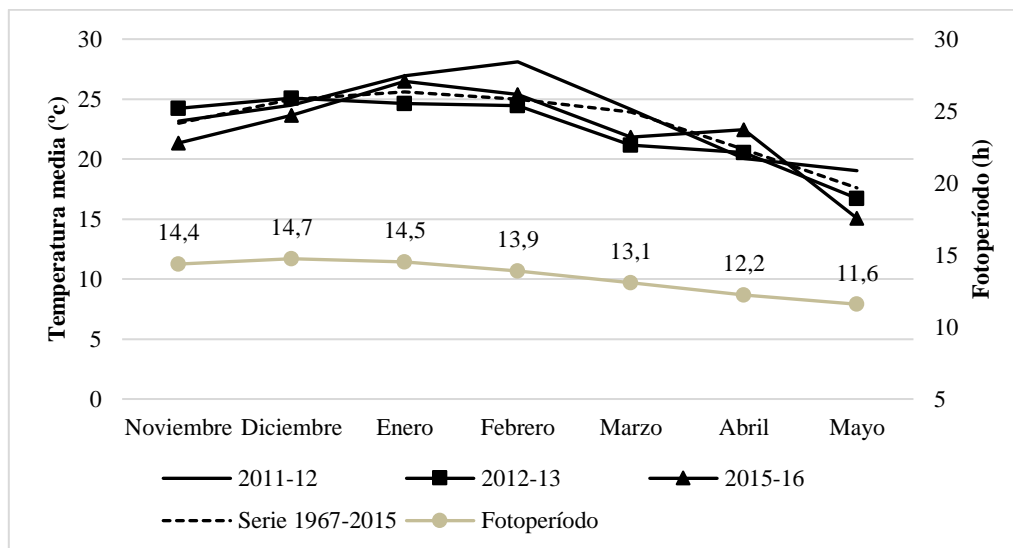


Figura 8. Temperaturas medias mensuales de los ciclos agrícolas 2011-12, 2012-13 y 2015-16, la media histórica 1967-2015 y el fotoperíodo promedio mensual en la localidad de Cerro Azul. Fuentes: Observatorio Agrometeorológico del INTA EEA Cerro Azul; VARAST 1.0 (Fernández-Long *et al.*, 2015).

Respecto a las lluvias (Figura 9), en la localidad de Cerro Azul el promedio anual es de 2005,3 mm y para el periodo del cultivo desde noviembre a mayo de 1213,2 mm. Se destacó el ciclo agrícola 2011-12 con una reducción importante de lluvias (546,6 mm totales) respecto a la serie histórica. Los ciclos agrícolas 2012-13 y 2015-16 fueron más lluviosos, superando a la media histórica en 402 y 868 mm respectivamente.

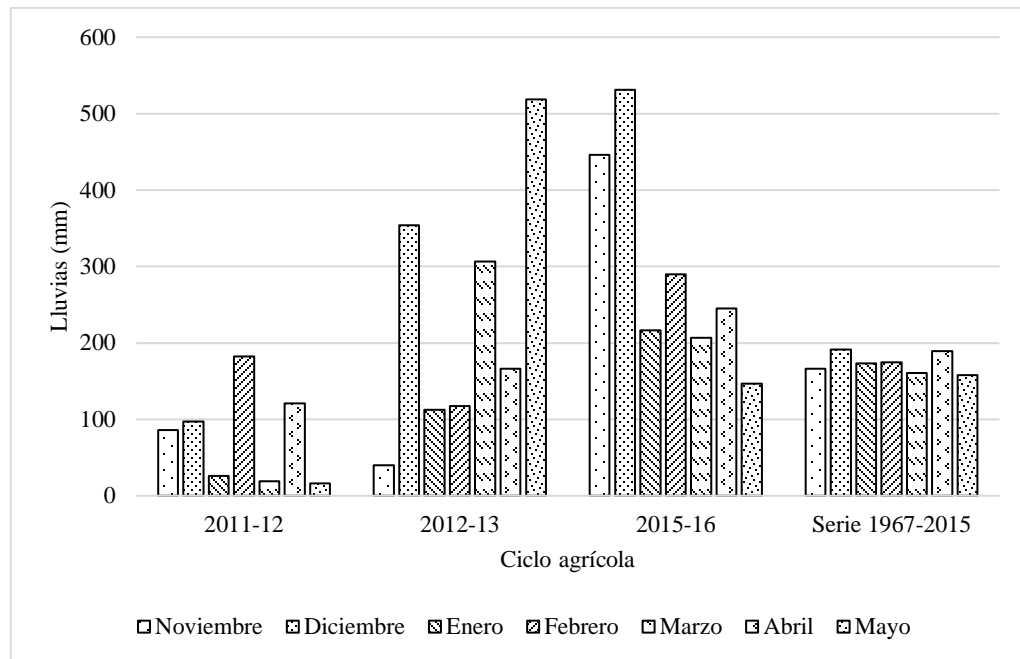


Figura 9. Lluvias mensuales en los ciclos agrícolas 2011-12, 2012-13, 2015-16 y de la serie histórica 1967-2015 en la localidad de Cerro Azul. Fuente: Observatorio Agrometeorológico del INTA EEA Cerro Azul.

FENOTIPIFICACIÓN EN LA LOCALIDAD DE PARANÁ

El análisis estadístico mostró que la interacción genotipo x ambiente resultó altamente significativa ($P < 0,05$) para la variable duración de ciclo. Las evaluaciones se realizaron durante los ciclos agrícolas 2012-13, 2013-14, 2014-15, 2015-16 y 2016-17 (Tabla 10). Estos resultados demostraron que los genotipos tuvieron un comportamiento desigual en sus ciclos en los diferentes años evaluados.

Tabla 10. Análisis de la varianza para el modelo AMMI de la variable duración de ciclo en días termales para los 61 genotipos evaluados en Paraná en 5 ciclos agrícolas.

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor	Error
Ambiente	29 245	4	7311,1	869,6756	1,132e-13 ***	(Ambiente>Rep)
Ambiente>Rep	92	11	8,4	1,8355	0,04568 *	
Genotipo	44 813	60	746,9	163,0709	< 2,2e-16 ***	
Ambiente*Genotipo	10 085	197	51,2	11,1776	< 2,2e-16 ***	
Error	2345	512	4,6			
Total	86 580	784				

Significancias: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1.

El ciclo de los genotipos tuvo una duración entre 88 y 153 días y la variable E-R1 presentó un mayor rango respecto a R1-R3 y R3-R6. Las variables presentaron una distribución prácticamente normal con una leve oblicuidad positiva. El coeficiente de variación fue bajo para duración de ciclo (9 %), mientras que para el resto de los variables estuvo entre 17 y 29 % (Tabla 11).

Tabla 11. Medidas de resumen para las variables estudiadas en la localidad de Paraná.

Medida de resumen	Ciclo (E-R8)	E-R1	R1-R3	R3-R6	R3-R7
Observaciones	785,00	785,00	785,00	785,00	785,00
Valor mínimo	88,00	25,10	3,00	13,60	28,90
Valor máximo	153,00	87,80	38,10	48,20	65,90
Media	122,76	54,33	13,73	28,74	48,41
Desvío estándar	10,51	9,77	3,93	4,93	6,06
Coeficiente de variación	9	18	29	17	12,51
Skewness	0,22	0,60	0,91	0,31	-0,13
Kurtosis	0,34	1,08	2,49	0,41	0,32

Ciclo: Duración de ciclo en días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica.

La correlación (r) entre las fases estudiadas fue variable. La duración de ciclo se correlacionó positivamente y en forma significativa con E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7. Este sería un resultado esperable ya que las cuatro variables son parte del ciclo y, por lo tanto, se esperaría que una mayor duración de las mismas esté asociada a un incremento del ciclo en cierta manera. Para el caso de E-R1 y R3-R6 la correlación fue negativa y significativa y entre R1-R3 y R3-R6

no fue significativa. Y en el caso de R3-R7 la correlación fue positiva y significativa y mayor con R3-R6 respecto de E-R1 que fue negativa y significativa. Entre R1-R3 y R3-R7 la correlación fue baja y no significativa. Esto sugiere cierta independencia entre las cuatro variables (Figura 10). Este resultado concuerda con lo observado por Liu *et al.* (2016), Copley *et al.* (2018) y Zahng *et al.* (2015) al evaluar el periodo de crecimiento en 3 poblaciones de genotipos de soja mediante mapeo asociativo.

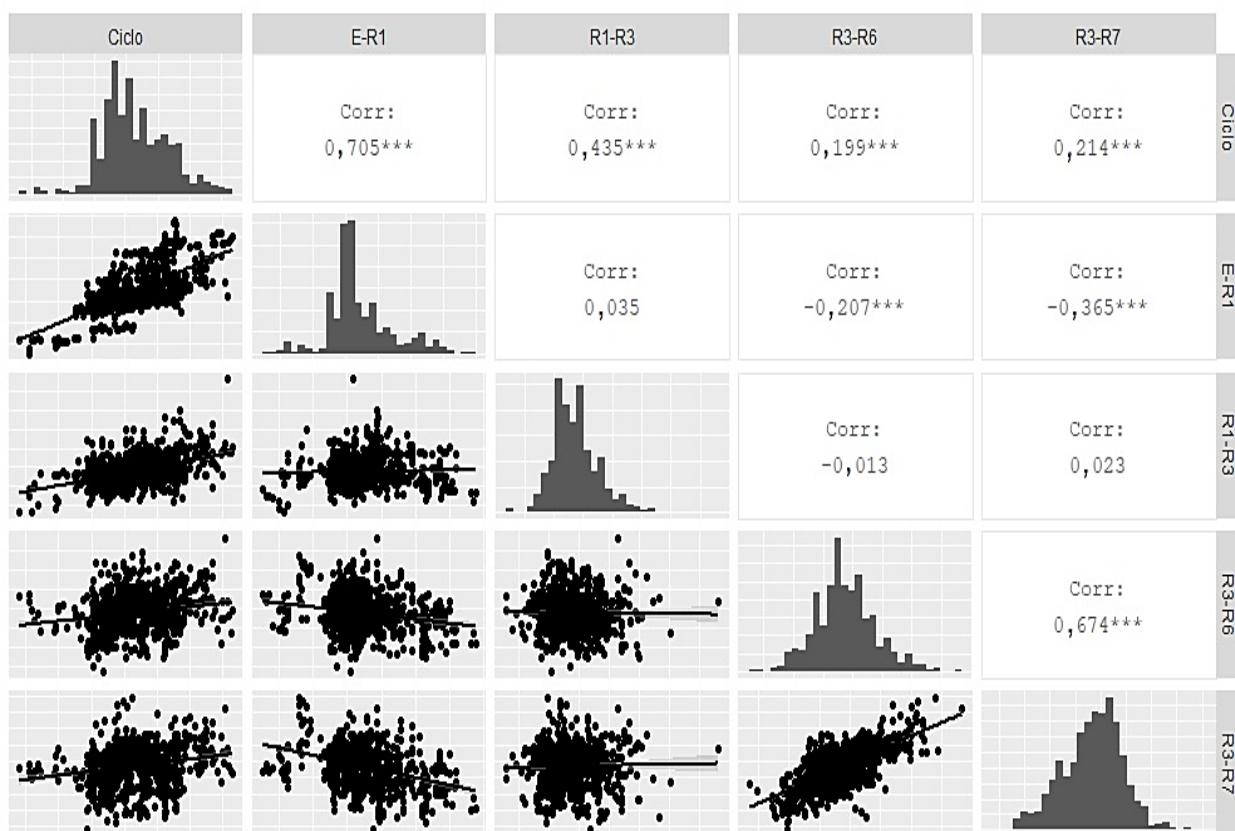


Figura 10. Correlaciones entre las variables Ciclo (E-R8), E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7, en días termales, para la localidad de Paraná. Significancias "****" $p < 0,001$, "***" $p < 0,01$, "**" $p < 0,05$, "." $p < 0,10$ y " " $p \geq 0,10$.

En esta localidad, el análisis de conglomerados indicó la formación de tres grupos de acuerdo a la duración del ciclo: de ciclo corto, intermedio y largo (Figura 11).

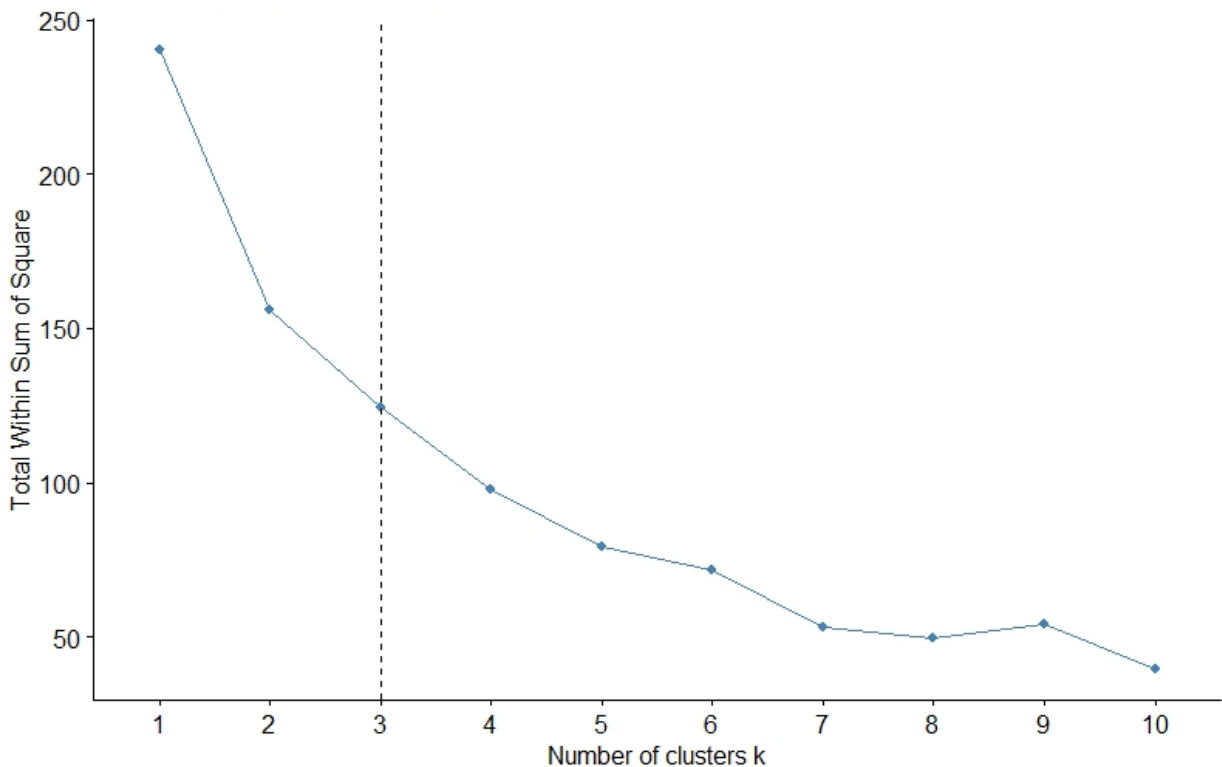


Figura 11. Método del codo hasta K=10 para el agrupamiento de los genotipos evaluados en Paraná, de la variable ciclo.

CARACTERIZACIÓN DE LOS GRUPOS FORMADOS EN LA LOCALIDAD DE PARANÁ

El grupo de ciclo cotyo se conformó con 20 genotipos del GM V en su mayoría, 2 del GM IV, 4 del GM VI y Harosoy del GM II. Respecto al HC, la mayoría presentó crecimiento indeterminado. En este grupo, la duración desde emergencia a madurez de cosecha fue de 115 días termales promedio y se observó variabilidad en precocidad en la fase E-R1 y en la duración de las fases R1-R3, R3-R6 y R3-R7. Se destacaron 2 genotipos DM4670 y NA5009 de HC indeterminado, que combinaron precocidad en floración con los periodos prolongados R1-R3, R3-R6 y R3-R7 respecto a todo el grupo. Además, se destacó Harosoy (HC I) con el periodo E-R1 más corto, principalmente asociado a su pertenencia al GM II y los genotipos Maria50, PI385942, A5409, PI123440 y LAE0696358 con R1-R3 prolongado (Tabla 12). Excepto por PI385942 de HC determinado, el resto de los genotipos que se destacaron presentaban HC indeterminado.

Tabla 12. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 en días termales, y GM y HC para los 20 genotipos de soja dentro del grupo de ciclos cortos, evaluados en 5 ciclos agrícolas en la localidad Paraná.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	*	R1-R3	*	R3-R6	*	R3-R7	*
Harosoy	II	I	93	30	a	7	a	30	a	48	b
Maria50	V	I	112	45	d	14	d	28	a	48	b
A5417	V	D	112	44	d	13	c	27	a	49	b
ALIM1,57	V	I	113	47	d	10	b	31	b	49	b
PI385942	IV	D	114	48	d	14	d	28	a	47	b
A5409	V	I	114	46	d	14	d	27	a	50	b
NA5009	V	I	115	40	c	15	d	34	c	56	c
DM4670	IV	I	115	34	b	15	d	37	c	61	d
NEM31,07	V	I	115	49	e	10	b	32	b	52	b
MD70100	V	D	116	51	e	13	c	28	a	47	b
TJ2055	V	I	116	49	e	12	c	30	a	49	b
A6411	VI	D	116	49	e	12	c	29	a	51	b
A5520	V	D	117	49	e	13	c	26	a	49	b
A5777	V	D	118	50	e	13	c	27	a	50	b
PI123440	VI	I	118	56	f	15	d	27	a	42	a
ACA530	V	I	118	50	e	13	c	28	a	51	b
LAE0696358	V	I	119	48	d	17	d	28	a	49	b
Champaqui5,7	V	I	119	51	e	12	c	28	a	50	b
LAE9756701	VI	D	119	52	e	11	b	26	a	50	b
A6040	VI	D	119	49	e	13	c	28	a	49	b
C.V.			4,7	7,9		21,3		14,8		8,7	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica.

El grupo con duración de ciclo intermedia se conformó con 24 genotipos, en su mayoría de los GM V, VI y VII. El tipo de crecimiento en la mayoría fue determinado. Tuvo un promedio de 123 días termales de duración ciclo y se observaron genotipos con diferencias significativas en las tres variables analizadas. Combinando fases cortas de E-R1 con fases prolongadas de R1-R3, R3-R6 y R3-R7 se destacó LAE0690102. Además 14 genotipos presentaron R3-R7p de los cuales 10 genotipos combinaron con una o dos de las siguientes fases E-R1c, R1-R3p y R3-R6p. Moyayimame combinó E-R1c y R1-R3p y LAE9764703 y PI200492 presentaron R1-R3p (Tabla

13). No se observó una relación clara entre el hábito de crecimiento y las fases estudiadas en los genotipos que se destacaron.

Tabla 13. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 en días termales, GM y HC para los 24 genotipos de soja dentro del grupo de ciclos intermedios, evaluados en 5 ciclos agrícolas en la localidad Paraná.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	*	R1-R3	*	R3-R6	*	R3-R7	*
Champaqui5,4	V	D	120	49	a	13	a	28	a	51	b
A5901	V	D	120	49	a	13	a	26	a	51	b
PI157440	V	D	121	52	b	14	a	29	a	48	b
A6126	VI	D	122	48	a	14	a	28	a	51	b
LAE0690102	VI	I	122	50	a	15	b	37	c	51	b
Akishimore	VI	D	122	51	a	15	b	31	b	49	b
INTA Paraná 5500	V	I	122	53	b	14	b	30	b	49	b
RA605	VI	D	122	55	b	13	a	26	a	48	b
RA514	V	I	122	54	b	13	a	30	b	50	b
NS6002	VI	D	122	51	a	14	a	29	a	50	b
BRM926600	VI	D	123	53	b	14	a	30	b	49	b
J036074	VI	D	123	51	a	14	a	29	b	49	b
PI462312	VIII	I	123	62	d	12	a	29	b	42	a
INTA Paraná 6200	VI	D	124	56	c	12	a	29	b	49	b
Moyashimame	IV	D	124	49	a	17	b	32	b	46	a
A7321	VII	I	124	53	b	14	a	31	b	51	b
Davis	VI	D	124	58	c	13	a	27	a	46	a
LAE9764703	VII	D	125	57	c	15	b	27	a	49	b
Ocepar11	VI	SD	126	60	d	13	a	27	a	47	a
PI90768	VI	D	126	54	b	12	a	30	b	50	b
Enrei	IV	D	126	55	b	12	a	37	c	49	b
LAE9962801	VII	I	127	54	b	16	b	32	b	53	b
LAE9757504	VII	SD	127	56	c	17	b	28	a	47	b
PI200492	VII	D	128	63	d	15	b	27	a	44	a
C.V.			6,2	9,0		23,6		15,8		11,6	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica.

El grupo con duración de ciclo largo, con 17 genotipos en su mayoría de HC determinado y de los GM VI, VII y VIII (Tabla 14), tuvo un promedio de 134 días termales de duración de ciclo.

Los genotipos Fukuyutaka y Tamba se destacaron por combinar las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p. PROT12FCA combinó E-R1c, R1-R3p y R3-R6p. Siete genotipos presentaron R3-R7p combinando con una o dos de las fases E-R1c, R1-R3p o R3-R6p. Solo PI416937 presentó E-R1c y R1-R3p. Excepto por PROT12FCA de HC indeterminando, el resto de los genotipos que se destacaron presentaron crecimiento determinado.

Tabla 14. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 en días termales, GM y HC para los 17 genotipos de soja dentro del grupo de ciclos largos, evaluados en 5 ciclos agrícolas en la localidad Paraná.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	*	R1-R3	*	R3-R6	*	R3-R7	*
PI416937	VI	D	129	55	a	21	b	24	a	45	a
PI587880A	VI	I	131	65	b	14	a	30	c	44	a
PROT12FCA	VI	I	131	56	a	23	b	32	d	45	a
Natto-kotsubu	VI	D	131	51	a	19	b	30	c	49	b
LAE9956204	VII	D	131	58	a	16	a	29	c	51	b
LAE9758803-B	VII	D	132	61	a	14	a	29	c	50	b
Yori1	VII	D	132	70	c	15	a	26	b	42	a
Fainta760	VII	D	132	59	a	13	a	32	d	52	b
PI459025	X	D	133	72	d	13	a	25	b	41	a
Himeshirazu	VIII	D	133	71	c	14	a	27	b	42	a
Kinoshita	VIII	I	133	71	c	12	a	28	c	44	a
PI416819	VIII	D	134	76	d	13	a	22	a	39	a
PI594754	VII	D	136	74	d	13	a	27	b	44	a
IAC 100	VII	D	139	67	b	18	b	30	c	49	b
Fukuyutaka	VI	D	140	59	a	21	b	33	d	55	b
Tamba	VII	D	140	57	a	21	b	37	d	57	b
Crockett	VIII	D	141	64	a	22	b	30	c	52	b
C.V.			7,0	9,7		26,7		15,2		10,9	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica.

FENOTIPIFICACIÓN EN LA LOCALIDAD DE MARCOS JUÁREZ

La interacción genotipo x ambiente resultó altamente significativa ($P < 0,05$) para la variable duración de ciclo (Tabla 15) en Marcos Juárez. Estos resultados demuestran que los genotipos tuvieron un comportamiento desigual en los diferentes años probados.

Tabla 15. Análisis de la varianza para el modelo AMMI de la variable duración de ciclo en días termales de los 49 genotipos evaluados en Marcos Juárez en 2 ciclos agrícolas.

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor	Error
Ambiente	19 899,16	1	19899,16	305,82	0,0001 ***	(Ambiente>Rep)
Ambiente>Rep	260,27	4	65,07	2,74	0,0308 *	
Genotipo	42 085,95	48	876,79	36,87	<0,0001 ***	
Ambiente*Genotipo	4812,85	40	120,32	5,06	<0,0001 ***	
Error	3781,25	159	23,78			
Total	70 839,48	252				

Significancias: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1.

El análisis de las medidas de resumen para Marcos Juárez (Tabla 16) muestra que el número de observaciones fue menor que el de Paraná, y presentó una alta variabilidad de acuerdo al coeficiente de variación. La distribución de los datos fue normal con una ligera oblicuidad positiva.

Tabla 16. Medidas de resumen para las variables estudiadas en la localidad de Marcos Juárez.

Medida de resumen	Ciclo (E-R8)	E-R1	R1-R3	R3-R6
Observaciones	227,00	226,00	195,00	194,00
Datos faltantes	0,00	1,00	32,00	33,00
Valor mínimo	83,70	14,60	4,90	24,50
Valor máximo	149,30	61,80	39,30	65,10
Media	116,94	34,32	17,95	44,29
Desvío estándar	14,87	12,15	6,23	8,83
Coeficiente de variación	13	35	35	20
Skewness	0,48	0,53	0,72	0,19
Kurtosis	-0,60	-1,01	0,53	-0,41

Ciclo: días termales desde a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

La duración de ciclo se correlacionó en forma positiva y significativamente con E-R1 y R1-R3 pero difirió con Paraná al correlacionarse negativamente con R3-R6. Entre E-R1 y R1-R3 la

correlación fue significativa y positiva. En el caso de E-R1 y R3-R6 fue negativa y significativa al igual que entre R1-R3 y R3-R6 (Figura 12).

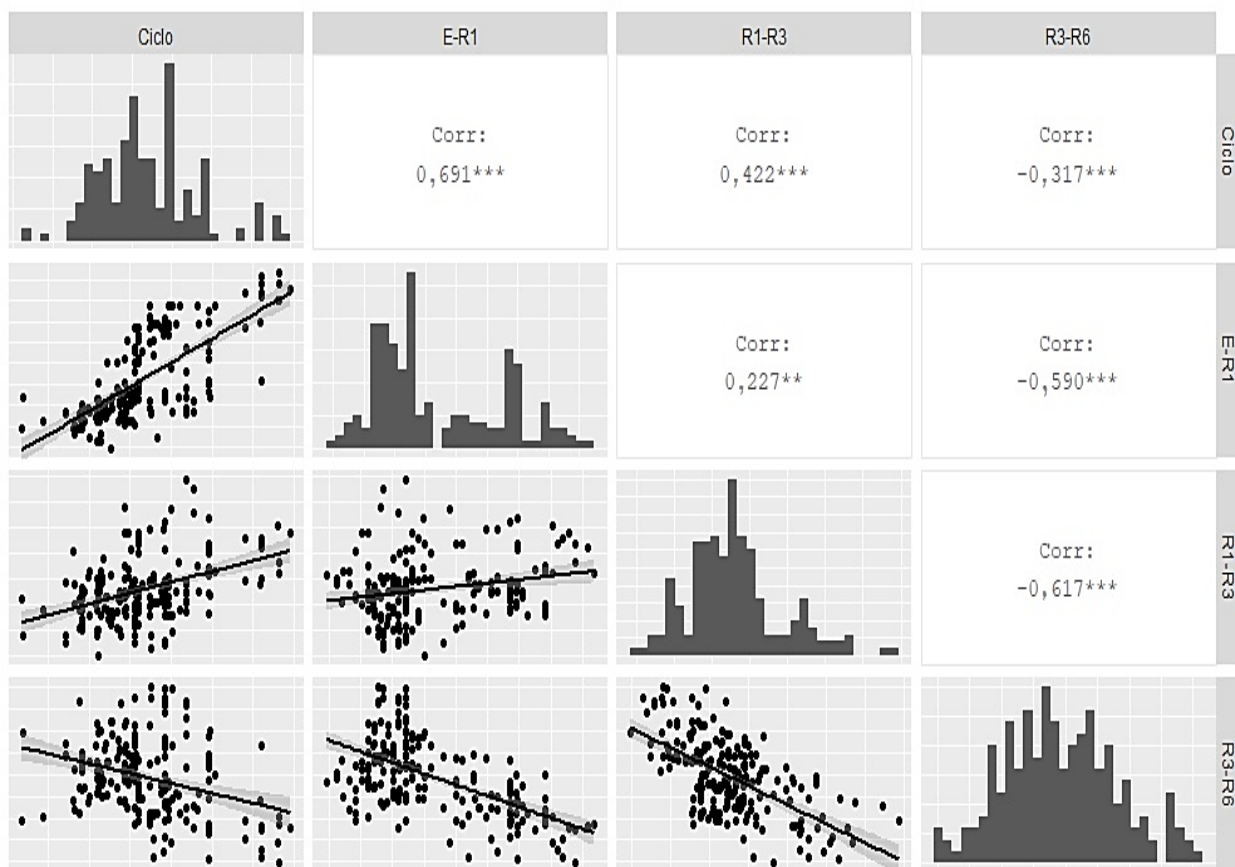


Figura 12. Correlaciones entre las variables Ciclo (E-R8), E-R1, R1-R3 y R3-R6, en días termales, para la localidad de Marcos Juárez. Significancias "***" $p < 0,001$, "**" $p < 0,01$, "*" $p < 0,05$, "." $p < 0,10$ y " " $p \geq 0,10$.

CARACTERIZACIÓN DE LOS GRUPOS DE GENOTIPOS FORMADOS EN LA LOCALIDAD DE MARCOS JUÁREZ

En esta localidad, el análisis de conglomerados indicó la formación de 4 grupos de genotipos de acuerdo a la duración de ciclo (corto, intermedio corto, intermedio largo y largo) (Figura 13).

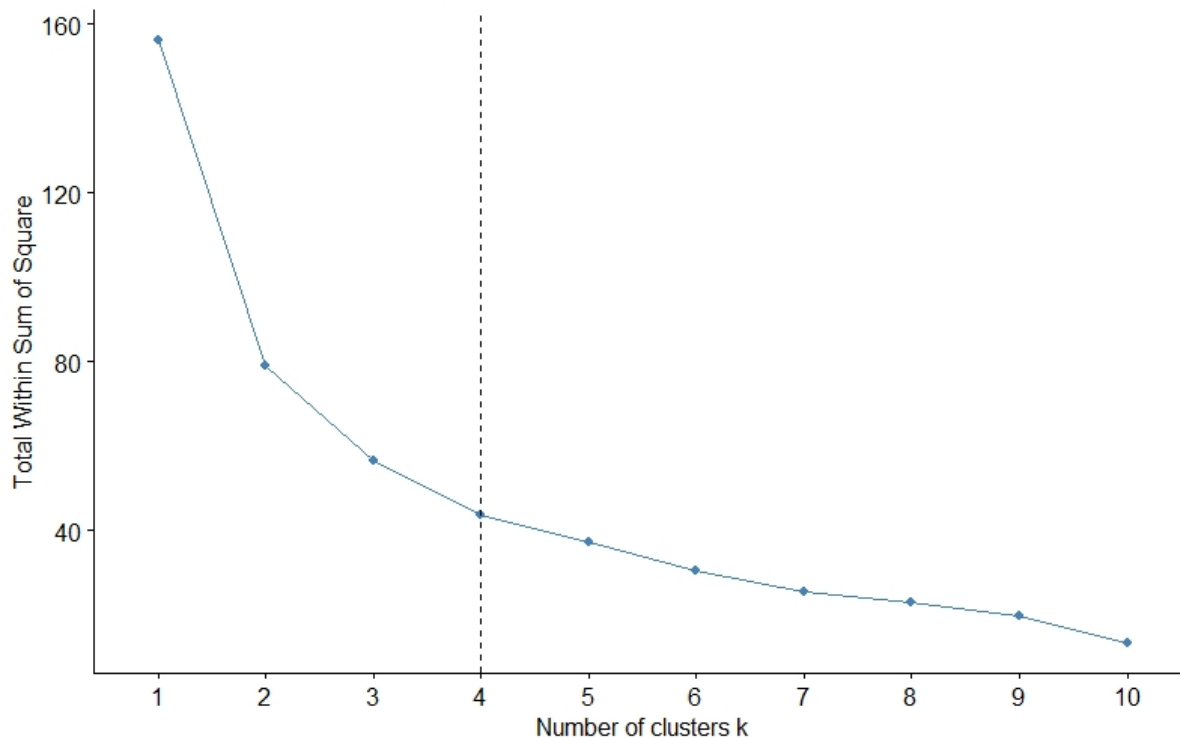


Figura 13. Método del codo hasta K=10 para el agrupamiento de los genotipos evaluados en Marcos Juárez, de la variable duración de ciclo.

En el grupo de ciclo corto, con 4 genotipos en su mayoría de los GM II y III y de HC I, presentó 99 días termales promedio de duración de ciclo. Se destacaron significativamente con una fase R3-R6 prolongada los genotipos DM2200, PI371611 y PI542044 y de crecimiento indeterminado (Tabla 17).

Tabla 17. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los cuatro genotipos de soja de ciclos cortos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	R1-R3	R3-R6
PI54608-1	II	D	94	24	a	35
DM2200	II	I	99	23	a	47
PI371611	V	I	100	24	a	48
PI542044	III	I	101	22	a	50
C.V.			6,6	13,3	32,0	14,0

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

El grupo ciclo intermedio corto, estuvo conformado por 12 genotipos de HC indeterminado y en su mayoría del GM III, y presentó una duración promedio del ciclo de 108 días. En este grupo no se observaron diferencias significativas para las variables estudiadas E-R1, R1-R3 y R3-R6 (Tabla 18).

Tabla 18. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los 12 genotipos de soja de ciclos intermedio cortos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	R1-R3	R3-R6
DM3100	III	I	104	23	a	52
NA3005	III	I	105	24	a	49
ACA360	III	I	106	25	a	45
Williams82	III	I	107	26	a	49
PI547878	III	I	107	27	a	49
TJ2037	III	I	108	23	a	50
A3770	III	I	108	25	a	50
NA3289	III	I	108	25	a	54
PI92689	IV	I	109	29	a	50
PI547875	III	I	110	25	a	47
PI547879	III	I	110	27	a	50
SPS3900	III	I	111	20	a	46
C.V.			7,2	17,8	29,6	13,2

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

En el grupo de ciclo intermedio largo, con 11 genotipos con HC indeterminado y en su mayoría del GM IV, presentó una duración de ciclo promedio de 118 días. Los genotipos NA5009 y J040284 se destacaron significativamente combinando E-R1 cortos con fases R1-R3 y R3-R6 prolongadas. El genotipo PI71465 combinó E-R1 corto y R1-R3 prolongado. Con E-R1 cortos y R3-R6 prolongadas se destacaron Mireya42, ACA420, DM4670 y A4316 y con R1-R3 prolongadas Maria50 y Alim1.57 (Tabla 19).

Tabla 19. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termiales, GM y HC para los 11 genotipos de soja de ciclos intermedio largos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	R1-R3	R3-R6			
Mireya42	IV	I	115	26	a	14	a	56	c
ACA420	IV	I	115	25	a	15	a	52	c
DM4670	IV	I	116	23	a	19	a	54	c
ALIM3.44	IV	I	117	37	c	15	a	44	b
PI71465	V	I	118	25	a	33	c	35	a
A4613	IV	I	118	27	a	20	a	49	c
Maria50	V	I	118	38	c	27	b	34	a
NA5009	V	I	119	28	a	23	b	46	b
ALIM1.57	V	I	121	41	c	25	b	31	a
J040284	IV	I	123	32	b	25	b	45	b
DM4600	IV	I	124	40	c	17	a	39	a
C.V.			8,5	9,4		23,1		14,6	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termiales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termiales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termiales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termiales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

En el grupo de ciclo más largo, con 130 días promedio de ciclo, A5417, A5520, NEM31.07, A6411, ACA530 y A5901 se destacaron significativamente con R1-R3 prolongado (Tabla 20). Este grupo se conformó con 13 genotipos en su mayoría del GM V y de crecimiento determinado. Cuatro de los seis genotipos destacados presentaron HC determinado.

Tabla 20. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termal, GM y HC para los 13 genotipos de soja de ciclos largos en la localidad Marco Juárez evaluados en 2 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	R1-R3	R3-R6			
A5417	V	D	126	45	a	23	b	31	a
A5520	V	D	128	45	a	22	b	33	a
NEM31.07	V	I	129	47	a	20	b	35	a
A6411	VI	D	129	49	a	22	b	34	a
A5777	V	D	129	52	a	17	a	38	a
MD70100	V	D	130	59	a	16	a	39	a
Champaqui5,4	V	D	130	51	a	16	a	39	a
A5409	V	I	130	49	a	18	a	41	a
TJ2055	V	I	131	49	a	14	a	40	a
A6040	VI	D	131	50	a	18	a	39	a
LAE9756701	VI	D	132	52	a	15	a	38	a
ACA530	V	I	135	52	a	22	b	41	a
A5901	V	D	135	49	a	23	b	36	a
C.V.			10,7	12,3		23,3		14,0	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termal desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termal desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termal desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termal desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

FENOTIPIFICACIÓN EN LA LOCALIDAD DE CERRO AZUL

En la localidad de Cerro Azul, se analizaron los registros de fenología de los ciclos agrícolas 2011-12 y 2012-13 y 2015-16 (Tabla 21). Se observa que existió interacción genotipo ambiente estadísticamente significativa, por lo que los genotipos se comportaron diferente según el año de evaluación.

Tabla 21. Análisis de la varianza para el modelo AMMI de la variable duración de ciclo en días termal de los 11 genotipos evaluados en Cerro Azul en 3 ciclos agrícolas.

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor	Error
Ambiente	30.366,4	2	15183,2	228,2445	2,183e-06***	(Ambiente>Rep)
Ambiente>Rep	399,1	6	66,5	7,0306	3,422e-05***	
Genotipo	1660,6	10	166,1	17,5507	8,015e-12***	
Ambiente*Genotipo	1563,8	14	111,7	11,8052	3,066e-10***	
Error	387,9	41	9,5			
Total	34 377,8	73				

Significancias: 0 ‘***’ 0,001 ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05 ‘.’ 0,1 ‘.’ 1

En esta localidad, respecto a Paraná y Marcos Juárez, se registró la mayor variabilidad de acuerdo al desvío estándar y coeficiente de variación para las 4 variables estudiadas, con una distribución normal y con oblicuidad positiva (Tabla 22).

Tabla 22. Medidas de resumen para las variables estudiadas en la localidad de Cerro Azul.

Medida de resumen	Ciclo			
	(E-R8)	E-R1	R1-R3	R3-R6
Observaciones	74,00	74,00	65,00	65,00
Datos faltantes	0,00	0,00	9,00	9,00
Valor mínimo	75,40	34,90	2,40	10,60
Valor máximo	158,90	86,80	42,50	60,50
Media	116,18	55,12	11,60	29,27
Desvío estándar	21,70	13,96	7,57	10,57
Coeficiente de variación	19	25	65	36
Skewness	0,49	0,53	1,79	0,57
Kurtosis	-0,83	-0,83	3,39	0,38

Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

En esta localidad, al igual que en Paraná, la duración de ciclo se correlacionó positiva y significativamente con E-R1, R1-R3 y R3-R6. Entre E-R1 y R3-R6 la correlación fue positiva y significativa y no fue significativa entre E-R1 y R1-R3 y entre R1-R3 con R3-R6 fue positiva y significativa (Figura 14).

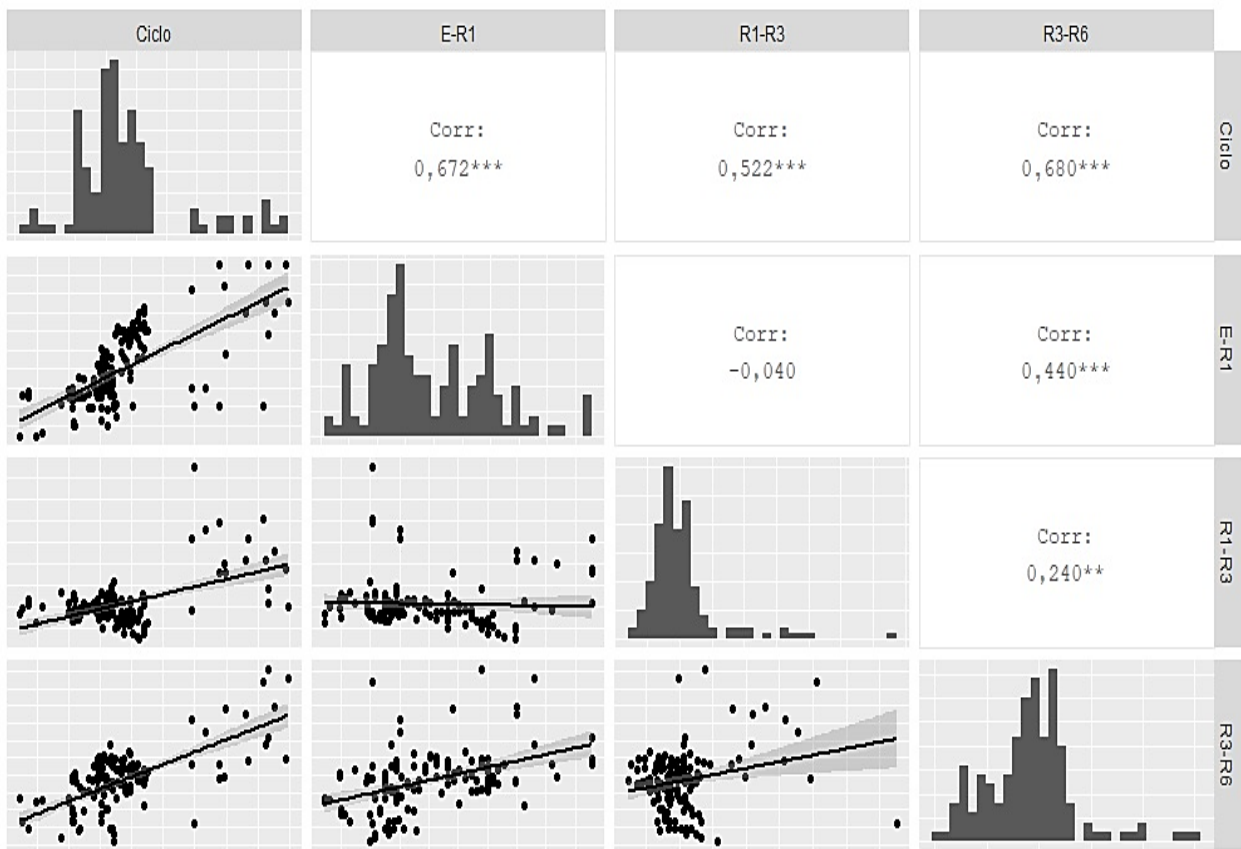


Figura 14. Correlaciones entre las variables Ciclo (E-R8), E-R1, R1-R3 y R3-R6, en días termales, para la localidad de Cerro Azul. Significancias "***" $p < 0,001$, "**" $p < 0,01$, "*" $p < 0,05$, "." $p < 0,10$ y " " $p \geq 0,10$.

CARACTERIZACIÓN DE LOS GRUPOS FORMADOS EN LA LOCALIDAD DE CERRO AZUL

En este caso, se consideraron tres grupos de acuerdo al análisis de agrupamiento por conglomerados (Figura 15).

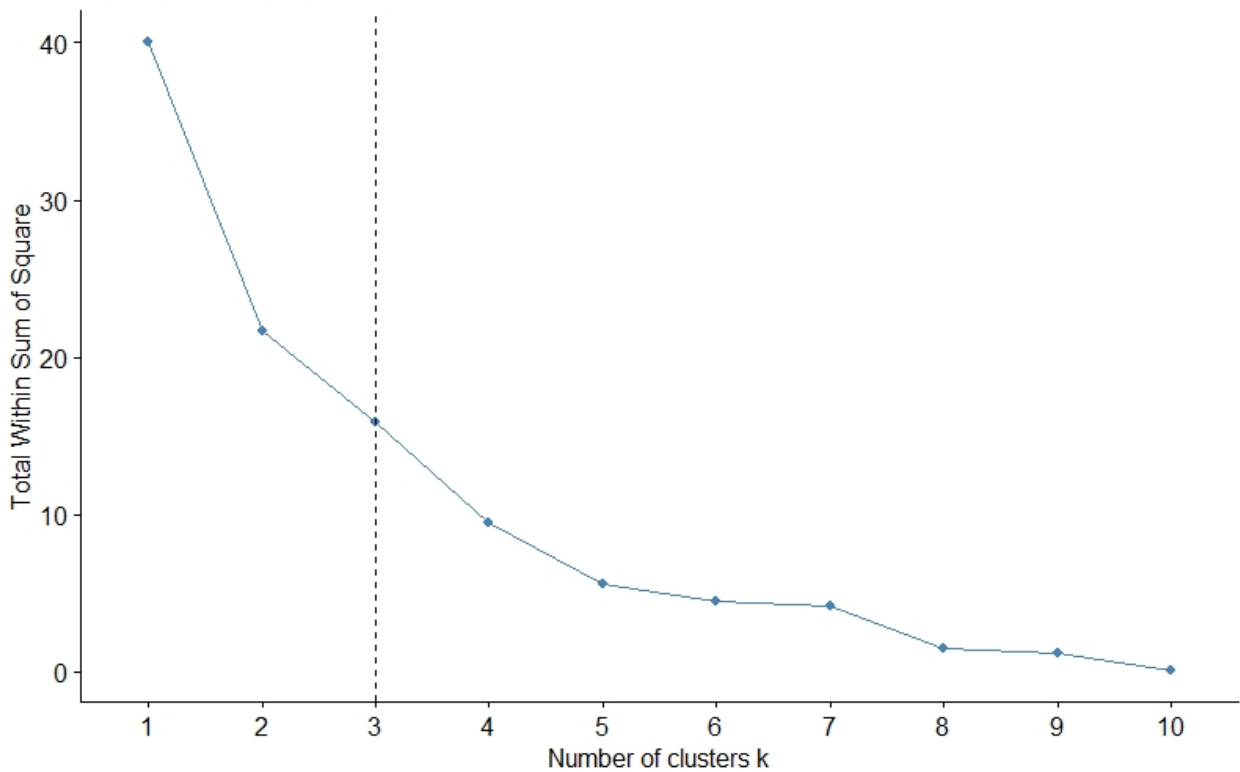


Figura 15. Método del codo hasta K=10 para el agrupamiento de los genotipos evaluados en Cerro Azul, de la variable duración de ciclo.

En el grupo de ciclo corto de genotipos evaluados en Cerro Azul, con 100 días termales promedio de duración de ciclo, no existieron diferencias significativas en cuanto a E-R1, R1-R3 o para R3-R6 (Tabla 23). Este grupo comprendió solo dos genotipos de HC indeterminado de los GM VII y VIII.

Tabla 23. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los dos genotipos de soja de ciclos cortos en la localidad Cerro Azul evaluados en 3 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	R1-R3	R3-R6			
Kinoshita	VIII	I	98	56	a	9	a	24	a
LAE9962801	VII	I	102	42	a	9	a	25	a
C.V.			15,8	22,3		21,7		35,4	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

En el grupo de ciclo intermedio, comprendió seis genotipos que en su mayoría poseían HC determinado y pertenecían a los GM VII y VIII. Este grupo presentó una duración promedio de ciclo de 118 días termales. LAE9757504, Fainta760 y A8000 mostraron periodos de E-R1 más cortos y significativos respecto al resto. Y si bien se observó variabilidad en la duración de las fases R1-R3 y R3-R6 en este grupo, las diferencias entre los genotipos no fueron significativas debido a los altos C.V. (Tabla 24). Los genotipos que se destacaron presentaron tanto HC determinado como semideterminado.

Tabla 24. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6 en días termales, GM y HC para los seis genotipos de soja de ciclos intermedios en la localidad Cerro Azul evaluados en 3 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1		R1-R3		R3-R6	
LAE9757504	VII	SD	111	42	a	18	a	28	a
PI417115	VII	D	116	54	b	12	a	29	a
Himeshirazu	VIII	D	118	60	b	9	a	23	a
PI594754	VII	D	119	64	b	7	a	26	a
Fainta760	VII	D	120	48	a	17	a	38	a
A8000	VIII	D	121	50	a	12	a	34	a
C.V.			19,5	21,0		60,2		39,2	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

El grupo de ciclo largo, tuvo una duración de ciclo de 126 días termales promedio y los genotipos PI594760B y PI459025 presentaron R3-R6 más prolongado y significativo (Tabla 25). Este grupo comprendió 3 genotipos de HC determinado y de los GM VII y X.

Tabla 25. Duración de ciclo (E-R8), de las fases E-R1, R1-R3 y R3-R6, GM y HC para los tres genotipos de soja de ciclos largos en la localidad Cerro Azul evaluados en 3 ciclos agrícolas.

Genotipo	GM ¹	HC ¹	Ciclo	E-R1	R1-R3	R3-R6			
Yori1	VII	D	125	67	a	5	a	26	a
PI594760B	VII	D	125	71	a	4	a	31	b
PI459025	X	D	128	68	a	13	a	35	c
C.V.			16,5	116,3		74,8		5,0	

¹GM y HC según referencias bibliográficas (ver Anexo I, tabla I-1).

*Medias con una letra común no son significativamente diferentes, Scott & Knott Alfa=0,05; Ciclo: días termales desde emergencia a madurez de cosecha, E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

En general para cada localidad y dentro de cada grupo conformado, existió una concordancia entre los GM descriptos por la bibliografía y la duración de ciclo observada de cada genotipo. Se observó variabilidad dentro de cada GM tanto de duración de ciclo como de las fases estudiadas.

La relación entre las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p prolongados con el hábito de crecimiento no fue clara, encontrándose de acuerdo a la localidad y al grupo al que pertenecían, genotipos de HC D o I con E-R1 cortos o R1-R3, R3-R6 y R3-R7 prolongados. Se observó en general una asociación entre el HC y la duración de ciclo y/o GM. En general los genotipos de los GM II al V presentaron hábito de crecimiento indeterminado y los genotipos del GM VI al X en general presentaron crecimiento determinado.

De los 94 genotipos estudiados 39, 19 y 5 genotipos se destacaron en Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul respectivamente, por poseer 1 o más de las características buscadas. NA5009 DM4670, LAE0690102, Fukuyutaka y Tamba se destacaron en Paraná por combinar E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p y PROT12FCA en Paraná y NA5009 y J040284 en Marcos Juárez por combinar E-R1c, R1-R3p y R3-R6p.

GENOTIPIFICACIÓN

Los marcadores analizados en la colección de 94 genotipos de soja fueron 14 SSRs, 12 151 SNPs y 9385 DArTs. Los marcadores SNP y DArT fueron filtrados para obtener los de mejor calidad y eliminar los que presentaban más del 10% de datos faltantes, obteniendo 7125 SNPs y 6465 DArTs.

ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN CON LOS MARCADORES SSR

El mayor nivel de estructuración, basándose en el estadístico ad hoc ΔK , se encontró en $K=2$ (dos poblaciones). Además, se observó una subestructuración en $K=4$ (Figuras 16, 17 y 18).

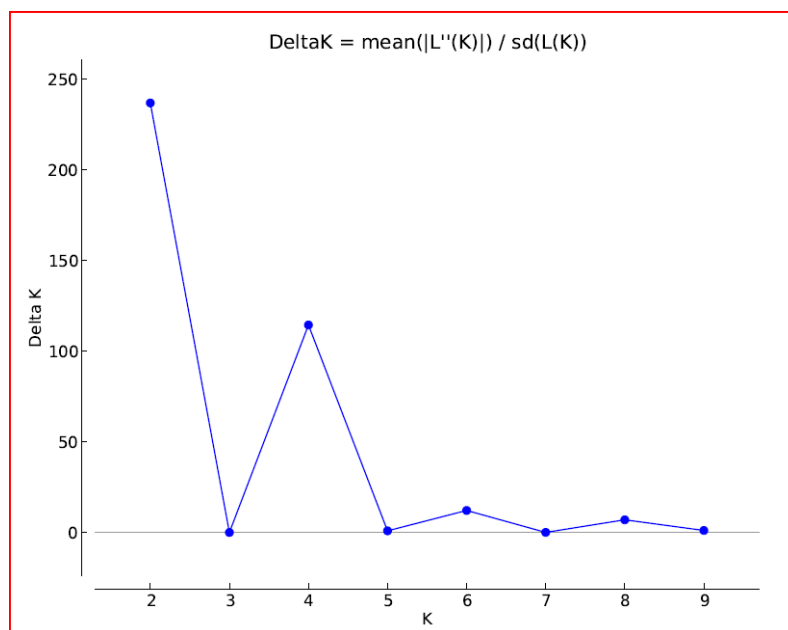


Figura 16. Análisis del nivel de estructuración a través de STRUCTURE HARVESTER con la información obtenida utilizando los marcadores SSR.

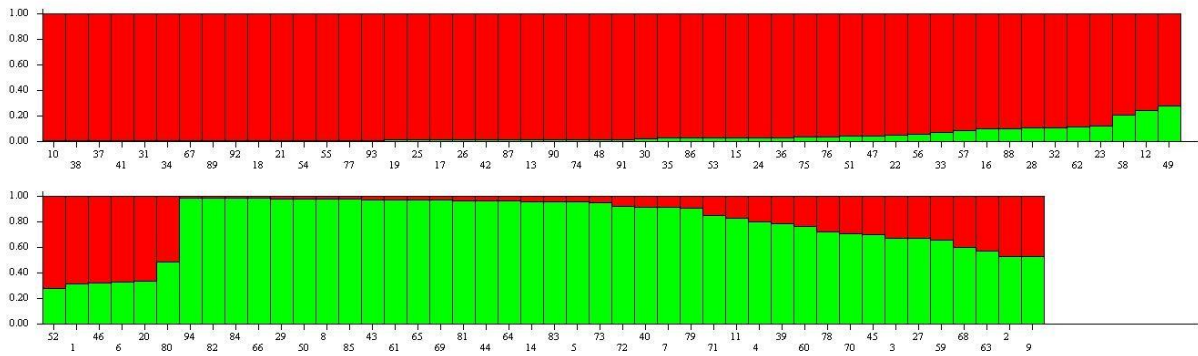


Figura 17. Estructura poblacional para K=2 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SSR.

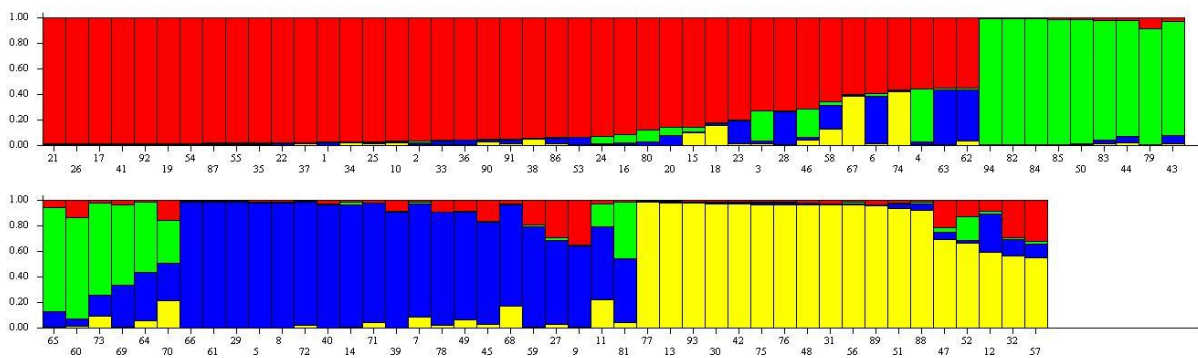


Figura 18. Estructura poblacional para K=4 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SSR.

ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN CON LOS MARCADORES SNP

Para el análisis de la estructura poblacional con marcadores SNP, se trabajó la población de genotipos con 220 SNPs distribuidos a lo largo del genoma (Tabla 26). Se eligieron 11 SNPs por cada cromosoma, teniendo en cuenta que estén ampliamente distribuidos.

Tabla 26. Marcadores SNP y cromosoma al que pertenecen, utilizados para realizar el segundo estudio de estructura de la población de genotipos de soja.

Nombre	Cromosoma	Nombre	Cromosoma	Nombre	Cromosoma	Nombre	Cromosoma
14980794	Gm01	14972171	Gm06	14981958	Gm11	14975164	Gm16
14972782	Gm01	14971968	Gm06	14978852	Gm11	14975085	Gm16
14972462	Gm01	14975160	Gm06	14980642	Gm11	14972142	Gm16
14983505	Gm01	14979225	Gm06	14971702	Gm11	14975014	Gm16
14982684	Gm01	14977693	Gm06	14972889	Gm11	14971759	Gm16
14971091	Gm01	14979148	Gm06	14978747	Gm11	14984010	Gm16
14973184	Gm01	14973405	Gm06	14977493	Gm11	14982896	Gm16
14982580	Gm01	14983569	Gm06	14979336	Gm11	14973083	Gm16
14972658	Gm01	14975564	Gm06	14979828	Gm11	14973601	Gm16
14973046	Gm01	14978585	Gm06	14975458	Gm11	14979056	Gm16
14972075	Gm01	14971698	Gm06	14976891	Gm11	14979571	Gm16
14973093	Gm02	14977387	Gm07	14973312	Gm12	14982298	Gm17
14974118	Gm02	14979128	Gm07	14981482	Gm12	14978773	Gm17
14980122	Gm02	14974415	Gm07	14983061	Gm12	14973441	Gm17
14970975	Gm02	14981629	Gm07	14979405	Gm12	14973841	Gm17
14983443	Gm02	14983498	Gm07	14979583	Gm12	14971263	Gm17
14978036	Gm02	14983738	Gm07	14977513	Gm12	14974524	Gm17
14983739	Gm02	14984124	Gm07	14976376	Gm12	14977900	Gm17
14973879	Gm02	14984117	Gm07	14971143	Gm12	14983255	Gm17
14973944	Gm02	14981070	Gm07	14973741	Gm12	14973543	Gm17
14974664	Gm02	14973180	Gm07	14973006	Gm12	14974402	Gm17
14982869	Gm02	14981714	Gm07	14981342	Gm12	14974638	Gm17
14974022	Gm03	14978940	Gm08	14980732	Gm13	14979541	Gm18
14982119	Gm03	14974512	Gm08	14976151	Gm13	14975487	Gm18
14977978	Gm03	14972115	Gm08	14975805	Gm13	14971470	Gm18
14982065	Gm03	14977271	Gm08	14971325	Gm13	14971597	Gm18
14975539	Gm03	14979368	Gm08	14975218	Gm13	14972504	Gm18
14980577	Gm03	14977199	Gm08	14971172	Gm13	14984121	Gm18
14972090	Gm03	14979854	Gm08	14973594	Gm13	14970925	Gm18
14981331	Gm03	14982596	Gm08	14975096	Gm13	14981434	Gm18
14971950	Gm03	14982905	Gm08	14980061	Gm13	14970957	Gm18
14971491	Gm03	14982446	Gm08	14975180	Gm13	14977142	Gm18
14974018	Gm03	14982769	Gm08	14981632	Gm13	14976435	Gm18
14970968	Gm04	14981708	Gm09	14973687	Gm14	14972867	Gm19

Continuación Tabla 25. Marcadores SNP y cromosoma al que pertenecen, utilizados para realizar el segundo estudio de estructura de la población de genotipos de soja.

14973780	Gm04	14974354	Gm09	14977480	Gm14	14978931	Gm19
14980973	Gm04	14982647	Gm09	14979769	Gm14	14983728	Gm19
14977078	Gm04	14974386	Gm09	14980501	Gm14	14983421	Gm19
14979645	Gm04	14981397	Gm09	14978580	Gm14	14981008	Gm19
14975686	Gm04	14984239	Gm09	14980884	Gm14	14984034	Gm19
14984237	Gm04	14979508	Gm09	14977962	Gm14	14982062	Gm19
14983497	Gm04	14982238	Gm09	14972967	Gm14	14973712	Gm19
14975431	Gm04	14972303	Gm09	14979345	Gm14	14976278	Gm19
14980854	Gm04	14970988	Gm09	14971169	Gm14	14975549	Gm19
14981342	Gm04	14976960	Gm09	14977685	Gm14	14973273	Gm19
14974488	Gm05	14971685	Gm10	14972034	Gm15	14979600	Gm20
14981704	Gm05	14980495	Gm10	14982084	Gm15	14983427	Gm20
14974591	Gm05	14977529	Gm10	14979950	Gm15	14984240	Gm20
14984110	Gm05	14984253	Gm10	14979804	Gm15	14984238	Gm20
14980971	Gm05	14980945	Gm10	14981318	Gm15	14974821	Gm20
14975589	Gm05	14972780	Gm10	14975094	Gm15	14971159	Gm20
14979370	Gm05	14980768	Gm10	14977897	Gm15	14973412	Gm20
14980121	Gm05	14972487	Gm10	14983359	Gm15	14980891	Gm20
14973698	Gm05	14974645	Gm10	14977871	Gm15	14972588	Gm20
14971913	Gm05	14980632	Gm10	14978867	Gm15	14975361	Gm20
14973862	Gm05	14982054	Gm10	14982829	Gm15	14981309	Gm20

El mayor nivel de estructuración, basándose en el estadístico ad hoc ΔK , se encontró en $K=2$ (dos poblaciones). Además, se observó una subestructuración en $K=3$ (Figuras 19, 20 y 21).

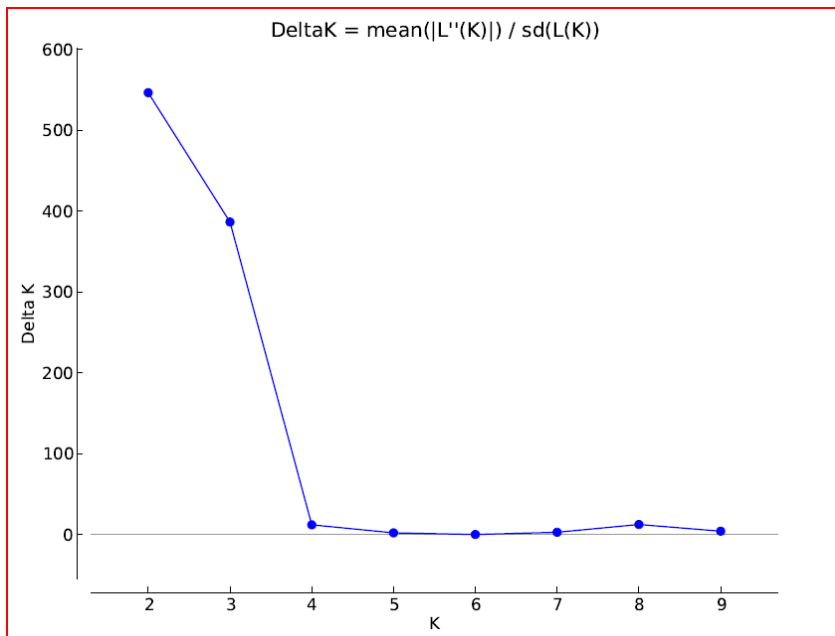


Figura 19. Análisis del nivel de estructuración a través de STRUCTURE HARVESTER con la información obtenida utilizando los marcadores SNP.

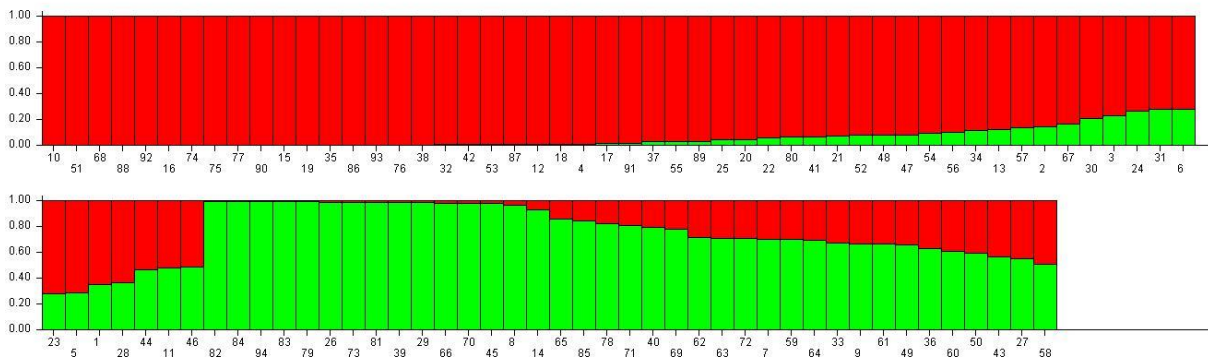


Figura 20. Estructura poblacional para K=2 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SNP.

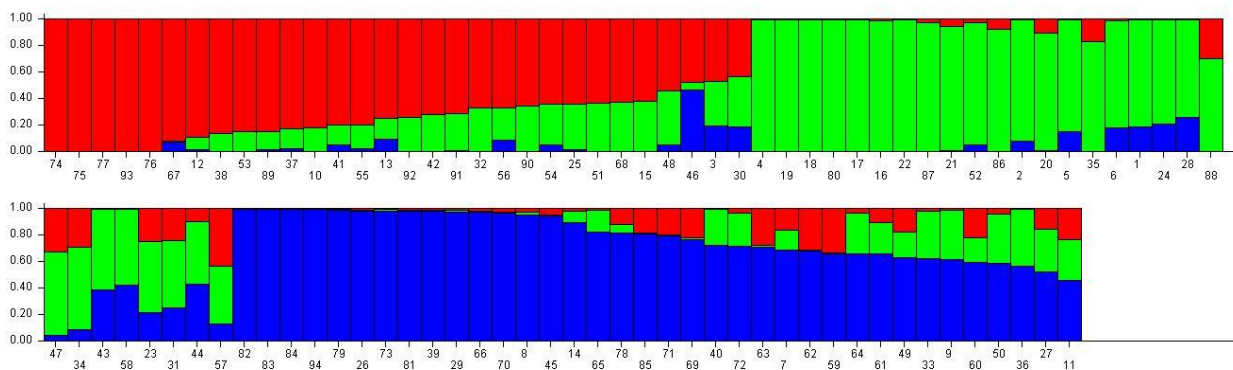


Figura 21. Estructura poblacional para K=3 analizada a través de STRUCTURE con la información obtenida utilizando los marcadores SNP.

Ambos análisis mostraron que el mayor nivel de estructuración se encuentra en K=2 (dos poblaciones) y que tanto los SSR y como los SNP fueron útiles para la determinación de la estructura poblacional de la población en estudio.

En ambos análisis se observó que el mayor nivel de estructuración corresponde al origen del germoplasma, al grado de mejoramiento que presenta y al GM. Considerando el análisis con los SSR, uno de los grupos está constituido por materiales mejorados, comprendiendo 56 genotipos con 46 de ellos de origen argentino desarrollados entre 1998 y 2015, 6 genotipos procedentes de Estados Unidos desarrollados entre 1966 y 1989, 2 de Brasil desarrollados entre 1989 y 1990, un genotipo de China de 1931, uno de Canadá de 1951 y uno de Pakistán de 1972. Abarcaron los GM II al VII, concentrándose 49 de ellos entre los GM III al VI.

El otro grupo está comprendido por materiales en su mayoría exóticos, integrado por 13 genotipos de Japón, 11 de China, 3 de Corea del Sur, 1 de India y 1 de Nyanmar. Estos genotipos ingresaron al banco de germoplasma de Estados Unidos entre 1921 y 1987, pero sus fechas de desarrollo pueden ser anteriores a estas (ANEXO I, Tabla I-1). Además, cuenta con 7 genotipos de Argentina desarrollados entre 1996 y 2012, uno de Brasil de 1981 y uno de Estados Unidos de 1989. Abarcaron los GM II al X, ubicándose 29 de ellos entre los GM VI al VIII.

La estructura que se utilizó para continuar el análisis de asociación fue la obtenida con los 14 SSR.

IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES ASOCIADOS CON E-R1, R1-R3, R3-R6 Y R3-R7

Para Paraná, un total de 209 marcadores SNP y DArT identificados en 2 y 3 años de evaluación, que se asociaron en forma individual o con dos o más de las fases estudiadas (Tabla 27; Anexo II, Tabla II-1).

Tabla 27. Asociaciones entre las fases del ciclo en soja E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7, con los marcadores SNP y DArT analizados, para la localidad de Paraná.

Significancia	Fase	Nº de
		marcadores
0,0001126 - 0,04983	E-R1	107
	E-R1 y R1-R3	4
	E-R1 y R3-R6	4
	E-R1 y R1-R3 y R3-R7	1
	E-R1 y R3-R6 y R3-R7	17
	E-R1 y R3-R7	44
0,0194 – 0,04933	R1-R3	12
0,00077235 – 0,04649	R3-R6	7
	R3-R6 y R3-R7	5
0,00168-0,04934	R3-R7	8
Total		209

E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica

El análisis de los resultados en la localidad de Marcos Juárez y para 2 ciclos agrícolas, permitió identificar 22 marcadores SNP y DArT asociados con una de las 3 fases de ciclo evaluadas (Tabla 28; Anexo II, Tabla II-2).

Tabla 28. Asociaciones entre las fases del ciclo de soja E-R1, R1-R3 y R3-R6, con los marcadores SNP y DArT analizados, para la localidad de Marcos Juárez.

Significancia	Fase	Nº de marcadores
0,000068036 – 0,03875	E-R1	11
0,00956 – 0,03699	R1-R3	7
0,01981 – 0,0409	R3-R6	4
Total		22

E-R1: días termale desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termale desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termale desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

Para la localidad de Cerro Azul, se identificaron 3 asociaciones con marcadores, dos correspondieron con E-R1 y una entre un marcador y las variables R1-R3 y R3-R6 (Tabla 29; Anexo II, Tabla II-3).

Tabla 29. Asociaciones entre las fases del ciclo de soja E-R1, R1-R3 y R3-R6, con los marcadores SNP y DArT analizados, para la localidad de Cerro Azul.

Significancia	Fase	Nº de marcadores
0,02795 – 0,04508	E-R1	2
0,01599 – 0,04737	R1-R3 y R3-R6	1
Total		3

E-R1: días termale desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termale desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termale desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos.

Al comparar los resultados de las 3 localidades, 2 marcadores (14970948|F|0-52:G>T-52:G>T y 14980773|F|0-62:C>G-62:C>G) estuvieron asociados a E-R1 en Cerro Azul y a E-R1 y R3-R7 en Paraná, y un marcador (14977227|F|0-12:A>G-12:A>G) estuvo asociado a R3-R6 y R3-R7 en Paraná y a E-R1 en Marcos Juárez.

De un total de 231 marcadores identificados para las 3 localidades, 88 se encontraron dentro o eran parte de posibles genes candidatos, 134 se encontraron en una zona cercana a un gen, 9 sin genes cercanos dentro de la distancia establecida de estudio de 200 kb alrededor del marcador y 10 solo se pudieron ubicar hasta nivel de cromosoma, pero no su ubicación dentro de los mismos.

IDENTIFICACIÓN DE LOS GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA FASE DÍAS A FLORACIÓN CORTO Y FASES DEL PERIODO REPRODUCTIVO PROLONGADAS.

Algunos genotipos que se destacaron fenotípica y significativamente para alguna de las fases fenológicas estudiadas no presentaron marcadores ni genes candidatos asociados.

Los marcadores estuvieron asociados a uno o más genes candidatos, llegando hasta 36 genes asociados con un solo marcador en algunos casos. Para un total de 212 marcadores seleccionados por estar asociados a floración anticipada (E-R1c) y/o R1-R3, R3-R6 y R3-R7 prolongados (R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p) y dentro de cada grupo de duración de ciclo y localidad, se identificaron 2918 genes como posibles candidatos. Muchos de estos, estaban asociados a más de 1 marcador y a uno o más genotipos. Un total de 2417 genes poseían descripción de procesos biológicos (GO) en la base de datos Soybase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>). Sobre una base de 1268 GO descriptos para los genes encontrados (uno o más genes poseían igual GO), solo 144 GO coincidieron con los descriptos para los genes citados por la bibliografía (Tabla 30) y se detallan en el ANEXO III (Tabla III-1), y entre los cuales se observan varios con una estrecha relación con crecimiento, desarrollo, floración, madurez, periodo reproductivo y sus fases.

Tabla 30. Procesos biológicos (GO) de los genes candidatos que coincidieron con los descriptos para los genes citados por la bibliografía.

N°	Proceso biológico (GO)*	N°	Proceso biológico (GO)*
1	Acumulación de antocianinas en los tejidos en respuesta a la luz ultravioleta	73	Regulación circadiana de la expresión génica
2	Adhesión celular	74	Regulación de la desfosforilación proteica
3	Autofosforilación de proteínas	75	Regulación de la expresión de genes
4	Beta oxidación de ácidos grasos	76	Regulación de la germinación de semillas
5	Cascada de MAPK (Mitogen-Activated Protein Kinases)	77	Regulación de la respuesta de defensa
6	Crecimiento celular unidimensional	78	Regulación de la respuesta de hipersensibilidad
7	Crecimiento del tubo polínico	79	Regulación de la transcripción, dependiente del ADN
8	Deposición de calosa en pared celular	80	Regulación del crecimiento celular unidimensional
9	Desarrollo de carpelos	81	Regulación del crecimiento de meristemas
10	Desarrollo de flores	82	Regulación del desarrollo floral
11	Desarrollo de frutos	83	Regulación del momento de transición de la fase vegetativa a la reproductiva
12	Desarrollo de la cofia de la raíz	84	Regulación del movimiento estomático
13	Desarrollo de las estructuras reproductivas	85	Regulación del proceso biosintético de antocianina

Continuación Tabla 30. Procesos biológicos (GO) de los genes candidatos que coincidieron con los descriptos para los genes citados por la bibliografía.

N°	Proceso biológico (GO)*	N°	Proceso biológico (GO)*
14	Desarrollo de los estambres	86	Regulación del proceso metabólico del peróxido de hidrógeno
15	Desarrollo de los órganos florales	87	Regulación del ritmo circadiano
16	Desarrollo de meristemas	88	Regulación del transporte de protones
17	Desarrollo de óvulos	89	Regulación negativa de la actividad del factor de transcripción de unión a una secuencia de ADN específica
18	Desarrollo de pétalos	90	Regulación negativa de la respuesta de defensa
19	Desarrollo de polen	91	Regulación negativa de la transcripción, dependiente del ADN
20	Desarrollo de semilla	92	Regulación negativa del desarrollo floral
21	Desarrollo de tejidos	93	Regulación negativa del envejecimiento celular
22	Desarrollo en un organismo multicelular	94	Regulación positiva de la transcripción, dependiente del ADN
23	Desumoilación proteica	95	Regulación positiva del desarrollo de flores
24	Detección de luz visible	96	Regulación positiva del proceso biosintético de flavonoides
25	Diferenciación celular	97	Regulación negativa de la fotomorfogénesis
26	Diferenciación de los pelos radiculares	98	Reparación de ADN
27	Dirección de proteínas a la membrana	99	Reproducción sexual
28	Dirección de proteínas a la vacuola	100	Resistencia sistémica adquirida, vía de señalización mediada por ácido salicílico
29	Enlace proteína cromóforo	101	Respuesta a arsénico
30	Enlace proteína tetrapirrol	102	Respuesta a bacterias
31	Escotomorfogénesis	103	Respuesta a estímulos de luz roja de muy baja fluencia
32	Especificación de la identidad del órgano floral	104	Respuesta a la luz azul
33	Fosforilación de peptidil-histidina	105	Respuesta a la luz roja
34	Fosforilación proteica	106	Respuesta a la luz roja lejana
35	Fotomorfogénesis	107	Respuesta a la luz rojo, rojo lejano
36	Fotoperiodismo de día corto, floración	108	Respuesta a la privación de agua
37	Fotoperiodismo de día largo, floración	109	Respuesta a las karrikinas
38	Fotoperiodismo, floración	110	Respuesta al estímulo continuo de luz roja lejana por el sistema de respuesta de alta irradiación
39	Fotosíntesis	111	Respuesta al estímulo de ácido abscísico
40	Fototransducción de luz roja, roja lejana	112	Respuesta al estímulo de ácido salicílico
41	Fototropismo	113	Respuesta al estímulo de auxinas
42	Fusión de la membrana celular	114	Respuesta al estímulo de etileno
43	Gravitropismo	115	Respuesta al estímulo de giberelina
44	Homeostasis de cationes celulares	116	Respuesta al estímulo de la luz
45	Importación de proteínas a la matriz peroxisomal	117	Respuesta al estímulo de sacarosa
46	Importación de proteínas al núcleo, translocación	118	Respuesta al estímulo del ácido jasmónico

Continuación Tabla 30. Procesos biológicos (GO) de los genes candidatos que coincidieron con los descriptos para los genes citados por la bibliografía.

N°	Proceso biológico (GO)*	N°	Proceso biológico (GO)*
47	Interferencia de ARN	119	Respuesta al estrés osmótico
48	Mantenimiento de la identidad del meristema de la inflorescencia	120	Respuesta al estrés salino
49	Mantenimiento de la identidad del meristema floral	121	Respuesta al estímulo de temperatura
50	Mantenimiento de meristemas	122	Respuesta al frío
51	Microsporogénesis	123	Respuesta al ión cadmio
52	Modificación de la pared celular	124	Respuesta a la radiación UV B
53	Morfogénesis de la hoja	125	Respuesta al peróxido de hidrógeno
54	Morfogénesis de órganos	126	Respuesta celular a la privación de agua
55	Morfogénesis de tricomas	127	Respuesta de vernalización
56	Morfogénesis post embriónica	128	Ritmo circadiano
57	Movimiento estomático	129	Senescencia de la hoja
58	Nutación	130	Silenciamiento de la cromatina dependiente de la metilación
59	Organización de cloroplastos	131	Sincronización del reloj circadiano
60	Organización de la cromatina	132	Sincronización del reloj circadiano con el fotoperiodo
61	Organización de la pared celular	133	Sistema de transducción de señales de autofosforilación
62	Organización estructural de meristemas	134	Transcripción, dependiente de ADN
63	Polimerización de actina	135	Transducción de señales
64	Prevención o respuesta al sombreado	136	Transición de la fase vegetativa a la reproductiva del meristema
65	Proceso biosintético de peróxido de hidrógeno	137	Transpiración
66	Proceso catabólico de macromoléculas celulares	138	Transporte de iones de metales de transición
67	Proceso catabólico de peróxido de hidrógeno	139	Transporte de iones metálicos divalentes
68	Proceso catabólico de proteína y ligado a ubiquitina catalizado por el complejo Skp1/Cul1/F-box protein (SCF)	140	Vía de señalización mediada por ácido giberélico
69	Proceso catabólico de proteínas dependiente de ubiquitina	141	Vía de señalización mediada por ácido jasmónico
70	Proceso catabólico de proteínas proteosomales	142	Vía de señalización mediada por etileno
71	Proceso de óxido reducción	143	Vías de señalización de luz roja
72	Proceso metabólico del almidón	144	Vías de señalización de luz roja o roja lejana

*GO descriptos para soja y para los ortólogos y homólogos en la planta modelo *A. thaliana* siguiendo los trabajos de Kim *et al.* (2012) y Kong *et al.* (2010), y la base de datos SoyBase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>), asociados a floración, crecimiento, desarrollo, madurez y periodo reproductivo y sus fases.

Finalmente, un total de 1252 genes candidatos tuvieron GO coincidentes a los de los genes de la bibliografía, y asociados a 209 marcadores. Estos, se distribuyeron en los 20 cromosomas y un solo gen asociado a R1-R3p se ubicó en el scaffold_30. Se identificaron en 20, 13, 13 y 16

cromosomas los genes candidatos para E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p respectivamente. En muchos casos, los genes se asociaron con una o mas fases dependiendo del genotipo y localidad. Así del total de genes identificados, 782 se relacionaron con E-R1c, 35 con E-R1c y R1-R3p, 20 con E-R1c, R1-R3p y R3-R7p, 42 con E-R1c y R3-R6p, 57 con E-R1c, R3-R6p y R3-R7p, 298 con E-R1c y R3-R7p, 108 con R1-R3p, 83 con R3-R6p, 33 con R3-R6p y R3-R7p y 172 con R3-R7p (Figura 22).

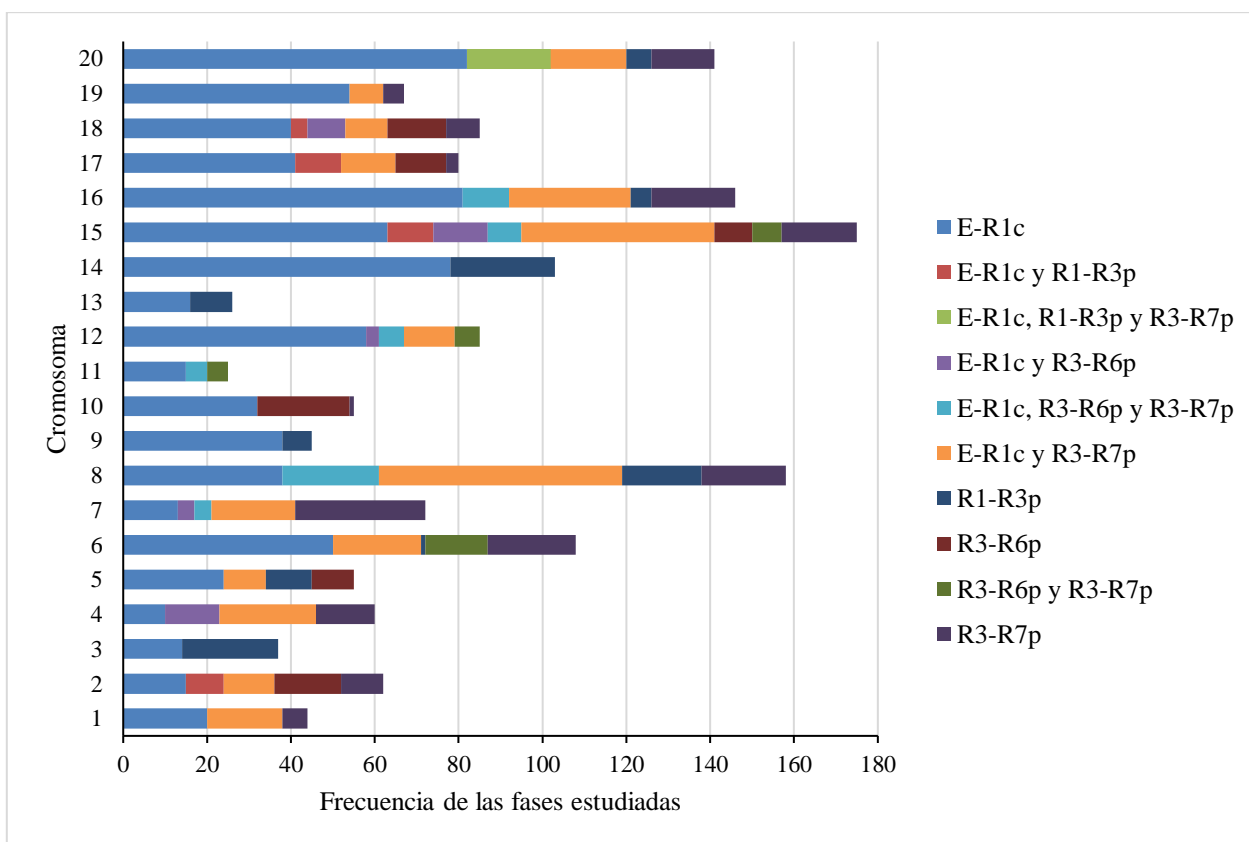


Figura 22. Distribución de las frecuencias de las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p y sus combinaciones para cada cromosoma.

De los genes candidatos identificados, 11 estaban citados por la bibliografía: *Glyma.01G188400* (AP2), *Glyma.02g099500* (TEM1), *Glyma.03G194700* (TFL1), *Glyma.05G231700* (FRI), *Glyma.06G207800* (E1), *Glyma.12G224600* (SPA3), *Glyma.17G062000* (ZTL), *Glyma.17G231600* (ELF3), *Glyma.19g224200* (E3), *Glyma.18G224500* (AGL20) y *Glyma.20G186200* (TEM1).

En el ANEXO IV se enumeran las asociaciones entre las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p, marcadores moleculares, genotipos portadores y genes candidatos.

Sumado a esto, se pudieron identificar 31 genes candidatos que contenían el marcador en su secuencia (ANEXO V, tabla V-I), de los cuales *Glyma.04G060800*, *Glyma.05G000600*, *Glyma.05G227100*, *Glyma.05G231700*, *Glyma.07g070800*, *Glyma.08G199000*, *Glyma.11G130300* y *Glyma.16G178700*, *Glyma.17G029800* y *Glyma.10G027000* estaban relacionados a crecimiento, desarrollo y floración.

Por otra parte, se identificaron 45 genes candidatos que no compartían GO con la bibliografía, pero contenían los marcadores (ANEXO V, tabla V-II). De estos, 3 genes (*Glyma.12G225400*, *Glyma.15G048400* y *Glyma.16G155800*) estarían relacionados a crecimiento, desarrollo y al cambio de las fases fenológicas del cultivo.

En NA5009 se identificaron 6 genes candidatos (*Glyma.12G067000*, *Glyma.12G067100*, *Glyma.12G068500*, *Glyma.12G068900*, *Glyma.12G069100* y *Glyma.12G069200*) relacionados a R3-R6p y R3-R7p en Paraná y a E-R1c en Marcos Juárez, asociados a un solo marcador (14977227|F|0-12:A>G-12:A>G). Además, 3 genes asociados a E-R1c en Paraná y al marcador 14980000 (*Glyma.06G211900*, *Glyma.06G212800* y *Glyma.06G212900*) también estaban asociados en Marcos Juárez a E-R1c con el marcador 14979999|F|0-47:T>C-47:T>C.

DISCUSIÓN

FENOTIPIFICACIÓN

DIFERENCIAS EN LA LONGITUD DE DISTINTAS FASES EN PERIODOS FENOLÓGICOS EN LA POBLACIÓN DE MAPEO DE GENOTIPOS DE SOJA, COMPUESTA POR GENOTIPOS ARGENTINOS Y EXÓTICOS, AGRUPADOS POR CICLO TOTAL SIMILAR

El análisis de interacción genotipo ambiente (AMMI) de la variable duración de ciclo, dio como resultado la existencia de interacción genotipo por ambiente significativa, dada por las distintas sensibilidades de los genotipos a los diferentes ambientes y principalmente a sus condiciones fototermales (cinco ciclos agrícolas en Paraná, dos en Marcos Juárez y tres en Cerro Azul).

Los genotipos de soja evaluados en este trabajo, de los GM del II al X (HC indeterminado y determinado), pudieron agruparse en diferentes grupos en cada localidad con un análisis de conglomerados no jerárquico de K-means teniendo en cuenta el método del codo, de acuerdo a su duración de ciclo. Y en cada grupo, la mayoría de los genotipos pertenecían a uno o dos GM. El estudio de las fases E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 permitió detectar, en ocho de los 10 grupos de genotipos conformados, y considerando las tres localidades, genotipos con fases E-R1 más cortas y R1-R3, R3-R6 y R3-R7 prolongadas, frente a otros de sus mismos grupos, presentándose estas fases de menos días a inicio de floración como de mayores longitudes de R1-R3, R3-R6 y R3-R7 tanto en forma individual o en diferentes combinaciones.

Dos grupos de los 10 conformados para las tres localidades, no presentaron diferencias destacables en las fases estudiadas. El grupo de ciclo intermedio corto conformado en la localidad de Marcos Juárez con 12 genotipos de los GM III y IV y el grupo de ciclo corto con dos genotipos de los GM VII y VIII, evaluados en Cerro Azul. Esto podría deberse a una falta de genotipos que aporten mayor variabilidad en el panel de mapeo dentro de estos grupos de madurez. Además, es posible que las localidades y ambientes y especialmente en Cerro Azul las distintas fechas de siembra, no hayan permitido la expresión de la variabilidad buscada en los genotipos evaluados,

por lo que para descartar este factor, otros ambientes con diferentes condiciones fototermales deberían haberse incorporado a este trabajo, con una mayor latitud para evaluar los genotipos de GM III y IV y con menor latitud en el caso de los GM VII y VIII, como así también respetar las fechas de siembra en cada localidad para que las condiciones fototermales sean semejantes.

Diversos trabajos confirman las variaciones de duración de fases en el ciclo en sojas con similar ciclo de vida. Anteriormente Kantolic and Slafer (2001), observaron en cultivares argentinos del GM V indeterminados, diferencias en el periodo de R3-R6 debido a una diferencia en su sensibilidad fotoperiódica, con estudios de campo y prolongando el fotoperiodo con luz artificial luego de R3. Bernardi *et al.* (2013), estudiaron la variabilidad de patrones fenológicos en 56 genotipos de soja (cultivares argentinos y exóticos de los GM III, IV, V y VI, agrupados por duración de ciclo), y también determinaron la presencia de diferencias entre las fases E-R1, R1-R5, R3-R6 y R1-R6 dentro de cada grupo de soja que compartían similar duración de ciclo. Por otro lado, Sanchez (2013) trabajando con líneas de soja dentro de los GM VII y VIII (H.C. determinado), observaron que en grupos de líneas con similar longitud de ciclo, existían diferencias en las etapas vegetativas y reproductivas, principalmente desde emergencia a inicio de floración. Analizando los resultados del trabajo de Jiang *et al.*, (2014) donde estudiaron la combinación alélica de los loci *E1*, *E2*, *E3* y *E4* y su efecto en la diversidad de madurez y adaptación a diferentes latitudes del cultivo de soja, se puede observar que dentro de los genotipos provenientes de Estados Unidos y dentro de cada GM, existe variación en los periodos de E-R1, E-R7 y E-R8. Por otro lado, Liu *et al.* (2017) estudiaron la variación genética del día a madurez y la distribución geográfica de los GM y observaron en una colección de 512 genotipos de soja de los GM 000 al X, la existencia de diferencias en el cociente entre los periodos desde siembra a floración y desde siembra a madurez dentro de cada GM. También en el trabajo de Li *et al.* (2017), donde estudiaron la variación genética de 299 genotipos de soja dentro de los GM 000 al X y 4 loci *E*, observaron que había una importante variación en la proporción entre el periodo reproductivo y el vegetativo entre genotipos de un mismo GM. Y posteriormente, en el trabajo de Jiang *et al.* (2019), donde estudiaron la variación natural de la familia de genes *FT* en 127 variedades de soja de los GM 0000 al X, se pueden observar diferencias dentro de cada GM en las longitudes de las fases estudiadas E-R1, E-R7 y E-R8.

En diferentes trabajos, se ha concluido que los periodos reproductivos prolongados tienen un efecto positivo en el crecimiento y desarrollo de las plantas de soja. Asumadu *et al.* (1998) en un experimento con isolineas para los loci *E1*, *E2* y *E3* y prolongando artificialmente el fotoperiodo, observaron un incremento en la duración de la floración asociado a un incremento de biomasa y rendimiento. Por su parte, Kantolic (2008), como resultado de diversos estudios aumentando el fotoperiodo en condiciones de campo con luz artificial y en sojas del GM V indeterminadas, menciona que si se considera un acortamiento de los días a floración y un alargamiento de la fase posfloración (periodo reproductivo prolongado), la planta se ubicaría bajo condiciones de alta radicación y temperatura y fotoperiodos largos, lo que permitiría lograr una mayor tasa de crecimiento del cultivo durante el periodo crítico desde floración a comienzos de llenado de granos aproximadamente, logrando un mayor número de semillas, asociando esto principalmente a una mayor radiación acumulada entre R3-R6. Por su parte Nico *et al.*, (2015) también observaron que al prolongar artificialmente el fotoperiodo luego de inicio de floración, el cultivar NA 5009 extendía la duración de la fase postfloración, y que este incremento se asociaba a un aumento de la radiación fotosintéticamente activa acumulada, a un aumento en el número de nudos y a un aumento en la producción de biomasa aérea.

Dos loci con dominancia parcial, uno con 3 alelos epistáticos (Dt_1 , dt_1 , dt_{1-i}) y otro con dos alelos (Dt_2 , dt_2), y sus posibles combinaciones, determinan el tipo de crecimiento de la planta de soja (Bernard, 1972; Thompson *et al.*, 1997). Esto da como resultado genotipos con HC determinado, indeterminado o semideterminado, que poseen una distinta relación o yuxtaposición de sus desarrollos vegetativos y reproductivos (Fehr, 1993; Kantolic, 2008). En este trabajo, el HC estuvo asociado en forma general con el GM, así, se observó que la mayoría de los genotipos de los GM II al IV, presentaron HC indeterminado y del GM V al X el HC fue en general determinado. Esto está en concordancia a lo descrito por Baigorri (1997), Heatherly and Elmore (2004) y Baigorri *et al.*, (2009) que, por una menor longitud de ciclo y para evitar las primeras heladas, los GM IV e inferiores, se seleccionan con HC indeterminado, así se logra mantener una duración de la etapa reproductiva suficiente con una importante superposición con la etapa vegetativa, para optimizar el crecimiento del cultivo en latitudes altas.

Los genotipos destacados tanto por un inicio de floración temprana (E-R1 cortos) o con las fases prolongadas R1-R3, R3-R6 y R3-R7 del periodo reproductivo, presentaban en forma indistinta HC indeterminado o determinado dentro de un mismo grupo y sin una relación clara. Bernard (1972), en uno de los primeros trabajos donde se estudiaron los loci *Dt1* y *Dt2* y el HC en soja, usando los cultivares Harosoy y Clark y sus respectivas aislíneas, observó que los genotipos con HC determinado comenzaban a florecer uno o dos días antes y dejaban de florecer 2 a 3 semanas antes que los genotipos de HC indeterminados y que el número de nudos en el tallo principal era mayor en estos últimos, sumado a que también presentaban mayor altura. Por su parte los genotipos de HC semideterminados obtuvieron valores intermedios. Posteriormente Heatherly and Elmore (2004), realizando una revisión de trabajos sobre el HC en soja, no encontraron una relación clara entre el HC y la longitud del periodo reproductivo.

La cierta independencia observada en esta tesis entre la longitud de las fases estudiadas y el HC, podría deberse al efecto de distintos factores dentro del fondo genético de cada genotipo, que en interacción con los de HC y con el ambiente dan como resultado los fenotipos observados.

Bajo condiciones transitorias de estrés hídrico o térmico, es posible que genotipos con periodos reproductivos prolongados, o fases prolongadas dentro de este, puedan compensar en algún grado, el aborto de flores y vainas, por una mayor producción de flores y frutos, comparados con aquellos genotipos de igual ciclo pero con menor duración del periodo reproductivo, siendo la caída del rendimiento de una menor magnitud. Pero hasta el momento no se ha encontrado bibliografía al respecto. Ha sido sugerido por ejemplo por Sadras *et al.* (2012), en una forma general y para cultivos de HC indeterminado asociados a una floración prolongada, que esta característica podría permitir la compensación de pérdidas de flores y frutos causadas por un estrés transitorio, comparado con cultivos de crecimiento determinado. También Ludlow and Muchow (1990) mencionan que una floración indeterminada podría dar plasticidad a los cultivos, al permitir que esta o la fructificación estén expuestas parcialmente a la ocurrencia de un estrés transitorio.

La fase E-R1c se observó en 30 genotipos, y en 26 de estos se asoció a una o mas del resto de fases estudiadas prolongadas. Esto nos indicaría que E-R1c podría ser un buen indicador de periodos reproductivos prolongados, pero que no brindaría suficiente información respecto a la

longitud de las fases posteriores, debido a la independencia observada. La combinación entre las fases R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p fue más aleatoria y no tan clara. Esta independencia también fue observada por *Liu et al.* (2016), lo que sugiere que más de un factor genético y sus posibles interacciones estarían gobernando las distintas fases estudiadas. Al analizar los genotipos con fases R3-R6p y R3-R7p en Paraná, de 26 genotipos que presentaron R3-R7p solo 7 lo combinaron con fases R3-R6p. Esto da una idea de la independencia entre estas. Fases R3-R6 prolongadas han sido asociadas a un mayor número de nudos, vainas y semillas (*Kantolic y Slafer, 2001, 2005, 2007*). Además, el aporte en días de la fase R6-R7 como se observa en este trabajo, es variable y en muchos casos importante y será un factor a tener en cuenta, considerando que a partir de R6, las vainas maximizan su peso seco pero aún resta al menos un 20 % del crecimiento de los granos (*Kantolic et al., 2004*).

GENOTIPIFICACIÓN

ESTRUCTURA DEL PANEL DE MAPEO E IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A LAS DIFERENTES FASES FENOLÓGICAS ESTUDIADAS.

Los análisis de la estructura tanto por SSR y por SNP, permitieron observar que el mayor nivel de estructuración de la población estudiada correspondía a dos grupos, uno de los cuales comprendía en su mayoría genotipos del GM III al VI y de Argentina, mientras que el segundo grupo en su mayoría comprendía genotipos del GM VI al VIII y exóticos. Por lo que la estructuración correspondió al origen del germoplasma, al grado de mejoramiento que presentaban los genotipos y al GM. Estos resultados son similares a los observados en otros estudios en soja de mapeo de asociación y similares, donde se menciona que la estructura de las poblaciones estudiadas y los grupos formados corresponden al origen y/o ciclo, a la respuesta fotoperiódica de los genotipos (*Wen et al., 2014, Zhou et al., 2015, Liu et al., 2016, Mao et al., 2017, Fang et al., 2017, Wang et al., 2018 y Copley et al., 2018*) y al grado de domesticación (*Zhou et al. 2015; 2016*). Según *Liu et al.* (2016) esta coexistencia o superposición de diferenciación genética y espacial es debida principalmente a la selección natural y por la meroja genética por el hombre, siendo la

respuesta fotoperiódica entre GM diferentes, uno de los principales factores de selección que lleva a la diferenciación de los cultivares de soja.

Unas 231 asociaciones entre fases estudiadas y marcadores fueron consistentes en dos o tres ciclos agrícolas dependiendo de la localidad, y tres marcadores fueron identificados en 2 localidades, pero asociándose con distintas fases o combinaciones. El número de asociaciones identificadas varió entre localidades, como así también se observaron marcadores asociados con dos o mas fases. Esto es algo que se puede observar en otros estudios de mapeo de asociación y el estudio del ciclo y de sus fases en el cultivo de soja (Zhang *et al.*, 2015; Liu *et al.*, 2016; Copley *et al.* (2018).

En la localidad de Cerro Azul se obtuvo la menor cantidad de asociaciones entre marcadores y fases y entre marcadores y genes candidatos respecto a las localidades de Paraná y Marcos Juárez. Esto se debió al menor tamaño de muestra analizado, la mayor variabilidad que presentaron los datos, y a las fechas de siembra que fueron distintas en cada ciclo agrícola evaluado, influyendo en el análisis de las asociaciones. Futuros estudios de fenotipado serían necesarios para robustecer los resultados obtenidos para esta localidad, considerando la fecha de siembra como un factor significativo a tener en cuenta.

GENES CANDIDATOS Y SUS FUNCIONES BIOLÓGICAS O GO

Numerosos genes fueron identificados asociados a una floración temprana y a la mayor duración de una o varias de las fases estudiadas del periodo reproductivo. Esto puede deberse a que la soja es una especie que ha experimentado dos ciclos de duplicación completa del genoma, hace 59 y 13 millones de años atrás (Shomeaker *et al.*, 1996; Schmutz *et al.*, 2010), dando como resultado la presencia de un gran número de genes en múltiples copias que participan en procesos biológicos iguales o similares o con subfuncionalización. De acuerdo a lo indicado por Watanabe *et al.* (2012) y Kim *et al.* (2012), este origen paleopoliploide de la soja da como resultado múltiples

copias de genes de floración ortólogos de *A. thaliana* que interactúan entre ellos en mayor y menor medida y el ambiente.

En este trabajo, 1252 genes candidatos, se identificaron como posibles genes con GO coincidentes a los descriptos para los genes *E1*, *E2*, *E3*, *E4*, *E9*, *E10*, *J*, *Dt1* y 117 genes ortólogos y/o homólogos a genes en *A. thaliana* asociados a floración, desarrollo y madurez (Kim *et al.*, 2012). Los genes candidatos se relacionaron en forma individual o en diferentes combinaciones con las fases E-R1 cortas y R1-R3, R3-R6 y R3-R7 prolongadas, en grupos de genotipos con similar duración de ciclo.

De los genes candidatos, 11 estaban citados por la bibliografía: *Glyma.01G188400* (*AP2*), *Glyma.02g099500* y *Glyma.20G186200* (*TEM1*), *Glyma.03G194700* (*TFL1*), *Glyma.05G231700* (*FRI*), *Glyma.06G207800* (*E1*), *Glyma.12G224600* (*SPA3*), *Glyma.17G062000* (*ZTL*), *Glyma.17G231600* (*ELF3*), *Glyma.18G224500* (*AGL20*) y *Glyma.19g224200* (*E3*), se describen a continuación.

El gen *Glyma.01G188400* (*AP2*, *GmTOE3b*), se identificó en el genotipo NS6002 asociado a fases de E-R1 cortas. Este gen pertenece a la familia de los factores de transcripción APETALA2/ERF. En *A. thaliana* el gen homólogo *AP2* regula el meristema floral, la identidad de los órganos florales y su desarrollo, el desarrollo de óvulos y tegumento de semillas. Además, determina el tamaño de semilla, peso de semilla y participa en la acumulación de aceite y proteína. Los transcriptos de *AP2*, se detectan en plántulas, raíces, meristemas de inflorescencia, órganos florales y en semillas y embriones en desarrollo (Jofuku *et al.*, 2005; Ohto *et al.*, 2005; Kim *et al.*, 2012). Phukan *et al.*, (2017) mencionan que participan en soja en la expresión de genes asociados a la respuesta al estrés a través de diferentes mecanismos. Zhao *et al.*, (2015) describen dentro de la misma clase de genes a *GmTOE4a*, que participa en la floración mediada por el fotoperíodo regulado por los genes *E3* y *E4* y en la morfología de la planta.

Para *Glyma.01G188400* (*AP2*, *GmTOE3b*) los GO descriptos en SoyBase.org son: diferenciación celular, desarrollo de flores, mantenimiento de meristemas, desarrollo de óvulos, regulación de la transcripción, respuesta al estímulo de giberelina, desarrollo de semilla, reproducción sexual, especificación de la identidad de los órganos florales y desarrollo de tejidos.

Glyma.02g099500 (*TEMPRANILLO 1*, *TEM1*) relacionado con la fase R3-R7p y los genotipos Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba y PI154440 y *Glyma.20G186200* (*TEMPRANILLO 1*, *TEM1*) relacionado con el genotipo Harosoy y la fase E-R1c, participan en la homeostasis celular de cationes, transporte de iones metálicos divalentes, vías de señalización mediadas por etileno, fotoperiodismo y floración y regulación de la transcripción dependiente del ADN. En *A. thaliana* *TEM1* regula negativamente la expresión de *FT* de acuerdo a su balance con el gen *CONSTANS* (*CO*) y sería un mecanismo para prevenir floraciones tempranas (Castillejo and Pelaz, 2008).

El gen *Glyma.03G194700* (*TFL1*) se identificó en el genotipo J040284 asociado a fases R1-R3 prolongadas. Se considera un gen con subfuncionalización o neofuncionalización del gen *Glyma.19G194300* (*GmTFL1 - Dt1*), que controla el HC en soja y homólogo de *A. thaliana* *terminal flower 1* (*TFL1*). *Glyma03G194700* se expresa principalmente en raíces y ápices de tallos jóvenes, brotes y en cotiledones de semillas inmaduras, mientras que *Glyma.19G194300* (*GmTFL1 - Dt1*) se expresa principalmente en raíces y hojas jóvenes y flores siete días después de floración y en meristemas apicales al igual que *TFL1* de *A. thaliana*. Además, se mencionan otros 2 homólogos a *TFL1*, *Glyma16G196300* y *Glyma09G143500* (Tian *et al.*, 2010; Liu *et al.*, 2010; Kim *et al.*, 2012). El gen *TFL1* en *A. thaliana* mantiene el crecimiento indeterminado del meristema apical retrasando la regulación de los genes de identidad floral. *Glyma.03G194700* participa en soja en la regulación negativa del envejecimiento celular y del desarrollo floral, en el fotoperiodismo y floración, en dirigir proteínas a las vacuolas, en la regulación del desarrollo floral y en la respuesta al estímulo de la sacarosa (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org>).

Glyma.05G231700 (*FRI*), con el marcador en su secuencia, se relacionó con E-R1c y R3-R7p y con los genotipos A5901, A6126, LAE9758803-B, LAE0690102 y Tamba y con R3-R7p asociado a los genotipos Inta Paraná 6200, Inta Paranaá 5500, LAE9754703, PI90768, RA514, RA605 y LAE9757504. Participa en la diferenciación celular y desarrollo de flores. Es homólogo del gen *FRIGIDA* (*FRI*) que participa en la regulación del tiempo a floración en *A. thaliana* en genotipos de floración tardía.

Dentro de los loci identificados, el locus *E1* (*Glyma.06G207800*) se relacionó con los genotipos DM4670, Harosoy y NA5009 con E-R1c. *E1* de la serie de los loci *E*, es influenciado por la calidad de la luz y el fotoperiodo, y está asociado directamente a la floración y madurez en soja. El loci de *E1* posee un gran efecto en floración en soja, su alelo dominante retrasa su floración en condiciones de días largos, regulando la expresión de los genes *GMFT2a* y *GMFT5a* que promueven la floración (Cao *et al.*, 2017).

A *Glyma.12G224600* (*SPA3*) se lo identificó en los genotipos Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA asociados a E-R1c y con Tamba asociados E-R1 y R3-R7p. Participa en la fosforilación de proteínas, respuesta al estímulo de auxinas y respuesta al frío. Pertenece a un grupo de factores junto con SUPPRESSOR PHYA-105 1 (*SPA1*), *SPA3*, *SPA4* y CONSTITUTIVE MORPHOGENETIC 1 (*COP1*) que regulan la estabilidad de la proteína CONSTANS (*CO*) que posee un rol central en el control fotoperiódico de la floración (Wu *et al.*, 2014).

Glyma.17G062000 (*ZTL2*) es uno de los cuatro homólogos identificados en soja, de *ZEITLUPE* (*ZTL*) que participa en el control del tiempo a floración y fotomorfogénesis en *A. thaliana* (Xue *et al.*, 2012). Se lo identificó en los genotipos Fukuyutaka, NattoKotsubu y Tamba asociado a periodos de E-R1c y R3-R7p. En soja, participa en procesos catabólicos macromoleculares celulares, regulación del ritmo circadiano, beta-oxidación de ácidos grasos, desarrollo de flores, proceso catabólico de proteínas en la matriz de peroxisomas, regulación de la transcripción, respuesta a la luz roja o roja lejana, procesos catabólicos de proteínas ligados a ubiquitina catalizados por el complejo *Skp1/Cull1/F-box protein* (*SFC*) y transducción de señales.

Glyma.17G231600 (*ELF3*), se identificó en los genotipos ACA420, ALIM3.44 y Mireya42 asociado a R3-R6p. Es uno de los 3 genes identificados en soja como homólogos de *A. thaliana* *EARLY FLOWERING 3* (*ELF3*). En *A. thaliana* *ELF3* es responsable de la generación del ritmo circadiano y regula la fotomorfogénesis vegetativa y la inducción floral a través del fotoperiodo. Modula el restablecimiento del ritmo circadiano e integra temperatura y fotoperiodo. Su expresión varía en el transcurso del día con un mínimo de expresión al amanecer y un pico o máximo al atardecer (Zhao *et al.*, 2012; Zagotta *et al.*, 1996; Kim *et al.*, 2012). En soja participa en el ritmo circadiano, nutación, inducción del ritmo circadiano regulado por el fotoperiodo, fotoperiodismo,

floración, fototransducción de luz roja lejana, desarrollo floral, regulación del movimiento estomático, respuesta al estímulo de ácido abscísico y crecimiento celular unidimensional.

Glyma.18G224500 (*AGL20*, *SOC1*, *GmSOC1* o *GmGALI*) es ortólogo de *A. thaliana* *SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO1/AGAMOUS-LIKE 20* (*SOC1/AGL20*). En *A. thaliana*, está asociado al control de la identidad del meristema apical, el desarrollo de órganos y el tiempo a floración (Zhong *et al.*, 2012; Na *et al.*, 2013). Se identificó en el genotipo Harosoy, relacionado a E-R1c. Según SoyBase (Grant *et al.*, 2010, <https://soybase.org/>), participa en la acumulación de antocianinas en tejidos en respuesta de la luz UV, desarrollo de carpelos, flores y óvulos, regulación positiva del desarrollo floral, regulación de la transcripción dependiente de ADN, importación de proteínas al núcleo (translocación), respuesta al frío y de vernalización.

Glyma.19g224200 (*E3*), se identificó en Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu y Tamba relacionado con R3-R7p. Este gen es reportado como ortólogo del gen *Gigantea* (*GI*), asociado a la floración en *Arabidopsis thaliana* (Huq *et al.*, 2000; watanabe *et al.*, 2011). El locus *E3* o *FT3* (*E3*, *e3-tr*, *e3-ns* y *e3-fs*) codifica la proteína GMPHYA3 del fotoreceptor fitocromo A (Xu *et al.*, 2013; Shin and Lee, 2012; Watanabe *et al.*, 2009). Los GO descriptos en Soybase son: detección de luz visible, enlace proteína-tetrapirrol, enlace proteína-cromóforo, fosforilación de peptidil-histidina, fotomorfogénesis, fototransducción de luz roja - roja lejana, fototropismo, gravitropismo, regulación de la transcripción dependiente del ADN, respuesta a arsénico, respuesta a estímulos de luz roja de muy baja fluencia, respuesta a la luz roja lejana, respuesta al estímulo continuo de luz roja lejana por el sistema de respuesta de alta irradiación, ritmo circadiano, transducción de señales, vías de señalización de luz roja, vías de señalización de luz roja o roja lejana.

El alelo dominante *E3* retrasa la floración en ensayos de campo en 5 días y determina también madurez tardía (15 días) cuando se incrementan las horas de luz por día (Buzzell, 1971; Mc Blain *et al.*, 1987; Cober *et al.*, 1996). En el estudio de Cheng *et al.* (2011) lo asocian al QTL qRP-1-1 relacionado con el periodo reproductivo desde floración a madurez fisiológica. Por su parte, Xu *et al.*, (2013), trabajando en 2 ciclos agrícolas con 53 genotipos de soja con diferente sensibilidad al fotoperíodo, y regulando la longitud del día con luz artificial, pudieron observar que *E3* junto a *E4* estaban involucrados en el control del tiempo a floración como en el crecimiento

vegetativo y reproductivo luego de la misma, como maduración y terminación del tallo. Mc Blain (*et al.*, 1987) y Saindon *et al.* (1989) mencionan que *E3* junto con *E2* y *E4* prolongan el periodo desde floración a madurez. Con 235 cultivares de soja, Wang *et al.* (2018), realizaron un estudio de asociación de genoma amplio y detectaron 1 QTL consistente para 12 ambientes, en la región de *E3*, asociado tanto a tiempo a floración como tiempo a madurez. Finalmente, en un trabajo posterior, Nico *et al.* (2019), estudiando el efecto del fotoperíodo y de la sensibilidad fotoperiódica en los procesos que determinan el rendimiento en soja, observaron un efecto positivo de la sensibilidad fotoperiódica en postfloración, en isolíneas con diferente sensibilidad fotoperiódica que poseían los alelos dominantes *E2* y *E3*. Esta mayor sensibilidad fotoperiódica, junto a condiciones que promovieron un mayor fotoperiodo postfloración, retrasaron el desarrollo del cultivo, que resultó en una captura mayor de radiación y en una mayor producción de nudos, asociados positivamente al rendimiento.

La falta de detección del resto de los genes *E*, *J*, *GmFT*, descritos en soja, podría deberse a que a diferencia de otros trabajos de mapeo de asociación como los de Zhang *et al.* (2015), Mao *et al.* (2017), Liu *et al.* (2016) y Wang *et al.* (2018), este trabajo restringió la selección a solo fases específicas como E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p, dando como resultado una menor captación de los genes *E*. Sin embargo, realizando una revisión de los 231 marcadores encontrados inicialmente asociados a E-R1, R1-R3, R3-R6 y R3-R7 y de acuerdo a su ubicación en el genoma y respetando el intervalo de 200 kb como desequilibrio de ligamiento estimado para esta población, no se encontró asociación con los genes descritos *E2*, *E4*, *J*, *E9* (*GmFT2a*), *E10*, *GmFT1a*, *GMFT3a*, *GMFT5a*, *GMFT2b*, *GmFT3b*, *GmFT5b*, *GMFT6*. Otra explicación podría estar dada por la falta de polimorfismo funcional en estos loci en el panel de asociación utilizado o la falta de cubrimiento de los SNP y DARTs. Incluso algunas variantes genéticas como el caso del alelo *e1-n1*, una delección del gen completo, son de difícil detección a través del genotipado con SNP (Zhang *et al.*, 2015).

Cinco genotipos en Paraná (DM4670, NA5009, LAE690102, Fukuyutaka y Tamba) presentaron las cuatro fases combinadas de E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p y Prot12FCA combinó E-R1c, R1-R3p y R3-R6p. Dos en Marcos Juárez (J040284, NA5009), combinaron E-R1c, R1-R3p y R3-R6p. Estos poseen entre 52 y 399 genes candidatos. Se destacó NA5009, que

dentro de los 132 genes identificados, 6 genes estaban relacionados con R3-R6p y R3-R7p en Paraná y a E-R1c en Marcos Juárez (7 ambientes) con el marcador 14977227|F|0-12:A>G-12:A>G. Estos genes son: *Glyma.12G067000* y *Glyma.12G067100* con GO de procesos de oxidación-reducción (igual GO a los genes *GmCRY1a*, *GmCRY1b1*, *CRY1*), *Glyma.12G068500* con GO de fosforilación proteica (igual GO a los genes *SPA1*, *SPA2* y *SPA3*), *Glyma.12G068900* con GO de respuesta al estrés salino (igual GO a los genes *RAP2.7*, *LHY*), y *Glyma.12G069100* y *Glyma.12G069200* con GO de regulación de la transcripción (con igual GO a 67 genes dentro de los cuales se encuentran *E1*, *E4*, *E3*, *TEM1*, *AGL20*, *ZTL2* y *AP2*).

Además, en NA5009 se identificaron 3 genes asociados a E-R1c en Paraná y al marcador 14980000 (*Glyma.06G211900* con GO de regulación de la transcripción y diferenciación celular con igual GO a los genes *AGL20*, *AP2*, *SVP*, *COL4*), *Glyma.06G212800* con GO de respuesta a la privación de agua y al estímulo de diferentes hormonas como ácido jasmónico, auxinas, etileno, abscisico, salicilico (iguales GO a los genes *SVP*, *COL4*, *CRY2*, *CRY1a*, *CRY1b*, *CRY2a*, *CRY1*, *ELF3*, *LHY*, *ZTL2*) y *Glyma.06G212900* con respuesta al estímulo de diferentes hormonas y regulación de la transcripción entre otras (iguales GO a los genes *SVP*, *COL4*, *LHY*, *PHYB*, *TEM1*, *API* y 67 genes más) y que también estaban asociados en Marcos Juárez a E-R1c con el marcador 14979999|F|0-47:T>C-47:T>C.

La tecnología DarTSeq con la utilización de los marcadores DARTs y SNPs, trabaja con una fracción del genoma que corresponde predominantemente a genes activos, y esto permitió identificar marcadores dentro de 31 genes candidatos. Nueve de estos, estarían relacionados directamente a crecimiento, desarrollo y floración:

Glyma.04G060800 en el genotipo Fukuyutaka, asociado a E-R1c y R3-R6p que participa en el desarrollo de flores, la respuesta al estímulo de la luz y el transporte de auxinas.

Glyma.05G000600 en los genotipos Harosoy y NA5009, asociado a E-R1c que participa en la transición de la fase vegetativa a la reproductiva de los meristemas.

Glyma.05G227100 en los genotipos Maria50, PI385942, A5409, PI123440, LAE0696358, LAE0690102, IntaParana5500, LAE9754703, LAE9757504, PROT12FCA y IAC100 asociado a R1-R3p y a la respuesta al estímulo de las hormonas ácido abscísico, auxinas, etileno y ácido jasmónico, además de participar en las vías de señalización mediadas por ácido jasmónico y por etileno.

Glyma.05G231700 (FRI) descrito anteriormente como uno de los 11 genes candidatos previamente citados en otras investigaciones.

Glyma.07G070800 relacionado a R3-R7p y al genotipo NS6002. Participa en la organización estructural de meristemas.

Glyma.08G199000 en los genotipos Fukuyutaka y Tamba asociado a E-R1c, R3-R6p y R3-R7p, que participa en la respuesta a la luz azul.

Glyma.11G130300 en los genotipos Harosoy, Moyayimame y Fukuyutaka asociado a E-R1c que participa en la respuesta al estímulo de los ácidos absísico y jasmónico, y en la respuesta al estímulo de la luz.

Glyma.16G178700 en los genotipos Tamba y Crockett asociado a E-R1c y que participa en la regulación de la transcripción dependiente del ADN, respuesta al estímulo de ácido absísico, ácido salicílico, etileno, giberelina y del ácido jasmónico, respuesta al estrés salino, y respuesta al ión cadmio.

Glyma.17G029800 en los genotipos PI416937, Harosoy y Tamba asociado a E-R1c y que participa en el desarrollo floral.

Glyma.10G027000 en Mireya42 asociado a R3-R6p que participa en la regulación del ritmo circadiano.

Además, otros 45 genes candidatos que no compartían GO con la bibliografía, también poseían un marcador como parte de su secuencia. De estos, 3 genes estarían relacionados al desarrollo y al cambio de las fases fenológicas del cultivo:

Glyma.12G225400 en Moyayimame, PROT12FCA asociado a E-R1c y en Tamba asociado a E-R1c y R3-R7p, que participa en la terminación del embrión en semillas.

Glyma.15G048400 relacionado con E-R1c en los genotipos Prot12FCA, en los genotipos NS6002 y NattoKotsubu con E-R1c y R3-R7p y en LAE9754703 con R3-R7p. Participaría en el cambio de la fase vegetativa.

Glyma.16G155800 en los genotipos Harosoy, PROT12FCA y Tamba asociado E-R1c y a la terminación del desarrollo del embrión en semillas.

Del gran número de genes candidatos identificados asociados a fases de emergencia a floración cortas y fases del período reproductivo prolongadas, 95 genes (11 citados por otros investigadores, nueve en el genotipo NA5009, 30 genes con el marcador como parte de su secuencias y con GO coincidentes a los de la bibliografía y 45 con GO distintos a los de la

bibliografía y el marcador como parte de su secuencia), podrían seleccionarse en una primera etapa, para validarse en estudios posteriores, generando poblaciones segregantes e isóneas como próximos desafíos de este trabajo (Rafalski, 2010; Fang *et al.*, 2017; Wang *et al.*, 2018). Como así también estudiar su potencial uso en los programas de mejoramiento, mediante selección recurrente por marcadores, para el desarrollo de nuevos genotipos con estas características buscadas. Incluso, una vez validados, podría estudiarse la factibilidad de usarlos en modelos de simulación de desarrollo y rendimiento como el caso del CROPGRO-Soybean y los Loci *E1*, *E2*, *E3*, *E4*, *E5* y *E7* (Messina *et al.*, 2006). Además, se debería continuar con el estudio y comprensión de como participan estos genes en las vías de regulación del crecimiento y desarrollo de la planta de soja y sus posibles interacciones.

CONCLUSIÓN

Este trabajo es el primero realizado con un set de 94 genotipos de soja, estudiando la fase días a floración y diferentes fases del periodo reproductivo, desarrollado en red en tres localidades climáticamente contrastantes, en forma simultánea y durante 6 ciclos agrícolas.

Se comprobó para diferentes localidades y años, la existencia dentro de grupos de genotipos de soja de similar ciclo de vida, de variación en la duración de las distintas fases dentro del ciclo, corroborando lo observado en estudios previos. Se destacaron genotipos con fases E-R1 más cortas (floración más temprana) y con fases más prolongadas de R1-R3 (inicio de floración a inicio de fructificación), R3-R6 (inicio de fructificación a pleno llenado de granos) y R3-R7 (inicio de fructificación a madurez fisiológica), como así también genotipos que combinaron periodos E-R1 cortos con una o las tres fases prolongadas R1-R3, R3-R6 y R3-R7. Por otro lado, el análisis de la estructura de la población separó a los genotipos en 2 grupos, asociados tanto al origen del genotipo como al grado de domesticación y al GM, relaciones ya observadas, debido a la estrecha respuesta de la soja al fotoperiodo y a la temperatura y su importancia al momento del desarrollo de cultivares en diferentes ambientes. Además, los grupos formados por duración de ciclo total en cada localidad, se correspondieron en general con los GM descriptos previamente para estos, según las distintas referencias utilizadas. El hábito de crecimiento no presentó una clara relación con las fases E-R1 cortas o R1-R3, R3-R6 y R3-R7 prolongadas, dando una idea de que otros factores genéticos con cierta independencia con los de HC, y en interacción entre ellos y con el ambiente, estarían influenciado la longitud de las mismas. Se identificaron asociaciones significativas entre las fases E-R1c y distintas fases prolongadas del periodo reproductivo, con un total de 209 marcadores SNP y DArT, que muestran estabilidad al observarse en dos o más años. Estos marcadores estaban asociados a 1252 genes candidatos. Cincuenta de estos genes candidatos y sus marcadores asociados, junto con los 45 genes candidatos que no tuvieron coincidencia de sus GO con los de la bibliografía y que poseían el marcador en sus secuencias, podrían seleccionarse en una primera etapa para su validación y para continuar en el estudio de sus funciones y posibles interacciones.

BIBLIOGRAFÍA

- ABE J., XU D., MIYANO A., KOMATSU K., KANAZAWA A. and Y. SHIMAMOTO. 2003. Photoperiod-insensitive Japanese soybean landraces differ at two maturity loci. *Crop Sci.* 43:1300-1304. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1300>
- ANDREANI J., ANDRADE F., E. SUERO and J. DARDANELLI. 1991. Water deficits during reproductive growth of soybeans. I. Their effects on dry matter accumulation, seed yield and its components. *Agronomie* 11:737-746. <http://dx.doi.org/10.1051/agro:19910904>
- ASHLEY D.A. and W.J. ETHRIDGE. 1978. Irrigation effects on vegetative and reproductive development of three soybean cultivars. *Agronomy Journal*, 70: 467-471. <https://doi.org/10.2134/agronj1978.00021962007000030026x>
- ASSAGA 2002. La Soja y sus Múltiples Usos. Ed. ASSAGA. p. 10-14.
- ASUMADU H., SUMMERFIELD R., ELLIS R. and A. QI. 1998. Variation in the durations of the photoperiod-sensitive and photoperiod-insensitive phases of post-first flowering development in maturity isolines of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Clark. *Annals of Botany* 82: 773-778. <https://doi.org/10.1006/anbo.1998.0756>
- BAIGORRI H. 1997. Ecofisiología del cultivo. p. 30-50. En: GIORDA L. y H. BAIGORRI. 1997. El cultivo de la soja en Argentina. INTA. 448 p.
- BAIGORRI H., CIAMPITTI I y F. GARCÍA. 2009. Manejo del cultivo de soja. P. 17-32. En: G. F.O., CIAMPITTI I.A. y H. BAIGORRI. 2009. Manual de Manejo del cultivo de soja. IPNI. 190 p.
- BAIGORRI H., ROBINET H., TOMASSI J.C. y J.C. SUÁREZ. 1997. Elección de cultivares. En: El cultivo de la soja en Argentina. Giorda L. y H. Baigorri. Ed. p. 106-122.
- BERNARD R. 1971. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. *Crop Sci.* 11: 242-244. <https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020022x>

- BERNARD R.L. 1972. Two Genes Affecting Stem Termination in Soybeans. *Crop Science*, Vol. 12. p. 235-239. <https://doi.org/10.2135/cropsci1972.0011183X001200020028x>
- BERNARD R.L. and C.R. CREMEENS. 1988. Registration of 'Williams 82' Soybean. *Crop Sci. (Madison)* 28(6):1027 <https://doi.org/10.2135/cropsci1988.0011183X002800060049x>
- BERNARDI C., GHIONE C., MURGIO M., MAGNAGO M., SEQUIN L. y J. GILLI. 2013. Análisis de la variabilidad de patrones fenológicos de genotipos de soja con longitudes de ciclo similares. *Comunicaciones libres. GMV49.XLII Congreso Argentino de Genética. Salta* 20 al 23 de octubre de 2013. https://inta.gob.ar/sites/default/files/script-tmp-inta_variab_patrones_fenologicos_genot_soja13.pdf [Verificación: julio 2021].
- BOLOGNA S., ROJAS E., SOLDINI D., GILLI J., SEQUIN L. y A. MARTÍNEZ ALVAREZ. 2014. Desarrollo de germoplasma de soja sin lipoxigenasas y factores antinutricionales. *Journal of Basic & Applied Genetics*. Vol. 25: 1. p. 9-20. https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta_germop_soja_sinlipoxigenasas.pdf [Verificación: julio 2021].
- BONATO, E. and N. VELLO. 1999. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. *Genet. Mol. Biol.* 22:229-232. <https://doi.org/10.1590/S1415-47571999000200016>
- BOWERS GR JR. Registration of 'Crockett' soybean. *Crop Sci.* 1990; 30; 427. <https://doi.org/10.2135/cropsci1990.0011183X003000020049x>
- BRADBURY P., ZHANG Z., KROON D., CASSTEVENS T., RAMDOSS Y., BUCKLER E. 2007. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 23: 2633-2635. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm308>
- BROWN E.A., CAVINESS C.E. and D.A. BROWN. 1985. Response of selected soybean cultivars to soil moisture deficit. *Agronomy Journal*, 77: 274-278. <https://doi.org/10.2134/agronj1985.00021962007700020022x>
- BUZZELL R. 1971. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescence-daylength conditions. *Can. J. Genet. Cytol.* 13:703-707.

- BUZZELL R., and H. VOLDENG. 1980. Inheritance of insensitivity to long day length. Soybean Genet. Newsl. 7:26-29.
<https://lib.dr.iastate.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1213&context=soybeangenetics>
[Verificación: julio 2021].
- CAO D., TAKESHIMA R., ZHAO C., LIU B., JUN A. and F. KONG. 2017. Molecular mechanism of flowering under long days and stem growth habit in soybean. Journal of Experimental Botany 68:8. pp. 1873-1884. <https://doi.org/10.1093/jxb/erw394>
- CARDINAL A., BURTON J., CAMACHO-ROGER A., WHETEN R., CHAPPELL A., BILYEU K., AUCLAIR J., and R. DEWEY. 2011. Molecular analysis of GmFAD3A in two soybean populations segregating for the fan, fap1, and fapnc loci. Crop Sci. 51:2104-2112. <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.08.0500>
- CARPENTIERI-PIPOLO V., ALMEIDA L. and R. Souza Kiihl. 2002. Inheritance of long juvenile period under short day conditions in soybean. Genetics and Molecular Biology, 25, 4, 463-469. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572002000400016>
- CARPENTIERI-PIPOLO V., ALMEIDA L., SOUZA KIIHL R. and ROSOLEM C. 2000. Inheritance of long juvenile period under short day conditions for the BR80-6778 soybean (Glycine max (L.) Merrill) line. Euphytica 112: 203-209. <https://doi.org/10.1023/A:1003927817278>
- CASSMAN K. 1999. Ecological intensification of cereal production systems: Yield potential, soil quality, and precision agriculture. Proc. Natl. Acad. Sci. USA Colloquium Paper. 96: 5952–5959. <https://doi.org/10.1073/pnas.96.11.5952>
- CASTILLEJO C. and S. PELAZ. 2008. The balance between CONSTANS and TEMPRANILLO activities determines FT expression to trigger flowering. Curr. Biol. 18. 1338- 1343. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.07.075>
- CECCARELLI S., GRANDO S., MAATOUGUI M., MICHAEL M., SLASH M., HAGHPARAST R., RAHMANIAN M., TAHERI A., AL-YASSIN A., BENBELKACEM

- A., LABDI M., MIMOUN H. and M. NACHIT. 2010. Plant breeding and climate changes. *Journal of Agricultural Science*, 148, 627–637. <https://doi.org/10.1017/S0021859610000651>
- CHAN E., ROWE H., CORWIN J., JOSEPH B., KLIEBENSTEIN D. 2011. Combining Genome-Wide Association Mapping and Transcriptional Networks to Identify Novel Genes Controlling Glucosinolates in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Biol* 9: e1001125. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001125>
- CHENG L., WANG Y., ZHANG C., WU J., ZHU H., LENG J., BAI Y., GUAN R., HOU W., ZHANG L. and T. HAN. 2011. Genetic analysis and QTL detection of reproductive period and post-flowering responses in soybean. *Tehor Appl Genet* 123:421-429. <https://doi.org/10.1007/s00122-011-1594-8>
- COBER E. 2011. Long juvenile soybean flowering responses under very short photoperiods. *Crop Sci.* 51: 140-145. <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.05.0262>
- COBER E. AND H. VOLDENG. 2001. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. *Crop Science* 41:698-701. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413698x>
- COBER E., MOLNAR S., CHARETTE M. and H. VOLDENG. 2010. A new locus for early maturity in soybean. *Crop Science* 50:524-527. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.04.0174>
- COBER E., STEWART D. and H. VOLDENG. 2001. Photoperiod and temperature responses in early-maturing, near-isogenic soybean lines. *Crop. Sci.* 41:721-727. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413721x>
- COBER E., TANNER J. and H. VOLDENG. 1996. Genetic control of photoperiod response in early-maturing near-isogenic soybean lines. *Crop Sci.* 36:601-605. <https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600030013x>
- COOPER R. 2003. A delayed flowering barrier to higher soybean yields. *Fields Crop Research* 82: 27-35. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(03\)00003-0](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(03)00003-0)

- COPLEY T., DUCEPPE M. and L. O'DONOUGHUE. 2018. Identification of novel loci associated with maturity and yield traits in early maturity soybean plant introduction lines. *BMC genomics*. 19:167. 12 p. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4558-4>
- CRAUFURD P. and T. WHEELER. 2009. Climate change and the flowering time of annual crops. *Journal of Experimental Botany*. Vol. 60, N° 9. p. 2529-2539. <https://doi.org/10.1093/jxb/erp196>
- CREGAN P., JARVIK T., BUSH A., SHOEMAKER R., LARK K., KAHLER A., KAYA N., VAN TOAI T., LOHNES D., CHUNG J. and J. SPECHT. 1999. An integrated genetic linkage map of the soybean genome. *Crop Sci*. 39: 1464-1490. <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1602-3>
- CROSSA I., GAUCH H. and R. ZOBEL. 1990. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science*. 30:493-500. <https://doi.org/10.2135/cropsci1990.0011183X003000030003x>
- DI MAURO G., BORRÁS L., RUGERONI P. and J.L. ROTUNDO. 2019. Exploring soybean management options for environments with contrasting water availability. *J. Agro. Sci*. 205:274-282. <https://doi.org/10.1111/jac.12321>
- DI RIENZO J.A., CASANOVES F., BALZARINI M.G., GONZALEZ L., TABLADA M. y C.W. ROBLEDO. 2017. InfoStat versión 2017. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. <https://www.infostat.com.ar> [Verificación: julio 2021].
- DISSANAYAKA A., RODRIGUEZ T., DI S., YAN F., GITHIRI S., RODAS F., ABE J. and R. TAKAHASHI. 2016. Quantitative trait locus mapping of soybean maturity gene E5. *Breeding Science* 66: 407-415. <https://dx.doi.org/10.1270%2Fjsbbs.15160>
- DOSS B.D., PEARSON R.W. and H.T. ROGERS. 1974. Effect of soil water stress at various growth stages on soybean yield. *Agronomy Journal*, 66: 297-299. <https://doi.org/10.2134/agronj1974.00021962006600020032x>

- EARL D. A. and B. M. VONHOLDT. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources vol. 4 (2) pp. 359-361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- EGLI, D. 2004. Seed-fill duration and yield of grain crops. Advances in Agronomy, 83: 243-279. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(04\)83005-0](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(04)83005-0)
- ERSOZ E., YU J. and E. BUCKLER. 2007. Applications of linkage disequilibrium and association mapping in crop plants. In: Genomics-assisted crop improvement, vol: 97. P 119. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6295-7_5
- EVANNO G., REGNAUT S. and J. GOUDET. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. Molecular Ecology 14: 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2005.02553.x>
- EVERITT B. and T. HOTHORN. 2011. An Introduction to Applied Multivariate Analysis with R. © Springer Science+Business Media. 273 p.
- FANG C., MA Y., WU S. 2017. Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. Genome Biol 18, 161 (2017). <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1289-9>
- FEHR W. and C. CAVINESS. 1977. Stages of soybean development. Iowa Agricultural experimental Station. Special Report No. 80. http://lib.dr.iastate.edu/specialreports/87?utm_source=lib.dr.iastate.edu%2Fspecialreports%2F87&utm_medium=PDF&utm_campaign=PDFCoverPages [Verificación: julio 2021].
- FEHR W.R. 1993. Principles of Cultivar Development: Theory and Technique. Volume 2. Chapter Fourteen. Soybean. p. 533- 576.
- FERNÁNDEZ-LONG M., HURTADO R. y L. SPESCHA. 2015. Planilla de cálculo de variables astronómicas (VARAST 1.0). Rev. Agronomía & Ambiente. FA-UBA, 35 (2): 171-177. <http://agronomiayambiente.agro.uba.ar/index.php/AyA/article/view/46> [Verificación: julio 2021].

- FRESOLI D.M., BERET P.N. y Y. HIRSCHFELD. 2012. Prot 12 FCa: nuevo cultivar de soja no transgénico con alta proteína. Ciencia, Docencia y tecnología, año xxiii, n° 45. p. 187-194. https://www.revistacdyt.uner.edu.ar/spanish/cdt_45/documentos/45-Fresoli.pdf
[Verificación: julio 2021].
- GRANT D., NELSON R., CANNON S. and R. SHOEMAKER. 2010. SoyBase, the USDA-ARS soybean genetics and genomics database. Nucl. Acids Res. (2010) 38 (suppl 1): D843-D846. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp798>
- GOODSTEIN D., SHU S., HOWSON R., NEUPANE R., HAYES R., FAZO J., MITROS T., DIRKS W., HELLSTEN U, PUTNAM N. and D. ROKHSAR. 2012. Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. Nucleic Acids Research. Vol. 40, 1178-1186. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr944>
- GUPTA P., RUSTGI S. and P. KULWAL. 2005. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: present status and future prospects. Plant Molecular Biology 57: 461-485. <https://doi.org/10.1007/s11103-005-0257-z>
- HAN T., WU C., TONG Z., MENTREDDY R., TAN K. and J. GAI. 2006. Postflowering photoperiod regulates vegetative growth and reproductive development of soybean. Environmental and Experimental Botany. 55: 120-129. <http://dx.doi.org/10.1016/j.envexpbot.2004.10.006>
- HEATHERLY L. and R. ELMORE. 2004. Managing inputs for peak production. En: Soybeans: Improvement, production and uses. Boerma R. and E. Specht (Eds.). p. 451-536.
- HUQ E., TEPPERMAN J. and P. QUAIL. 2000. GIGANTEA is a nuclear protein involved in phytochrome signaling in *Arabidopsis*. Proc Natl Acad Sci USA 97:9789-9794. <https://doi.org/10.1073/pnas.170283997>
- HYTEN D., CHOI I-Y., SONG Q., SHOEMAKER R., NELSON R., COSTA J., SPECHT J., CREGAN P. 2007. Highly variable patterns of linkage disequilibrium in multiple soybean populations. Genetics 175: 1937–1944. <https://doi.org/10.1534/genetics.106.069740>

- HYMOWITZS T. 1986. Genetics and breeding of soybeans lacking the Kunitz trypsin inhibitor. *Adv Exp Med Biol.* 199:291-8. https://doi.org/10.1007/978-1-4757-0022-0_18
- HYMOWITZ T. 2004. Speciation and Cytogenetics. En: *Soybeans: Improvement, production and uses.* Boerma R. and E. Specht (Eds.). p. 97-136.
- INASE. 2020. Catálogo Nacional de Cultivares. <https://gestion.inase.gov.ar/consultaGestion/gestiones> [Verificación: julio 2021].
- JARADAT A. A. 2016. Breeding Oilseed Crops for Climate Change. Chapter 18. p. 421-471. In: *Breeding Oilseed Crops for Sustainable Production. Opportunities and Constraints.* Surinder Kumar Gupta Ed. Sher-e-Kashmir University of Agricultural Sciences & Technology Chatha, Jammu (J&K), India. 582 p. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801309-0.00018-5>
- JIANG B., ZHANG S., SONG W., AWAL KHAN M.A., SUN S., ZHANG C., WU T. WU C. and T. HAN. 2019. Natural variations of FT family genes in soybean varieties covering a wide range of maturity groups. *BMC Genomics* 20, 230. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5577-5>
- JIANG B., NAN H., GAO Y., TANG L., YUE Y., LU S., MA L., CAO D., SUN S., WANG J. WU C., YUAN X., HOU W., Kong F., HAN T. and B. LIU. 2014. Allelic Combinations of Soybean Maturity Loci *E1*, *E2*, *E3* and *E4* Result in Diversity of Maturity and Adaptation to Different Latitudes. *PLoS ONE* 9(8): e106042. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0106042>
- JOFUKU K., OMIDYAR P., GEE Z., and J. OKAMURO. 2005. Control of seed mass and seed yield by the floral homeotic gene *APETALA2*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* Vol. 102. P. 83117–3122. <https://doi.org/10.1073/pnas.0409893102>
- JOSHI M. 1977. Research Notes: Field screening of soybean germplasm (Maturity Group 00 to IV) against *H. zea* damage. *Soybean Genetics Newsletter*: Vol. 4, Article 19. p. 46-50 <https://core.ac.uk/download/pdf/128975056.pdf> [Verificación: julio 2021].
- KANTOLIC A. 2008. Control ambiental y genético de la fenología del cultivo de soja: impactos sobre el rendimiento y la adaptación de genotipos. *Rev. Facultad de Agronomía UBA*,

<http://ri.agro.uba.ar/files/download/revista/facultadagronomia/2008Kantolic.pdf>

[Verificación: julio 2021].

KANTOLIC A. and G. SLAFER 2007. Development and seed number in indeterminate soybean as affected by timing and duration of exposure to long photoperiods after flowering. *Annals of Botany* 99: 925-933. <https://dx.doi.org/10.1093%2Faob%2Fmcm033>

KANTOLIC A. and G. SLAFER 2005. Reproductive development and yield components in indeterminate soybean as affected by post-flowering photoperiod. *Field Crops Research* 93: 212-222. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.10.001>

KANTOLIC A. and G. SLAFER 2001. Photoperiod sensitivity after flowering and seed number determination in indeterminate soybean cultivars. *Field Crops Research* 72: 109-118. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(01\)00168-X](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(01)00168-X)

KANTOLIC A.G., P.I. GIMÉNEZ y E.B. DE LA FUENTE. 2004. Ciclo ontogénico, dinámica del desarrollo y generación del rendimiento y la calidad en soja. *En: E.H. SATORRE, R.L. BENECH A., G.A. SLAFER, E.B. de la FUENTE, D.J. MIRALLES, M.E. OTEGUI y R. SAVIN (eds.), Producción de Cultivos de Granos: Bases Funcionales para su Manejo. Editorial Facultad de Agronomía, Buenos Aires, pp. 165-201.*

KATO M. 2017. Effectiveness of Resistance Genes to the Soybean Rust Pathogen *Phakopsora pachyrhizi*. *REVIEW. JARQ* 51 (3), 199-207. <https://doi.org/10.6090/jarq.51.199>

KIM M., SHIN J., KANG Y., SHIM S. and S. LEE. 2012. Divergence of flowering genes in soybean. *J. Biosci.* 35(5), p. 857-870. <https://doi.org/10.1007/s12038-012-9252-0>

KOMATSU K., HWANG T., TAKAHASHI M., SAYAMA T., FUNATSUKI H., OKI N. and M. ISHIMOTO. 2012. Identification of QTL controlling post-flowering period in soybean. *Breeding Science* 61: 646-652. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.646>

KONG F., LIU B., XIA Z., SATO S., KIM B., WATANABE S., YAMADA T., TABATA S., KANAZAWA A., HARADA K. and J. ABE. 2010. Two coordinately regulated homologs

- of FLOWERING LOCUS T are involved in the control of photoperiodic flowering in soybean. *Plant Physiology*, Vol. 154, p. 1220-12331. <https://doi.org/10.1104/pp.110.160796>
- KONG F., NAN H., CAO D., LI Y., WU F., WANG J., LU S., YUAN X., COBER E.R., ABE J. and B. LIU. 2014. A new dominant gene E9 conditions early flowering and maturity in soybean. *Crop Science*, Vol. 54, 2529-2535. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0228>
- KUMUDINI S., PALLIKONDA P. and C. STEELE. 2007. Photoperiod and E-genes Influence the Duration of the Reproductive Phase in Soybean. *Crop Sci.* 47:1510–1517. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.10.0662>
- LI H., VIKRAM P. SINGH R.P., KILIAN A., CARLING J., SONG J., BURGUENO-FERREIRA J.A., BHAVANI S., HUERTA-ESPINO J., PAYNE T., SEHGAL D., WENZL P. and S. SINGH. 2015. A high density GBS map of bread wheat and its application for dissecting complex disease resistance traits. *BMC Genomics* 16:216. 15 p. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1424-5>
- LI J., WANG X., SONG W., HUANG X., ZHOU J., ZENG H., SUN S., JIA H., LI W., Z X., LI S., CHEN P., WU C. GUO Y., HAN T. and L. QIU. 2017. Genetic variation of maturity groups and four *E* genes in the Chinese soybean mini core collection. *PLoS ONE* 12(2): e0172106. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0172106>
- LI M., LIU Y., TAO Y., XU C., LI X., ZHANG X., HAN Y., YANG X., SUN J., LI W., LI D., ZHAO X. and L. ZHAO. 2019. Identification of genetic loci and candidate genes related to soybean flowering through genome wide association study. *BMC Genomics* 20:987. 13p. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6324-7>
- LIU B., WATANABE S., UCHIYAMA T., KONG F., KANAZAWA A., XIA Z., NAGAMATSU A., ARAI M., YAMADA T., KITAMURA K, MASUTA C., HARADA K. and J. ABE. 2010. The Soybean Stem Growth Habit Gene Dt1 Is an Ortholog of *Arabidopsis* TERMINAL FLOWER1. *Plant Physiology* 153: 198–210. <https://doi.org/10.1104/pp.109.150607>

- LIU K. 2004. Soybeans as a powerhouse of nutrients and phytochemicals. In: Soybeans as Functional Foods and Ingredients. K. Liu, Editor - AOCS Press, Champaign, Illinois, USA, 2004.—XII. p. 11-32.
- LIU X., WU J., REN H., QI Y., LI C., CAO J., ZHANG X., ZHANG Z., CAI Z. and J. GAI. 2017. Genetic variation of world soybean maturity date and geographic distribution of maturity groups. *Breed Sci.* 2017 Jun; 67(3): 221–232. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.16167>
- LIU Z., LI H., FAN X., HUANG W., YANG J., LI C., WEN Z., LI Y., GUAN R., GUO Y., CHANG R., WANG D., WANG S. and L. QIU. 2016. Phenotypic characterization and genetic dissection of growth period traits in soybean (*Glycine max*) using association mapping. *PLoS ONE* 11(7): e0158602. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0158602>
- LOURENÇÃO A., MIRANDA M., PEREIRA J. e G. AMBROSANO. 1997. Resistência de Soja a Insetos: X. Comportamento de Cultivares e Linhagens em Relação a Percevejos e Desfolhadores. *An. Soc. Entomol. Brasil* 26(3) p. 543-550. <https://doi.org/10.1590/S0301-80591997000300018>
- LU S., ZHAO X., HU Y., LIU S., NAN H., LI X., FANG C., CAO D., SHI X., KONG L., SU T., ZHANG F., LI S., WANG Z., YUAN X., COBER E., WELLER J., LIU B., HOU X., TIAN T. and F. KONG. 2017. Natural variation at the soybean J locus improves adaptation to the tropics and enhances yield. *Nature Genetics.* 49:5, 773-779. <https://doi.org/10.1038/ng.3819>
- LUDLOW M. and R. MUCHOW. 1990. A critical evaluation of traits for improving crop yields in water-limited environments. *Advances in Agronomy.* 43: 107-153. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60477-0](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60477-0)
- MAGYP, 2020. Estimaciones agrícolas. Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca. Presidencia de la Nación. <http://datosestimaciones.magyp.gob.ar/reportes.php?reporte=Estimaciones> [Verificación: Enero 2020].

- MC BLAIN B and R. BERNARD R. 1987. A new gene affecting the time to flowering in soybeans. *Journals of Heredity*. 78:160-162 <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a110349>
- MC BLAIN B., HESKETH J. and R. BERNARD. 1987. Genetics effects on reproductive phenology in soybean isolines differing in maturity genes. *Can. J. Plant Sci.* 67:105-116. <https://doi.org/10.4141/cjps87-012>
- MAO T., LI J., WEN Z., WU C., SUN S., JIANG B., HOU W., LI W., WANG D. and T. HAN. 2017. Association mapping of loci controlling genetic and environmental interaction of soybean flowering time under various photo-thermal conditions. *BMC Genomics* 18:415. 17 p. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3778-3>
- MESSINA C.D., JONES J.W., BOOTE K.J. and C.E. Vallejos. 2006. A gene-based model to simulate soybean development and yield responses to environment. *Crop Sci.* 46:456-466. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.04-0372>
- MIYASAKA S. y J.C. MEDINA. 1981. Melhoramento de cultivares no Brasil. Capítulo VII. En: *A soja no Brasil* Miyasaka S. y J.C Medina (Eds.) p. 279-353.
- MOLNAR S., RAID S., CHARETTE M. and E. COBER. 2003. Simple sequence repeat (SSR) markers linked to E1, E3, E4, and E7 maturity genes in soybean. *Genome* 46: 1024-1036. <https://doi.org/10.1139/g03-079>
- MOLSTINA. 1987. Dialogo XXI. Manejo del cultivo, control de plagas y enfermedades de la soja. IICA-BID-PROCISUR. 179 p. <https://www.procisur.org.uy/bibliotecas/dialogos/manejo-del-cultivo-control-de-plagas-y-enfermedades-de-la-soja/pt> [Verificación: julio 2021].
- MONDAL P. and M. BASU, 2009. Adoption of precision agriculture technologies in India and in some developing countries: Scope, present status and strategies. *Progress in Natural Science. Review*. 19: 659–666. <https://doi.org/10.1016/j.pnsc.2008.07.020>
- MYLES S., PEIFFER J., BROWN P., ERSOZ E., ZHANG Z., COSTICH D. and E. BUCKLER. 2009. Association Mapping: Critical considerations shift from genotyping to experimental design. *The Plant Cell*. Vol 21: 2194-2202. <https://doi.org/10.1105/tpc.109.068437>

- MURRAY M.G. and W.F. THOMPSON. 1980. Rapid isolation of highmolecular-weight plant DNA. *Nucleic Acids Res.* 8: 4321-4325. <https://doi.org/10.1093/nar/8.19.4321>
- NA X., JIAN B., YAO W., WU C., HOU W., JIANG B. and T. HAN. 2013. Cloning and functional analysis of the flowering gene GmSOC1-like, a putative SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION CO1/ AGAMOUS-LIKE 20 (SOC1/AGL20) ortholog in soybean. *Plant Cell Rep.* DOI 10.1007/s00299-013-1419-0. 12 p. <https://doi.org/10.1007/s00299-013-1419-0>
- NICO M., MILLARES D.J. and A. KANTOLIC. 2015. Post-flowering and radiation interaction in soybean yield determination: Direct and indirect photoperiodic effect. *Field Crops Research* 176: 45-55. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.02.018>
- NICO M., MILLARES D.J. and K. KANTOLIC. 2019. Natural post-flowering photoperiod and photoperiod sensitivity: Roles in yield-determining processes in soybean. *Field Crop Research* 231: 141-152. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2018.10.019>
- NISSL, H., VOLLMAN J. and P. RUCKENBAUER. 1995. Selection for time to maturity (*Glycine max* (L.) Merrill) and seed protein content of early maturing genotypes. *Die Bodenkultur*, 46:311-320. <https://diebodenkultur.boku.ac.at/volltexte/band-46/heft-1/niessler.pdf> [Verificación: julio 2021].
- NELLEMANN C., MACDEVETTE M., MANDERS T., EICKHOUT B., SVIHUS B., PRINS A. and B. KALTENBORN (Eds.), 2009. The environmental food crisis – The environment's role in averting future food crises. A UNEP rapid response assessment. United Nations Environment Programme, GRID-Arendal. https://gridarendal-website-live.s3.amazonaws.com/production/documents/s_document/221/original/FoodCrisis_lores.pdf?1486728701 [Verificación: julio 2021].
- NORDBORG M. AND S. TAVARE. 2002. Linkage disequilibrium: what history has to tell us. *Trends in Genetics*. 18:83–90. [https://doi.org/10.1016/s0168-9525\(02\)02557-x](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(02)02557-x)
- OCEPAR/EMBRAPA-CNPS0. 1994. Recomendaciones técnicas para a cultura da soja no Paraná 1994/95. OCEPAR Boletín técnico n° 36. 140 p.

<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/449262/1/ID5741.pdf>

[Verificación: julio 2021].

OHTO M., FSCHER R., GOLDBERG R., NAKAMURA K. and J. HARADA. 2005. Control of seed mass by APETALA2. Proc. Natl. Acad. Sci. USA Vol. 102, p. 3123 – 3128.

<https://doi.org/10.1073/pnas.0409858102>

ORAGUZIE N., RIKKERINK E., GARDINER S. and H. DE SILVA. 2007. Association Mapping in plants. 277 p.

PATHAN M., LEE J. GROVER J., SHANNON and H. NGUYEN. 2007. Recent advances in breeding for drought and salt stress tolerance in soybean. Chapter 30. In: Advances in molecular breeding toward drought and salt tolerant crops. p. 739-773. M.A. Jenks M., Hasegawa P. and M. Jain eds.

https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5578-2_30

PATHAN M.S. and A. SLEPER 2008. Advances in soybean breeding. Chapter 8. En: Genetics and genomics of soybean. Stacey G. Editor. Volume 2. p. 113 – 133

PHUKAN U., Jeena G., TRIPATHI V. and R. SHUKLA. 2017. Regulation of Apetala2/Ethylene Response Factors in Plants. Front. Plant Sci., Vol. 8, artículo 150, 18 p.

<https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00150>

PIPER E., BOOTE K., JONES J. and S. GRIMM. 1996. Comparison of two phenology models for predicting flowering and maturity date of soybean. Crop Sci. 36: 1606-1614.

<https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600060033x>

PRITCHARD J., STEPHENS M. and P. DONNELLY. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1461096/pdf/10835412.pdf>

[Verificación: julio 2021].

RAFALSKI, A. 2002. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. Curr.

Opin. Plant Biol. 5:94. [https://doi.org/10.1016/s1369-5266\(02\)00240-6](https://doi.org/10.1016/s1369-5266(02)00240-6)

- RAFALSKI, A. 2010. Association genetics in crop improvement. *Curr Opin Plant Biol.* 13(2):174-80 <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2009.12.004>
- RAY J., HINSON K., MANKONO E. and M. MALO. 1995. Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. *Crop Sci.* 35:1001-1006. <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500040012x>
- RISCH N. and K. MERIKANGAS. 1996. The future of genetic studies of complex human diseases. *Science* 273:1516–1517. <https://doi.org/10.1126/science.273.5281.1516>
- ROSSETO C., GALLO P., RAZERA L., BORTOLETTO N., IGUE T., MEDINA P., TISSELLI O., AQUILERA V., VEIGA R., e J. PINHEIRO. 1995. Mecanismos of resistance to stink bug complex in the soybean complex IAC-100. *An. Soc. Entomol. BRasil.* 24(3) 517- 522. <http://dx.doi.org/10.37486/0301-8059.v24i3.1061>
- ROSSI R. 2005. La cadena de la soja en la Argentina. Centro soja 2005. Resúmenes de charlas. Venado Tuerto. Santa Fé, Argentina. p. 8-13.
- ROTUNDO J.L, BORRÁS L., DE BRUIN J. and P. PEDERSEN. 2012. Physiological strategies for seed number determination in soybean: Biomass accumulation, partitioning and seed set efficiency. *Field Crops Research* 135 (2012) 58–66. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2012.06.012>
- SADRAS V., FERREIRO M., GUTHEIM F. y A. KANTOLIC. 2002. Desarrollo fenológico y su respuesta a temperatura y fotoperíodo. Capítulo 2. p. 25-56. En: Andrade F. y V. Sadras Ed. Bases para el manejo del maíz, el girasol y la soja. 2002. 450 p.
- SAINDON G., BEVERSDORF W. and H. VOLDENG. 1989. Adjustment of the soybean phenology using the E4 locus. *Crop Sci.* 29: 1361-1365. <https://doi.org/10.2135/cropsci1989.0011183X002900060006x>
- SALINES L. 1997. Mejoramiento. En: El cultivo de la soja en Argentina. Giorda L. y H. Baigorri (Eds.). p. 54-86.

- SAMANFAR B., MOLNAR S., CHARETTE M., SCHOENROCK A., DEHNE F., GOLSHANI A., BELZILE F. and C. COBER. 2017. Mapping and identification of a potential candidate gene for a novel maturity locus, E10, in soybean. *Theoretical and Applied Genetics*. 130:377–390. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2819-7>
- SÁNCHEZ J.R. 2013. Efectos sobre el rendimiento de la duración del periodo reproductivo de soja, en líneas con igual días a madurez, en Tucumán. Tesis de Maestría. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. 87 p.
- SÁNTOS D. y R. VICENTINI. 2005. Red de evaluación de cultivares de soja en el área de influencia de la EEA Paraná del INTA. Resultados de la campaña 2004/2005. Actualización Técnica Soja. Serie Extensión n° 34. INTA EEA Paraná. p.9-20.
- SCHMUTZ J., CANNON S.B., SCHLUETER J., MA J., MITROS T., NELSON W., HYTEN D.L., SONG Q., THELEN J.J., CHENG J., XU D., HELLSTEN U., MAY G.D., YU Y., SAKURAI T., UMEZAWA T., BHATTACHARYYA M.K., SANDHU D., VALLIYODAN B., LINDQUIST E., PETO M., GRANT D., SHU S., GOODSTEIN D., BARRY K., FUTRELL-GRIGGS M., ABERNATHY B., DU J., TIAN Z., ZHU L., GILL N., JOSHI T., LIBAULT M., SETHURAMAN A., ZHANG X.C., SHINOZAKI K., NGUYEN H.T., WING R.A., CREGAN P., SPECHT J., GRIMWOOD J., ROKHSAR D., STACEY G., SHOEMAKER R.C. and S.A. JACKSON. 2010. Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. *Nature* Vol. 463, p. 178-183. <https://doi.org/10.1038/nature08670>
- SEDIVY E., WU F. and Y. HANZAWA. 2017. Soybean domestication: the origin, genetic architecture and molecular bases. *New Phytologist* 214: 539-553. <https://doi.org/10.1111/nph.14418>
- SENESE S., DULCE E., DAZIANO M., ORDÓÑEZ I. y L. MOGNI. 2016. Jerarquización de la unidad de análisis. El sistema argentino de agronegocios de la soja. Su rol a nivel nacional y mundial. Capítulo 3. En (Eds) SENESI S., DULCE E., DAZIANO M., ORDÓÑEZ I. y L. MOGNI. 2016. *La soja en Argentina: un sistema de agronegocios clave y competitivo*: p. 25-34.

- SETTLAGEA SH., KWANYUENB P. and RICHARD WILSON. 1998. Relation Between Diacylglycerol Acyltransferase Activity and Oil Concentration in Soybean. *JAOCS*, Vol. 75, no. 7. p. 775-781. <http://dx.doi.org/10.1007/s11746-998-0225-2>
- SHIN J.H. and S.H. Lee. 2012. Molecular markers for the E2 and E3 genes controlling flowering and maturity in soybean. *Molecular Breeding. Short Communication*. Vol. 30 (4) 1793–1798. <https://doi.org/10.1007/s11032-012-9743-6>
- SHOEMAKER R.C., POLZIN K, LABATE J., SPECHT J., BRUMMER E.C., OLSON T., YOUNG N., CONCIBIDO V., WILCOX J., TAM~LONIS J. P., KOCHERT G. and H. R. BOERMA. 1996. Genome Duplication in Soybean (*Glycine subgenus soja*). *Genetics* 144: 329-338. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1207505/pdf/ge1441329.pdf> [Verificación: julio 2021]
- SHULTZ J., KURUNAM D., SHOPINSKI K., IQBAL M., KAZI S., ZOBRIST K., BASHIR R., YAEGASHI S., LAVU N., AFZAL A., YESUDAS C., KASSEM M., WU C., ZHANG H., TOWN C., MEKSEM K. and D. LIGHTFOOT. 2006. The Soybean genome database (SoyGD): a browser for display a duplicated, polyploidy, regions and sequence tagged sites on integrated physical and genetic maps of *Glycine max*. *Nucleic Acid Res.* 34, D758-D765. <https://doi.org/10.1093/nar/gkj050>
- SHURTLEFF W. and A. AOYAGI. 2012. History of natto and its relatives (1405-2012): Extensively annotated bibliografy and sourcebook. 565 p. <https://www.soyinfocenter.com/pdf/151/Natt.pdf> [Verificación: julio 2021].
- SHURTLEFF W. and A. AOYAGI. 2019. History of soybeans and soybean foods in Canada (1831-2019): Extensively annotated bibliography and sourcebook. 1632 p. <https://central.bac-lac.gc.ca/.item?id=Cana&op=pdf&app=Library> [Verificación: julio 2021].
- SORKHEHI K., MALYSHEVA OTTO L.V., WIRTHENSOHN M.G., TARKESH ESFAHANI S. and P. MARTÍNEZ-GÓMEZ. 2008. Linkage disequilibrium, genetic association mapping and gene localization in crops plants. *Genet. Mol. Biol.* vol.31 no.4. 10 p. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572008005000005>

- SUMMERFIELD R., ASUMADU H., ELLIS R. and A. Qi. 1998. Characterization of the photoperiodic response of post-flowering development in maturity isolines of soybean [Glycine max (L.) Merrill] Clark. *Annals of Botany* 82: 765-771. <https://doi.org/10.1006/anbo.1998.0755>
- TASMA I., LORENZEN L., GREEN D. and R. SHOEMAKER. 2001. Mapping genetic loci for flowering time maturity and photoperiod insensitivity in soybean. *Mol. Breed.* 8: 25-35. <https://doi.org/10.1023/A:1011998116037>
- TASMA I., SATYAWAN D., WARSUN A., YUNUS M. and B. SANTOSA. 2011. Phylogenetic and maturity analyses of sixty soybean genotypes used for DNA marker development of early maturity quantitative trait loci in soybean. *Journal AgroBiogen* 7(1):37-46. <http://dx.doi.org/10.21082/jbio.v7n1.2011.p37-46>
- TESTER M. and P. LANGRIDGE, 2010. Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Review. Science* 327: 818- 822. <https://doi.org/10.1126/science.1183700>
- TIAN Z., WANG X., LEE R., LI Y., SPECHT J., NELSON R., MCCLEAN P., QIU L. and J. MA 2010. Artificial selection for determinate growth habit in soybean. *PNAS.* vol. 107: 19, 8563 -8568. <https://doi.org/10.1073/pnas.1000088107>
- THOMPSON J.A., R.L. BERNARD and R.L. NELSON. 1997. A third allele at the soybean dt1 locus. *Crop.Sci.* 37:757-762. <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700030011x>
- TSUBOKURA Y., MATSUMURA H., XU M., LIU B., NAKASHIMA Y., TAKAHASHI R., HARADA K. and J. ABE. 2013. Genetic variation in Soybean at the maturity locus E4 is involved in adaptation to long days at high latitudes. *Agronomy* 3, 117-134. <https://doi.org/10.3390/agronomy3010117>
- UPADHYAY A., ELLIS R., SUMMERFIELD R., ROBERTS E. and A. QI. 1994. Characterization of Photothermal Flowering Responses in Maturity Isolines of Soyabean

- [*Glycine max* (L.) Merrill] cv. Clark. *Annals of Botany* 74: 87-96, 1994.
<https://doi.org/10.1006/anbo.1994.1097>
- USDA, 1931, Plant material introduction by the division of foreign plant introduction, bureau of plant industry. P. 11 https://www.ars-grin.gov/npgs/pi_books/scans/pi103.pdf [Verificación: julio 2021].
- USDA, 2020a. Oilseeds: World markets and trade. 38 p. Enero 2020.
<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf> [Verificación: Enero 2020].
- USDA, 2020b. World agricultural production. WAP 1-20. Circular series. 34 p. Enero 2020.
<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf> [Verificación: Enero 2020].
- USDA Agricultural Research Service. 2015. Germplasm Resources Information Network (GRIN). Ag Data Commons.<https://doi.org/10.15482/USDA.ADC/1212393>
- VILLELA F., SENESI S., DULCE E., PÉREZ SAN MARTIN R. y M. DAZIANO. 2010. El SAG de la soja en Argentina. Capítulo 2. En: El sistema de agronegocios de la soja en la Argentina, su cadena y prospectiva al 2020. p. 35-64.
- VODKIN L. and N. RAIKHEL. 1986. Soybean lectin and related proteins in seeds and roots of Le+ and Le- soybean varieties. *Plant Physiol.* 81: 558-565.
<https://doi.org/10.1104/pp.81.2.558>
- WANG M. 2001. Possible adoption of precision agriculture for developing countries at the threshold of the new millennium. *Computers and Electronics in Agriculture.* 30: 45–50.
[https://doi.org/10.1016/S0168-1699\(00\)00154-X](https://doi.org/10.1016/S0168-1699(00)00154-X)
- WANG J., McCLEAN P., LEE R., GOOS R. and T. HELMS. 2008. Association mapping of iron deficiency chlorosis loci in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) advanced breeding lines. *Theor Appl Genet* 116:777-787. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0710-x>
- WANG Y., LI Y., WU H., HU B. ZHENG J., ZHAI H., LV S., LIU X., CHEN X., QIU H., YANG J., ZONG C., HAN D., WEN Z., WNAG D. and Z. XIA. 2018. Genotyping of soybean cultivars with medium-density array reveals the population structure and QTNs underlying

- maturity and seed traits. *Front. Plant. Sci.* 9:610. 16 p. <https://dx.doi.org/10.3389%2Ffpls.2018.00610>
- WATANABE S., XIA Z., HIDESHIMA R., TSUBOKURA Y., SATO S., YAMANAKA N., TAKAHASHI R., ANAI T., TABATA S., KITAMURA K. AND K. HARADA. 2011. A Map-Based Cloning Strategy Employing a Residual Heterozygous Line Reveals that the GIGANTEA Gene Is Involved in Soybean Maturity and Flowering. *Genetics* 188: 395–407. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.125062>
- WATANABE S., HARADA K. and J. ABE. 2012. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. *Review. Breeding Science* 61:531-543. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.531>
- WATANABE S., XIA Z., HIDESHIMA R., TSUBOKURA Y., SATO S., YAMANAKA N., TAKAHASHI R., ANAI T., TABATA S., KITAMURA K. AND K. HARADA. 2011. A Map-Based Cloning Strategy Employing a Residual Heterozygous Line Reveals that the GIGANTEA Gene Is Involved in Soybean Maturity and Flowering. *Genetics* 188: 395–407. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.125062>
- WEN Z., TAN R., YUAN J. BALES C. DU W., ZHANG SH., CHILVERS M., SCHMIDT C., SONG Q., CREGAN P. and D. WANG. 2014. Genome-wide association mapping of quantitative resistance to sudden death syndrome in soybean. *BMC Genomics*. 15: 809. 11 p. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-809>
- WYSMIERSKI P. 2012. Contribucao genética dos ancestrais da sojas cultivares brasileiras. Tesis de Maestría. 100 p. https://teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-11022011-105217/publico/Philip_Traldi_Wysmierski.pdf [Verificación: julio 2021].
- WU F., PRICE B., HAIDER W., SEUFFERHELD G., NELSON R. and Y. HANZAWA. 2014. Functional and Evolutionary Characterization of the CONSTANS Gene Family in Short-Day Photoperiodic Flowering in Soybean. *PLoS ONE* 9(1): e85754. doi:10.1371/journal.pone.0085754. 14 p. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085754>

- XIA Z., WATANABE S., YAMADA T., TSUBOKURA Y., NAKASHIMA H., ZHAI H., ANAI T., SATO S., YAMAZAKI T., LU S., WU H., TABATA S. and K. HARADA. 2012. Positional cloning and characterization reveal the molecular basis for soybean maturity locus E1 that regulates photoperiodic flowering. 2012. Proc Natl Acad Sci USA, 109: E2155-64. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117982109>
- XU M., XU Z., LIU B., KONG F., TSUBOKURA Y., WATANABE S., XIA Z., HARADA K., KANAZAWA A., YAMADA T. and J. ABE. 2013. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean. Plant Biology 13: 91, 14 p. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>
- XUE Z., ZHANG X., LEI C., CHEN X. and Y. FU. 2012. Molecular cloning and functional analysis of one ZEITLUPE homolog GmZTL3 in soybean. Mol. Biol. Rep. 39:1411–1418 <https://doi.org/10.1007/s11033-011-0875-2>
- YANG M. and J. BURTON. 1993. Seed protein quality of soybean mutants. 1993. Korean Journal of Crop Science. V 39 (3): 278-284. <https://www.koreascience.or.kr/article/JAKO199411922905584.pdf> [Verificación: julio 2021].
- YU J. and E. BUCKLER. 2006. Genetic association mapping and genome organization of maize. Curr. Opin. Biotechnol. 17:155–160. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2006.02.003>
- YUE Y., LIU N., JIANG B., LI M., WANG H., JIANG Z., PAN H., XIA Q., MA Q., HAN T. and H. NIAN. 2017. A single nucleotide deletion in J encoding GmMELF3 confers long juvenility and is associated with adaptation to tropic soybean. Molecular Plant 10:656-658. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.12.004>
- ZAGOTTA M., HICKS K., JACOBS C., YOUNG J., HANGARTER R., and D. MEEKS-WAGNER. 1996. The Arabidopsis ELF 3 gene regulates vegetative photomorphogenesis and the photoperiodic induction of flowering. The Plant Journal 10(4), 691-702. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313X.1996.10040691.x>

- ZHANG J., SONG Q., CREGAN P., NELSON R., WANG X., WU J. and JIANG G. 2015. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean. *BMC Genomics* 16:217. 11 p. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1441-4>
- ZHAO J., HUANG X., OUYANG X., CHEN W., DU A., ZHU L., WANG S., DENG X. and S. LI 2012. OsELF3-1, an Ortholog of *Arabidopsis* EARLY FLOWERING 3, Regulates Rice Circadian Rhythm and Photoperiodic Flowering. *PLoS ONE* 7(8): e43705. doi:10.1371/journal.pone.0043705. 10 p. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043705>
- ZHAO C., TAKESHIMA R., ZHU J., XU M., SATO M., WATANABE S., KANAZAWA A., LIU B., KONG F., YAMADA T. and J. ABE. 2016. A recessive allele for delayed flowering at the soybean maturity locus E9 is a leaky allele of FT2a, a FLOWERING LOCUS T ortholog. *BMC Plant Biology* 16: 20, 15 p. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0704-9>
- ZHAO X., CAO D., HUANG Z., WANG J., LU S. XU Y., LIU B., KONG F. and X. YUAN. 2015. Dual functions of GmTOE4a in the regulation of photoperiod-mediated flowering and plant morphology in soybean. *Plant Mol. Biol.* 14 p. <https://doi.org/10.1007/s11103-015-0322-1>
- ZHONG X., DAI X., XV J. WU H., LIU B. and H. LI. 2012. Cloning and expression analysis of GmGAL1, SOC1 homolog gene in soybean. *Mol. Bio. Rep.* 39: 6967–6974. DOI 10.1007/s11033-012-1524-0. <https://doi.org/10.1007/s11033-012-1524-0>
- ZHOU L., LUO L., ZUO J.F., YANG L., ZHANG L., GUANG X., NIU Y., JIAN J., GENG Q.C., LIANG L., SONG Q., DUNWELL J.M., WU Z., WEN J., LIU Y.Q. and Y.M. ZHANG. 2016. Identification and Validation of Candidate Genes Associated with Domesticated and Improved Traits in Soybean. *Plant Genome.* 2016 Jul; 9(2). <https://doi.org/10.3835/plantgenome2015.09.0090>
- ZHOU Z., JIANG Y., WANG Z. *et al.* 2015. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean. *Nat Biotechnol* 33, 408–414. <https://doi.org/10.1038/nbt.3096>

ZHU C., GORE M., BUCKLER E. and J. YU. 2008. Status and prospects of association mapping in plants. *The Plant Genome* 1:5–20. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2008.02.0089>

ANEXO I

Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM) y Hábito de crecimiento (HC), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/ HC	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	1	LAE9758803-B	A 5634 RG x FAINTA 760	VII/ D	Línea con buen comportamiento a chinchas fitófagas	2009 (1)
Argentina	2	LAE9764703	H96A611 x (TRACY M x FAINTA 760)	VII/ D	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, posible tolerancia a chinchas	2009 (1)
Argentina	3	LAE9962801	H96A914 x (L814590 x PROMAX 550)	VII/ I	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, posible bajo contenido de inhibidores de tripsina	2009 (1)
Argentina	4	LAE9756701	A 5634 RG x LAE9011210	VI/ D	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, Resistente a Phytophthora raza 1 y 4, posible tolerancia a chinchas	2009 (1)
Argentina	5	LAE9757504	FAINTA 760 x A 6401 RG	VII/ SD	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, Resistente a phytophthora raza 1 y 4, posible tolerancia a chinchas	2009 (1)
Argentina	6	LAE9956204	FAINTA 760 x A 6001 RG	VII/ D	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, posible tolerancia a chinchas	2009 (1)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/HC	Características	Año de Obtención y fuente
Japón	7	Moyayimame (Moyashimame, PI87059)		IV/ D	Genotipo con semilla de tegumento negro utilizada para consumo como brotes de soja	1930* (1, 2, 3)
Japón	8	Tamba (Tamba kuro)		VII/ D	Genotipo con semilla grande de tegumento negro para consumo como edamame	
Japón	9	PI416937 (Houjaku Kuwazu)		VI/ D	Genotipo tolerante a sequía	1977* (3, 4, 5)
Argentina	10	A3770 (A3770 RG)		III/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2000 (6)
Argentina	11	PROT12FCA	LFCA 489(126)G (Garimpo x A 5409) X PI 423853	VI/ I	Cultivar con alto contenido de proteína en grano	2012 (7)
Argentina	12	LAE0690102	PI 547 879 x INTA Paraná 629	VI/ I	Línea de alto rendimiento y semilla con hilo claro o amarillo	2012 (1)
Argentina	13	A4613 (Nidera A 4613 RG)		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2005 (6)
Japón	14	Fukuyutaka (PI 506675)	Oka Daizu x Shiro Daizu 3	VI/ D	Cultivar con calidad de semilla para tofu	1980, 1987* (8, 4)
Argentina	15	A5409 (A 5409 RG)		V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	1998 (6)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/ HC	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	16	A5417 (A 5417 RG)		V/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2001 (6)
Argentina	17	A5520 A 5520 RG)		V/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2000 (6)
Argentina	18	A5777 (A5777 RG)		V/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2002 (6)
Argentina	19	A5901 (A 5901 RG)		V/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	1999 (6)
Argentina	20	A6040 (A 6040 RG)		VI/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2000 (6)
Argentina	21	A6126 (Nidera A 6126 RG)		VI/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2005 (6)
Argentina	22	A6411 (A 6411 RG)		VI/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2003 (6)
Argentina	23	A7321 (A 7321 RG)		VII/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2001 (6)
Argentina	24	A8000 (A 8000 RG)		VIII/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	1998 (6)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/HC	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	25	ACA360 (ACA 360 GR)		III/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2002 (6)
Argentina	26	ACA420 (ACA 420 GR)		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2003 (6)
Japón	27	Natto Kotsubu (Natto-shoryu, PI507088)		VI/ D	Cultivar con semilla de tamaño chico especial para elaborar natto	1987* (9, 4)
Argentina	28	ACA530 (ACA 530 RG)		V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato	2002 (6)
Japón	29	Akishirome (PI 506514)		VI/ D	Cultivar con calidad de semilla para tofu	1979, 1987* (8, 4)
Argentina	30	ALIM1,57	DM501 x FG1	V/ I	Línea con alto contenido de proteína en grano, hilo claro y tamaño grande de semilla	2005 (10)
Argentina	31	ALIM3,44	DM501 x FG2	IV/ I	Línea con alto contenido de proteína en grano, hilo claro y tamaño grande de semilla	2005 (10)
Argentina	32	LAE0696358	[(L870482 x DM 50048) x FT 2] x PI 547878	V/ I	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, GM V, alto rendimiento y grano con hilo amarillo o claro	2015 (1)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/ HC	Características	Año de Obtención y fuente
	33	BRM 92-6600		VI**/ D	Genotipo triple nulo para lipoxigenasas, portador de los alelos <i>lx1</i> , <i>lx2</i> y <i>lx3</i> que regulan la ausencia de las lipoxigenasas en semilla	(11)
Argentina	34	Champaqui ^{5,4} (Champaqui 5.40)		V/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2003 (6)
Argentina	35	Champaqui ^{5,7} (Champaqui 5.70)		V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2005 (6)
Estados Unidos	36	Davis (PI553039)	D49-2573 x N45-1497	VI/ D	Cultivar adaptado a suelos anegables	1966, 1967* (4, 12)
Argentina	37	DM2200 (Don Mario 2200)		II/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2004 (6)
Argentina	38	DM3100 (Don Mario 3100)		III/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2003 (6)
Japón	39	Enrei (PI 385942)		IV/ D	Cultivar con alta proteína en grano especial para tofu, miso y nimame, fuente colección de trabajo INTA EEA Paraná	1971, 1974* (8, 4)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/ HC	Características	Año de Obtención y fuente
Estados Unidos	40	Crockett (PI 535807)	PI 171451 x Hampton 266	VIII/ D	Cultivar diferencial para resistencia a chinches fitófagas y con resistencia a insectos defoliadores	1989* (4, 13)
Argentina	41	DM4600 (Don Mario 4600)		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2003 (6)
Argentina	42	DM4670 (Don Mario 4670)		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2008 (6)
Argentina	43	Fainta760	Curtis x PI 227/687	VII/ D	Cultivar con tolerancia a chinches fitófagas	1996 (6)
Brasil	44	FT-2 (PI 628932)	Selección de IAS 5 (Hill x D52-810)	VII/ SD	Cultivar con gen de resistencia a roya asiática de la soja (<i>Rpp3</i>)	1981, 2001* (14, 15, 16)
Japón	45	Himeshirazu (PI 594177)		VIII/ D	Cultivar con posible resistencia a roya asiática de la soja (<i>Rpp1</i>) y lepidopteros, usado como forraje, abono verde	1970, 1993* (8, 15, 4)
Canada	46	Harosoy (PI 548573)	Mandarin (Ottawa) x A.K. (Harrow)	II/ I	Cultivar de alto rendimiento (<i>e1-as/e2/E3/E4/e5/E7/Dt1</i>)	1951 (17)
Argentina	47	J036074	A 3901RG / DM 4800	VI/ D	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2003 (10)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	N°	Genotipo	Pedigree	GM/ HC	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	48	J040284	A 3901RG / DM 4800	IV/ I	Línea transgénica con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2004 (10)
Brasil	49	IAC100 (PI 628850)	IAC 78/2318 x IAC 12	VII/ D	Cultivar con resistencia/ tolerancia a insectos	1989, 2001* (18, 19, 4)
Japón	50	Kinoshita (PI 200487)		VIII/ I	Genotipo fuente de resistencia a roya asiática de la soja (<i>Rpp5</i>)	1952* (15, 4)
Argentina	51	Maria 50		V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2005 (6)
-	52	MD70100		V**/ D?		-
Argentina	53	Mireya42 (NK Mireya 4.2)		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento, hilo claro	2004 (6)
Argentina	54	NA3005		III/ I	Genotipo transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2005 (20, 21)
Argentina	55	NA3289 (Nidera A 3289 RG)		III/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2006 (6)
Argentina	56	NA5009 (Nidera A 5009 RG)		V/ I	Cultivar OGM con tolerancia a glifosato, alto rend.	2007 (6)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	N°	Genotipo	Pedigree	GM/ I	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	57	NEM31,07	Hartwig x DM3800(3)	V/ I	Línea experimental con alto rendimiento, Tolerancia a nemátodes	2004 (10)
Brasil	58	Ocepar 11 (PI 628874)	Davis x Paraná	VI/ SD	Cultivar susceptible a cancro del tallo y resistente a mancha ojo de rana y resistente a pustula bacteriana	1990, 2001* (16, 4, 12)
China	59	PI54608 - 1		II/ D	Genotipo con alto contenido de aminoácidos azufrados (metionina y cisteína)	1921* (22, 4)
China	60	PI71465		V/ I	Genotipo con alto contenido de proteína en grano	1927* (4)
China	61	PI90768 (7582)		VI/ D	Genotipo sin contenido de lectinas en cotiledones	1930* (23, 4)
China	62	PI92689 (7884)		IV/ I	Genotipo con resistencia a H.zea	1931* (24, 4)
Myanmar	63	PI123440		VI/ I	Genotipo con bajo contenido de ácidos grasos poliinsaturados 18:3 (ácido linolénico)	1937* (25, 4)
Corea del Sur	64	PI157440 (Kin- du)		V/ D	Genotipo con ausencia de inhibidor tripsina Kunitz (alelo <i>ti</i>)	1947* (26, 4)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/HC	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	65	NS 6002		VI/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2011 (6)
Japón	66	PI200492 (Komata)		VII/ D	Genotipo diferencial para roya asiática de la soja (<i>Rpp1</i>)	1952* (15, 4)
Pakistán	67	PI371611	Red China x Clark	V/ I	Genotipo con alto contenido de aceite en grano	1972* (27, 4)
Japón	68	PI385942 (Enrei)		IV/ D	Cultivar con alta proteína en grano especial para tofu, miso y nimame, semilla proveniente del Banco de Germoplasma de soja de la EEA Marcos Juárez	1971, 1974* (8, 4)
Japón	69	PI416819 (Bunsei)		VIII/ D	Genotipo con alto contenido de proteína en grano	1974* (4)
Japón	70	PI417115 (Kyushu 16)		VII/ D	Genotipo con alto contenido de proteína en grano	1974* (4)
Corea del Sur	71	PI458256 (Kas 578-1)		V/ D	Genotipo resistente a <i>Phytophthora</i> raza 1; alto contenido de proteína; semilla grande	1981* (4)
China	72	PI459025 (Big-Nan)		X/ D	Genotipo diferencial para roya asiática de la soja (<i>Rpp4</i>)	1981* (15, 4)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/HC	Características	Año de Obtención y fuente
India	73	PI462312 (Ankur)		VIII/ I	Genotipo diferencial para roya asiática de la soja (<i>Rpp3</i>)	1981* (15,4)
Estados Unidos	74	PI542044 (Kunitz)	Williams 82 x PI 157440	III/ I	Cultivar con bajo contenido de inhibidores de tripsina en granos (alelo <i>ti</i>); gen <i>Rps1-k</i> para resistencia a phytophthora	1989 (8, 4)
Estados Unidos	75	PI547875 (L85-2378)	Williams 82 x PI 200492	III/ I	Isolínea de Williams 82 con el alelo <i>Rpp1</i> para resistencia a roya asiática de la soja; <i>Rps1-K</i>	1989* (4)
Estados Unidos	76	PI547878 (L86-1752)	Williams 82 x PI 230970	III/ I	Isolínea de Williams 82 con el alelo <i>Rpp2</i> para resistencia a roya asiática de la soja; <i>Rps1-K</i>	1989* (4)
Estados Unidos	77	PI547879 (L87-0482)	Williams 82 x PI 459025	III/ I	Isolínea de Williams 82 con el alelo <i>Rpp4</i> para resistencia a roya asiática de la soja; <i>Rps1-K</i>	1989* (4)
Corea del Sur	78	PI548351 (Jefferson)	Línea derivada de "Jefferson"	IV/ D	Cultivar con alto contenido de proteína (alelo <i>lap2</i>). Para consumo humano. Semilla grande	1950* (4)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	N°	Genotipo	Pedigree	GM/ HC	Características	Año de Obtención y fuente
China	79	PI587880A (7573, Huang Dou)		VI/ I	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja (<i>Rpp1-b</i>)	1995* (8, 4)
Argentina	80	INTA Paraná 6200	(A 5318 x Inrville INTA) x A 6401 RG	VI/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifoasto de alto rendimiento, hoja lanceolada y vainas de 4 granos.	2011 (6)
China	81	PI594754 (7938; Ji wo dou)		VII** / D	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja	1996* (4)
China	82	PI594756 (7771; Bai peng qing pi dou)		VIII/ D	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja	1996* (4)
China	83	PI594760B (7940; Gou jiao huang dou)		VII** / D	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja, <i>Rpp1</i>	1996* (8, 4)
China	84	PI594766 (7773; Tian hei dou)		VIII/ D	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja	1996* (4)
China	85	PI594767B (7942)		VII** / D	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja, <i>Rpp1-b</i>	1996* (8, 4)
Argentina	86	RA 514		V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2004 (6)
Argentina	87	RA605 (RAR 605)		VI/ D	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2004 (6)

Continuación Anexo I, Tabla I-1. Lista de genotipos utilizados, con el país de origen, nombre completo, pedigree, grupo de madurez (GM), características, año de obtención y fuente.

Origen	Nº	Genotipo	Pedigree	GM/HC	Características	Año de Obtención y fuente
Argentina	88	INTA Paraná 5500	A 5409 RG x (L814590 x Promax 550)	V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato de alto rendimiento	2011 (6)
Argentina	89	SP3900		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2006 (6)
Argentina	90	TJ2037 (TJS 2037)		III/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2002 (6)
Argentina	91	TJ2049 (TJS 2049)		IV/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2003 (6)
Argentina	92	TJ2055		V/ I	Cultivar transgénico con tolerancia a glifosato, alto rendimiento	2003 (6)
Estados Unidos	93	Williams82 (L77-1794; PI 518671)	Williams(7) x Kingwa	III/ I	Cultivar con resistencia a <i>Phytophthora</i> (alelo <i>Rps1-k</i>)	1981 (28, 4)
China	94	Yori1		VII** / D	Genotipo con resistencia a roya asiática de la soja	(1)

* Año de introducción en el banco de germoplasma de Estados Unidos.

** Grupo de Madurez estimado de acuerdo a observaciones en INTA EEA Paraná, Paraná provincia de Entre Ríos, Argentina.

¹INTA EEA Paraná, 2020. Programa de mejoramiento de soja; ²INTA EEA Paraná, 2020, Colección de trabajo; ³USDA (1931); ⁴USDA Agricultural Research Service (2015); ⁵Pathan *et al.* (2007), ⁶INASE (2020); ⁷Fresoli *et al.* (2012); ⁸Liu (2004); ⁹Shurtleff and Aoyagi (2012); ¹⁰INTA EEA Marcos Juárez, 2020, Programa de mejoramiento de soja; ¹¹Bologna *et al.* (2014); ¹²OCEPAR/EMBRAPA-CNPS0 (1994); ¹³Bowers (1990); ¹⁴Molstina (1987); ¹⁵Kato (2017); ¹⁶Wysmierski (2012); ¹⁷Shurtleff and Aoyagi (2019); ¹⁸Lourenção *et al.*, (1997); ¹⁹Rosseto *et al.*

(1995); ²⁰Santos y Vicentini (2005); ²¹Dalmau F., *Com. Pers.* (2020); ²²Yang and Burton (1993), ²³Vodkin and Raikhel (1986), ²⁴Joshi (1977), ²⁵Cardinal *et al.* (2011); ²⁶Hymowitz (1986); ²⁷Settlagea *et al.* (1998); ²⁸Bernard and Cremeens (1988).

ANEXO II

Tabla II-1. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14965609	6,14854	0,01705	Gm14	B2	1044760
2014-15			4,20736	0,04623			
2015-16			4,23549	0,04409			
2014-15	R1-R3	14965970	5,58786	0,02257	Gm05	A1	40516782
2015-16			4,66814	0,03487			
2013-14	E-R1	14966112	10,18077	0,00262	Gm16	J	33800215
2014-15			10,91651	0,00190			
2013-14	R3-R7	14966112	6,22638	0,01641	Gm16	J	33800215
2014-15			6,74394	0,01274			
2014-15	R1-R3	14966214	5,58786	0,02257	Gm05	A1	40530747
2015-16			4,66814	0,03487			
2013-14	E-R1	14966283	5,59057	0,02253	Gm20	I	41312619
2014-15			4,15400	0,04758			
2013-14	E-R1	14967238	9,35664	0,00377	Gm12	H	38498698
2014-15			9,29769	0,00388			
2012-13	R3-R7	14967238	4,43265	0,04114	Gm12	H	38498698
2013-14			9,69911	0,00324			
2014-15			4,33167	0,04326			
2013-14	R3-R6	14967256	4,62596	0,03702	Gm18	G	41819004
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	E-R1	14967256	7,38218	0,00938	Gm18	G	41819004
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R7	14967256	4,14433	0,04782	Gm18	G	41819004
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	R3-R7	14968098	4,15961	0,04743	Gm02	D1b	9331891
2014-15			5,57142	0,02275			
2013-14	E-R1	14968470	10,54638	0,00223	Gm06	C2	19263614
2014-15			16,14677	0,00023			
2015-16			13,01119	0,00065			
2013-14	E-R1	14968542	4,78669	0,03404	Gm03	N	4645048
2014-15			6,09548	0,01751			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14968908	9,87879	0,00299	Gm06	C2	23650209
2014-15			12,58726	0,00094			
2015-16			8,25791	0,00566			
2013-14	E-R1	14969160	5,95230	0,01880	Gm19	L	49553980
2014-15			6,13213	0,01719			
2013-14	E-R1	14969587	6,86517	0,01202	Gm16	J	19056781
2014-15			9,32740	0,00382			
2015-16			6,39203	0,01421			
2013-14	R3-R7	14969593	4,69079	0,03579	Gm10	O	2340390
2014-15			4,15608	0,04752			
2013-14	E-R1	14969665	5,55484	0,02295	Gm16	J	36484085
2014-15			9,62413	0,00335			
2013-14	R3-R6	14969759	5,78462	0,02044	Gm15	E	763458
2014-15			5,19096	0,02761			
2013-14	E-R1	14969770	5,11015	0,02879	Gm16	J	30610341
2014-15			5,57298	0,02274			
2013-14	E-R1	14969797	6,57082	0,01386	Gm09	K	2121295
2014-15			6,73675	0,01279			
2015-16			5,64603	0,02082			
2013-14	E-R1	14970141	6,57329	0,01384	Gm04	C1	3305147
2014-15			5,53649	0,02316			
2013-14	E-R1	14970189	7,43506	0,00915	Gm19	L	47313316
2014-15			6,38628	0,01517			
2013-14	R3-R7	14970189	4,99474	0,03055	Gm19	L	47313316
2014-15			4,41116	0,04147			
2013-14	E-R1	14970299	5,66080	0,02175	Gm07	M	16532008
2014-15			4,24734	0,04525			
2013-14	E-R1	14970355	7,43506	0,00915	Gm07	M	36893392
2014-15			6,38628	0,01517			
2013-14	R3-R7	14970355	4,41116	0,04147	Gm07	M	36893392
2014-15			4,99474	0,03055			
2013-14	R3-R6	14970437	9,63284	0,00334	Gm06	C2	14498697
2014-15			4,60342	0,03747			
2013-14	R3-R7	14970437	4,30528	0,04387	Gm06	C2	14498697
2014-15			6,15899	0,01697			
2014-15	E-R1	14970494	5,79939	0,02029	Gm09	K	5263675
2013-14			4,64541	0,03665			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14970515	6,51642	0,01423	Gm03	N	21998409
2014-15			5,32942	0,02573			
2013-14	E-R1	14970532	6,51642	0,01423	Gm03	N	7947984
2014-15			5,32942	0,02573			
2013-14	E-R1	14970599	4,93701	0,03148	Gm15	E	892996
2014-15			5,81325	0,02015			
2013-14	E-R1	14970619	4,27634	0,04456	Gm02	D1b	50091543
2015-16			4,10223	0,04744			
2013-14	E-R1	14970653	9,28824	0,00389	Gm04	C1	4965654
2014-15			7,28398	0,00983			
2015-16			7,59179	0,00782			
2013-14	R3-R6	14970653	4,19683	0,04649	Gm04	C1	4965654
2014-15			4,97478	0,03087			
2013-14	E-R1	14970656	15,32526	0,00031	Gm17	D2	4645788
2014-15			11,88132	0,00126			
2015-16			9,72023	0,00284			
2013-14	R3-R7	14970656	12,33327	0,00104	Gm17	D2	4645788
2014-15			10,83828	0,00197			
2013-14	E-R1	14970661	9,35664	0,00377	Gm08	A2	16177162
2014-15			9,29769	0,00388			
2015-16			8,29467	0,00556			
2012-13	R3-R7	14970661	4,43265	0,04114	Gm08	A2	16177162
2013-14			9,69911	0,00324			
2013-14	E-R1	14970746	6,47660	0,01451	Gm14	B2	46976760
2014-15			5,81643	0,02012			
2013-14	E-R1	14970837	10,12537	0,00268	Gm16	J	34779910
2014-15			9,65566	0,00330			
2015-16			10,32490	0,00214			
2013-14	R3-R6	14970837	5,18097	0,02776	Gm16	J	34779910
2014-15			10,97462	0,00185			
2013-14	R3-R7	14970837	5,20191	0,02746	Gm16	J	34779910
2014-15			7,33975	0,00957			
2013-14	E-R1	14970841	10,12537	0,00268	Gm08	A2	16080369
2014-15			9,65566	0,00330			
2015-16			5,12592	0,02733			
2013-14	R3-R6	14970841	5,18097	0,02776	Gm08	A2	16080369
2014-15			10,97462	0,00185			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	R3-R7	14970841	5,20191	0,02746	Gm08	A2	16080369
2014-15			7,33975	0,00957			
2013-14	E-R1	14970842	4,73832	0,03491	Gm02	D1b	5556551
2014-15			5,88513	0,01944			
2013-14	E-R1	14970936	17,98399	0,00011	Gm01	D1a	3837475
2014-15			16,65912	0,00019			
2013-14	R3-R7	14970936	10,01179	0,00282	Gm01	D1a	3837475
2014-15			9,25257	0,00396			
2013-14	E-R1	14972823	8,53850	0,00547	Gm06	C2	43179563
2014-15			7,99437	0,00704			
2013-14	E-R1	14973650	7,65361	0,00825	Gm15	E	3825871
2014-15			7,00619	0,01123			
2013-14	R3-R7	14974212	7,55128	0,00866	Gm15	E	11571890
2014-15			9,23728	0,00398			
2013-14	E-R1	14974212	8,90263	0,00463	Gm15	E	11571890
2014-15			7,41185	0,00925			
2015-16			6,62178	0,01265			
2013-14	R3-R6	14974212	5,50848	0,02349	Gm15	E	11571890
2014-15			8,66900	0,00515			
2013-14	E-R1	14975601	4,94154	0,03140	Gm02	D1b	49064689
2014-15			5,04228	0,02981			
2013-14	E-R1	14976141	4,64541	0,03665	Gm17	D2	38988659
2014-15			5,79939	0,02029			
2015-16			4,41857	0,03990			
2013-14	R3-R6	14976570	4,24661	0,04527	Gm15	E	22434403
2014-15			8,27589	0,00617			
2013-14	E-R1	14976963	15,32526	0,00031	Gm17	D2	4645717
2014-15			11,88132	0,00126			
2015-16			9,72023	0,00284			
2013-14	R3-R7	14976963	12,33327	0,00104	Gm17	D2	4645717
2014-15			10,83828	0,00197			
2013-14	E-R1	14977030	17,98399	0,00011	Gm01	D1a	3837475
2014-15			16,65912	0,00019			
2013-14	E-R1	14978202	4,93701	0,03148	Gm08	A2	43728218
2014-15			5,81325	0,02015			
2013-14	R3-R7	14978722	5,19242	0,02759	Gm16	J	20757915
2014-15			4,08617	0,04934			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14979491	5,73766	0,02093	Gm02	D1b	49758995
2015-16			6,00084	0,01734			
2013-14	E-R1	14979705	5,32010	0,02585	Gm20	I	1239733
2014-15			4,66618	0,03625			
2012-13	R1-R3	14979705	5,52374	0,02342	Gm20	I	1239733
2013-14			4,32707	0,04337			
2013-14	R3-R7	14979705	5,53653	0,02316	Gm20	I	1239733
2014-15			7,04177	0,01104			
2013-14	E-R1	14980000	10,54638	0,00223	Gm06	C2	21330742
2014-15			16,14677	0,00023			
2013-14	E-R1	14980996	4,80359	0,03374	Gm05	A1	7860459
2014-15			6,69125	0,01307			
2013-14	E-R1	14981158	14,13999	0,00050	Gm16	J	32551958
2014-15			12,67576	0,00090			
2013-14	R3-R7	14981158	8,30624	0,00609	Gm16	J	32551958
2014-15			7,35166	0,00952			
2013-14	E-R1	14981223	7,47892	0,00896	Gm07	M	9441593
2014-15			9,16805	0,00411			
2015-16			5,06526	0,02822			
2014-15	E-R1	14981268	4,64139	0,03673	Gm14	B2	1718998
2015-16			4,72796	0,03377			
2013-14	E-R1	14981558	7,40150	0,00930	Gm11	B1	31619803
2014-15			8,00608	0,00700			
2015-16			6,00573	0,01730			
2014-15	R1-R3	14982314	5,40705	0,02473	scaffold_30		95047
2015-16			4,22707	0,04429			
2014-15	E-R1	14983445	7,59343	0,00849	Gm16	J	36466474
2015-16			5,12971	0,02727			
2013-14	E-R1	14983608	9,87879	0,00299	Gm16	J	31614233
2014-15			12,58726	0,00094			
2013-14	E-R1	14983715	10,75264	0,00204	Gm08	A2	34332288
2014-15			11,68555	0,00137			
2013-14	E-R1	14984136	6,12248	0,01727	Gm16	J	32422106
2014-15			6,42285	0,01490			
2015-16			10,61727	0,00188			
2013-14	R3-R7	14984136	4,80011	0,0338	Gm16	J	32422106
2014-15			8,89774	0,00464			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14984163	6,51642	0,01423	Gm16	J	33947116
2014-15			5,32942	0,02573			
2013-14	E-R1	14984252	9,87879	0,00299	Gm06	C2	27472268
2014-15			12,58726	0,00094			
2013-14	E-R1	14970927 F 0-40:C>A-40:C>A	5,53863	0,02313	Gm14	B2	27863910
2014-15			5,32738	0,02575			
2015-16			7,74389	0,00726			
2013-14	E-R1	14970948 F 0-52:G>T-52:G>T	9,71735	0,00321	Gm18	G	45765922
2014-15			8,46498	0,00566			
2015-16			8,25863	0,00566			
2012-13	R3-R7	14970948 F 0-52:G>T-52:G>T	5,28082	0,02649	Gm18	G	45765922
2013-14			4,8778	0,03246			
2013-14	R3-R7	14971038 F 0-37:A>T-37:A>T	4,87442	0,03252	Gm20	I	44990140
2014-15			5,26436	0,0266			
2013-14	E-R1	14971061 F 0-13:C>A-13:C>A	8,61796	0,00528	Gm08	A2	10767592
2014-15			5,62437	0,02215			
2013-14	R3-R7	14971061 F 0-13:C>A-13:C>A	5,1541	0,02814	Gm08	A2	10767592
2014-15			6,84226	0,01215			
2013-14	E-R1	14971086 F 0-42:T>C-42:T>C	5,53863	0,02313	Gm14	B2	21094671
2014-15			5,32738	0,02575			
2012-13	R3-R6	14971094 F 0-58:A>G-58:A>G	4,35133	0,04295	Gm06	C2	49278711
2013-14			6,91882	0,01171			
2014-15			4,33135	0,04327			
2012-13	R3-R7	14971094 F 0-58:A>G-58:A>G	6,2467	0,01634	Gm06	C2	4927871
2013-14			10,37665	0,0024			
2014-15			7,97947	0,00708			
2013-14	E-R1	14971103 F 0-56:T>C-56:T>C	8,53119	0,00549	Gm18	G	43538248
2014-15			8,65990	0,00517			
2015-16			6,14544	0,01610			
2012-13	R1-R3	14971103 F 0-56:T>C-56:T>C	10,36032	0,00245	Gm18	G	43538248
2015-16			4,21950	0,04448			
2013-14	E-R1	14971189 F 0-39:T>A-39:T>A	5,84501	0,01983	Gm11	B1	30740486
2014-15			4,37112	0,04236			
2013-14	R3-R6	14971189 F 0-39:T>A-39:T>A	4,26098	0,04492	Gm11	B1	30740486
2014-15			7,59358	0,00849			
2013-14	R3-R7	14971189 F 0-39:T>A-39:T>A	6,20355	0,0166	Gm11	B1	30740486
2014-15			7,75483	0,00787			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14971207 F 0-18:C>T-18:C>T	10,85331	0,00195	Gm06	C2	18396407
2014-15			10,34328	0,00244			
2015-16			9,79698	0,00274			
2013-14	R3-R7	14971207 F 0-18:C>T-18:C>T	4,87893	0,03244	Gm06	C2	18396407
2014-15			8,54251	0,00546			
2013-14	E-R1	14971226 F 0-13:G>C-13:G>C	4,26638	0,04479	Gm10	O	40330947
2015-16			5,27944	0,02520			
2013-14	E-R1	14971286 F 0-43:C>A-43:C>A	6,79801	0,01241	Gm01	D1a	52400101
2014-15			4,53239	0,03889			
2013-14	R3-R6	14971388 F 0-22:C>A-22:C>A	4,62596	0,03702	Gm15	E	47645772
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	E-R1	14971388 F 0-22:C>A-22:C>A	7,38218	0,00938	Gm15	E	47645772
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R7	14971388 F 0-22:C>A-22:C>A	4,14433	0,04782	Gm15	E	47645772
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	R3-R6	14971427 F 0-8:G>A-8:G>A	4,62596	0,03702	Gm15	E	12800582
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	E-R1	14971427 F 0-8:G>A-8:G>A	7,38218	0,00938	Gm15	E	12800582
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R7	14971427 F 0-8:G>A-8:G>A	4,14433	0,04782	Gm15	E	12800582
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	E-R1	14971577 F 0-44:G>A-44:G>A	5,53863	0,02313	Gm12	H	4185236
2014-15			5,32738	0,02575			
2013-14	E-R1	14971581 F 0-48:A>T-48:A>T	5,95230	0,01880	Gm19	L	49869624
2014-15			6,13213	0,01719			
2013-14	R3-R7	14971627 F 0-24:A>T-24:A>T	11,20636	0,00168	Gm19	L	47583918
2014-15			8,7099	0,00506			
2013-14	R3-R6	14971668 F 0-36:C>A-36:C>A	6,29936	0,01583	Gm06	C2	49286387
2014-15			6,59078	0,01373			
2013-14	R3-R7	14971668 F 0-36:C>A-36:C>A	8,29727	0,00611	Gm06	C2	49286387
2014-15			7,64582	0,00828			
2013-14	E-R1	14971681 F 0-20:C>T-20:C>T	9,87879	0,00299	Gm20	I	43134106
2014-15			12,58726	0,00094			
2013-14	E-R1	14971692 F 0-8:A>T-8:A>T	8,53850	0,00547	Gm06	C2	43179869
2014-15			7,99437	0,00704			
2013-14	E-R1	14971999 F 0-65:T>C-65:T>C	5,53863	0,02313	Gm02	D1b	15401155
2014-15			5,32738	0,02575			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14972022 F 0-66:C>T-66:C>T	4,61624	0,03721	Gm15	E	11679549
2014-15			4,61477	0,03724			
2015-16			4,45311	0,03916			
2014-15	R1-R3	14972095 F 0-35:G>T-35:G>T	6,92964	0,01165	Gm16	J	25080090
2015-16			4,65754	0,03507			
2013-14	E-R1	14972117 F 0-8:A>G-8:A>G	9,87879	0,00299	Gm06	C2	22728512
2014-15			12,58726	0,00094			
2015-16			8,25791	0,00566			
2013-14	E-R1	14972281 F 0-13:A>G-13:A>G	4,76062	0,03450	Gm17	D2	8186531
2014-15			6,50925	0,01428			
2013-14	E-R1	14972350 F 0-44:C>T-44:C>T	4,62024	0,03714	Gm06	C2	16205941
2015-16			5,51644	0,02227			
2013-14	E-R1	14972399 F 0-63:G>A-63:G>A	4,34890	0,04287	Gm12	H	35318963
2014-15			4,13827	0,04798			
2013-14	E-R1	14972421 F 0-42:T>A-42:T>A	12,44972	0,00099	Gm19	L	48073993
2014-15			9,13374	0,00417			
2013-14	R3-R7	14972421 F 0-42:T>A-42:T>A	7,0042	0,01124	Gm19	L	48073993
2014-15			9,0235	0,00439			
2013-14	R3-R6	14972444 F 0-45:T>A-45:T>A	4,62596	0,03702	Gm09	K	44650999
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	E-R1	14972444 F 0-45:T>A-45:T>A	7,38218	0,00938	Gm09	K	44650999
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R7	14972444 F 0-45:T>A-45:T>A	4,14433	0,04782	Gm09	K	44650999
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	E-R1	14972460 F 0-23:G>T-23:G>T	6,49049	0,01442	Gm14	B2	2683505
2014-15			6,10485	0,01743			
2013-14	E-R1	14972473 F 0-59:A>G-59:A>G	6,86479	0,01202	Gm14	B2	5645086
2014-15			4,53681	0,03880			
2013-14	E-R1	14972556 F 0-43:C>G-43:C>G	10,47139	0,00231	Gm09	K	44612654
2014-15			9,58426	0,00341			
2012-13	R3-R7	14972556 F 0-43:C>G-43:C>G	4,18351	0,04697	Gm09	K	44612654
2013-14			5,77404	0,02055			
2014-15			4,92799	0,03162			
2013-14	E-R1	14972573 F 0-6:A>G-6:A>G	4,95657	0,03116	Gm15	E	468957
2014-15			4,58978	0,03774			
2015-16			4,05335	0,04873			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	R3-R6	14972573 F 0-6:A>G-6:A>G	4,66803	0,03622	Gm15	E	468957
2014-15			8,82790	0,00479			
2013-14	E-R1	14972655 F 0-58:G>A-58:G>A	10,18077	0,00262	Gm08	A2	44023398
2014-15			10,91651	0,00190			
2015-16			5,59938	0,02133			
2013-14	R3-R7	14972655 F 0-58:G>A-58:G>A	6,74394	0,01274	Gm08	A2	44023398
2014-15			6,22638	0,01641			
2013-14	E-R1	14972704 F 0-47:G>T-47:G>T	9,28824	0,00389	Gm04	C1	4965588
2015-16			7,59179	0,00782			
2014-15			7,28398	0,00983			
2013-14	R3-R6	14972704 F 0-47:G>T-47:G>T	4,19683	0,04649	Gm04	C1	4965588
2014-15			4,97478	0,03087			
2013-14	E-R1	14972724 F 0-27:G>T-27:G>T	15,24077	0,00032	Gm14	B2	18059317
2014-15			14,24996	0,00048			
2015-16			9,48357	0,00317			
2013-14	R3-R7	14972724 F 0-27:G>T-27:G>T	9,68474	0,00326	Gm14	B2	18059317
2014-15			10,12206	0,00269			
2013-14	E-R1	14972779 F 0-40:C>T-40:C>T	11,69965	0,00136	Gm04	C1	8243540
2014-15			8,35882	0,00594			
2013-14	R3-R7	14972779 F 0-40:C>T-40:C>T	6,54321	0,01405	Gm04	C1	8243540
2014-15			6,7781	0,01253			
2013-14	E-R1	14972822 F 0-12:A>T-12:A>T	8,53850	0,00547	Gm06	C2	43179563
2014-15			7,99437	0,00704			
2013-14	E-R1	14972887 F 0-58:C>G-58:C>G	7,38218	0,00938	Gm18	G	45150193
2014-15			6,67834	0,01315			
2015-16			4,48710	0,03845			
2013-14	R3-R6	14972887 F 0-58:C>G-58:C>G	4,62596	0,03702	Gm18	G	45150193
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	R3-R7	14972887 F 0-58:C>G-58:C>G	4,14433	0,04782	Gm18	G	45150193
2014-15			6,41834	0,01493			
2012-13	R1-R3	14972905 F 0-62:A>G-62:A>G	6,78879	0,01255	Gm14	B2	6141259
2013-14			10,86422	0,00194			
2013-14	E-R1	14973046 F 0-25:G>T-25:G>T	7,29939	0,00976	Gm01	D1a	50144491
2014-15			6,60914	0,01360			
2015-16			7,74040	0,00727			
2013-14	R3-R7	14973046 F 0-25:G>T-25:G>T	4,74005	0,03488	Gm01	D1a	50144491
2014-15			5,00724	0,03035			

2013-14	E-R1	14973221 F 0-19:T>A-19:T>A	10,18077	0,00262	Gm07	M	14980737
2014-15			10,91651	0,00190			
2015-16			4,14677	0,04629			
2013-14	R3-R7	14973221 F 0-19:T>A-19:T>A	6,22638	0,01641	Gm07	M	14980737
2014-15			6,74394	0,01274			
2013-14	E-R1	14973273 F 0-36:T>C-36:T>C	4,90199	0,03205	Gm19	L	50265715
2014-15			4,69925	0,03563			
2013-14	E-R1	14973275 F 0-12:G>C-12:G>C	15,32526	0,00031	Gm17	D2	4691077
2014-15			11,88132	0,00126			
2013-14	R3-R7	14973275 F 0-12:G>C-12:G>C	12,33327	0,00104	Gm17	D2	4691077
2014-15			10,83828	0,00197			
2013-14	E-R1	14973343 F 0-52:G>C-52:G>C	5,06572	0,02945	Gm09	K	44980900
2014-15			5,43376	0,02440			
2013-14	E-R1	14973357 F 0-58:G>C-58:G>C	13,68306	0,00060	Gm10	O	38900697
2014-15			15,18811	0,00033			
2015-16			9,63377	0,00295			
2013-14	E-R1	14973361 F 0-59:G>C-59:G>C	9,87879	0,00299	Gm06	C2	26988333
2014-15			12,58726	0,00094			
2015-16			8,25791	0,00566			
2013-14	E-R1	14973389 F 0-67:G>A-67:G>A	5,02182	0,03013	Gm19	L	47501692
2014-15			4,29439	0,04413			
2013-14	E-R1	14973459 F 0-49:T>A-49:T>A	5,53863	0,02313	Gm17	D2	1541582
2014-15			5,32738	0,02575			
2013-14	E-R1	14973488 F 0-40:A>G-40:A>G	11,57690	0,00143	Gm20	I	40401929
2014-15			9,29193	0,00389			
2015-16			11,07508	0,00152			
2013-14	R3-R7	14973488 F 0-40:A>G-40:A>G	7,15357	0,01046	Gm20	I	40401929
2014-15			9,25174	0,00396			
2013-14	E-R1	14973512 F 0-24:T>C-24:T>C	11,69965	0,00136	Gm12	H	5810606
2014-15			8,35882	0,00594			
2013-14	R3-R7	14973512 F 0-24:T>C-24:T>C	6,54321	0,01405	Gm12	H	5810606
2014-15			6,7781	0,01253			
2013-14	E-R1	14973553 F 0-29:A>T-29:A>T	10,75901	0,00203	Gm06	C2	13343950
2014-15			7,38817	0,00936			
2015-16			8,58254	0,00485			
2013-14	R3-R7	14973553 F 0-29:A>T-29:A>T	5,13711	0,02839	Gm06	C2	13343950
2014-15			5,82977	0,01998			
2013-14	E-R1	14973570 F 0-9:G>A-9:G>A	5,49534	0,02365	Gm05	A1	27976
2014-15			10,33302	0,00245			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14973591 F 0-42:G>A-42:G>A	5,65071	0,02186	Gm08	A2	11675863
2014-15			5,55803	0,02291			
2015-16			5,93635	0,01792			
2013-14	E-R1	14973649 F 0-19:G>T-19:G>T	4,71539	0,03533	Gm15	E	3825871
2014-15			4,07010	0,04977			
2013-14	E-R1	14973767 F 0-65:T>C-65:T>C	6,25686	0,01617	Gm11	B1	9929303
2014-15			8,06488	0,00681			
2013-14	E-R1	14973808 F 0-41:T>C-41:T>C	5,80787	0,02020	Gm20	I	2620530
2015-16			4,30668	0,04241			
2014-15	E-R1	14973961 F 0-17:A>G-17:A>G	5,07315	0,02934	Gm20	I	44900279
2015-16			6,49293	0,01350			
2013-14	E-R1	14973974 F 0-44:T>A-44:T>A	9,87879	0,00299	Gm20	I	42559027
2014-15			12,58726	0,00094			
2015-16			7,72471	0,00733			
2013-14	E-R1	14973989 F 0-60:C>G-60:C>G	7,12411	0,01061	Gm16	J	27096449
2014-15			5,30851	0,02600			
2013-14	R1-R3	14974037 F 0-17:A>G-17:A>G	6,39124	0,01513	Gm14	B2	47482526
2015-16			5,24943	0,02561			
2013-14	E-R1	14974061 F 0-25:T>G-25:T>G	9,82017	0,00307	Gm08	A2	363697
2014-15			7,10898	0,01069			
2015-16			9,81599	0,00271			
2012-13	R3-R7	14974061 F 0-25:T>G-25:T>G	5,29623	0,02628	Gm08	A2	363697
2013-14			5,03787	0,02988			
2013-14	E-R1	14974167 F 0-29:G>A-29:G>A	13,92658	0,00054	Gm15	E	6418687
2014-15			14,79142	0,00038			
2015-16			7,10923	0,00992			
2012-13	R1-R3	14974167 F 0-29:G>A-29:G>A	5,52374	0,02342	Gm15	E	6418687
2015-16			4,83324	0,03192			
2013-14	R3-R6	14974210 F 0-24:A>T-24:A>T	6,91549	0,01173	Gm02	D1b	48374466
2014-15			4,74929	0,03471			
2012-13	R1-R3	14974363 F 0-16:G>T-16:G>T	9,41938	0,00371	Gm02	D1b	49395078
2015-16			7,58209	0,00786			
2013-14	E-R1	14974370 F 0-66:C>T-66:C>T	6,05852	0,01783	Gm02	D1b	15501476
2014-15			7,42011	0,00922			
2015-16			4,41591	0,03996			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	R1-R3	14974370 F 0-66:C>T-66:C>T	4,48777	0,03982	Gm02	D1b	15501476
2014-15			4,42755	0,04111			
2015-16			4,03126	0,04933			
2013-14	E-R1	14974463 F 0-15:T>A-15:T>A	10,54638	0,00223	Gm05	A1	51889
2014-15			16,14677	0,00023			
2013-14	E-R1	14974488 F 0-14:G>A-14:G>A	10,54638	0,00223	Gm05	A1	8090
2014-15			16,14677	0,00023			
2013-14	E-R1	14974557 F 0-41:T>A-41:T>A	16,62189	0,00019	Gm15	E	11652462
2014-15			12,94309	0,00081			
2015-16			11,87940	0,00106			
2013-14	R3-R7	14974557 F 0-41:T>A-41:T>A	8,29972	0,00611	Gm15	E	11652462
2014-15			11,5781	0,00143			
2013-14	E-R1	14974846 F 0-38:A>T-38:A>T	8,53850	0,00547	Gm06	C2	43177022
2014-15			7,99437	0,00704			
2013-14	E-R1	14974856 F 0-30:C>A-30:C>A	7,38218	0,00938	Gm15	E	47603222
2014-15			6,67834	0,01315			
2015-16			5,97542	0,01757			
2014-15	R3-R6	14974856 F 0-30:C>A-30:C>A	11,78800	0,00131	Gm15	E	47603222
2013-14			4,62596	0,03702			
2013-14	R3-R7	14974856 F 0-30:C>A-30:C>A	4,14433	0,04782	Gm15	E	47603222
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	R3-R6	14974973 F 0-67:G>A-67:G>A	6,29936	0,01583	Gm06	C2	49306059
2014-15			6,59078	0,01373			
2013-14	R3-R7	14974973 F 0-67:G>A-67:G>A	8,29727	0,00611	Gm06	C2	49306059
2014-15			7,64582	0,00828			
2013-14	E-R1	14975065 F 0-51:C>T-51:C>T	15,24077	0,00032	Gm02	D1b	46051419
2014-15			14,24996	0,00048			
2015-16			7,35029	0,00881			
2013-14	R3-R7	14975065 F 0-51:C>T-51:C>T	9,68474	0,00326	Gm02	D1b	46051419
2014-15			10,12206	0,00269			
2013-14	E-R1	14975163 F 0-31:C>T-31:C>T	6,79801	0,01241	Gm01	D1a	52464092
2014-15			4,53239	0,03889			
2013-14	E-R1	14975178 F 0-18:A>G-18:A>G	4,15743	0,04749	Gm20	I	1989001
2015-16			5,92608	0,01802			
2013-14	R3-R7	14975178 F 0-18:A>G-18:A>G	4,81011	0,03362	Gm20	I	1989001
2014-15			7,34076	0,00957			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14975200 F 0-15:G>C-15:G>C	15,85870	0,00025	Gm04	C1	8719088
2014-15			13,35118	0,00068			
2013-14	R3-R7	14975200 F 0-15:G>C-15:G>C	9,30764	0,00386	Gm04	C1	8719088
2014-15			8,22423	0,00632			
2012-13	R1-R3	14975297 F 0-24:T>C-24:T>C	6,37336	0,01536	Gm09	K	41539059
2013-14			4,56044	0,03832			
2013-14	E-R1	14975301 F 0-46:T>A-46:T>A	5,67123	0,02164	Gm17	D2	2209022
2014-15			5,02391	0,03009			
2015-16			9,06071	0,00386			
2013-14	R3-R6	14975330 F 0-25:G>A-25:G>A	4,80299	0,03375	Gm18	G	2306799
2014-15			6,07476	0,01769			
2013-14	E-R1	14975386 F 0-5:T>C-5:T>C	10,75264	0,00204	Gm09	K	11578768
2014-15			11,68555	0,00137			
2013-14	E-R1	14975388 F 0-5:T>C-5:T>C	11,05467	0,00179	Gm07	M	9514227
2014-15			10,99757	0,00184			
2015-16			11,96294	0,00102			
2013-14	R3-R7	14975388 F 0-5:T>C-5:T>C	6,45088	0,0147	Gm07	M	9514227
2014-15			7,24888	0,01			
2013-14	R3-R7	14975518 F 0-6:C>T-6:C>T	4,6567	0,03643	Gm12	H	6462531
2014-15			6,30589	0,01578			
2013-14	E-R1	14975520 F 0-59:C>A-59:C>A	4,60218	0,03749	Gm18	G	51295205
2014-15			5,12241	0,02860			
2015-16			4,09533	0,04762			
2013-14	E-R1	14975579 F 0-63:C>T-63:C>T	6,05852	0,01783	Gm17	D2	5797674
2014-15			7,42011	0,00922			
2013-14	R1-R3	14975579 F 0-63:C>T-63:C>T	4,48777	0,03982	Gm17	D2	5797674
2014-15			4,42755	0,04111			
2013-14	E-R1	14975838 F 0-46:C>G-46:C>G	5,67123	0,02164	Gm17	D2	2200662
2014-15			5,02391	0,03009			
2015-16			9,06071	0,00386			
2013-14	R3-R6	14976123 F 0-51:G>T-51:G>T	4,66803	0,03622	Gm15	E	468891
2014-15			8,82790	0,00479			
2013-14	E-R1	14976123 F 0-51:G>T-51:G>T	4,95657	0,03116	Gm15	E	468891
2014-15			4,58978	0,03774			
2015-16			4,05335	0,04873			
2013-14	E-R1	14976193 F 0-53:A>T-53:A>T	11,69965	0,00136	Gm12	H	5806469
2014-15			8,35882	0,00594			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	R3-R7	14976193 F 0-53:A>T-53:A>T	6,54321	0,01405	Gm12	H	5806469
2014-15			6,7781	0,01253			
2013-14	E-R1	14976295 F 0-43:T>C-43:T>C	5,37529	0,02513	Gm09	K	1925818
2014-15			5,80591	0,02022			
2013-14	E-R1	14976429 F 0-6:T>C-6:T>C	10,11730	0,00269	Gm20	I	35524230
2014-15			10,50503	0,00227			
2013-14	E-R1	14976479 F 0-52:T>A-52:T>A	5,36871	0,02522	Gm14	B2	5013364
2014-15			6,18071	0,01678			
2013-14	E-R1	14976504 F 0-23:C>T-23:C>T	5,55484	0,02295	Gm16	J	36314518
2014-15			9,62413	0,00335			
2015-16			4,28087	0,04301			
2012-13	E-R1	14976586 F 0-16:C>A-16:C>A	5,82352	0,02015	Gm20	I	34802127
2013-14			6,00058	0,01835			
2014-15			4,64447	0,03667			
2013-14	E-R1	14976590 F 0-14:C>G-14:C>G	7,38218	0,00938	Gm04	C1	2095241
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R6	14976590 F 0-14:C>G-14:C>G	4,62596	0,03702	Gm04	C1	2095241
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	R3-R7	14976590 F 0-14:C>G-14:C>G	4,14433	0,04782	Gm04	C1	2095241
2014-15			6,41834	0,01493			
2012-13	R1-R3	14976596 F 0-31:G>T-31:G>T	4,94092	0,03154	Gm06	C2	37819052
2015-16			5,50835	0,02236			
2013-14	E-R1	14976775 F 0-11:C>T-11:C>T	10,54638	0,00223	Gm06	C2	20008327
2014-15			16,14677	0,00023			
2015-16			13,01119	0,00065			
2013-14	E-R1	14976798 F 0-36:G>A-36:G>A	15,79807	0,00026	Gm12	H	5795449
2014-15			12,32551	0,00105			
2013-14	R3-R6	14976798 F 0-36:G>A-36:G>A	4,72280	0,03519	Gm12	H	5795449
2014-15			7,95622	0,00716			
2013-14	R3-R7	14976798 F 0-36:G>A-36:G>A	8,41188	0,0058	Gm12	H	5795449
2014-15			8,85742	0,00473			
2013-14	E-R1	14976853 F 0-45:A>G-45:A>G	10,75901	0,00203	Gm06	C2	13343900
2014-15			7,38817	0,00936			
2015-16			8,58254	0,00485			
2013-14	R3-R7	14976853 F 0-45:A>G-45:A>G	5,13711	0,02839	Gm06	C2	13343900
2014-15			5,82977	0,01998			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14976911 F 0-17:C>T-17:C>T	5,53863	0,02313	Gm18	G	50894634
2014-15			5,32738	0,02575			
2013-14	E-R1	14976955 F 0-28:A>G-28:A>G	4,71539	0,03533	Gm18	G	4053554
2014-15			4,07010	0,04977			
2013-14	E-R1	14977010 F 0-10:A>G-10:A>G	10,54638	0,00223	Gm05	A1	60107
2014-15			16,14677	0,00023			
2012-13	E-R1	14977033 F 0-28:G>A-28:G>A	6,43279	0,01492	Gm05	A1	40916466
2015-16			4,19169	0,04516			
2012-13	R3-R7	14977033 F 0-28:G>A-28:G>A	4,23122	0,04579	Gm05	A1	40916466
2014-15			4,16159	0,04738			
2013-14	E-R1	14977069 F 0-42:C>T-42:C>T	15,24077	0,00032	Gm15	E	4912895
2014-15			14,24996	0,00048			
2015-16			6,45960	0,01373			
2013-14	R3-R7	14977069 F 0-42:C>T-42:C>T	9,68474	0,00326	Gm15	E	4912895
2014-15			10,12206	0,00269			
2013-14	E-R1	14977205 F 0-20:C>T-20:C>T	7,38218	0,00938	Gm18	G	58049054
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R6	14977205 F 0-20:C>T-20:C>T	4,62596	0,03702	Gm18	G	58049054
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	R3-R7	14977205 F 0-20:C>T-20:C>T	4,14433	0,04782	Gm18	G	58049054
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	E-R1	14977220 F 0-16:G>T-16:G>T	8,53850	0,00547	Gm06	C2	43175909
2014-15			7,99437	0,00704			
2013-14	R3-R6	14977227 F 0-12:A>G-12:A>G	5,48892	0,02372	Gm12	H	5007428
2014-15			13,05570	0,00077			
2013-14	R3-R7	14977227 F 0-12:A>G-12:A>G	4,57866	0,03796	Gm12	H	5007428
2014-15			7,09468	0,01076			
2013-14	R3-R6	14977509 F 0-23:T>C-23:T>C	4,31328	0,04369	Gm02	D1b	44101558
2014-15			5,82358	0,02004			
2013-14	R3-R6	14977576 F 0-25:G>A-25:G>A	6,18503	0,01675	Gm02	D1b	50207578
2014-15			7,35963	0,00948			
2013-14	E-R1	14977610 F 0-6:T>A-6:T>A	5,53863	0,02313	Gm12	H	2685005
2014-15			5,32738	0,02575			
2013-14	E-R1	14977693 F 0-33:A>G-33:A>G	4,17802	0,04697	Gm06	C2	20112134
2014-15			6,49874	0,01436			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14977726 F 0-20:C>T-20:C>T	16,62189	0,00019	Gm15	E	11659263
2014-15			12,94309	0,00081			
2015-16			11,87940	0,00106			
2013-14	R3-R7	14977726 F 0-20:C>T-20:C>T	8,29972	0,00611	Gm15	E	11659263
2014-15			11,5781	0,00143			
2013-14	E-R1	14977784 F 0-40:A>G-40:A>G	5,53863	0,02313	Gm18	G	18136796
2014-15			5,32738	0,02575			
2013-14	E-R1	14978580 F 0-13:A>T-13:A>T	5,53863	0,02313	Gm14	B2	20522711
2014-15			5,32738	0,02575			
2013-14	E-R1	14978824 F 0-55:C>T-55:C>T	14,13999	0,00050	Gm01	D1a	3850109
2014-15			12,67576	0,00090			
2013-14	R3-R7	14978824 F 0-55:C>T-55:C>T	8,30624	0,00609	Gm01	D1a	3850109
2014-15			7,35166	0,00952			
2013-14	E-R1	14978946 F 0-7:A>G-7:A>G	8,53119	0,00549	Gm06	C2	18838461
2014-15			8,65990	0,00517			
2015-16			7,09556	0,00999			
2013-14	E-R1	14978975 F 0-46:A>C-46:A>C	10,18077	0,00262	Gm18	G	7067362
2014-15			10,91651	0,00190			
2015-16			5,59938	0,02133			
2013-14	R3-R7	14978975 F 0-46:A>C-46:A>C	6,22638	0,01641	Gm18	G	7067362
2014-15			6,74394	0,01274			
2013-14	E-R1	14979104 F 0-58:C>T-58:C>T	15,67312	0,00027	Gm08	A2	8052981
2014-15			12,68843	0,00090			
2013-14	R3-R7	14979104 F 0-58:C>T-58:C>T	8,59184	0,00534	Gm08	A2	8052981
2014-15			6,40606	0,01502			
2013-14	E-R1	14979283 F 0-54:G>A-54:G>A	9,87879	0,00299	Gm12	H	38418596
2014-15			12,58726	0,00094			
2015-16			4,08480	0,04789			
2013-14	E-R1	14979317 F 0-31:T>A-31:T>A	6,70892	0,01296	Gm02	D1b	2938900
2014-15			5,59535	0,02248			
2013-14	E-R1	14979449 F 0-5:G>A-5:G>A	5,02182	0,03013	Gm19	L	47501261
2014-15			4,29439	0,04413			
2013-14	E-R1	14979509 F 0-48:G>C-48:G>C	9,87879	0,00299	Gm20	I	42574942
2014-15			12,58726	0,00094			
2013-14	E-R1	14979524 F 0-32:G>A-32:G>A	4,06787	0,04983	Gm16	J	7443114
2014-15			4,69471	0,03571			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	E-R1	14979560 F 0-19:G>A-19:G>A	7,38218	0,00938	Gm15	E	47659399
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R6	14979560 F 0-19:G>A-19:G>A	4,62596	0,03702	Gm15	E	47659399
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	R3-R7	14979560 F 0-19:G>A-19:G>A	4,14433	0,04782	Gm15	E	47659399
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	E-R1	14979582 F 0-29:C>T-29:C>T	11,58434	0,00143	Gm17	D2	14738046
2014-15			8,99270	0,00445			
2015-16			5,97270	0,01759			
2013-14	R3-R7	14979582 F 0-29:C>T-29:C>T	8,09845	0,0067	Gm17	D2	14738046
2014-15			8,16004	0,00651			
2013-14	E-R1	14979707 F 0-7:G>C-7:G>C	10,54638	0,00223	Gm15	E	16780949
2014-15			16,14677	0,00023			
2015-16			10,59279	0,00190			
2013-14	E-R1	14979861 F 0-39:G>A-39:G>A	13,68306	0,00060	Gm13	F	42712449
2014-15			15,18811	0,00033			
2015-16			5,64619	0,02082			
2013-14	E-R1	14979972 F 0-41:T>C-41:T>C	7,38218	0,00938	Gm07	M	16340786
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R6	14979972 F 0-41:T>C-41:T>C	4,62596	0,03702	Gm07	M	16340786
2014-15			11,78800	0,00131			
2013-14	R3-R7	14979972 F 0-41:T>C-41:T>C	4,14433	0,04782	Gm07	M	16340786
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	E-R1	14980416 F 0-52:T>G-52:T>G	10,85331	0,00195	Gm06	C2	18843566
2014-15			10,34328	0,00244			
2015-16			7,55673	0,00796			
2013-14	R3-R7	14980416 F 0-52:T>G-52:T>G	8,54251	0,00546	Gm06	C2	18843566
2014-15			4,87893	0,03244			
2013-14	E-R1	14980458 F 0-39:C>T-39:C>T	13,68306	0,00060	Gm10	O	38959486
2014-15			15,18811	0,00033			
2015-16			10,07210	0,00241			
2014-15	E-R1	14980539 F 0-12:A>G-12:A>G	5,07315	0,02934	Gm20	I	37024995
2015-16			6,49293	0,01350			
2013-14	E-R1	14980572 F 0-18:C>T-18:C>T	5,84501	0,01983	Gm08	A2	8596632
2014-15			4,37112	0,04236			
2013-14	R3-R6	14980572 F 0-18:C>T-18:C>T	4,26098	0,04492	Gm08	A2	8596632
2014-15			7,59358	0,00849			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	R3-R7	14980572 F 0-18:C>T-18:C>T	6,20355	0,0166	Gm08	A2	8596632
2014-15			7,75483	0,00787			
2013-14	E-R1	14980672 F 0-5:C>T-5:C>T	4,60218	0,03749	Gm18	G	52085927
2014-15			5,12241	0,02860			
2015-16			4,09533	0,04762			
2013-14	R3-R7	14980737 F 0-7:C>G-7:C>G	4,87442	0,03252	Gm20	I	45098304
2014-15			5,26436	0,0266			
2013-14	E-R1	14980773 F 0-62:C>G-62:C>G	9,71735	0,00321	Gm18	G	45750763
2014-15			8,46498	0,00566			
2015-16			8,25863	0,00566			
2013-14	R3-R7	14980773 F 0-62:C>G-62:C>G	5,28082	0,02649	Gm18	G	45750763
2014-15			4,8778	0,03246			
2013-14	E-R1	14980884 F 0-32:T>C-32:T>C	5,53863	0,02313	Gm14	B2	24719392
2014-15			5,32738	0,02575			
2015-16			5,16800	0,02673			
2013-14	E-R1	14980998 F 0-68:A>C-68:A>C	4,80359	0,03374	Gm05	A1	7860459
2014-15			6,69125	0,01307			
2013-14	E-R1	14980999 F 0-38:C>G-38:C>G	10,54638	0,00223	Gm06	C2	19165669
2014-15			16,14677	0,00023			
2015-16			7,05532	0,01019			
2013-14	R1-R3	14981197 F 0-42:A>T-42:A>T	4,39217	0,04189	Gm14	B2	47511416
2014-15			4,60109	0,03751			
2013-14	E-R1	14981402 F 0-22:T>C-22:T>C	13,92658	0,00054	Gm15	E	6476294
2014-15			14,79142	0,00038			
2015-16			6,59584	0,01282			
2012-13	R1-R3	14981487 F 0-12:G>A-12:G>A	4,41292	0,04157	Gm20	I	45692962
2015-16			7,42471	0,00849			
2013-14	E-R1	14981512 F 0-15:G>A-15:G>A	6,47660	0,01451	Gm14	B2	46969528
2014-15			5,81643	0,02012			
2012-13	R1-R3	14981550 F 0-33:A>G-33:A>G	9,44773	0,00366	Gm08	A2	3804176
2014-15			4,48668	0,03984			
2013-14	R3-R7	14981744 F 0-66:A>T-66:A>T	4,20219	0,04636	Gm07	M	6440972
2014-15			5,99214	0,01843			
2013-14	E-R1	14981910 F 0-16:A>T-16:A>T	7,38218	0,00938	Gm19	L	46390109
2014-15			6,67834	0,01315			
2013-14	R3-R6	14981910 F 0-16:A>T-16:A>T	4,62596	0,03702	Gm19	L	46390109
2014-15			11,78800	0,00131			

Continuación: **Anexo II. Tabla II-1.** Marcadores SNP y Dart identificados en 2 o más ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Paraná.

Ciclo agrícola	Fase	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2013-14	R3-R7	14981910 F 0-16:A>T-16:A>T	4,14433	0,04782	Gm19	L	46390109
2014-15			6,41834	0,01493			
2013-14	E-R1	14982046 F 0-28:T>A-28:T>A	4,88586	0,03232	Gm13	F	40841192
2014-15			5,10301	0,02889			
2013-14	E-R1	14982630 F 0-23:C>T-23:C>T	10,18077	0,00262	Gm15	E	44988384
2014-15			10,91651	0,00190			
2015-16			11,05905	0,00153			
2013-14	R3-R7	14982630 F 0-23:C>T-23:C>T	6,22638	0,01641	Gm15	E	44988384
2014-15			6,74394	0,01274			
2013-14	E-R1	14982884 F 0-19:C>T-19:C>T	4,06787	0,04983	Gm16	J	7471436
2014-15			4,69471	0,03571			
2013-14	E-R1	14983065 F 0-17:C>T-17:C>T	7,02542	0,01113	Gm06	C2	18135028
2014-15			5,28554	0,02631			
2015-16			4,26668	0,04334			
2013-14	E-R1	14983664 F 0-18:C>A-18:C>A	10,18077	0,00262	Gm08	K	44068182
2014-15			10,91651	0,00190			
2013-14	R3-R7	14983664 F 0-18:C>A-18:C>A	6,22638	0,01641	Gm08	A2	44068182
2014-15			6,74394	0,01274			

E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica, Crom.: Cromosoma, GL: Grupo de ligamiento.

Anexo II. Tabla II-2. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Marcos Juárez.

Ciclo agrícola	Carácter	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2011-12	R3-R6	14969582	4,57968	0,04090	Gm10	O	2381177
2013-14			5,90608	0,01992			
2011-12	R3-R6	14969697	5,24713	0,02944	Gm17	D2	38654953
2013-14			4,66431	0,03717			
2011-12	E-R1	14970130	4,53948	0,03875	Gm14	B2	3425233
2013-14			8,23989	0,00674			
2011-12	R1-R3	14970358	6,86486	0,01384	Gm13	F	30484413
2013-14			5,13667	0,02936			
2011-12	E-R1	14971121 F 0-34:C>T-34:C>T	4,53948	0,03875	Gm14	B2	3512503
2013-14			8,23989	0,00674			
2011-12	E-R1	14971248 F 0-24:C>A-24:C>A	4,65201	0,03652	Gm10	O	46108651
2013-14			9,39385	0,00405			
2011-12	R3-R6	14971250 F 0-34:G>A-34:G>A	6,08219	0,01981	Gm17	D2	38954290
2013-14			5,15834	0,02888			
2011-12	E-R1	14972279 F 0-15:T>C-15:T>C	4,95649	0,03116	Gm14	B2	48886632
2013-14			6,16312	0,01771			
2011-12	R1-R3	14972393 F 0-32:C>T-32:C>T	7,70180	0,00956	Gm03	N	42493027
2013-14			4,68303	0,03699			
2011-12	R3-R6	14972917 F 0-42:T>C-42:T>C	4,57968	0,04090	Gm10	O	2375078
2013-14			5,90608	0,01992			
2011-12	R1-R3	14973409 F 0-49:G>A-49:G>A	7,70180	0,00956	Gm03	N	42463729
2013-14			4,68303	0,03699			
2011-12	R1-R3	14973942 F 0-49:C>T-49:C>T	7,70180	0,00956	Gm08	A2	41275249
2013-14			4,68303	0,03699			
2011-12	E-R1	14974030 F 0-49:G>A-49:G>A	5,54420	0,02307	Gm16	J	6168246
2013-14			7,38160	0,00996			
2011-12	R1-R3	14974052 F 0-67:T>C-67:T>C	7,70180	0,00956	Gm08	A2	41207731
2013-14			4,68303	0,03699			
2011-12	R1-R3	14974432 F 0-43:G>T-43:G>T	7,70180	0,00956	Gm03	N	40477419
2013-14			4,68303	0,03699			
2011-12	R1-R3	14974469 F 0-13:T>A-13:T>A	7,70180	0,00956	Gm03	N	40477353
2013-14			4,68303	0,03699			
2011-12	E-R1	14974754 F 0-18:T>C-18:T>C	26,06447	0,00001	Gm06	C2	20899133
2013-14			10,02080	0,00309			
2011-12	E-R1	14974858 F 0-35:G>A-35:G>A	26,06447	0,00001	Gm06	C2	19862041
2013-14			10,02080	0,00309			

Continuación. Anexo II. Tabla II-2. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Marcos Juárez.

Ciclo agrícola	Carácter	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2011-12	E-R1	14975918 F 0-11:G>A-11:G>A	4,95649	0,03116	Gm16	J	36637897
2013-14			7,64831	0,00881			
2011-12	E-R1	14977227 F 0-12:A>G-12:A>G	12,82452	0,00085	Gm12	H	5007428
2013-14			6,44316	0,01548			
2011-12	E-R1	14979527 F 0-16:C>T-16:C>T	4,95649	0,03116	Gm05	A1	1462112
2013-14			7,64831	0,00881			
2011-12	E-R1	14979999 F 0-47:T>C-47:T>C	26,06447	0,00001	Gm06	C2	21330742
2013-14			10,02080	0,00309			

E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica, Crom.: Cromosoma, GL: Grupo de ligamiento.

Anexo II, Tabla II-3. Marcadores SNP y Dart identificados en 2 ciclos agrícolas relacionados a los caracteres evaluados en la localidad de Cerro Azul.

Ciclo agrícola	Carácter	Marcador	F	p	Crom.	GL	Posición
2012-13	R1-R3	14968588	5,47980	0,02718	Gm10	O	5211497
2015-16			5,26795	0,04737			
2012-13	R3-R6	14968588	6,64174	0,01599	Gm10	O	5211497
2015-16			6,21936	0,03420			
2012-13	E-R1	14970948 F 0-52:G>T-52:G>T	5,42070	0,02795	Gm18	G	45765922
2015-16			5,40812	0,04508			
2012-13	E-R1	14980773 F 0-62:C>G-62:C>G	5,42070	0,02795	Gm18	G	45750763
2015-16			5,40812	0,04508			

E-R1: días termales desde emergencia a inicio de floración, R1-R3: días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación, R3-R6: días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos, R3-R7: días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica, Crom.: Cromosoma, GL: Grupo de ligamiento.

ANEXO III

Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos*	Fase asociada	Genotipos
Acumulación de antocianinas en los tejidos en respuesta a la luz ultravioleta	<i>Glyma.02G185500 (AGL18)</i> <i>Glyma.05G018800 (AGL18)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i>	<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G199500*</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G165900*</i>	E-R1c y R3-R7p	Crockett, NattoKotsubu, Tamba, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.18G130400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.18G225800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G014300</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
		<i>Glyma.20G192800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
Adhesión celular	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G001600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G068900</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G190700</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G223400</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
<i>Glyma.18G221000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.20G019300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G174900</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
Autofosforilación de proteínas	<i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i>	<i>Glyma.02G278900</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G057200</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.04G060500</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.06G161200</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.07g070200</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.08G005600</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G198300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G199000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.09G191300</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.10G153700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G035800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G224000</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G064200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G154300*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16G122100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G177800</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G021100</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
<i>Glyma.17G021800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937		
<i>Glyma.18G046100</i>	E-R1c	Crockett, NS6002		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G046200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046300</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046600</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G225700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.04G097200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G231700*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, A6126, Tamba. LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 6200, Inta Paraná 5500, LAE9754703, PI900768, RA514, LAE9757504
		<i>Glyma.06G172000*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504
		<i>Glyma.06G185500</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G139700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G139800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G139900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G140000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.12G190800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G014800</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G036000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G043900</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G073000</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G210100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.15G083100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G141200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G155600</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G020700</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G028100</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c yR3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G030100</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G074400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G222400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Casada de MAPK (Mitogen-Activated Protein Kinases)	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.19G253000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G259200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<u><i>Glyma.05G227100</i></u>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613 , DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613 , DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G314100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002		
<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G028400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba
Crecimiento celular unidimensional	<i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i>	<i>Glyma.02G150100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G200000</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.09G024700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G068000</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G210500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G122100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
<i>Glyma.19G222900</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba		
Crecimiento del tubo polínico	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.02G149100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.04G091900</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.04G092200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G230400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.07G138900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.08G322700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.10G231800</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G130000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.12G059000</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.14G013400</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G137700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.16G098700</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G175700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G021000</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G105200</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.19G228400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G230900</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G249400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G250600</i>	E-R1c	Harosoy
Deposición de calosa en pared celular	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.14G210700</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
Desarrollo en un organismo multicelular	<i>Glyma.02G107000 (FEZ)</i> <i>Glyma.07G271100 (NAC035)</i> <i>Glyma.17G002800 (NAC035)</i>	<i>Glyma.03G195600</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.05G015200</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.07g071000</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.14G067800</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G210000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.16G164500*</i>	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu, PI15744, Enrei
		<i>Glyma.17G074800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G259500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.19G259700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G192300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
Desarrollo de carpelos	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.02G185500 (AGL18)</i> <i>Glyma.05G018800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i>	<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G105500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.11G213700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.18G030700</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G130400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
Desarrollo de flores	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.04G202000 (LFY)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.06G163600 (LFY)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.08G363200 (GMFT6)</i> <i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<u><i>Glyma.04G060800</i></u>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G105500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.09G022900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G075300*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G332000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G022300</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G023800</i>	E-R1c	Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Desarrollo de frutos	<i>Glyma.05G025000 (TOC1)</i> <i>Glyma.06G205800 (AGL8)</i> <i>Glyma.17G081200 (AGL8)</i>	<i>Glyma.12G076200*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
Desarrollo de la cofia de la raíz	<i>Glyma.02G107000 (FEZ)</i>	<i>Glyma.12G076200*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
Desarrollo de las estructuras reproductivas	<i>Glyma.01G224200 (SPA)</i> <i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.05G214900 (SPA2)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.08G021200 (SPA2)</i> <i>Glyma.11G018700 (SPA2)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i>	<i>Glyma.04G093300</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
Desarrollo de los estambres	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.04G093500</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.14G015500</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G044400</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G176400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G073600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
<i>Glyma.18G176000</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Desarrollo de los órganos florales	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.05G229300</i>	R3-R6p	LAE0690102
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G188100</i>	E-R1c	Harosoy
Desarrollo de meristemas	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.02g100100</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.08G105500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.09G224000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.18G030700</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
Desarrollo de óvulos	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.05G025000 (TOC1)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.06G205800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G250800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i> <i>Glyma.17G081200 (AGL8)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.08G105500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026400</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G056700</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.11G213700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G060500</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G239100</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G179800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G186000</i>	E-R1c	Harosoy
Desarrollo de pétalos	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.11G221500</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G076200*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G191000</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.20G188100</i>	E-R1c	Harosoy
Desarrollo de polen	<i>Glyma.02G185500 (AGL18)</i>	<i>Glyma.02G309100</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.02G309300</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.07g070400</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G099100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G137300*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G142800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.09G025600</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.10G232200</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G214200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.11G221100</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G192400</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.14G013400</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G073500</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G205200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G210700</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.16G156500</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
<i>Glyma.17G061000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.17G061100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G074800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G188000</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G228400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.20G114200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G176600</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G192500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
Desarrollo de semilla	<i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.01G189700</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.04G042000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.06G186000</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G186100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.10g026000</i>	R3-R7p	Enrei, NS6002, NattoKotsubu
		<i>Glyma.12G225100</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.15G154000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16G097900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G113100</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G179800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.19G258700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
<i>Glyma.20G112200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba		
Desarrollo de tejidos	<i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G303100*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100, PI157440
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Desumoiación proteica	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02G032200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, LAE0690102, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G093800</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G000200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<u><i>Glyma.05G000600</i></u>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G166300</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
Detección de luz visible	<i>Glyma.19G224200 (E3)</i>	<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Diferenciación celular	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G211900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G303100*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100, PI157440
		<u><i>Glyma.07G100200</i></u>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.08G268200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, DM4670, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G057300</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G155400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.12G037400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063600</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G098000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G098300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
<i>Glyma.17G021800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G233400</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.17G233500</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19g224600</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Diferenciación de los pelos radiculares	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G041100</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G001600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G137500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G221000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.18G225800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G258900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G014300</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
		<i>Glyma.20G019300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G174900</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA		
<i>Glyma.20G192800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy		
<i>Glyma.20G192900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Dirección de proteínas a la membrana	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G278200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G004200</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G105100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G321300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G225500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G057600</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G224800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy		
<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G036400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G068400</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G166800</i>	E-R1c	Crockett, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G028400</i>	E-R1c	PI416937
<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba		
<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba		
<i>Glyma.19G254500</i>	E-R1c	Harosoy		
Dirección de proteínas a la vacuola	<i>Glyma.03G194700 (TFL1)</i> <i>Glyma.16G196300 (TFL1)</i> <i>Glyma.19G194300 (TFL1 – Dt1)</i>	<i>Glyma.02G253700</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G194700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G093400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G112000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G200500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G316900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G322600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G024400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.09G024800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G025700</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.12G192400</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.15G143300</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.16G098100</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G122300</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.17G073300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G231700</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.17G231800</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G030900</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G046900</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G175500</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G228800</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
<i>Glyma.20G211300</i>	E-R1c	Harosoy		
<i>Glyma.20G211600</i>	E-R1c	Harosoy		
Enlace proteína-tetrapirrol	<i>Glyma.19G224200 (E3)</i>	<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Enlace proteína-cromóforo	<i>Glyma.19G224200 (E3)</i>	<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Escotomorfogénesis	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i>	<i>Glyma.19G221900</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
Especificación de la identidad del órgano floral	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G105500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.18G030700</i>	R3-R6p	Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Fosforilación de peptidil-histidina	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Moyayimame, Fukuyutaka, Tamba, Crockett
Fosforilación proteica	<i>Glyma.01G224200 (SPA)</i> <i>Glyma.05G214900 (SPA2)</i> <i>Glyma.06G242100 (SPA3)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.08G021200 (SPA2)</i> <i>Glyma.11G018700 (SPA2)</i> <i>Glyma.12G155700 (SPA3)</i> <i>Glyma.12G224600 (SPA3)</i> <i>Glyma.13G276700 (SPA3)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i>	<i>Glyma.02G032200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, LAE0690102, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G061700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02g100000</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02G150600</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G150700</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02g100300</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02g100400</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02g100500</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02G278900</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G310400</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.02G311200</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G037200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G057000</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.03G223100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G041400</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G061500</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G093200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.04G097100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G016900</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.05G228700</i>	R3-R6p	LAE0690102
<i>Glyma.05G229800</i>	R3-R6p	LAE0690102		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.05G230700*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G161200</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G221400</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy
		<i>Glyma.07g070200</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba
		<i>Glyma.07g070300</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07g072100</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G100200</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G137000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G004200</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G005100</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G005600</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G048700</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G049000</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G198100</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198200</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198500</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198600</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198700</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198800</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G198900</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G199400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G200800</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G296400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G297400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G321300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.09G024700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G024900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G191300</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.10G057600</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G156200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.10G169200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.10G170400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.10G231500</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G214400*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.11G220900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G058100</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G068500</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G192500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G224500</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.12G224600*</i>	E-R1c y R3-R7p	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.12G225800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.13G313100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G013300</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G035800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G044700</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G137200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G137700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G224000</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G004700</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G064900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G065500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G083800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084000*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084500*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.16G074300</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G122100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G156100</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G156200</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G179600</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G201200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G201500</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G201900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G202200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G202400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.16G205100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G062300</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G105100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G046100</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046300</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046600</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G073600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G175700</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G176000</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187500</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G225700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G220300</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G230300</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.20G105300</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G114300</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G129200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G165800</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G175100</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G175200</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G187200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G212800</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.20G222600</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba		
Fotomorfogénesis	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.03G037500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.05G001800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.07G200400</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G142300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G201000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.10G170500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.14G014300</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G044000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G205500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G208100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440
		<i>Glyma.15G004100</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G004500</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G010000</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048900</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
		<i>Glyma.16G097900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G098600</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.17G022300</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G028300</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G104100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G164400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G164500</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.19G223500</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G228600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
Fotoperiodismo de día corto, floración	<i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.16G027200 (S PA1)</i>	<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Fotoperiodismo de día largo, floración	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i> <i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i> <i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
Fotoperiodismo, floración	<i>Glyma.01G087500 (TEM1)</i> <i>Glyma.02G099500 (TEM1)</i> <i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.03G194700 (TFL1)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.08G363100 (E10)</i> <i>Glyma.10G204400 (TEM1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.16G044100 (GMFT5a)</i> <i>Glyma.16G044200 (GMFT3a)</i> <i>Glyma.16G150700 (E9 (GmFT2a))</i> <i>Glyma.16G151000 (GMFT2b)</i> <i>Glyma.16G196300 (TFL1)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i> <i>Glyma.18G298900 (GmFt1a)</i> <i>Glyma.19G108100 (GmFT3b)</i> <i>Glyma.19G108200 (GmFT5b)</i> <i>Glyma.19G194300 (TFL1 - Dt1)</i> <i>Glyma.20G186200 (TEM1)</i>	<i>Glyma.02g099500</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI154440
		<i>Glyma.01G163500</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G253700</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G194700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G195400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G092700</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.07g070700</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.08G322700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.11G131200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.12G056500</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.14G014000</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G223100</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.16G164500*</i>	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu, PI15744, Enrei
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G030600</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030900</i>	R3-R6p	Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G074400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G232900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G220500</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G259200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G186200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G192400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.01G162800</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G309500</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.05G000300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G001100</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G016000</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.08G198300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<u><i>Glyma.08G199000</i></u>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.10G026400</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.12G056400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.14G072400</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G224100</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.15G238700</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238900</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G239000</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G145800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G165200*</i>	E-R1cy R3-R7p	NattoKotsubu, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.16G165500*</i>	E-R1c y R3-R7p	Crockett, NattoKotsubu, Tamba, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.16G165800*</i>	E-R1c y R3-R7p	Crockett, NattoKotsubu, Tamba, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.16G205200</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.16G205500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.18G046700</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.20G166400</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G187300</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.20G212900</i>	E-R1c	Harosoy
Fototransducción de luz roja, roja lejana	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
Fototropismo	<i>Glyma.19G224200 (E3)</i>	<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Fusión de la membrana celular	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.01G064200 (API)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G121600 (API)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.08G269800 (API)</i> <i>Glyma.16G091300 (API)</i>	<i>Glyma.01G189400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.01G189500</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G253700</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G195000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G093400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G160800</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613 , DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G302800*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100,PI157440
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G105100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G200500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G316900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.08G321300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.08G322600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G024400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G026800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.10G057600</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.12G224800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G013000</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G060800</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.17G073300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G104600</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G230700</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.17G234700</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.18G030900</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G073700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.19G253000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G260100</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G260300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Gravitropismo	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.04G061700</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G093100*</i>	E-R1c y R3-R7p	NS6002 y Enrei
		<i>Glyma.05G000200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G202500</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.06G206500</i>	E-R1c	A4613, DM4670, J040284, Mireya42, NA5009
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G201200</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G048800</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.09G087900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.10G153800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.11G214800*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.14G223100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G143000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G104500</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G222100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.19G221900</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G014300</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
<i>Glyma.20G023800</i>	E-R1c	Tamba		
<i>Glyma.20G176800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA		
Homeostasis de cationes celulares	<i>Glyma.01G087500 (TEM1)</i> <i>Glyma.02G099500 (TEM1)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.10G204400 (TEM1)</i> <i>Glyma.20G186200 (TEM1)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G226300</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G305000</i>	R3-R6p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.14G014100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G010300*</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G176900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.17G061600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G186200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.02G278600</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<u><i>Glyma.05G231700*</i></u>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, A6126, Tamba. LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 6200, Inta Paraná 5500, LAE9754703, PI900768, RA514, LAE9757504
		<i>Glyma.06G172000*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504
		<i>Glyma.06G185500</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G138300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.12G190800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<u><i>Glyma.14G036000</i></u>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G043900</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.15G083100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.16G155600</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G020700</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G074400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G222400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.19G253000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G259200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
Importación de proteínas a la matriz peroxisomal	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>			
Importación de proteínas al núcleo, translocación	<i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i>	<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
Interferencia de ARN	<i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i>	<i>Glyma.01G164500</i> <u><i>Glyma.04G093100*</i></u> <i>Glyma.07G099100</i>	E-R1c E-R1c y R3-R7p E-R1c	DM4670 NS6002 y Enrei Akishinore, Champaqui5.40, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G254200</i>	E-R1c	Harosoy
Mantenimiento de la identidad del meristema de la inflorescencia	<i>Glyma.04G202000 (LFY)</i> <i>Glyma.05G025000 (TOC1)</i> <i>Glyma.06G163600 (LFY)</i> <i>Glyma.06G205800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G250800 (AGL8)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.17G081200 (AGL8)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i>	<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
Mantenimiento de la identidad del meristema floral	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
Mantenimiento de meristemas	<i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.03G194300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.06G160800</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.07G099100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G025300</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G025400</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.17G233900</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G175700</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G228300</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G254900</i>	E-R1c	Harosoy
Microsporogenesis	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.01G064200 (API)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G121600 (API)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.08G269800 (API)</i> <i>Glyma.16G091300 (API)</i>	<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.07g070400</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.09G025500</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G177000</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G175700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		Modificación de la pared celular	<i>Glyma.01G064200 (API)</i> <i>Glyma.02G121600 (API)</i> <i>Glyma.08G269800 (API)</i> <i>Glyma.16G091300 (API)</i>	<i>Glyma.02G149100</i>
<i>Glyma.04G092200</i>	E-R1c			NS6002
<i>Glyma.06G207300</i>	E-R1c			DM4670, Harosoy, NA5009
<i>Glyma.08G296900</i>	R1-R3p			J040284
<i>Glyma.12G059000</i>	E-R1c			Crockett, NS6002
<i>Glyma.16G098800</i>	E-R1c			Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
<i>Glyma.16G175700</i>	E-R1c			Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c			Harosoy, NA5009, NS6002
<i>Glyma.17G105200</i>	E-R1c			Harosoy, Tamba
<i>Glyma.19G230900</i>	E-R1c			Moyayimame, NS6002, PI416937
Morfogénesis de la hoja	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.01G188000</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.01G188100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G149400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.05G000300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G211900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G099100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.08G268200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, DM4670, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G057300</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G155400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.12G037400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.15G063600</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G176500</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G098000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G098300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G021800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G029800</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G250600</i>	E-R1c	Harosoy
Morfogénesis de órganos	<i>Glyma.02G087400 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.03G177500 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.12G073300 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.13G329700 (RAP2.7/TOE2)</i> <i>Glyma.15G044400 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.19G178200 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.11G213700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.13G313000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.17G233400</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.17G233500</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G188100</i>	E-R1c	Harosoy
Morfogénesis de tricomas	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G001600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G230200*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G303700*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Con A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100 y PI157440 solo asociado a R3-R7p y con Akishinore asociado a E-R1c y R3-R7p
		<i>Glyma.07g071000</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.10g026000</i>	R3-R7p	Enrei, NS6002, NattoKotsubu
		<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G192400</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G313500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G046800</i>	E-R1c	ACA420

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G208100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G221000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G250600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G019300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G023800</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G112700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G174900</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
Morfogénesis post embrionica	<i>Glyma.01G064200 (API)</i> <i>Glyma.02G121600 (API)</i> <i>Glyma.08G269800 (API)</i> <i>Glyma.16G091300 (API)</i>	<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
Movimiento estomático	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.15G084100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.17G074800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G074200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
Nutación	<i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i> <i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i> <i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i>			

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
	((continuación) <i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i>			
Organización de cloroplastos	<i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.08G255200 (COL2)</i> <i>Glyma.13G050300 (COL2)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i> <i>Glyma.18G278100 (COL2)</i> <i>Glyma.19G039000 (CO)</i>	<i>Glyma.01G035700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.02g101100</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02G149400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.02G149800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.05G228300</i>	R3-R6p	LAE0690102
		<i>Glyma.06G204200</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.08G322800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G191500</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026900</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.12G057600</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.14G013100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G064300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G239100</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G179800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G205500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.18G074400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		Organización de la cromatina	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.02G309100</i>
<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c			Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
<i>Glyma.14G208100</i>	R1-R3p			IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440
<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c			NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c			Harosoy, NA5009
Organización de la pared celular	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02g099900</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G001600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173500*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.08G199500*</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G165900*</i>	E-R1c y R3-R7p	Crockett, NattoKotsubu, Tamba, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G221000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19g224500</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G014300</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
		<i>Glyma.20G019300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G174900</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		Organización estructural de meristemas	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i>	<i>Glyma.05G001800</i>
<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p			A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
<i>Glyma.07g070200</i>	R3-R7p			NS6002
<i>Glyma.07g070800</i>	R3-R7p			NS6002
<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c			Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
<i>Glyma.09G224000</i>	E-R1c			Harosoy
<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c			Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
<i>Glyma.15G004500</i>	E-R1c y R3-R6p			PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G010000</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
		<i>Glyma.16G097900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.17G022300</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G104100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.19G223500</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G228600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
Proceso metabólico del almidón	<i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.08G296800</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.16G073500</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.20G166400</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.04G060500</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G092400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G296800</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G322200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G088100</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.10G154600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G223500</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
Polimerización de actina	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G001600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G230200*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G173400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett	R3-R6p y R3-R7p

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G187100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G111500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G204300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G130800</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G221000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G250600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G019300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		Respuesta al sombreado	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i>	<i>Glyma.02G254300</i>
<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c			Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
<i>Glyma.15G012300</i>	E-R1c			Akishinore, Fukuyutaka
<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p			Tamba
Proceso biosintético de peróxido de hidrógeno	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.02G032200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, LAE0690102, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G000600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G166300</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Proceso catabólico de macromoléculas celulares	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.12G190800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G155600</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G253000</i>	E-R1c	Harosoy
Proceso catabólico de peróxido de hidrógeno	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.04G041500</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G229400</i>	R3-R6p	LAE0690102
		<i>Glyma.06G162300</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.08G142700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.14G223500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G143100</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G073100</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.17G021100</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
Proceso catabólico de proteína y ligado a ubiquitina catalizado por el complejo Skp1/Cull1/F-box protein (SCF)	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
Proceso catabólico de proteínas dependiente de ubiquitina	<i>Glyma.05G239400 (FKF1)</i> <i>Glyma.08G046500 (FKF1)</i> <i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	<i>Glyma.01G163900</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G192900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G096900</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G198400</i>	E-R1c	DM4670, Fukuyutaka, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.06G254200</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy
		<i>Glyma.06G303600</i>	R3-R6p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba
		<i>Glyma.07G200100</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G005100</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G048800</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G104300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.08G142800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G296700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G297300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.09G225200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G170500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G214800*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.11G220200</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G220500</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G014800</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G044500</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046100</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G073000</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G137600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G211000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G004900</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G006400</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G141200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G143300</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.15G154000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16g102600</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, Fukuyutaka, IAC100, NattoKotsubu
		<i>Glyma.16g103100</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, Fukuyutaka, IAC100, NattoKotsubu
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G206500</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.17G019800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G029800</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G181200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G228800</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G253000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G105000</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
Proceso catabólico de proteínas proteasomales	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	<i>Glyma.02G032800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, LAE0690102, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G227400</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G172600*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G172700*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G207700</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.08G048800</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G111700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G111800*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G320500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G026100</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.17G031000</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G249900</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.20G024800</i>	E-R1c	Tamba		
Proceso de óxido reducción	<i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i>	<i>Glyma.01G162700</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G163100</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G164600</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G164700</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G190400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G030900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, LAE0690102, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G149100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.02G149900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.02G151700</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.03G037800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G037900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G038100</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G038200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G038300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G057100</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G195600</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221600</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G059600</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G059800</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G093600</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G226700</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227400</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G229400</i>	R3-R6p	LAE0690102
		<i>Glyma.05G231100*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.05G231800*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.05G231900*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G172600*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G172700*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G173100*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G186300</i>	E-R1c	NS6002

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G202400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.06G254100</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy
		<i>Glyma.06G302600*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100,PI157440
		<i>Glyma.06G302700*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100,PI157440
		<i>Glyma.07g071800</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G099600</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.07G126100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G137200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G004800</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G047800</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G104100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G112600*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G140400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G140500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G140600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G198300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G199000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G199300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G268200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, DM4670, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G022800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G022900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G023000</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G024100</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G025100</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G025600</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G026800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G026900</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G027000</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.09G027100</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G027200</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G189500</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.09G190700</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.09G225400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G155300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.10G231200</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.10G231600</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.10G231700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G214800*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.12G036700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G057400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G067000</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G067100</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G191400</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G015000</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G015100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G045100</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G045900</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062300</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G128200</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G141200</i>	E-R1c	Moyayimame
		<i>Glyma.14G205200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G209400</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G211000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G223000</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.14G223500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.14G223600</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.14G223900</i>	E-R1c	ACA420, PI71465

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G005400</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G006400</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G012100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G083700*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G143100</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G153700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G154100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G238800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G073100</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G073600</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G113000</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113100</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G121700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G155700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G164400*</i>	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.16G179100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G203700</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.16G207100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.16G207500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G019300</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G021200</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G061400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G130500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G187600</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187900</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G222800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.18G222900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.18G223000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.18G223100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.19G259300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G259400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G260000</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G018600</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G018800</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G018900</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G019100</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G114200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G128600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G129400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G188000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G191800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
<i>Regulación circadiana de la expresión génica</i>	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.08G142300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
<i>Regulación de la desfosforilación proteica</i>	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.05G230600*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.07G201300</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.10G026400</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G206400</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G074400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.20G175300</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
Regulación de la expresión de genes	<i>Glyma.05G239400 (FKF1)</i> <i>Glyma.08G046500 (FKF1)</i>	<i>Glyma.16G205500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
Regulación de la germinación de semillas	<i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i>	<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.08G049000</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.14G014100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G005300</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G083200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G030600</i>	E-R1c	PI416937
<i>Glyma.18G181200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA		
Regulación de la respuesta de defensa	<i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i>	<i>Glyma.02G311200</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G211000</i>	E-R1c	A4613, DM4670, J040284, Mireya42, NA5009
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
<i>Glyma.10G057600</i>	R3-R6p	PI594760B		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.10G169400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G073800</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.15G049600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G084200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.16G098500</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G074400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G189500</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
Regulación de la transcripción, dependiente del ADN	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i>	<i>Glyma.01G036600</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
	<i>Glyma.01G064200 (API)</i>	<i>Glyma.01G162600</i>	E-R1c	DM4670
	<i>Glyma.01G087500 (TEM1)</i>	<i>Glyma.01G163500</i>	E-R1c	DM4670
	<i>Glyma.01G188400 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.02G041500 (SVP)</i>	<i>Glyma.01G188600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
	<i>Glyma.02G087400 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.01G189100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
	<i>Glyma.02G099500 (TEM1)</i>	<i>Glyma.01G190100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
	<i>Glyma.02G107000 (FEZ)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.02G121600 (API)</i>	<i>Glyma.02G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.02G185500 (AGL18)</i>	<i>Glyma.02g099500</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
	<i>Glyma.03G177500 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.02g100200</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i>	<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i>	<i>Glyma.02g100700</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
	<i>Glyma.04G058900 (COL4)</i>	<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
	<i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i>	<i>Glyma.02G254200</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
	<i>Glyma.04G202000 (LFY)</i>	<i>Glyma.02G254800</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
	<i>Glyma.05G018800 (AGL8)</i>	<i>Glyma.02G277000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
	<i>Glyma.05G025000 (TOC1)</i>	<i>Glyma.02G278400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
	<i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i>			
	<i>Glyma.05G091200 (AP2)</i>			
<i>Glyma.05G239400 (FKF1)</i>				
<i>Glyma.06G059600 (COL4)</i>				

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
	(Continuación)	<i>Glyma.02G309100</i>	R3-R6p	NA5009
	<i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.02G311000</i>	R3-R6p	NA5009
	<i>Glyma.06G163600 (LFY)</i>	<i>Glyma.02G311100</i>	R3-R6p	NA5009
	<i>Glyma.06G194800 (CDF3)</i>	<i>Glyma.03G056900</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
	<i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i>	<i>Glyma.03G193300</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.06G205800 (AGL8)</i>	<i>Glyma.03G220800</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.06G207800 (E1)</i>	<i>Glyma.03G221500</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.07G048500 (LHY)</i>	<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.07G271100 (NAC035)</i>	<i>Glyma.04G040900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.08G046500 (FKF1)</i>	<i>Glyma.04G041200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.08G250800 (AGL8)</i>	<i>Glyma.04G042300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.08G269800 (API)</i>	<i>Glyma.04G061200</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
	<i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i>	<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i>	<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
	<i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i>	<i>Glyma.04G061600</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
	<i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i>	<i>Glyma.04G092900</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i>	<i>Glyma.04G096200</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.10G204400 (TEM1)</i>	<i>Glyma.04G096300</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.10G221500 (E2=G1)</i>	<i>Glyma.05G015100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
	<i>Glyma.11G053800 (AP2)</i>	<i>Glyma.05G017400</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
	<i>Glyma.12G073300 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.05G017700</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
	<i>Glyma.13G093800 (COL10)</i>	<i>Glyma.05G017800</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
	<i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i>	<i>Glyma.05G072000</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NattoKotsubu
	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i>	<i>Glyma.05G228100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
	<i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i>	<i>Glyma.05G229300</i>	R3-R6p	LAE0690102
	<i>Glyma.13G329700 (RAP2.7/TOE2)</i>	<i>Glyma.05G229500</i>	R3-R6p	LAE0690102
	<i>Glyma.15G044400 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.05G229900</i>	R3-R6p	LAE0690102
	<i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.06G186800</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i>	<i>Glyma.06G187000</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i>	<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i>	<i>Glyma.06G199600</i>	E-R1c	DM4670, Fukuyutaka, NA5009, NS6002
	<i>Glyma.16G017400 (LHY)</i>			

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G201200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G204600</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G206300</i>	E-R1c	A461, DM4670, J040284, Mireya42, NA5009
		<i>Glyma.06G206400</i>	E-R1c	A4613, DM4670, J040284, Mireya42, NA5009
		<i>Glyma.06G207800</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G210600</i>	E-R1c	A4613, DM4670, J040284, Mireya42, NA5009
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611 , PI542044
	(Continuación)	<i>Glyma.06G234700</i>	R1-R3p	Crockett, Fukuyutaka, IAC100
	<i>Glyma.16G091300 (API)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.17G002800 (NAC035)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G066600 (COL5)</i> <i>Glyma.17G081200 (AGL8)</i> <i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.19G178200 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i> <i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i> <i>Glyma.20G186200 (TEMI)</i>	<i>Glyma.06G303100*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100, PI157440
		<i>Glyma.06G303700*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Con A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100 y PI157440 solo asociado a R3-R7p y con Akishinore asociado a E-R1c y R3-R7p
		<i>Glyma.07g071000</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G100700</i>	E-R1c	Crockett
		<i>Glyma.07G101000</i>	E-R1c	Crockett
		<i>Glyma.07G199700</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.07G201200</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G005400</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G047400</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G049300</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G105200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G105500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G140100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G141000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G142300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G142400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G142500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.08G200700</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G297000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G317300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G317600</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<u><i>Glyma.08G317800</i></u>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G320200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.08G320700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G023800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G025300</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G025400</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G025800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<u><i>Glyma.09G025900</i></u>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G190600</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.09G191600</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.09G224900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.09G225600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.09G225700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G057300</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G057400</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G153500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.10G155900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.10G230200</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.10G232000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G130600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G131200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G214300*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.11G220600</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221500</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G035600</i>	E-R1c	NS6002, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.12G036400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G037200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G037700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G056300</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G057000</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G057900</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G069100</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G069200</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G076200*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G076500*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G226000</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G313000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G332300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.13G333200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.13G333400</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G013100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G036200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062200</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G067100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G073500</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G074500</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G204100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G204400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G208100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.14G210000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.15G004200</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G004500</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G005000</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G005100</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G008600</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G011100*</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G049000</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G049500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G062600</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063600</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G064000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G082900*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G083600*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G143400</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.15G153900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.15G176500</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G145000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G155300</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G156400</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G164800*</i>	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu, PII57440, Enrei
		<i>Glyma.16G167200</i>	E-R1c	Crockett, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G176700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G177000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G178700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G179900</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G201300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G201400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G204400</i>	E-R1c	ACA420, Harosoy, NA5009, NS6002, PI71465
		<i>Glyma.17G030900</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G031400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074000*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G104100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G104800</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G231900</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G029700</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030300</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G075100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G130300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G130400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G130900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G176100</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G181100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G220800</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G221700</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G221900</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G222200</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G228300</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G229900</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G248900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G249100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G249500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G250500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G253100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G259500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G259700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G014400</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
		<i>Glyma.20G023800</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G024100</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G024400</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G104900</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G113600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G130200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G166500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G166600</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G166900</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G175000</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G176500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G186200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G186500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G188100</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.20G192500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G212200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G221800</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G223300</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba
Regulación del crecimiento celular unidimensional	<i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i>	<i>Glyma.01G163900</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G151200</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.06G198600</i>	E-R1c	DM4670, Fukuyutaka, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.06G303600</i>	R3-R6p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba
		<i>Glyma.09G024700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G191300</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.10G231500</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G220500</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G137600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.16G122100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G179600</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.18G029800</i>	R3-R6p	Tamba
<i>Glyma.19G253000</i>	E-R1c	Harosoy		
Regulación del crecimiento de meristemas	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.03G037500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G194300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G041300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G042000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G060500</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.06G204400</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.08G104100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026300</i>	R3-R6p	Mireya42

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.10G026800</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G155200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G075800*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G072600</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.15G084900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.16G164400*</i>	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu, PI157440, Enrei
		<i>Glyma.16G205100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G021100</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G073400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G073600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G175700</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G223000</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.20G188100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G212800</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.20G222700</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba		
Regulación del desarrollo floral	<i>Glyma.01G064200 (AP1)</i> <i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.02G121600 (AP1)</i> <i>Glyma.03G194700 (TFL1)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.08G255200 (COL2)</i> <i>Glyma.08G269800 (AP1)</i> <i>Glyma.08G363100 (E10)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.13G050300 (COL2)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.16G044100 (GMFT5a)</i> <i>Glyma.16G044200 (GMFT3a)</i> <i>Glyma.16G091300 (AP1)</i> <i>Glyma.16G150700 (E9 (GmFT2a))</i>	<i>Glyma.01G162600</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G163500</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G164500</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G060600</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G194700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.05G000100</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G001800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G014800</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.05G016600</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.05G016800</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G206800</i>	E-R1c	A4613, DM4670, J040284, Mireya42, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.07G099100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G142500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G191000</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G191300</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G047000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
	(Continuación)	<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
	<i>Glyma.16G151000 (GMFT2b)</i>	<i>Glyma.14G222900</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
	<i>Glyma.16G196300 (TFL1)</i>	<i>Glyma.15G004500</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
	<i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i>	<i>Glyma.15G010000</i>	R3-R6p	Tamba
	<i>Glyma.18G278100 (COL2)</i>	<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
	<i>Glyma.18G298900 (GmFr1a)</i>	<i>Glyma.15G063200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
	<i>Glyma.19G039000 (CO)</i>	<i>Glyma.15G176500</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
	<i>Glyma.19G108100 (GmFT3b)</i>	<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670
	<i>Glyma.19G108200 (GmFT5b)</i>	<i>Glyma.16G097900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.19G194300 (TFL1 - Dt1)</i>	<i>Glyma.16G156500</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
	<i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i>	<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
	<i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.16G203900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G022300</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<u><i>Glyma.17G029800</i></u>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G104000</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G104100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.17G233200</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Regulación de la respuesta de hipersensibilidad	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.18G180900*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G223500</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G228600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.20G112200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G113600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G176600</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G188100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G278200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G004200</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G105100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba		
<i>Glyma.08G321300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.09G225500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G057600</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G224800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G036400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G068400</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G166800</i>	E-R1c	Crockett, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G028400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.19G254500</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Regulación del momento de transición de la fase vegetativa a la reproductiva	<i>Glyma.05G018800 (AGL8)</i>	<i>Glyma.06G162100</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.12G035600</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
Regulación del movimiento estomático	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.08G363100 (E10)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.16G044100 (GMFT5a)</i> <i>Glyma.16G044200 (GMFT3a)</i> <i>Glyma.16G150700 (E9 (GmFT2a))</i> <i>Glyma.16G151000 (GMFT2b)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i> <i>Glyma.19G108100 (GmFT3b)</i> <i>Glyma.19G108200 (GmFT5b)</i>	<i>Glyma.02G277400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.08G296000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G296100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.14G014100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G008400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G008500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.17G030600</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.19g224400</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19g224600</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
Regulación del proceso biosintético de antocianina	<i>Glyma.05G025000 (TOC1)</i> <i>Glyma.06G205800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G250800 (AGL8)</i> <i>Glyma.17G081200 (AGL8)</i>	<i>Glyma.08G110500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.12G076200*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
Regulación del proceso metabólico del peróxido de hidrógeno	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611 , PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611 , PI542044
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G073800</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G028400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba		
Regulación del ritmo circadiano	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G163900</i>	E-R1c	DM4670
	<i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i>	<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
	<i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i>	<i>Glyma.06G303600</i>	R3-R6p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba
	<i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i>	<i>Glyma.08G005100</i>	E-R1c	LAE0690102
	<i>Glyma.07G048500 (LHY)</i>	<i>Glyma.11G130600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i>	<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
	<i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i>	<i>Glyma.14G137600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
	<i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i>			
<i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i>				
<i>Glyma.16G017400 (LHY)</i>				

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
	(Continuación)	<i>Glyma.15G154000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
	<i>Glyma.16G163200 (GI)</i>	<i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
	<i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i>	<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
	<i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.18G130900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
	<i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
Regulación del transporte de protones	<i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i>	<i>Glyma.03G057200</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.08G198300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G199000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G224800</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G145800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G177800</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G205200</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.17G021100</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G021800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.20G127500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G129600</i>	E-R1c	Harosoy
	<i>Glyma.20G212900</i>	E-R1c	Harosoy	
Regulación negativa de la actividad del factor de transcripción de unión a una secuencia de ADN específica	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.03G194300</i>	R1-R3p	J040284

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Regulación negativa de la respuesta de defensa	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G311200</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G194600</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.05G071700</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NattoKotsubu
		<i>Glyma.05G226400</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<u><i>Glyma.05G227100</i></u>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G186200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G190900</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA		
<i>Glyma.12G037000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba		
<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046800</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G156100</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G156200</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G178900</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G028400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G225400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G112700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G175100</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G175200</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Regulación negativa de la transcripción, dependiente del ADN	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.03G194100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.05G229100</i>	R3-R6p	LAE0690102
		<i>Glyma.05G230900*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G160500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G172300*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504. Crockett
		<i>Glyma.07G199700</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G320200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.08G320700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G023800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.10G027500</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G230200</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.13G314000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G071700</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G204400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G064600</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G064700</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G141200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G176700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G177000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.18G130300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G221700</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
<i>Glyma.20G112400</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba		
<i>Glyma.20G129000</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Regulación negativa del desarrollo floral	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i>	<i>Glyma.03G194700</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.02G041500 (SVP)</i>	<i>Glyma.06G162100</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
	<i>Glyma.02G185500 (AGL18)</i>	<i>Glyma.08G049300</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
	<i>Glyma.03G194700 (TFL1)</i>	<i>Glyma.08G201000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
	<i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
	<i>Glyma.09G143500 (TFL1)</i>			
	<i>Glyma.10G071400 (ATC)</i>			
	<i>Glyma.11G209500 (ATC)</i>			
	<i>Glyma.13G317100 (ATC)</i>			
	<i>Glyma.16G196300 (TFL1)</i>			
<i>Glyma.19G194300 (TFL1 - Dt1)</i>				
Regulación negativa del envejecimiento celular	<i>Glyma.03G194700 (TFL1)</i>	<i>Glyma.03G194700</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.16G196300 (TFL1)</i>			
	<i>Glyma.19G194300 (TFL1 - Dt1)</i>			
Regulación positiva de la transcripción, dependiente del ADN		<i>Glyma.01G163500</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G037500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i>	<i>Glyma.04G041200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
	<i>Glyma.01G064200 (API)</i>	<i>Glyma.05G000300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
	<i>Glyma.02G041500 (SVP)</i>	<i>Glyma.05G001800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
	<i>Glyma.02G121600 (API)</i>	<i>Glyma.05G228100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
	<i>Glyma.04G058900 (COL4)</i>	<i>Glyma.05G230600*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
	<i>Glyma.06G059600 (COL4)</i>	<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
	<i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.06G161800</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
	<i>Glyma.08G269800 (API)</i>	<i>Glyma.06G172400*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
	<i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i>			
<i>Glyma.16G091300 (API)</i>				
<i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i>				

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G204100</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G204200</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G211900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611 , PI542044
		<i>Glyma.08G201000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G268200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, DM4670, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G025300</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G025400</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026400</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G057300</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G155400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.10G168600</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.10G170500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.12G037400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G037700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G057900</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G069100</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G069200</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.13G313000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G208100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440
		<i>Glyma.15G004500</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G049700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063600</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G064300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G154600</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.15G239100</i>	E-R1c	Fukuyutaka

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G098000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G098300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G145000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G155300</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G206400</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G021800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G104100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.18G176100</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G222700</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G254900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G259500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G259700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G019300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G024100</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G024400</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G166900</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
<i>Glyma.20G175300</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA		
<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA		
<i>Glyma.20G192300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy		
<i>Glyma.20G221100</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba		
Regulación positiva del desarrollo de flores	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.05G025000 (TOC1)</i> <i>Glyma.05G239400 (FKF1)</i> <i>Glyma.06G205800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G046500 (FKF1)</i> <i>Glyma.08G250800 (AGL8)</i> <i>Glyma.08G363100 (E10)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i>	<i>Glyma.01G163500</i>	E-R1c	DM4670
		<u><i>Glyma.04G060800</i></u>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G092400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.14G128200</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
	(continuación) <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.16G044100 (GMFT5a)</i> <i>Glyma.16G044200 (GMFT3a)</i> <i>Glyma.16G150700 (E9)</i> <i>Glyma.16G151000 (GMFT2b)</i> <i>Glyma.17G081200 (AGL8)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.18G298900 (GmFt1a)</i> <i>Glyma.19G108100 (GmFT3b)</i> <i>Glyma.19G108200 (GmFT5b)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>			
Regulación positiva del proceso biosintético de flavonoides	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i>	<i>Glyma.02G309300</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G194800</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.08G004200</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.09G225500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10g026000</i>	R3-R7p	Enrei, NS6002, NattoKotsubu
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G068400</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G205200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G166800</i>	E-R1c	Crockett, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G254500</i>	E-R1c	Harosoy
Regulación negativa de la fotomorfogénesis	<i>Glyma.01G224200 (SPA)</i> <i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.05G214900 (SPA2)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.08G021200 (SPA2)</i> <i>Glyma.11G018700 (SPA2)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i>	<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos		
Reparación de ADN	<i>Glyma.01G224200 (SPA)</i> <i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.05G214900 (SPA2)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.08G021200 (SPA2)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.11G018700 (SPA2)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.03G195600</i>	R1-R3p	J040284		
		<i>Glyma.07G100600</i>	E-R1c	Crockett		
		<i>Glyma.08G005800</i>	E-R1c	LAE0690102		
		<i>Glyma.08G199700</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba		
		<i>Glyma.08G297200</i>	R1-R3p	J040284		
		<i>Glyma.10G156300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002		
		<i>Glyma.14G067800</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba		
		<i>Glyma.15G010400*</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Tamba		
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670		
		<i>Glyma.17G073900*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba		
		<i>Glyma.18G180900*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA		
		<i>Glyma.19G249500</i>	E-R1c	Harosoy		
		<i>Glyma.20G024100</i>	E-R1c	Tamba		
		Reproducción sexual	<i>Glyma.01G188400 (AP2)</i> <i>Glyma.05G091200 (AP2)</i> <i>Glyma.11G053800 (AP2)</i> <i>Glyma.17G170300 (AP2)</i>	<i>Glyma.01G188400</i>	E-R1c	NS6002
				<i>Glyma.19G249400</i>	E-R1c	Harosoy
Resistencia sistémica adquirida, vía de señalización mediada por ácido salicílico	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.01G035800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba		
		<i>Glyma.01G036100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba		
		<i>Glyma.02G311200</i>	R3-R6p	NA5009		
		<i>Glyma.03G037300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame		
		<i>Glyma.03G037400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame		
		<i>Glyma.03G221400</i>	R1-R3p	J040284		
		<i>Glyma.05G231800*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504		
		<i>Glyma.05G231900*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504		
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G203900</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.09G189500</i>	R1-R3p	Crockett, IAC100, LAE0696358, PI200492
		<i>Glyma.10G057600</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G230300</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.12G190800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G190300</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G190400</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G190800</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G192100</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G045000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.15G009200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G049600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G084200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G145100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G145200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G156100</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G156200</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G177900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.18G074400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G225300</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G229000</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G249900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G112900</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos	
		<i>Glyma.20G113000</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.20G113100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.20G175100</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA	
		<i>Glyma.20G175200</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA	
Respuesta a arsénico	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.19g224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.05G226400</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA	
		<i>Glyma.14G073000</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba	
		<i>Glyma.16G178800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba	
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba	
Respuesta a bacterias	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.01G188600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002	
		<i>Glyma.01G190700</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002	
		<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy	
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284	
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002	
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009	
		<i>Glyma.08G140100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002	
		<i>Glyma.08G296700</i>	R1-R3p	J040284	
		<i>Glyma.10G231700</i>	E-R1c	NA5009	
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame	
		<u><i>Glyma.11G130300</i></u>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame	
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937	
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420	
		<i>Glyma.14G061400</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba	
<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba			
<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka			

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G201600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G235700</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G105500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
Respuesta a estímulos de luz roja de muy baja fluencia	<i>Glyma.19G224200 (E3)</i>	<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Respuesta a las karrikinas	<i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.02G149900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.02G254600</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G309300</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G057100</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.03G195300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.06G204200</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.12G059100</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.13G333300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G061800</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G205200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G049600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G065700</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G175800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G164400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G164500</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.18G029900</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.20G112300</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G113400</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
<i>Glyma.20G114200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba		
<i>Glyma.20G128600</i>	E-R1c	Harosoy		
Respuesta a la luz azul	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.05G239400 (FKF1)</i>	<i>Glyma.03G057200</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.05G002000</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G016000</i>	E-R1c	ACA420, PI71465

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
	(Continuación) <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.08G046500 (FKF1)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.06G234700</i>	R1-R3p	Crockett, Fukuyutaka, IAC100
		<i>Glyma.08G198300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka, Tamba
		<u><i>Glyma.08G199000</i></u>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G322800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G224100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.16G145800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G205200</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G021100</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.20G127500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G129600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G212900</i>	E-R1c	Harosoy
		Respuesta a la luz roja	<i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	<i>Glyma.05G016000</i>
<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p			Mireya42
<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c			Crockett, PROT12FCA
<i>Glyma.15G012100</i>	E-R1c			Akishinore, Fukuyutaka
<i>Glyma.16G145800</i>	E-R1c			Harosoy
<i>Glyma.16G205200</i>	E-R1c			ACA420, PI71465
<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p			Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
<i>Glyma.18G130900</i>	E-R1c			Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c			Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
<i>Glyma.19G252500</i>	E-R1c			Harosoy
<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c			Akishinore, Harosoy
<i>Glyma.20G127500</i>	E-R1c			Harosoy
Respuesta a la luz roja lejana	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i>	<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.05G016000</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.10G026600</i>	R3-R6p	Mireya42

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
	(Continuación) Glyma.10G141400 (PHYA1) Glyma.10G221500 (E2=GI) Glyma.15G140000 (PHYB) Glyma.16G027200 (SPA1) Glyma.16G163200 (GI) Glyma.19G224200 (E3) Glyma.20G090000 (E4) Glyma.20G170000 (GI)	<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G224100</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.16G145800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G205200</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		Glyma.19G224200	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G258900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G014300</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
		<i>Glyma.20G127500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G129600</i>	E-R1c	Harosoy
	<i>Glyma.20G212900</i>	E-R1c	Harosoy	
Respuesta a la luz rojo, rojo lejano	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i>	<i>Glyma.03G221600</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i>	<i>Glyma.14G043900</i>	E-R1c	ACA420
	<i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i>	<i>Glyma.15G012100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
	<i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i>	<i>Glyma.15G143000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
	<i>Glyma.07G048500 (LHY)</i>	Glyma.17G062000	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i>	<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
	<i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i>	<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
	<i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i>	<i>Glyma.20G024700</i>	E-R1c	Tamba
	<i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i>			
	<i>Glyma.16G017400 (LHY)</i>			
	<i>Glyma.16G163200 (GI)</i>			
	Glyma.17G062000 (ZTL)			
	<i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i>			
<i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>				
<i>Glyma.20G170000 (GI)</i>				

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Respuesta a la privación de agua	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i> <i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i> <i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY2)</i>	<i>Glyma.01G164800</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G164900</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G188600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G041200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G041500</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G161600</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G185500</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G186300</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G137200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.07G200800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G049000</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G320700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.08G321700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G220200</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G075400*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G191200</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.14G061500</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.15G008600</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G009500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G154700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G238300</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238400</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238500</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G155000</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G155100</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G185900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G074800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G103800</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G103900</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G187600</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187900</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G113200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G212000</i>	E-R1c	Harosoy
Respuesta al estímulo continuo de luz roja lejana por el sistema de respuesta de alta irradiación	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos	
Respuesta al estímulo de ácido absísico		<i>Glyma.01G036500</i>	E-R1c	Crockett, Tamba	
		<i>Glyma.01G164900</i>	E-R1c	DM4670	
		<i>Glyma.01G188600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002	
		<i>Glyma.01G188900</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002	
		<i>Glyma.01G190100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002	
		<i>Glyma.02G062300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy	
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009	
		<i>Glyma.02G087400 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.02G310400</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G177500 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i>	<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i>	<i>Glyma.03G222000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.07G048500 (LHY)</i>	<i>Glyma.04G042300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G073300 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.04G093300</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.13G329700 (RAP2.7/TOE2)</i>	<i>Glyma.05G016700</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i>	<u><i>Glyma.05G227100</i></u>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G044400 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.06G161600</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G231600</i>	<i>Glyma.06G172300*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.16G017400 (LHY)</i>	<i>Glyma.06G185500</i>	E-R1c	NS6002
		(<i>ELF3</i>)	<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.19G178200 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.07G137300*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
			<i>Glyma.08G005100</i>	E-R1c	LAE0690102
			<i>Glyma.08G005400</i>	E-R1c	LAE0690102
			<i>Glyma.08G268300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, DM4670, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, Tamba
			<i>Glyma.08G320700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
			<i>Glyma.08G321700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.09G057300</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.09G057400</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.10G026200</i>	R3-R6p	Mireya42
		<u><i>Glyma.10G153900</i></u>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G220200</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G037400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G075400*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G191900</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G191900</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G204200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G204400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G008400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G008500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G084000*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G176500</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.15G238400</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<u><i>Glyma.16G074200</i></u>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G097900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G155000</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G155100</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G204600</i>	E-R1c	ACA420, Harosoy, NA5009, NS6002, PI71465
		<i>Glyma.17G061200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G061300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G103500</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G103800</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G103900</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G130300</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G176100</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G181200*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G188000</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G166400</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G174800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
<i>Glyma.20G175500</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA		
Respuesta al estímulo de ácido salicílico	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G190100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G042300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G097300</i>	E-R1c	NS6002

		Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G160500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G303100*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100,PI157440
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G139600</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G140200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G140300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G199900</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G005400</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.13G333200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G061200</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.14G223600</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G005500</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G145000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G178700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G202100</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G231900</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G029300</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G225400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G250000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G250200</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Respuesta al estímulo de auxinas	<i>Glyma.02G107000 (FEZ)</i> <i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G190600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G062700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G254800</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G220800</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<u><i>Glyma.05G227100</i></u>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G229300</i>	R3-R6p	LAE0690102
		<i>Glyma.06G160900</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G185900</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G202400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G303600</i>	R3-R6p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba
		<i>Glyma.08G004100</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G110500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G140500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G200700</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.10G055900</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G056000</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G056200</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G056300</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G056400</i>	R3-R6p	PI594760B
<i>Glyma.10G056500</i>	R3-R6p	PI594760B		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.10G056600</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G057900</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.12G035000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035100</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035800</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G137600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G208500</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G154000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16G145000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G029700</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G046800</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G176100</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G221900</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.19G258800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G212000</i>	E-R1c	Harosoy
Respuesta al estímulo de etileno	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G190100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G042300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G096600</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G015900</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G216500</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.12G059000</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G225600</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.14G060700</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492		
<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka		
<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G085400</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G164800*</i>	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu, PII57440, enrei
		<u><i>Glyma.16G178700</i></u>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G178900</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.17G019400</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G030600</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G212000</i>	E-R1c	Harosoy
		Respuesta al estímulo de giberelina	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.02G151100</i>
<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p			DM4670, LAE0690102, NA5009
<i>Glyma.09G224900</i>	E-R1c			Harosoy
<i>Glyma.10G230200</i>	E-R1c			NA5009
<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c			NA5009
<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p			IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
<i>Glyma.15G012100</i>	E-R1c			Akishinore, Fukuyutaka
<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c			NS6002, Tamba
<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c			NS6002, Tamba
<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c			Harosoy, PROT12FCA, Tamba
<i>Glyma.16G176700</i>	E-R1c			Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
<i>Glyma.16G177000</i>	E-R1c			Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
<u><i>Glyma.16G178700</i></u>	E-R1c			Crockett, Tamba
<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c			Harosoy, NA5009
<i>Glyma.17G231900</i>	R3-R6p			ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p			Crockett, PI200492, PROT12FCA
<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.20G175800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
Respuesta al estímulo de la luz	<i>Glyma.02G005700 (CRY2)</i> <i>Glyma.10G180600 (CRY2a)</i> <i>Glyma.20G209900 (CRY)</i>	<i>Glyma.02G061400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G222100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G060800</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.05G016000</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.06G199600</i>	E-R1c	DM4670, Fukuyutaka, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.06G305000</i>	R3-R6p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba
		<i>Glyma.10G155600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G037700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G205200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G223500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G011600</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048900</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G063800</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G073600</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G121900</i>	E-R1c	NattoKotsubu, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G155300</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G204600</i>	E-R1c	ACA420 , Harosoy, NA5009, NS6002, PI71465
		<i>Glyma.17G021800</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G104800</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
<i>Glyma.20G014300</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba		
<i>Glyma.20G114200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Respuesta al estímulo de sacarosa	<i>Glyma.03G194700 (TFL1)</i> <i>Glyma.16G196300 (TFL1)</i> <i>Glyma.19G194300 (TFL1 - Dt1)</i>	<i>Glyma.02G062300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G194700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G195300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G042000</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G092800</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G202400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.08G049000</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G110500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G140500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G297000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G334400</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G072700</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G072800</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G072900</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G204200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G204400</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G145800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G205200</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G164400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G164500</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.18G130500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
<i>Glyma.20G019600</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba		
<i>Glyma.20G019700</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba		
<i>Glyma.20G127500</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.20G128100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G129600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G212900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G223200</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba
Respuesta al estímulo del ácido jasmónico	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G190100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G310100</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G057100</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G042300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<u><i>Glyma.05G227100</i></u>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G160500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G303100*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100, PI157440
		<i>Glyma.08G005400</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G110500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
<i>Glyma.08G110700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka		
<i>Glyma.08G110900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka		
<i>Glyma.10G153900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G191400</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G191600</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G074100</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.14G223200</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048900</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G154000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G178700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.17G021400</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G103500</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G225400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G192000</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
		<i>Glyma.20G192100</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.20G212000</i>	E-R1c	Harosoy
Respuesta al estrés osmótico	<i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i>	<i>Glyma.01G164800</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G149600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.02G276900</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G277300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.08G005100</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.14G045500</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G211000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G154700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G238400</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G233800</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.19G220200</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.20G025100</i>	E-R1c	Tamba
Respuesta al estrés salino	<i>Glyma.02G087400 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.03G177500 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.12G073300 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.13G329700 (RAP2.7/TOE2)</i> <i>Glyma.15G044400 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.19G178200 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G162800</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G164900</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G276900</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G277300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G279100</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G223000</i>	R1-R3p	J040284

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.04G041500</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G092600</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G162500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G172300*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G172600*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G172700*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G186300</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200800</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.07G137200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.07G139300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G005100</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G005400</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G139700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G199900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.08G268300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, DM4670, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G321800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G023000</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G024800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G025700</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G026100</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G155000</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G220200</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.12G058000</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G068900</i>	R3-R6p	NA5009, Tamba
		<i>Glyma.12G075400*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G192400</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G191200</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G191900</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G014100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G035500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G045900</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G210100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G210700</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G211000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.15G008400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G008500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G142400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G142500</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G143300</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.15G154700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G177000</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.15G238300</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238400</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238500</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G098100</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G113000</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G113200</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G145700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G155000</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G155100</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G204600</i>	E-R1c	ACA420, Harosoy, NA5009, NS6002, PI71465
		<i>Glyma.16G207300</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.16G207400</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.17G021100</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G074700*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G103500</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G235100</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.18G029200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G029400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G130500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187600</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187900</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G228800</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G229000</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G253900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G254500</i>	E-R1c	Harosoy

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.20G025100</i>	E-R1c	Tamba
Respuesta al estímulo de temperatura	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i>	<i>Glyma.01G162800</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.03G223000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G041500</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.06G172600*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G172700*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.12G192400</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G211000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
		<i>Glyma.15G008400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G008500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G143300</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.16G098100</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.17G061900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.18G029400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G225400</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.19G228800</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937		
Respuesta al frío	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.01G164900</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G188600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151700</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.03G057200</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222100</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G041200</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G228500</i>	R3-R6p	LAE0690102

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G172300*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G302600*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100,PI157440
		<i>Glyma.06G302700*</i>	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Enrei, FAINTA760, Fukuyutaka, NA5009, Tamba, A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100,PI157440
		<i>Glyma.07g071400</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07g071500</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07g071600</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G137200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame, NS6002, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G003900</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.08G321700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.09G026100</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, NA5009
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221500</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G035000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035100</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G035400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G058500</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G075500*</i>	E-R1c y R3-R6p	NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G191200</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G332700</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G074300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.14G223500</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G154700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G176900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.15G238300</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238400</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G238500</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G073600</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G185900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G204600</i>	E-R1c	ACA420 , Harosoy, NA5009, NS6002, PI71465
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G029200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G187600</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187700</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G187900</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.18G221300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.18G225400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19g224300</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
		<u><i>Glyma.20G113200</i></u>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G175300</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
Respuesta al ión cadmio	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.07G048500 (LHY)</i> <i>Glyma.16G017400 (LHY)</i> <i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>	<i>Glyma.01G162800</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G163900</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.01G190100</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G253900</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.02G277300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G037700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G223000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G040700</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G041500</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G042300</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G092600</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.04G096800</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.04G097200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G225900</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G162500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G172000*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504
		<i>Glyma.06G172600*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G172700*</i>	R3-R6p y R3-R7p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba, LAE9757504, Crockett
		<i>Glyma.06G186400</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.07G125600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G139700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G139900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.07G140000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.08G140200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G199900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.09G024800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G223800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G155000</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.10G230700</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.12G036700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G037400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.12G059100</i>	E-R1c	Crockett, NS6002

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.12G192400</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G014700</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G035600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G062600</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G068100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.14G209000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G210100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G210700</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G211000</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G211100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G223600</i>	E-R1c	ACA420, PI71465
		<i>Glyma.15G008400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G008500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G084400*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G143300</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.15G154700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16G073100</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G098100</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G113100</i>	R1-R3p	LAE9962801, PII23440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G178700</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G204600</i>	E-R1c	ACA420, Harosoy, NA5009, NS6002, PI71465
		<i>Glyma.17G233800</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.17G235700</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.18G029200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G029400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030500</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G130500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.18G181300*</i>	E-R1c y R1-R3p	Crockett, PI200492, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.18G224400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G220200</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G228800</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G229000</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G249000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G253900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G020300</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G025100</i>	E-R1c	Tamba
		<i>Glyma.20G114000</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G176000</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G211200</i>	E-R1c	Harosoy
Respuesta a la radiación UV B	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i>	<i>Glyma.02G309300</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G195300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.06G160500</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G202400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.08G110500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110700*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G110900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Crockett, Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G140500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G140600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.10G156300</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.14G072700</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G072800</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G072900</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.17G164400</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G164500</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.19G254000</i>	E-R1c	Harosoy
<i>Glyma.20G128100</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Respuesta al peróxido de hidrógeno	<i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i> <i>Glyma.16G163200 (GI)</i> <i>Glyma.20G170000 (GI)</i>	<i>Glyma.02G252800</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.03G222000</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.05G225500</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.07G125700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.08G003600</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G318900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G223800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G155800</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.12G058900</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.14G045200</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G045300</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G045400</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.15G005200</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G047500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G098700</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G166700</i>	E-R1c	Crockett, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.16G178800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G206200</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.17G022200</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G105100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.17G233800</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42, Tamba
		<i>Glyma.18G046100</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046300</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.18G046600</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.20G013600</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Tamba
<i>Glyma.20G018500</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba		
<i>Glyma.20G019400</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos	
Respuesta celular a la privación de agua	<i>Glyma.13G093800 (COL10)</i> <i>Glyma.17G066600 (COL5)</i>	<i>Glyma.02G149600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937, PROT12FCA, Tamba	
		<i>Glyma.04G041900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.04G060300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka	
		<i>Glyma.04G060400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka	
		<i>Glyma.12G038000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.12G057400</i>	E-R1c	Crockett, NS6002	
		<i>Glyma.14G045500</i>	E-R1c	ACA420	
		<i>Glyma.14G210100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492	
		<i>Glyma.15G141200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba	
		<i>Glyma.17G073100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba	
Respuesta de vernalización	<i>Glyma.02G185500 (AGL18)</i> <i>Glyma.05G018800 (AGL8)</i> <i>Glyma.09G266200 (AGL20)</i> <i>Glyma.18G224500 (AGL20)</i> <i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i>	<i>Glyma.01G188000</i>	E-R1c	NS6002	
		<i>Glyma.03G195400</i>	R1-R3p	J040284	
		<i>Glyma.05G001900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009	
		<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504	
		<i>Glyma.06G162100</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba	
		<i>Glyma.08G105400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba	
		<i>Glyma.08G322700</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937	
		<i>Glyma.12G057300</i>	E-R1c	Crockett, NS6002	
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba	
		<i>Glyma.18G075500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937	
		<i>Glyma.18G130400</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka	
		<i>Glyma.18G221900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, NS6002	
			<i>Glyma.18G224500</i>	E-R1c	Harosoy
			<i>Glyma.18G232400</i>	E-R1c	Harosoy
	<i>Glyma.19G259200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy		
	<u><i>Glyma.20G175700</i></u>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA		
	<i>Glyma.20G188000</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Ritmo circadiano	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i>	<i>Glyma.01G162600</i>	E-R1c	DM4670
	<i>Glyma.03G261800 (LHY)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i>	<i>Glyma.02g100000</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
	<i>Glyma.04G101500 (GmCRY1a)</i>	<i>Glyma.04G096200</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i>	<i>Glyma.06G187000</i>	E-R1c	NS6002
	<i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i>	<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
	<i>Glyma.05G239400 (FKF1)</i>	<i>Glyma.08G296800</i>	R1-R3p	J040284
	<i>Glyma.06G103200 (GmCRY1b1)</i>	<i>Glyma.10G057400</i>	R3-R6p	PI594760B
	<i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i>	<i>Glyma.11G130600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
	<i>Glyma.07G048500 (LHY)</i>	<i>Glyma.12G037200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
	<i>Glyma.08G046500 (FKF1)</i>	<i>Glyma.12G037700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
	<i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i>	<i>Glyma.12G224300</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i>	<i>Glyma.13G191900</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
	<i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i>	<i>Glyma.14G210600</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PI123440, PI200492
	<i>Glyma.10G221500 (E2=GI)</i>	<i>Glyma.16G155300</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
	<i>Glyma.13G089200 (CRY1)</i>	<i>Glyma.17G030600</i>	E-R1c	PI416937
	<i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i>	<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
	<i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i>	<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
	<i>Glyma.14G174200 (CRY1)</i>	<i>Glyma.18G130900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
	<i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i>	<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
	<i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i>	<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
	<i>Glyma.16G017400 (LHY)</i>			
	<i>Glyma.16G163200 (GI)</i>			
	<i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>			
<i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i>				
<i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i>				
<i>Glyma.19G224200 (E3)</i>				
<i>Glyma.19G260900 (LHY)</i>				
<i>Glyma.20G090000 (E4)</i>				
<i>Glyma.20G170000 (GI)</i>				

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Senescencia de la hoja	<i>Glyma.20G154200 (AGL42)</i>	<i>Glyma.01G163300</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.06G186900</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G210200</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.14G223600</i>	E-R1c	ACA420 , PI71465
		<i>Glyma.15G049200</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G145500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G145600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G185900*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G203100</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G030600</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G073800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G192300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy
<i>Glyma.20G212000</i>	E-R1c	Harosoy		
Silenciamiento de la cromatina dependiente de la metilación	<i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i>	<i>Glyma.02G060600</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<u><i>Glyma.04G093100*</i></u>	E-R1c y R3-R7p	NS6002 y Enrei
		<i>Glyma.07G099100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Fukuyutaka, Harosoy, LAE0690102, NA5009, PI416937
		<i>Glyma.10G026700</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.12G191000</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G191300</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G011700</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G063200</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G176400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G164600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.17G233200</i>	R3-R6p	ALIM3.44, Mireya42
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
<i>Glyma.19G254200</i>	E-R1c	Harosoy		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Sincronización del reloj circadiano	<i>Glyma.02G267800 (COP1)</i> <i>Glyma.04G050200 J (ELF)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.14G049700 (COP1)</i> <i>Glyma.14G091900 (ELF3)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.17G231600 (ELF3)</i>	<i>Glyma.17G231600</i>	R3-R6p	ACA420, ALIM3.44, Mireya42
Sincronización del reloj circadiano con el fotoperiodo	<i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i>	<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
Sistema de transducción de señales de autofosforilación	<i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i> <i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i> <i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i> <i>Glyma.17G102200 (TOC)</i>	<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.06G187000</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.08G049000</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G201100</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.18G130900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19G249100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G250500</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G260400</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy
		<i>Glyma.20G221800</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba
Transcripción, dependiente de ADN	<i>Glyma.04G166300 (TOC1)</i> <i>Glyma.05G050700 (AGL19/AGL14)</i> <i>Glyma.06G196200 (TOC1)</i> <i>Glyma.17G102200 (TOC1)</i>	<i>Glyma.04G061000</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.06G198400</i>	E-R1c	DM4670, Fukuyutaka, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.07G125300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.08G200500</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G142700</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.18G075300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G019200</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.U031600</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Transducción de señales	<i>Glyma.01G035900</i> <i>Glyma.01G164500</i> <i>Glyma.02G062300</i> <i>Glyma.02G150900</i> <i>Glyma.02G151100</i> <i>Glyma.02G254300</i> <i>Glyma.02G278000</i> <i>Glyma.02G279300</i> <i>Glyma.03G037200</i> <i>Glyma.03G193500</i> <i>Glyma.03G221700</i> <i>Glyma.03G221900</i> <i>Glyma.04G040900</i> <i>Glyma.04G061500</i> <i>Glyma.04G092200</i> <i>Glyma.04G093500</i> <i>Glyma.04G096100</i> <i>Glyma.05G227100</i> <i>Glyma.06G212800*</i> <i>Glyma.06G216900</i> <i>Glyma.07G125200</i> <i>Glyma.07G199500</i> <i>Glyma.08G048700</i> <i>Glyma.08G105000</i> <i>Glyma.08G142600</i> <i>Glyma.08G316500</i> <i>Glyma.09G024900</i> <i>Glyma.10G155500</i> <i>Glyma.11G214400*</i> <i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.09G056100 (ZTL)</i> <i>Glyma.09G088500 (PHYE1)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.13G097600 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G162300 (ZTL)</i> <i>Glyma.15G196500 (PHYE)</i> <i>Glyma.17G062000 (ZTL)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.01G035900</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.01G164500</i>	E-R1c	DM4670
		<i>Glyma.02G062300</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150900</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G278000</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G279300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.03G037200</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, LAE0690102, Moyayimame
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221700</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G221900</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G040900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.04G061500</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G092200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.04G093500</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.04G096100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.06G216900</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G199500</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G048700</i>	R1-R3p	DM4670, PI200492, PI385942
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.08G142600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.09G024900</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.10G155500</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002
		<i>Glyma.11G214400*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.12G058900</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G190800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.13G313100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G015500</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G035400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G036500</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G044400</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046400</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G046800</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.14G204200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Moyayimame, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G006600</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G084000*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084100*</i>	E-R1c y R1-R3p	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G084800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.15G176800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G155200</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176800</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176900</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G185200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G185300*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G185400*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G185500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G185800*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G186100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G186200*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G186400*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G186500*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.16G203300</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G062000</i>	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G074800*</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G104200</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G073600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PI416937
		<i>Glyma.18G176000</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.19G222600</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G249000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G249100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G020200</i>	E-R1c	Akishinore, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G112700</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.20G127300</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G176700</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.20G212000</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G221800</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
Transición de la fase vegetativa a la reproductiva del meristema	<i>Glyma.02G087400 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.03G177500 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.08G363200 (GMFT6)</i> <i>Glyma.09G143500 (TFL1)</i> <i>Glyma.10G071400 (ATC)</i> <i>Glyma.11G209500 (ATC)</i> <i>Glyma.12G073300 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.13G181200 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G241100 (SRF6)</i> <i>Glyma.13G317100 (ATC)</i> <i>Glyma.13G329700 (RAP2.7/TOE2)</i> <i>Glyma.15G044400 (RAP2.7)</i> <i>Glyma.15G072300 (SRF6)</i> <i>Glyma.19G178200 (RAP2.7)</i>	<i>Glyma.01G188000</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.01G190000</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002
		<i>Glyma.02G032200</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, LAE0690102, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G277200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G000200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G000600</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G001800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.05G232400*</i>	E-R1c y R3-R7p	A5901, LAE0690102, LAE9758803-B, LAE9956204, A6126, Tamba, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504
		<i>Glyma.06G162100</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.06G203800</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.07G201200</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G297300</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.09G023600</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, Moyayimame, NA5009, PROT12FCA
		<i>Glyma.09G224600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.10G026400</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G056700</i>	R3-R6p	PI594760B
		<i>Glyma.10G154700</i>	E-R1c	Akishinore, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.11G221800</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G221900</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G035600</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.13G314100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.14G060500</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.15G004500</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G010000</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.15G048100</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G239100</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G249700</i>	E-R1c y R3-R6p	DM4670

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.16G097900</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G179800</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.17G022300</i>	E-R1c	NS6002, PI416937
		<i>Glyma.17G062500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G104100</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G189700</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.19G223500</i>	E-R1c	Akishinore, Moyayimame, NattoKotsubu, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.19G228600</i>	E-R1c	Moyayimame, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.20G166300</i>	E-R1c	PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.20G186000</i>	E-R1c	Harosoy
Transpiración	<i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i>	<i>Glyma.05G226600</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PII23440, PI385942, PROT12FCA
Transporte de iones de metales de transición	<i>Glyma.09G143500 (TFL1)</i> <i>Glyma.10G071400 (ATC)</i> <i>Glyma.11G209500 (ATC)</i> <i>Glyma.13G317100 (ATC)</i>	<i>Glyma.03G194800</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.10G028100</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.10G028200</i>	R3-R6p	Mireya42
		<i>Glyma.12G191800</i>	E-R1c	Moyayimame, PROT12FCA
		<i>Glyma.14G211100</i>	R1-R3p	IntaParana5500, LAE9757504, NattoKotsubu, PII23440, PI200492
		<i>Glyma.16G145400</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.16G201900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G202200</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.16G202400</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009, NS6002
		<i>Glyma.17G061400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.17G231900</i>	R3-R6p	ACA420 , ALIM3.44, Mireya42
Transporte de iones metálicos divalentes	<i>Glyma.01G087500 (TEM1)</i> <i>Glyma.02G099500 (TEM1)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.10G204400 (TEM1)</i> <i>Glyma.20G186200 (TEM1)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.05G226300</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PII23440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.11G130200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.11G130300</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Harosoy, Moyayimame
		<i>Glyma.14G014100</i>	E-R1c	A5901, DM4670, Harosoy, NattoKotsubu, A6126, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G010300*</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.15G176900</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.17G061600</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.20G186200</i>	E-R1c	Harosoy
Vía de señalización mediada por ácido giberélico	<i>Glyma.04G202000 (LFY)</i> <i>Glyma.06G163600 (LFY)</i>	<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.04G093300</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.07G100400</i>	E-R1c	Crockett
		<i>Glyma.15G004200</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
		<i>Glyma.15G012100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G112600</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G200800</i>	E-R1c	Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.17G031400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.18G176100</i>	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA
		<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
Vía de señalización mediada por ácido jasmónico	<i>Glyma.01G023500 (SVP)</i> <i>Glyma.02G041500 (SVP)</i> <i>Glyma.04G058900 (COL4)</i> <i>Glyma.06G059600 (COL4)</i> <i>Glyma.06G095700 (SVP)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i>	<i>Glyma.02G061100</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G150800</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G254300</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.02G278200</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.02G310100</i>	R3-R6p	NA5009
		<i>Glyma.03G057100</i>	E-R1c	LAE0690102, PI416937
		<i>Glyma.03G193500</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.03G222400</i>	R1-R3p	J040284
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<u><i>Glyma.05G227100</i></u>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.05G227800</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.06G187200</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G200100</i>	E-R1c	NS6002
		<i>Glyma.06G204300</i>	E-R1c	DM4670, Harosoy, NA5009
		<i>Glyma.06G212800*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611 , PI542044
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284 , Mireya42, NA5009, PI371611 , PI542044
		<i>Glyma.07g071000</i>	R3-R7p	NS6002
		<i>Glyma.07G199800</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G142400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NS6002
		<i>Glyma.08G316500</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka, PI416937, Tamba
		<i>Glyma.10g026000</i>	R3-R7p	Enrei, NS6002, NattoKotsubu
		<i>Glyma.10G230000</i>	E-R1c	NA5009
		<i>Glyma.11G221000</i>	E-R1c	Crockett, PROT12FCA
		<i>Glyma.12G056200</i>	E-R1c	Crockett, NS6002
		<i>Glyma.12G225100</i>	E-R1c	Harosoy, Moyayimame, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.13G191400</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G191600</i>	R1-R3p	6411RG, ACA530, J040284, NA5009
		<i>Glyma.13G312700</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G312800</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G332800</i>	E-R1c	Akishinore, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, PI416937
		<i>Glyma.14G036400</i>	E-R1c	Fukuyutaka, Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002, Tamba
		<i>Glyma.14G046000</i>	E-R1c	ACA420
		<i>Glyma.14G062100</i>	E-R1c	Akishinore, Champaqui5.40, Crockett, Fukuyutaka, Harosoy, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.14G072300</i>	R1-R3p	Akishinore, IntaParana5500, LAE9757504, Tamba
		<i>Glyma.14G127800</i>	E-R1c	Moyayimame, NattoKotsubu, NS6002
		<i>Glyma.15G011800</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G011900</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G012000</i>	E-R1c	Akishinore, Fukuyutaka
		<i>Glyma.15G048500</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA
		<i>Glyma.15G048600</i>	E-R1c	NattoKotsubu, NS6002, PROT12FCA

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.15G141300</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G141400</i>	E-R1c	NS6002, Tamba
		<i>Glyma.15G154000*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka, Tamba
		<i>Glyma.16G073000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937
		<i>Glyma.16G113300</i>	R1-R3p	LAE9962801, PI123440, PI416937, PROT12FCA
		<i>Glyma.16G156700</i>	E-R1c	Harosoy, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G176200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, PROT12FCA, Tamba
		<i>Glyma.16G178100</i>	E-R1c	Crockett, Tamba
		<i>Glyma.16G185100*</i>	E-R1c y R3-R6p	Enrei, Fukuyutaka
		<i>Glyma.17G028400</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.17G103400</i>	E-R1c	Harosoy, Tamba
		<i>Glyma.18G030200</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.18G030400</i>	R3-R6p	Tamba
		<i>Glyma.19G248900</i>	E-R1c	Harosoy
Vía de señalización mediada por etileno	<i>Glyma.01G087500 (TEM1)</i> <i>Glyma.02G099500 (TEM1)</i> <i>Glyma.10G204400 (TEM1)</i> <i>Glyma.20G186200 (TEM1)</i>	<i>Glyma.02g099500</i>	R3-R7p	Akishinore, BRM926600, LAE0690102, LAE9962801, PI90768, Crockett, FAINTA760, IAC100, Tamba, PI157440
		<i>Glyma.02G151100</i>	E-R1c y R1-R3p	Harosoy
		<i>Glyma.02G253100</i>	R3-R6p	DM4670, LAE0690102, NA5009
		<i>Glyma.04G061300</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.04G061400</i>	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka
		<i>Glyma.05G227100</i>	R1-R3p	A5409, IAC100, IntaParana5500, LAE0690102, LAE0696358, LAE9754703, LAE9757504, Maria50, PI123440, PI385942, PROT12FCA
		<i>Glyma.06G212900*</i>	E-R1c y R3-R6p	A4613, DM2200, DM4670, Harosoy, J040284, Mireya42, NA5009, PI371611, PI542044
		<i>Glyma.07G125200</i>	E-R1c	Fukuyutaka, NattoKotsubu, Tamba
		<i>Glyma.07G199700</i>	E-R1c	Fukuyutaka
		<i>Glyma.08G005400</i>	E-R1c	LAE0690102
		<i>Glyma.08G105000</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, Moyayimame, Tamba
		<i>Glyma.13G312900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.13G314100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.15G004200</i>	E-R1c y R3-R6p	PI416937
<i>Glyma.15G008600</i>	R3-R6p	Tamba		

Continuación Anexo III. Tabla III-1. Gene Ontology (GO) o procesos biológicos, coincidencias con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

GO	Genes citados por bibliografía	Genes candidatos	Fase asociada	Genotipos
		<i>Glyma.17G030600</i>	E-R1c	PI416937
		<i>Glyma.19G248900</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G249100</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.19G252600</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G186200</i>	E-R1c	Harosoy
		<i>Glyma.20G221800</i>	R1-R3p	Akishinore, Crockett, PI200492, PROT12FCA, Tamba
Vías de señalización de luz roja	<i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i> <i>Glyma.03G227300 (PHYA)</i>	<i>Glyma.18G130900</i>	E-R1c	Crockett, Fukuyutaka, NS6002, PI416937
		<i>Glyma.19g224200</i>	R3-R7p	Akishinore, Enrei, NS6002, NattoKotsubu, Tamba
Vías de señalización de luz roja o roja lejana	<i>Glyma.07G058200 (SPA1)</i> <i>Glyma.09G035500 (PHYB)</i> <i>Glyma.10G141400 (PHYA1)</i> <i>Glyma.15G140000 (PHYB)</i> <i>Glyma.16G027200 (SPA1)</i> <i>Glyma.19G224200 (E3)</i> <i>Glyma.20G090000 (E4)</i>	<i>Glyma.19G222000</i>	E-R1c	Moyayimame, PI416937

E-R1c: Fase corta en días termales desde de emergencia a inicio de floración; R1-R3p: fase prolongada en días termales desde de inicio de floración a inicio de fructificación; R3-R6p: fase prolongada en días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos; R3-R7p: fase prolongada en días termales desde inicio de fructificación a madurez fisiológica; con subrayado genes con marcadores como parte de sus secuencias.

***Anexo III. Tabla III-2.** Observaciones especiales de algunos genes candidatos, genotipos asociados y fase fenológica asociada.

Gen	Genotipo y fase asociada
<i>Glyma.04G093100</i>	Con Enrei solo asociado a E3-R7p
<i>Glyma.05G230200</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G230400</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G230600</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G230700</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G230900</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G231100</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G231700</i>	Con Inta Paraná 6200, Inta Paraná 5500, LAE9754703, PI90768, RA514, LAE99566204 y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.05G231800</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G231900</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.05G232400</i>	Con LAE9758803-B, LAE9956204, Inta Paraná 2000, INTA Paraná 5500, LAE9754703, PI900768,, RA514, RA605, LAE9757504 solo asociado a R3-R7p
<i>Glyma.06G172000</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G172300</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G172400</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G172600</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G172700</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G173100</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G173400</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G173500</i>	Con Crockett y LAE9757504 solo con R3-R7p
<i>Glyma.06G211900</i>	Con DM2200 solo asociado a R3-R6p, con Harosoy solo a E-R1c, con PI37611 solo a R3-R6p y con PI542044 solo con R3-R6.
<i>Glyma.06G212800</i>	Con DM2200 solo asociado a R3-R6p, con Harosoy solo a E-R1c, con PI37611 solo a R3-R6p y con PI542044 solo con R3-R6.

Continuación, Anexo III. Tabla III-2. Observaciones especiales de algunos genes candidatos, genotipos asociados y fase fenológica asociada.

Gen	Genotipo y fase asociada
<i>Glyma.06G212900</i>	Con DM2200 solo asociado a R3-R6p, con Harosoy solo a E-R1c, con PI37611 solo a R3-R6p y con PI542044 solo con R3-R6.
<i>Glyma.06G302600</i>	Con A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100 y PI157440 solo asociado a R3-R7p y con Akishinore asociado a E-R1c y R3-R7p
<i>Glyma.06G302700</i>	Con A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100 y PI157440 solo asociado a R3-R7p y con Akishinore asociado a E-R1c y R3-R7p
<i>Glyma.06G302800</i>	Con A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100 y PI157440 solo asociado a R3-R7p y con Akishinore asociado a E-R1c y R3-R7p
<i>Glyma.06G303100</i>	Con A7321, Akishinore, LAE9754703, LAE9962801, PI900768, Crockett, IAC 100 y PI157440 solo asociado a R3-R7p y con Akishinore asociado a E-R1c y R3-R7p
<i>Glyma.07G137000</i>	Con Moyayimame, NS6002 y PI416937 solo asociado con E-R1c
<i>Glyma.07G137200</i>	Con Moyayimame, NS6002 y PI416937 solo asociado con E-R1c
<i>Glyma.07G137300</i>	Con Moyayimame, NS6002 y PI416937 solo asociado con E-R1c
<i>Glyma.08G110500</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G110700</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G110900</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G111500</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G111700</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G111800</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G112000</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G112600</i>	Con Crockett solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.08G199500</i>	Con Fukuyutaka y con Tamba también asociado a R3-R6p
<i>Glyma.11G213700</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.11G214200</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.11G214300</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.11G214400</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.11G214800</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.12G075300</i>	Con NS6002 solo asociado a E-R1c

Continuación, Anexo III. Tabla III-2. Observaciones especiales de algunos genes candidatos, genotipos asociados y fase fenológica asociada.

Gen	Genotipo y fase asociada
<i>Glyma.12G075400</i>	Con NS6002 solo asociado a E-R1
<i>Glyma.12G075500</i>	Con NS6002 solo asociado a E-R1
<i>Glyma.12G075800</i>	Con NS6002 solo asociado a E-R1
<i>Glyma.12G076200</i>	Con NS6002 solo asociado a E-R1
<i>Glyma.12G076500</i>	Con NS6002 solo asociado a E-R1
<i>Glyma.12G224600</i>	Con Harosoy, Moyayimame y PROT12FCA solo asociado a E-R1c y con Tamba asociado a E-R1c y R3-R7p
<i>Glyma.15G010300</i>	Con Akishinore y Fukuyutaka solo asociado a E-R1c, con Tamba solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G010400</i>	Con Akishinore y Fukuyutaka solo asociado a E-R1c, con Tamba solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G011100</i>	Con Akishinore y Fukuyutaka solo asociado a E-R1c, con Tamba solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G082900</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G083100</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G083200</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G083600</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G083700</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G083800</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G084000</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G084100</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G084200</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G084400</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G084500</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.15G153700</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G153900</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G154000</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G154100</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.15G154300</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p

Continuación Anexo III, Tabla III-2. Observaciones especiales de algunos genes candidatos, genotipos asociados y fase fenológica asociada.

Gen	Genotipo y fase asociada
<i>Glyma.15G154700</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G164400</i>	Con Enrei solo R3-R7p
<i>Glyma.16G164800</i>	Con Enrei solo R3-R7p
<i>Glyma.16G165200</i>	Con Enrei solo R3-R7p
<i>Glyma.16G185100</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G165500</i>	Con Enrei solo R3-R7p
<i>Glyma.16G165800</i>	Con Enrei solo R3-R7p
<i>Glyma.16G165900</i>	Con Enrei solo R3-R7p
<i>Glyma.16G185200</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G185300</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G185400</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G185500</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G185800</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G185900</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G186100</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G186200</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G186400</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.16G186500</i>	Con Enrei solo asociado a R3-R6p
<i>Glyma.17G073100</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G073300</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G073400</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G073800</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G073900</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G074000</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G074100</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c

Continuación Anexo III, Tabla III-2. Observaciones especiales de algunos genes candidatos, genotipos asociados y fase fenológica asociada.

Gen	Genotipo y fase asociada
<i>Glyma.17G074200</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G074400</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G074700</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.17G074800</i>	Con Harosoy solo asociado a E-R1c
<i>Glyma.18G180900</i>	Con PI200492 solo asociado a R1-R3p
<i>Glyma.18G181100</i>	Con PI200492 solo asociado a R1-R3p
<i>Glyma.18G181200</i>	Con PI200492 solo asociado a R1-R3p
<i>Glyma.18G181300</i>	Con PI200492 solo asociado a R1-R3p

E-R1c: Fase corta en días termal desde de emergencia a inicio de floración cortos; R1-R3p: fase prolongada en días termal desde de inicio de floración a inicio de fructificación; R3-R6p: fase prolongada en días termal desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos; R3-R7pp: fase prolongada en días termal desde inicio de fructificación a madurez fisiológica.

ANEXO IV

Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14965609	E-R1c	A5901 DM4670 Harosoy NattoKotsubu A6126 PROT12FCA	Glyma.14G013000 Glyma.14G013100 Glyma.14G013300 Glyma.14G013400 Glyma.14G014000 Glyma.14G014100 Glyma.14G014300 Glyma.14G014700 Glyma.14G014800 Glyma.14G015000 Glyma.14G015100 Glyma.14G015500
14965970	R1-R3p	A5409 IAC100 IntaParana5500 LAE0690102 LAE0696358 LAE9754703 LAE9757504 Maria50 PI385942 PROT12FCA	Glyma.05G225500 Glyma.05G225900 Glyma.05G226300 Glyma.05G226400 Glyma.05G226600 Glyma.05G226700 Glyma.05G227100 Glyma.05G227400 Glyma.05G227800
14966112	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.16G175700 Glyma.16G175800 Glyma.16G176200 Glyma.16G176400 Glyma.16G176600 Glyma.16G176700 Glyma.16G176800 Glyma.16G176900 Glyma.16G177000 Glyma.16G177800 Glyma.16G177900

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14966112	R3-R7p	Enrei	Glyma.16G175700 Glyma.16G175800 Glyma.16G176200 Glyma.16G176400 Glyma.16G176600 Glyma.16G176700 Glyma.16G176800 Glyma.16G176900 Glyma.16G177000 Glyma.16G177800 Glyma.16G177900
14966112	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka Tamba	Glyma.16G175700 Glyma.16G175800 Glyma.16G176200 Glyma.16G176400 Glyma.16G176600 Glyma.16G176700 Glyma.16G176800 Glyma.16G176900 Glyma.16G177000 Glyma.16G177800 Glyma.16G177900
14966214	R1-R3p	A5409 IAC100 IntaParana5500 LAE0690102 LAE0696358 LAE9754703 LAE9757504 Maria50 PI123440 PI385942 PROT12FCA	Glyma.05G225900 Glyma.05G226300 Glyma.05G226400 Glyma.05G226600 Glyma.05G226700 Glyma.05G227100* Glyma.05G227400 Glyma.05G227800 Glyma.05G228100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14966283	E-R1c	Moyayimame PROT12FCA	Glyma.20G174800 Glyma.20G174900 Glyma.20G175000 Glyma.20G175100 Glyma.20G175200 Glyma.20G175300 Glyma.20G175500 Glyma.20G175700* Glyma.20G175800 Glyma.20G176000 Glyma.20G176100 Glyma.20G176500 Glyma.20G176600 Glyma.20G176700 Glyma.20G176800
14967238	E-R1c	Moyayimame PROT12FCA	Glyma.12G224600 Glyma.12G224800 Glyma.12G225100 Glyma.12G225600 Glyma.12G225800 Glyma.12G226000
14967238	E-R1c y R3-R7p	Tamba	Glyma.12G224600 Glyma.12G224800 Glyma.12G225100 Glyma.12G225600 Glyma.12G225800 Glyma.12G226000
14968098	R3-R7p	Akishinore BRM926600 LAE0690102 LAE9962801 PI90768 Crockett FAINTA760 IAC100	Glyma.02g099500 Glyma.02g099900 Glyma.02g100000 Glyma.02g100100 Glyma.02g100200 Glyma.02g100300 Glyma.02g100400 Glyma.02g100500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
		Tamba PI157440	Glyma.02g100700 Glyma.02g101100
14967256	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA	Glyma.18G175500 Glyma.18G175700 Glyma.18G176000 Glyma.18G176100
14968470	E-R1c	DM4670 Harosoy NA5009	Glyma.06G204200 Glyma.06G204300 Glyma.06G204400 Glyma.06G204600
14968542	E-R1c	Akishinore Harosoy LAE0690102 Moyayimame	Glyma.03G037200 Glyma.03G037300 Glyma.03G037400 Glyma.03G037500 Glyma.03G037700* Glyma.03G037800 Glyma.03G037900 Glyma.03G038100 Glyma.03G038200 Glyma.03G038300
14968588	R3-R6p	PI594760B	Glyma.10G055900 Glyma.10G056000 Glyma.10G056200 Glyma.10G056300 Glyma.10G056400 Glyma.10G056500 Glyma.10G056600 Glyma.10G056700 Glyma.10G057300 Glyma.10G057400 Glyma.10G057600 Glyma.10G057900
14969160	E-R1c	Harosoy	Glyma.19G248900 Glyma.19G249000 Glyma.19G249100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.19G249400
			Glyma.19G249500
			Glyma.19G249900
			Glyma.19G250000
			Glyma.19G250200
			Glyma.19G250500
			Glyma.19G250600
14969582	R3-R6p	Mireya42	Glyma.10G026200
			Glyma.10G026300
			Glyma.10G026400
			Glyma.10G026600
			Glyma.10G026700
			Glyma.10G026800
			Glyma.10G026900
			Glyma.10G027500
			Glyma.10G028100
			Glyma.10G028200
14969587	E-R1c	Akishinore Crockett Fukuyutaka Harosoy NS6002 Tamba	Glyma.16G097900
			Glyma.16G098000
			Glyma.16G098100
			Glyma.16G098300
			Glyma.16G098500
			Glyma.16G098600
			Glyma.16G098700
			Glyma.16G098800
14969593	R3-R7p	Enrei NS6002 NattoKotsubu	Glyma.10g026000
14969665	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.16G202400
			Glyma.16G203100
			Glyma.16G203300
			Glyma.16G203700
			Glyma.16G203900
			Glyma.16G204300

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.16G204400
			Glyma.16G204600
14969697	R3-R6p	ACA420 ALIM3.44 Mireya42	Glyma.17G230700 Glyma.17G231600 Glyma.17G231700* Glyma.17G231800 Glyma.17G231900
14969759	R3-R6p	Tamba	Glyma.15G008400 Glyma.15G008500 Glyma.15G008600 Glyma.15G009200 Glyma.15G009500 Glyma.15G010000 Glyma.15G010300 Glyma.15G010400 Glyma.15G011100
14969770	E-R1c	Harosoy	Glyma.16G145000 Glyma.16G145100 Glyma.16G145200 Glyma.16G145400 Glyma.16G145500 Glyma.16G145600 Glyma.16G145700 Glyma.16G145800
14969797	E-R1c	Harosoy Moyayimame NA5009	Glyma.09G025100 Glyma.09G025300 Glyma.09G025400 Glyma.09G025500 Glyma.09G025600 Glyma.09G025700 Glyma.09G025800 Glyma.09G025900* Glyma.09G026100 Glyma.09G026800 Glyma.09G026900 Glyma.09G027000

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.09G027100 Glyma.09G027200
14969855	R3-R6p	LAE0690102	Glyma.05G228100 Glyma.05G228300 Glyma.05G228500 Glyma.05G228700 Glyma.05G229100 Glyma.05G229300 Glyma.05G229400 Glyma.05G229500 Glyma.05G229800 Glyma.05G229900
14970130	E-R1c	ACA420	Glyma.14G043900 Glyma.14G044000 Glyma.14G044400 Glyma.14G044500 Glyma.14G044700 Glyma.14G045000 Glyma.14G045100 Glyma.14G045200 Glyma.14G045300 Glyma.14G045400 Glyma.14G045500 Glyma.14G045900 Glyma.14G046000 Glyma.14G046100 Glyma.14G046200 Glyma.14G046300
14970141	E-R1c	Akishinore Crockett Fukuyutaka Moyayimame NS6002 Tamba	Glyma.04G040700 Glyma.04G040900 Glyma.04G041100 Glyma.04G041200 Glyma.04G041300 Glyma.04G041400 Glyma.04G041500 Glyma.04G041900

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.04G042000 Glyma.04G042300
14970189	E-R1c	Moyayimame PI416937	Glyma.19G220200 Glyma.19G220300 Glyma.19G220500 Glyma.19G220800 Glyma.19G221700 Glyma.19G221900 Glyma.19G222000
14970299	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka NS6002 PI416937	Glyma.07G138300 Glyma.07G138900 Glyma.07G139300 Glyma.07G139600 Glyma.07G139700 Glyma.07G139800 Glyma.07G139900 Glyma.07G140000 Glyma.07G140200 Glyma.07G140300
14970355	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka	Glyma.07G199500 Glyma.07G199700 Glyma.07G199800 Glyma.07G199900 Glyma.07G200100 Glyma.07G200400 Glyma.07G200800 Glyma.07G201200 Glyma.07G201300
14970355	R3-R7p	Enrei	Glyma.07G199500 Glyma.07G199700 Glyma.07G199800 Glyma.07G199900 Glyma.07G200100 Glyma.07G200400 Glyma.07G200800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.07G201200 Glyma.07G201300
14970358	R1-R3p	6411RG ACA530 J040284 NA5009	Glyma.13G190300 Glyma.13G190400 Glyma.13G190800 Glyma.13G191000 Glyma.13G191200 Glyma.13G191400 Glyma.13G191600 Glyma.13G191900 Glyma.13G192100 Glyma.13G192400
14970437	R3-R6p y R3-R7p	Enrei Fukuyutaka Tamba	Glyma.06G172000 Glyma.06G172300 Glyma.06G172400 Glyma.06G172600 Glyma.06G172700 Glyma.06G173100 Glyma.06G173400 Glyma.06G173500
14970437	R3-R7p	Crockett LAE9757504	Glyma.06G172000 Glyma.06G172300 Glyma.06G172400 Glyma.06G172600 Glyma.06G172700 Glyma.06G173100 Glyma.06G173400 Glyma.06G173500
14970494	E-R1c	Moyayimame PI416937	Glyma.09G057300 Glyma.09G057400
14970532	E-R1c	LAE0690102 PI416937	Glyma.03G056900 Glyma.03G057000 Glyma.03G057100 Glyma.03G057200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14970599	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka	Glyma.15G010300 Glyma.15G010400 Glyma.15G011100 Glyma.15G011600 Glyma.15G011700 Glyma.15G011800 Glyma.15G011900 Glyma.15G012000 Glyma.15G012100 Glyma.15G012300
14970653	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka	Glyma.04G059600 Glyma.04G059800 Glyma.04G060300 Glyma.04G060400 Glyma.04G060500 Glyma.04G060800 Glyma.04G061000 Glyma.04G061200 Glyma.04G061300 Glyma.04G061400 Glyma.04G061500 Glyma.04G061700
14970656	E-R1c y 3-R7p	Fukuyutaka NattoKotsubu Tamba	Glyma.17G061000 Glyma.17G061100 Glyma.17G061200 Glyma.17G061300 Glyma.17G061400 Glyma.17G061600 Glyma.17G061900 Glyma.17G062000
14970661	E-R1c y 3-R7p	Crockett Fukuyutaka Tamba	Glyma.08G199000 Glyma.08G199300 Glyma.08G199400 Glyma.08G199500 Glyma.08G199700 Glyma.08G199900 Glyma.08G200500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.08G200700 Glyma.08G200800 Glyma.08G201000 Glyma.08G201100
14970746	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka Moyayimame NS6002 Tamba	Glyma.14G204100 Glyma.14G204200 Glyma.14G204400 Glyma.14G205200 Glyma.14G205500
14970837	E-R1c y R3-R7p	Enrei	Glyma.16G185100 Glyma.16G185200 Glyma.16G185300 Glyma.16G185400 Glyma.16G185500 Glyma.16G185800 Glyma.16G185900 Glyma.16G186100 Glyma.16G186200 Glyma.16G186400 Glyma.16G186500
14970837	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Fukuyutaka	Glyma.16G185100 Glyma.16G185200 Glyma.16G185300 Glyma.16G185400 Glyma.16G185500 Glyma.16G185800 Glyma.16G185900 Glyma.16G186100 Glyma.16G186200 Glyma.16G186400 Glyma.16G186500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14970841	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Fukuyutaka Tamba	Glyma.08G198100 Glyma.08G198200 Glyma.08G198300 Glyma.08G198400 Glyma.08G198500 Glyma.08G198600 Glyma.08G198700 Glyma.08G198800 Glyma.08G198900 Glyma.08G199000* Glyma.08G199300 Glyma.08G199400 Glyma.08G199500 Glyma.08G199700 Glyma.08G199900
14970842	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka NS6002 Tamba	Glyma.02G060600 Glyma.02G061100 Glyma.02G061400 Glyma.02G061700 Glyma.02G062300 Glyma.02G062700
14970936	E-R1c y R3-R7p	Crockett Tamba	Glyma.01G035700 Glyma.01G035800 Glyma.01G035900 Glyma.01G036100 Glyma.01G036500 Glyma.01G036600
14970936	R3-R7p	Enrei	Glyma.01G035700 Glyma.01G035800 Glyma.01G035900 Glyma.01G036100 Glyma.01G036500 Glyma.01G036600
14972823	E-R1c	DM4670 Harosoy	Glyma.06G254100 Glyma.06G254200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14973650	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.15G047500 Glyma.15G048100 Glyma.15G048500 Glyma.15G048600 Glyma.15G048900 Glyma.15G049000 Glyma.15G049200 Glyma.15G049500 Glyma.15G049600 Glyma.15G049700
14973650	E-R1c y R3-R7	NattoKotsubu NS6002	Glyma.15G047500 Glyma.15G048100 Glyma.15G048500 Glyma.15G048600 Glyma.15G048900 Glyma.15G049000 Glyma.15G049200 Glyma.15G049500 Glyma.15G049600 Glyma.15G049700
14973650	E-R1c y R3-R7	LAE9754703	Glyma.15G047500 Glyma.15G048100 Glyma.15G048500 Glyma.15G048600 Glyma.15G048900 Glyma.15G049000 Glyma.15G049200 Glyma.15G049500 Glyma.15G049600 Glyma.15G049700
14976141	E-R1c	Tamba	Glyma.17G233400 Glyma.17G233500 Glyma.17G233800 Glyma.17G233900 Glyma.17G234700 Glyma.17G235100 Glyma.17G235700

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14976963	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka NattoKotsubu Tamba	Glyma.17G061000 Glyma.17G061100 Glyma.17G061200 Glyma.17G061300 Glyma.17G061400 Glyma.17G061600 Glyma.17G061900 Glyma.17G062000
14977030	E-R1c	Tamba	Glyma.01G035700 Glyma.01G035800 Glyma.01G035900 Glyma.01G036100 Glyma.01G036500 Glyma.01G036600
14977030	E-R1c y R3-R7p	Crockett	Glyma.01G035700 Glyma.01G035800 Glyma.01G035900 Glyma.01G036100 Glyma.01G036500 Glyma.01G036600
14978202	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka PI416937 Tamba	Glyma.08G316500 Glyma.08G316900 Glyma.08G317300 Glyma.08G317600 Glyma.08G317800* Glyma.08G318900
14978722	R3-R7p	Akishinore Enrei Fukuyutaka IAC100 NattoKotsubu	Glyma.16g102600 Glyma.16g103100
14979705	E-R1c, R1-R3p y R3-R7p	Akishinore Tamba	Glyma.20G013600 Glyma.20G014300 Glyma.20G014400

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14979705	R3-R7p	PI90768	Glyma.20G013600 Glyma.20G014300 Glyma.20G014400
14980000	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.06G211900 Glyma.06G212800 Glyma.06G212900
14980996	E-R1c	Harosoy Moyayimame NattoKotsubu	Glyma.05G071700 Glyma.05G072000
14981158	E-R1c y R3-R7p	Crockett NattoKotsubu Tamba	Glyma.16G165500 Glyma.16G165800 Glyma.16G165900 Glyma.16G166700 Glyma.16G166800 Glyma.16G167200
14981223	E-R1c	Akishinore Champaqui5.40 Fukuyutaka Harosoy LAE0690102 NA5009 PI416937	Glyma.07G099100 Glyma.07G099600* Glyma.07G100200
14981558	E-R1c	Crockett PROT12FCA	Glyma.11G220200 Glyma.11G220500 Glyma.11G220600 Glyma.11G220900 Glyma.11G221000 Glyma.11G221100 Glyma.11G221500 Glyma.11G221800 Glyma.11G221900
14982314	R1-R3p	LAE9962801 PI123440 PI416937 PROT12FCA	Glyma.U031600

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14983445	E-R1c	Harosoy NA5009 NS6002	Glyma.16G202400 Glyma.16G203100 Glyma.16G203300 Glyma.16G203900 Glyma.16G204300 Glyma.16G204400 Glyma.16G204600
14983608	E-R1c	Harosoy PROT12FCA Tamba	Glyma.16G155000 Glyma.16G155100 Glyma.16G155200 Glyma.16G155300 Glyma.16G155700 Glyma.16G156100 Glyma.16G156200 Glyma.16G156400 Glyma.16G156500 Glyma.16G156700
14983715	E-R1c	Akishinore Crockett DM4670 Fukuyutaka Harosoy PI416937 Tamba	Glyma.08G268200 Glyma.08G268300
14984136	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu PI157440	Glyma.16G164400 Glyma.16G164500 Glyma.16G164800 Glyma.16G165200 Glyma.16G165500 Glyma.16G165800 Glyma.16G165900
14984136	R3-R7p	Enrei	Glyma.16G164400 Glyma.16G164500 Glyma.16G164800 Glyma.16G165200 Glyma.16G165500 Glyma.16G165800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.16G165900
14984163	E-R1c	Crockett Tamba	Glyma.16G177800 Glyma.16G177900 Glyma.16G178100 Glyma.16G178700* Glyma.16G178800 Glyma.16G178900 Glyma.16G179100 Glyma.16G179600 Glyma.16G179800 Glyma.16G179900
14984252	E-R1c	DM4670 Harosoy	Glyma.06G221400*
14970927 F 0-40:C>A-40:C>A	E-R1c	Moyayimame	Glyma.14G141200
14970948 F 0-52:G>T-52:G>T	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.18G189500 Glyma.18G189700
14970948 F 0-52:G>T-52:G>T	E-R1c y R3-R7	Crockett	Glyma.18G189500 Glyma.18G189700
14971061 F 0-13:C>A-13:C>A	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka NS6002	Glyma.08G139700 Glyma.08G140100 Glyma.08G140200 Glyma.08G140400 Glyma.08G140500 Glyma.08G140600 Glyma.08G141000 Glyma.08G142300 Glyma.08G142400 Glyma.08G142500 Glyma.08G142600 Glyma.08G142700 Glyma.08G142800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14971061 F 0-13:C>A-13:C>A	R3-R7p	Enrei	Glyma.08G139700 Glyma.08G140100 Glyma.08G140200 Glyma.08G140400 Glyma.08G140500 Glyma.08G140600 Glyma.08G141000 Glyma.08G142300 Glyma.08G142400 Glyma.08G142500 Glyma.08G142600 Glyma.08G142700 Glyma.08G142800
14971086 F 0-42:T>C-42:T>C	E-R1c	Moyayimame NattoKotsubu NS6002	Glyma.14G128200
14971094 F 0-58:A>G-58:A>G	E-R1c y R3-R7p	Akishinore	Glyma.06G302600 Glyma.06G302700 Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700
14971094 F 0-58:A>G-58:A>G	R3-R6p y R3-R7p	FAINTA760 NA5009 Tamba	Glyma.06G302600 Glyma.06G302700 Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700
14971094 F 0-58:A>G-58:A>G	R3-R7p	A7321 LAE9754703 LAE9962801 PI90768 PI157440	Glyma.06G302600 Glyma.06G302700 Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14971103 F 0-56:T>C-56:T>C	E-R1c y R1-R3p	Crockett PI200492 PROT12FCA	Glyma.18G180900 Glyma.18G181100 Glyma.18G181200 Glyma.18G181300
14971121 F 0-34:C>T-34:C>T	E-R1c	ACA420	Glyma.14G045000 Glyma.14G045100 Glyma.14G045200 Glyma.14G045300 Glyma.14G045400 Glyma.14G045500 Glyma.14G045900 Glyma.14G046000 Glyma.14G046100 Glyma.14G046200 Glyma.14G046300 Glyma.14G046400 Glyma.14G046800 Glyma.14G047000
14971189 F 0-39:T>A-39:T>A	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Fukuyutaka Tamba	Glyma.11G213700 Glyma.11G214200 Glyma.11G214300 Glyma.11G214400 Glyma.11G214800
14971189 F 0-39:T>A-39:T>A	R3-R6p y R3-R7p	Enrei	Glyma.11G213700 Glyma.11G214200 Glyma.11G214300 Glyma.11G214400 Glyma.11G214800
14971207 F 0-18:C>T-18:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002	Glyma.06G200000 Glyma.06G200100 Glyma.06G200200 Glyma.06G200800 Glyma.06G201200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14971207 F 0-18:C>T-18:C>T	R3-R7p	A7321	Glyma.06G200000 Glyma.06G200100 Glyma.06G200200 Glyma.06G200800 Glyma.06G201200
14971226 F 0-13:G>C-13:G>C	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka NS6002	Glyma.10G168600 Glyma.10G169200 Glyma.10G169400 Glyma.10G170400 Glyma.10G170500
14971248 F 0-24:C>A-24:C>A	E-R1c	NA5009	Glyma.10G230000 Glyma.10G230200 Glyma.10G230300 Glyma.10G230700 Glyma.10G231200 Glyma.10G231500 Glyma.10G231600 Glyma.10G231700 Glyma.10G231800 Glyma.10G232000 Glyma.10G232200
14971250 F 0-34:G>A-34:G>A	R3-R6p	ALIM3.44 Mireya42	Glyma.17G233200 Glyma.17G233400 Glyma.17G233500 Glyma.17G233800 Glyma.17G233900 Glyma.17G234700 Glyma.17G235100
14971286 F 0-43:C>A-43:C>A	E-R1c	NS6002	Glyma.01G188000 Glyma.01G188100 Glyma.01G188400 Glyma.01G188600 Glyma.01G188900 Glyma.01G189100 Glyma.01G189400

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.01G189500 Glyma.01G189700 Glyma.01G190000
14971388 F 0-22:C>A-22:C>A	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	DM4670	Glyma.15G249700
14971427 F 0-8:G>A-8:G>A	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Fukuyutaka Tamba	Glyma.15G153700 Glyma.15G153900 Glyma.15G154000 Glyma.15G154100 Glyma.15G154300 Glyma.15G154600 Glyma.15G154700
14971427 F 0-8:G>A-8:G>A	R3-R6p y R3-R7p	Enrei	Glyma.15G153700 Glyma.15G153900 Glyma.15G154000 Glyma.15G154100 Glyma.15G154300 Glyma.15G154600 Glyma.15G154700
14971577 F 0-44:G>A-44:G>A	E-R1c	Crockett NS6002	Glyma.12G056200 Glyma.12G056300 Glyma.12G056400 Glyma.12G056500 Glyma.12G057000
			Glyma.12G057300 Glyma.12G057400 Glyma.12G057600 Glyma.12G057900 Glyma.12G058000 Glyma.12G058100 Glyma.12G058500 Glyma.12G058900 Glyma.12G059000 Glyma.12G059100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14971581 F 0-48:A>T-48:A>T	E-R1c	Harosoy	Glyma.19G252500 Glyma.19G252600 Glyma.19G253000 Glyma.19G253100 Glyma.19G253900 Glyma.19G254000 Glyma.19G254200 Glyma.19G254500 Glyma.19G254800 Glyma.19G254900
14971627 F 0-24:A>T-24:A>T	R3-R7p	Akishinore Enrei NS6002 NattoKotsubu Tamba	Glyma.19G224200 Glyma.19G224300 Glyma.19G224400 Glyma.19G224500 Glyma.19G224600
14971668 F 0-36:C>A-36:C>A	R3-R6p y R3-R7p	Enrei FAINTA760 Fukuyutaka NA5009 Tamba	Glyma.06G302600 Glyma.06G302700 Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700
14971668 F 0-36:C>A-36:C>A	R3-R7p	A7321 Akishinore LAE9754703 LAE9962801 PI90768 Crockett IAC100 PI157440	Glyma.06G302600 Glyma.06G302700 Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700
14971681 F 0-20:C>T-20:C>T	E-R1c	Fukuyutaka Harosoy	Glyma.20G191800 Glyma.20G192000 Glyma.20G192100 Glyma.20G192200 Glyma.20G192300 Glyma.20G192400 Glyma.20G192500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.20G192600 Glyma.20G192700 Glyma.20G192800 Glyma.20G192900 Glyma.20G193000
14971692 F 0-8:A>T-8:A>T	E-R1c	DM4670 Harosoy	Glyma.06G254100 Glyma.06G254200
14971999 F 0-65:T>C-65:T>C	E-R1c	Fukuyutaka PI416937 PROT12FCA Tamba	Glyma.02G149100 Glyma.02G149400 Glyma.02G149600 Glyma.02G149800 Glyma.02G149900 Glyma.02G150100
14972022 F 0-66:C>T-66:C>T	E-R1c	Tamba	Glyma.15G142400 Glyma.15G142500 Glyma.15G142700 Glyma.15G143000 Glyma.15G143100 Glyma.15G143300 Glyma.15G143400
14972095 F 0-35:G>T-35:G>T	R1-R3p	LAE9962801 PI123440 PI416937 PROT12FCA	Glyma.16G112600 Glyma.16G113000 Glyma.16G113100 Glyma.16G113200 Glyma.16G113300
14972117 F 0-8:A>G-8:A>G	E-R1c	DM4670 Harosoy	Glyma.06G216500 Glyma.06G216900
14972279 F 0-15:T>C-15:T>C	E-R1c	ACA420 PI71465	Glyma.14G222900 Glyma.14G223000 Glyma.14G223100 Glyma.14G223200 Glyma.14G223400 Glyma.14G223500 Glyma.14G223600 Glyma.14G223900

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.14G224000 Glyma.14G224100
14972281 F 0-13:A>G-13:A>G	E-R1c	Harosoy Tamba	Glyma.17G103400 Glyma.17G103500 Glyma.17G103800 Glyma.17G103900 Glyma.17G104000 Glyma.17G104100 Glyma.17G104200* Glyma.17G104500 Glyma.17G104600 Glyma.17G104800 Glyma.17G105100 Glyma.17G105200
14972350 F 0-44:C>T-44:C>T	E-R1c	NS6002	Glyma.06G185500 Glyma.06G185900 Glyma.06G186000 Glyma.06G186100 Glyma.06G186200 Glyma.06G186300 Glyma.06G186400 Glyma.06G186800 Glyma.06G186900 Glyma.06G187000 Glyma.06G187100 Glyma.06G187200
14972393 F 0-32:C>T-32:C>T	R1-R3p	J040284	Glyma.03G220800 Glyma.03G221400 Glyma.03G221500 Glyma.03G221600 Glyma.03G221700 Glyma.03G221900 Glyma.03G222000 Glyma.03G222000 Glyma.03G222100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.03G222400 Glyma.03G223000 Glyma.03G223100
14972399 F 0-63:G>A-63:G>A	E-R1c	Moyayimame PROT12FCA	Glyma.12G190700 Glyma.12G190800 Glyma.12G191000 Glyma.12G191300 Glyma.12G191400 Glyma.12G191800 Glyma.12G191900 Glyma.12G192400 Glyma.12G192500
14972421 F 0-42:T>A-42:T>A	E-R1c y R3-R7p	Moyayimame PI416937	Glyma.19G228300 Glyma.19G228400 Glyma.19G228600 Glyma.19G228800 Glyma.19G229000 Glyma.19G229900 Glyma.19G230300 Glyma.19G230900
14972421 F 0-42:T>A-42:T>A	E-R1c y R3-R7	NS6002	Glyma.19G228300 Glyma.19G228400 Glyma.19G228600 Glyma.19G228800 Glyma.19G229000 Glyma.19G229900 Glyma.19G230300 Glyma.19G230900
14972460 F 0-23:G>T-23:G>T	E-R1c	Fukuyutaka Moyayimame NattoKotsubu NS6002 Tamba	Glyma.14G035400 Glyma.14G035500 Glyma.14G035600 Glyma.14G035800 Glyma.14G036000* Glyma.14G036200 Glyma.14G036400 Glyma.14G036500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14972473 F 0-59:A>G-59:A>G	E-R1c	Akishinore Champaqui5.40 Crockett Fukuyutaka Harosoy Tamba	Glyma.14G067100 Glyma.14G067800 Glyma.14G068000 Glyma.14G068100 Glyma.14G068400
14972573 F 0-6:A>G-6:A>G	E-R1c y R3-R6p	PI416937	Glyma.15G004100 Glyma.15G004200 Glyma.15G004500 Glyma.15G004700 Glyma.15G004900 Glyma.15G005000 Glyma.15G005100 Glyma.15G005200 Glyma.15G005300 Glyma.15G005400 Glyma.15G005500 Glyma.15G006400 Glyma.15G006600
14972655 F 0-58:G>A-58:G>A	E-R1c	PI416937	Glyma.08G320200 Glyma.08G320500 Glyma.08G320700 Glyma.08G321300 Glyma.08G321700 Glyma.08G321800 Glyma.08G322200
14972655 F 0-58:G>A-58:G>A	E-R1c y R3-R7	Fukuyutaka	Glyma.08G320200 Glyma.08G320500 Glyma.08G320700 Glyma.08G321300 Glyma.08G321700 Glyma.08G321800 Glyma.08G322200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14972655 F 0-58:G>A-58:G>A	R3-R7	Enrei	Glyma.08G320200 Glyma.08G320500 Glyma.08G320700 Glyma.08G321300 Glyma.08G321700 Glyma.08G321800 Glyma.08G322200
14972704 F 0-47:G>T-47:G>T	E-R1c y R3-R6p	Fukuyutaka	Glyma.04G059600 Glyma.04G059800 Glyma.04G060300 Glyma.04G060400 Glyma.04G060500 Glyma.04G060800* Glyma.04G061000 Glyma.04G061200 Glyma.04G061300 Glyma.04G061400 Glyma.04G061500 Glyma.04G061700
14972779 F 0-40:C>T-40:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002	Glyma.04G091900 Glyma.04G092200 Glyma.04G092400 Glyma.04G092600 Glyma.04G092700 Glyma.04G092800 Glyma.04G092900 Glyma.04G093100* Glyma.04G093200 Glyma.04G093300 Glyma.04G093400 Glyma.04G093500 Glyma.04G093600 Glyma.04G093800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14972779 F 0-40:C>T-40:C>T	R3-R7p	Enrei	Glyma.04G091900 Glyma.04G092200 Glyma.04G092400 Glyma.04G092600 Glyma.04G092700 Glyma.04G092800 Glyma.04G092900 Glyma.04G093100* Glyma.04G093200 Glyma.04G093300 Glyma.04G093400 Glyma.04G093500 Glyma.04G093600 Glyma.04G093800
14972822 F 0-12:A>T-12:A>T	E-R1c	DM4670	Glyma.06G254100 Glyma.06G254200 Glyma.06G254100 Glyma.06G254200
14972887 F 0-58:C>G-58:C>G	E-R1c y R3-R6p	PROT12FCA	Glyma.18G187500 Glyma.18G187600 Glyma.18G187700 Glyma.18G187900 Glyma.18G188000
14972905 F 0-62:A>G-62:A>G	R1-R3p	Akishinore IntaParana5500 LAE9757504 Tamba	Glyma.14G071700 Glyma.14G072300 Glyma.14G072400 Glyma.14G072600 Glyma.14G072700 Glyma.14G072800 Glyma.14G072900 Glyma.14G073000 Glyma.14G073500 Glyma.14G073800 Glyma.14G074100 Glyma.14G074300

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.14G074500
14972917 F 0-42:T>C-42:T>C	R3-R6p	Mireya42	Glyma.10G026200 Glyma.10G026300 Glyma.10G026400 Glyma.10G026600 Glyma.10G026700 Glyma.10G026800 Glyma.10G026900 Glyma.10G027500 Glyma.10G028100 Glyma.10G028200
14973046 F 0-25:G>T-25:G>T	E-R1c y R3-R7p	DM4670	Glyma.01G162600 Glyma.01G162700 Glyma.01G162800 Glyma.01G163100 Glyma.01G163300 Glyma.01G163500 Glyma.01G163900 Glyma.01G164500 Glyma.01G164600 Glyma.01G164700 Glyma.01G164800 Glyma.01G164900
14973221 F 0-19:T>A-19:T>A	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka NattoKotsubu Tamba	Glyma.07G125200 Glyma.07G125300 Glyma.07G125600 Glyma.07G125700 Glyma.07G126100
14973221 F 0-19:T>A-19:T>A	R3-R7p	Enrei	Glyma.07G125200 Glyma.07G125300 Glyma.07G125600 Glyma.07G125700 Glyma.07G126100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14973273 F 0-36:T>C-36:T>C	E-R1c	Akishinore Harosoy	Glyma.19G257800 Glyma.19G258700 Glyma.19G258800 Glyma.19G258900 Glyma.19G259200 Glyma.19G259300 Glyma.19G259400 Glyma.19G259500 Glyma.19G259700 Glyma.19G260000 Glyma.19G260100 Glyma.19G260300 Glyma.19G260400
14973275 F 0-12:G>C-12:G>C	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu Tamba	Glyma.17G061000 Glyma.17G061100 Glyma.17G061200 Glyma.17G061300 Glyma.17G061400 Glyma.17G061600 Glyma.17G061900 Glyma.17G062000 Glyma.17G062300 Glyma.17G062500
14973343 F 0-52:G>C-52:G>C	E-R1c	Harosoy	Glyma.09G223800 Glyma.09G224000 Glyma.09G224500 Glyma.09G224600 Glyma.09G224900 Glyma.09G225200* Glyma.09G225400 Glyma.09G225500 Glyma.09G225600 Glyma.09G225700

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14973357 F 0-58:G>C-58:G>C	E-R1c	Akishinore Harosoy NS6002 Tamba	Glyma.10G153500 Glyma.10G153700 Glyma.10G153800 Glyma.10G153900* Glyma.10G154600 Glyma.10G154700 Glyma.10G155000 Glyma.10G155200
14973389 F 0-67:G>A-67:G>A	E-R1c	Akishinore Moyayimame NattoKotsubu PI416937 Tamba	Glyma.19G222200 Glyma.19G222600 Glyma.19G222700 Glyma.19G222700 Glyma.19G222900 Glyma.19G223000 Glyma.19G223500
14973409 F 0-49:G>A-49:G>A	R1-R3p	J040284	Glyma.03G220800 Glyma.03G221400 Glyma.03G221500 Glyma.03G221600 Glyma.03G221700 Glyma.03G221900 Glyma.03G222000 Glyma.03G222100 Glyma.03G222400
14973459 F 0-49:T>A-49:T>A	E-R1c	NS6002 PI416937	Glyma.17G019300 Glyma.17G019400 Glyma.17G019800 Glyma.17G020700 Glyma.17G021000 Glyma.17G021100 Glyma.17G021200 Glyma.17G021400 Glyma.17G021800 Glyma.17G022200 Glyma.17G022300

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14973488 F 0-40:A>G-40:A>G	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.20G165800 Glyma.20G166300 Glyma.20G166400 Glyma.20G166500 Glyma.20G166600 Glyma.20G166900
14973488 F 0-40:A>G-40:A>G	E-R1c y R3-R7p	Tamba	Glyma.20G165800 Glyma.20G166300 Glyma.20G166400 Glyma.20G166500 Glyma.20G166600 Glyma.20G166900
14973512 F 0-24:T>C-24:T>C	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.12G075300 Glyma.12G075400 Glyma.12G075500 Glyma.12G075800 Glyma.12G076200 Glyma.12G076500
14973512 F 0-24:T>C-24:T>C	E-R1c y R3-R7p	NS6002	Glyma.12G075300 Glyma.12G075400 Glyma.12G075500 Glyma.12G075800 Glyma.12G076200 Glyma.12G076500
14973553 F 0-29:A>T-29:A>T	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.06G160500 Glyma.06G160800 Glyma.06G160900 Glyma.06G161200 Glyma.06G161600 Glyma.06G161800 Glyma.06G162100 Glyma.06G162300 Glyma.06G162500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14973553 F 0-29:A>T-29:A>T	E-R1c y R3-R7p	Tamba	Glyma.06G160500 Glyma.06G160800 Glyma.06G160900 Glyma.06G161200 Glyma.06G161600 Glyma.06G161800 Glyma.06G162100 Glyma.06G162300 Glyma.06G162500
14973570 F 0-9:G>A-9:G>A	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.05G000100 Glyma.05G000200 Glyma.05G000600 Glyma.05G000900 Glyma.05G001100 Glyma.05G001600
14973649 F 0-19:G>T-19:G>T	E-R1c	NS6002 PROT12FCA	Glyma.15G047500 Glyma.15G048100 Glyma.15G048500 Glyma.15G048600 Glyma.15G048900 Glyma.15G049000 Glyma.15G049200 Glyma.15G049500 Glyma.15G049600 Glyma.15G049700
14973767 F 0-65:T>C-65:T>C	E-R1c	Fukuyutaka Harosoy Moyayimame	Glyma.11G130000 Glyma.11G130200 Glyma.11G130300* Glyma.11G130600 Glyma.11G131200
14973808 F 0-41:T>C-41:T>C	E-R1c	Tamba	Glyma.20G023800 Glyma.20G024100 Glyma.20G024400 Glyma.20G024700 Glyma.20G024800 Glyma.20G025100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14973942 F 0-49:C>T-49:C>T	R1-R3p	J040284	Glyma.08G296100 Glyma.08G296400 Glyma.08G296700 Glyma.08G296800 Glyma.08G296900 Glyma.08G297000 Glyma.08G297200 Glyma.08G297300 Glyma.08G297400
14973961 F 0-17:A>G-17:A>G	E-R1c	Harosoy	Glyma.20G211200 Glyma.20G211300 Glyma.20G211600 Glyma.20G212000 Glyma.20G212100 Glyma.20G212200 Glyma.20G212800 Glyma.20G212900 Glyma.20G213100
14973974 F 0-44:T>A-44:T>A	E-R1c	Harosoy	Glyma.20G186000 Glyma.20G186200 Glyma.20G186500 Glyma.20G187200 Glyma.20G187300 Glyma.20G188000
14973989 F 0-60:C>G-60:C>G	E-R1c	NattoKotsubu PI416937 PROT12FCA	Glyma.16G121700 Glyma.16G121900 Glyma.16G122100
14974037 F 0-17:A>G-17:A>G	R1-R3p	IntaParana5500 LAE9757504 NattoKotsubu PI123440	Glyma.14G208100 Glyma.14G208500 Glyma.14G209000 Glyma.14G209400* Glyma.14G210000 Glyma.14G210100 Glyma.14G210200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.14G210500 Glyma.14G210600 Glyma.14G210700
14974052 F 0-67:T>C-67:T>C	R1-R3p	J040284	Glyma.08G296000 Glyma.08G296100 Glyma.08G296400 Glyma.08G296700
14974061 F 0-25:T>G-25:T>G	E-R1c y R3-R7p	LAE0690102	Glyma.08G003600 Glyma.08G003900 Glyma.08G004100 Glyma.08G004200 Glyma.08G004800 Glyma.08G005100 Glyma.08G005400 Glyma.08G005600 Glyma.08G005800
14974167 F 0-29:G>A-29:G>A	E-R1c y R1-R3p	Akishinore Crockett Harosoy PI416937	Glyma.15G082900 Glyma.15G083100 Glyma.15G083200 Glyma.15G083600 Glyma.15G083700 Glyma.15G083800* Glyma.15G084000 Glyma.15G084100 Glyma.15G084200 Glyma.15G084400 Glyma.15G084500
14974210 F 0-24:A>T-24:A>T	R3-R6p	NA5009	Glyma.02G309100 Glyma.02G309300 Glyma.02G309500 Glyma.02G310100 Glyma.02G310400 Glyma.02G311000 Glyma.02G311100 Glyma.02G311200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14974370 F 0-66:C>T-66:C>T	E-R1c, R1-R3p	Harosoy	Glyma.02G149900 Glyma.02G150100 Glyma.02G150600 Glyma.02G150700 Glyma.02G150800 Glyma.02G150900 Glyma.02G151100 Glyma.02G151200 Glyma.02G151700
14974432 F 0-43:G>T-43:G>T	R1-R3p	J040284	Glyma.03G192900 Glyma.03G193300 Glyma.03G193500 Glyma.03G194100 Glyma.03G194300 Glyma.03G194600 Glyma.03G194700 Glyma.03G194800 Glyma.03G195000 Glyma.03G195300 Glyma.03G195400 Glyma.03G195600
14974463 F 0-15:T>A-15:T>A	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.05G000100 Glyma.05G000200 Glyma.05G000600* Glyma.05G000900 Glyma.05G001100 Glyma.05G001600 Glyma.05G001800 Glyma.05G001900
14974469 F 0-13:T>A-13:T>A	R1-R3p	J040284	Glyma.03G192900 Glyma.03G193300 Glyma.03G193500 Glyma.03G194100 Glyma.03G194300 Glyma.03G194600

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.03G194700 Glyma.03G194800 Glyma.03G195000 Glyma.03G195300 Glyma.03G195400 Glyma.03G195600
14974488 F 0-14:G>A-14:G>A	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.05G000100 Glyma.05G000200 Glyma.05G000300 Glyma.05G000600 Glyma.05G000900 Glyma.05G001100
14974557 F 0-41:T>A-41:T>A	E-R1c y R3-R7p	NS6002 Tamba	Glyma.15G141200 Glyma.15G141300 Glyma.15G141400 Glyma.15G142400 Glyma.15G142500 Glyma.15G142700 Glyma.15G143000 Glyma.15G143100
14974557 F 0-41:T>A-41:T>A	R3-R7p	Enrei	Glyma.15G141200 Glyma.15G141300 Glyma.15G141400 Glyma.15G142400 Glyma.15G142500 Glyma.15G142700 Glyma.15G143000 Glyma.15G143100
14974754 F 0-18:T>C-18:T>C	E-R1c	A4613 DM4670 J040284 Mireya42 NA5009	Glyma.06G210600 Glyma.06G211000
14974846 F 0-38:A>T-38:A>T	E-R1c	DM4670 Harosoy	Glyma.06G254100 Glyma.06G254200

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14974856 F 0-30:C>A-30:C>A	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	DM4670	Glyma.15G249700
14974858 F 0-35:G>A-35:G>A	E-R1c	A4613 DM4670 J040284 Mireya42 NA5009	Glyma.06G206300 Glyma.06G206400 Glyma.06G206500 Glyma.06G206800
14974973 F 0-67:G>A-67:G>A	R3-R6p y R3-R7p	Enrei FAINTA760 Fukuyutaka NA5009 Tamba	Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700 Glyma.06G305000
14974973 F 0-67:G>A-67:G>A	R3-R7p	A7321 Akishinore LAE9754703 LAE9962801 PI90768 Crockett IAC100 PI157440	Glyma.06G302800 Glyma.06G303100 Glyma.06G303600 Glyma.06G303700 Glyma.06G305000
14975065 F 0-51:C>T-51:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002 Tamba	Glyma.02G276900 Glyma.02G277000 Glyma.02G277200 Glyma.02G277300 Glyma.02G277400 Glyma.02G278000 Glyma.02G278200 Glyma.02G278400 Glyma.02G278600 Glyma.02G278900 Glyma.02G279100 Glyma.02G279300

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14975163 F 0-31:C>T-31:C>T	E-R1c	Moyayimame NS6002	Glyma.01G188600 Glyma.01G188900 Glyma.01G189100 Glyma.01G189400 Glyma.01G189500 Glyma.01G189700 Glyma.01G190000 Glyma.01G190100 Glyma.01G190400 Glyma.01G190600 Glyma.01G190700
14975178 F 0-18:A>G-18:A>G	E-R1c y R3-R7p	Akishinore NS6002 Tamba	Glyma.20G018500 Glyma.20G018600 Glyma.20G018800 Glyma.20G018900 Glyma.20G019100 Glyma.20G019200 Glyma.20G019300 Glyma.20G019400 Glyma.20G019600 Glyma.20G019700 Glyma.20G020200 Glyma.20G020300
14975178 F 0-18:A>G-18:A>G	R3-R7p	PI90768	Glyma.20G018500 Glyma.20G018600 Glyma.20G018800 Glyma.20G018900 Glyma.20G019100 Glyma.20G019200 Glyma.20G019300 Glyma.20G019400 Glyma.20G019600 Glyma.20G019700 Glyma.20G020200 Glyma.20G020300

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14975200 F 0-15:G>C-15:G>C	E-R1c y R3-R7p	NS6002	Glyma.04G096100 Glyma.04G096200 Glyma.04G096300 Glyma.04G096600* Glyma.04G096800 Glyma.04G096900 Glyma.04G097100 Glyma.04G097200 Glyma.04G097300
14975297 F 0-24:T>C-24:T>C	R1-R3p	Crockett IAC100 LAE0696358 PI200492	Glyma.09G189500 Glyma.09G190600 Glyma.09G190700 Glyma.09G190900 Glyma.09G191300 Glyma.09G191500 Glyma.09G191600
14975301 F 0-46:T>A-46:T>A	E-R1c	PI416937	Glyma.17G028300 Glyma.17G028400 Glyma.17G029800 Glyma.17G030600 Glyma.17G030900 Glyma.17G031000 Glyma.17G031400
14975330 F 0-25:G>A-25:G>A	R3-R6p	Tamba	Glyma.18G029200 Glyma.18G029300 Glyma.18G029400 Glyma.18G029700 Glyma.18G029800 Glyma.18G029900 Glyma.18G030100 Glyma.18G030200 Glyma.18G030300 Glyma.18G030400 Glyma.18G030500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.18G030600 Glyma.18G030700 Glyma.18G030900
14975386 F 0-5:T>C-5:T>C	E-R1c	Akishinore Harosoy	Glyma.09G087900 Glyma.09G088100
14975388 F 0-5:T>C-5:T>C	E-R1c y R3-R7p	Crockett	Glyma.07G099600 Glyma.07G100200* Glyma.07G100400 Glyma.07G100600 Glyma.07G100700 Glyma.07G101000
14975388 F 0-5:T>C-5:T>C	R3-R7p	LAE9754703	Glyma.07G099600 Glyma.07G100200* Glyma.07G100400 Glyma.07G100600 Glyma.07G100700 Glyma.07G101000
14975520 F 0-59:C>A-59:C>A	E-R1c	Harosoy	Glyma.18G224400 Glyma.18G224500 Glyma.18G225300 Glyma.18G225400 Glyma.18G225700 Glyma.18G225800
14975579 F 0-63:C>T-63:C>T	E-R1c, R1-R3p	Harosoy NattoKotsubu Tamba	Glyma.17G073100 Glyma.17G073300 Glyma.17G073400 Glyma.17G073800 Glyma.17G073900 Glyma.17G074000 Glyma.17G074100 Glyma.17G074200 Glyma.17G074400 Glyma.17G074700 Glyma.17G074800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14975838 F 0-46:C>G-46:C>G	E-R1c	PI416937	Glyma.17G028100 Glyma.17G028300 Glyma.17G028400 Glyma.17G029800* Glyma.17G030600 Glyma.17G030900 Glyma.17G031000 Glyma.17G031400
14975918 F 0-11:G>A-11:G>A	E-R1c	ACA420 PI71465	Glyma.16G204400 Glyma.16G204600 Glyma.16G205100 Glyma.16G205200 Glyma.16G205500 Glyma.16G206200 Glyma.16G206400 Glyma.16G206500 Glyma.16G207100 Glyma.16G207300 Glyma.16G207400 Glyma.16G207500
14976123 F 0-51:G>T-51:G>T	E-R1c y R3-R6p	PI416937	Glyma.15G004100 Glyma.15G004200 Glyma.15G004500 Glyma.15G004700 Glyma.15G004900 Glyma.15G005000 Glyma.15G005100 Glyma.15G005200 Glyma.15G005300 Glyma.15G005400 Glyma.15G005500 Glyma.15G006400 Glyma.15G006600

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14976193 F 0-53:A>T-53:A>T	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.12G075300 Glyma.12G075400 Glyma.12G075500 Glyma.12G075800 Glyma.12G076200 Glyma.12G076500
14976193 F 0-53:A>T-53:A>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002	Glyma.12G075300 Glyma.12G075400 Glyma.12G075500 Glyma.12G075800 Glyma.12G076200 Glyma.12G076500
14976295 F 0-43:T>C-43:T>C	E-R1c	Akishinore Harosoy Moyayimame NA5009 PROT12FCA	Glyma.09G022800 Glyma.09G022900 Glyma.09G023000 Glyma.09G023600 Glyma.09G023800 Glyma.09G024100 Glyma.09G024400 Glyma.09G024700 Glyma.09G024800 Glyma.09G024900 Glyma.09G025100
14976429 F 0-6:T>C-6:T>C	E-R1c	NattoKotsubu NS6002 Tamba	Glyma.20G112200 Glyma.20G112300 Glyma.20G112400 Glyma.20G112700 Glyma.20G112900 Glyma.20G113000 Glyma.20G113100 Glyma.20G113200* Glyma.20G113400 Glyma.20G113600 Glyma.20G114000 Glyma.20G114200 Glyma.20G114300

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14976479 F 0-52:T>A-52:T>A	E-R1c	Akishinore Champaqui5.40 Crockett Fukuyutaka Harosoy NattoKotsubu Tamba	Glyma.14G060500 Glyma.14G060700 Glyma.14G060800 Glyma.14G061200 Glyma.14G061400 Glyma.14G061500 Glyma.14G061800 Glyma.14G062100 Glyma.14G062200 Glyma.14G062300 Glyma.14G062600 Glyma.14G062700
14976504 F 0-23:C>T-23:C>T	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.16G200800 Glyma.16G201200 Glyma.16G201300 Glyma.16G201400 Glyma.16G201500 Glyma.16G201600 Glyma.16G201900 Glyma.16G202100 Glyma.16G202200 Glyma.16G202400
14976586 F 0-16:C>A-16:C>A	E-R1c	NattoKotsubu Tamba	Glyma.20G104900 Glyma.20G105000 Glyma.20G105300 Glyma.20G105500
14976596 F 0-31:G>T-31:G>T	R1-R3p	Crockett Fukuyutaka IAC100	Glyma.06G234700
14976775 F 0-11:C>T-11:C>T	E-R1c	DM4670 Harosoy NA5009	Glyma.06G206800 Glyma.06G207300 Glyma.06G207700
14976798 F 0-36:G>A-36:G>A	E-R1c, R3-R6p	PROT12FCA	Glyma.12G075300 Glyma.12G075400 Glyma.12G075500

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.12G075800 Glyma.12G076200 Glyma.12G076500
14976798 F 0-36:G>A-36:G>A	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	NS6002	Glyma.12G075300 Glyma.12G075400 Glyma.12G075500 Glyma.12G075800 Glyma.12G076200 Glyma.12G076500
14976853 F 0-45:A>G-45:A>G	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.06G160500 Glyma.06G160800 Glyma.06G160900 Glyma.06G161200 Glyma.06G161600 Glyma.06G161800 Glyma.06G162100 Glyma.06G162300 Glyma.06G162500
14976853 F 0-45:A>G-45:A>G	E-R1c y R3-R7p	Tamba	Glyma.06G160500 Glyma.06G160800 Glyma.06G160900 Glyma.06G161200 Glyma.06G161600 Glyma.06G161800 Glyma.06G162100 Glyma.06G162300 Glyma.06G162500
14976911 F 0-17:C>T-17:C>T	E-R1c	Fukuyutaka NattoKotsubu NS6002	Glyma.18G221000 Glyma.18G221300 Glyma.18G221900 Glyma.18G222100 Glyma.18G222400 Glyma.18G222800 Glyma.18G222900 Glyma.18G223000 Glyma.18G223100

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14976955 F 0-28:A>G-28:A>G	E-R1c	Crockett NS6002	Glyma.18G046100 Glyma.18G046200 Glyma.18G046300 Glyma.18G046400 Glyma.18G046600 Glyma.18G046700 Glyma.18G046800 Glyma.18G046900
14977010 F 0-10:A>G-10:A>G	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.05G000100 Glyma.05G000200 Glyma.05G000300 Glyma.05G000600* Glyma.05G000900 Glyma.05G001100 Glyma.05G001600 Glyma.05G001800 Glyma.05G001900 Glyma.05G002000
14977033 F 0-28:G>A-28:G>A	E-R1c y R3-R7	A5901 LAE0690102 Tamba LAE9758803-B A6126	Glyma.05G230200 Glyma.05G230400 Glyma.05G230600 Glyma.05G230700 Glyma.05G230900 Glyma.05G231100 Glyma.05G231700* Glyma.05G231800 Glyma.05G231900 Glyma.05G232400
14977033 F 0-28:G>A-28:G>A	R3-R7	INTA Paraná 6200 INTA Paraná 5500 LAE9754703 PI90768 RA514 LAE9956204 RA605 LAE9757504	Glyma.05G230200 Glyma.05G230400 Glyma.05G230600 Glyma.05G230700 Glyma.05G230900 Glyma.05G231100 Glyma.05G231700* Glyma.05G231800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.05G231900 Glyma.05G232400
14977069 F 0-42:C>T-42:C>T	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.15G062600 Glyma.15G063000 Glyma.15G063200 Glyma.15G063300 Glyma.15G063600 Glyma.15G063800 Glyma.15G063900 Glyma.15G064000 Glyma.15G064200 Glyma.15G064300 Glyma.15G064600 Glyma.15G064700 Glyma.15G064900 Glyma.15G065000 Glyma.15G065100 Glyma.15G065200 Glyma.15G065300 Glyma.15G065500 Glyma.15G065700 Glyma.15G065900
14977069 F 0-42:C>T-42:C>T	E-R1c y R3-R7p	Crockett Fukuyutaka NS6002	Glyma.15G062600 Glyma.15G063000 Glyma.15G063200 Glyma.15G063300 Glyma.15G063600 Glyma.15G063800 Glyma.15G063900 Glyma.15G064000 Glyma.15G064200 Glyma.15G064300 Glyma.15G064600 Glyma.15G064700 Glyma.15G064900

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.15G065000 Glyma.15G065100 Glyma.15G065200 Glyma.15G065300 Glyma.15G065500 Glyma.15G065700 Glyma.15G065900
14977220 F 0-16:G>T-16:G>T	E-R1c	DM4670 Harosoy	Glyma.06G254100 Glyma.06G254200
14977227 F 0-12:A>G-12:A>G	E-R1c	NA5009	Glyma.12G067000 Glyma.12G067100 Glyma.12G068500 Glyma.12G068900 Glyma.12G069100 Glyma.12G069200
14977227 F 0-12:A>G-12:A>G	R3-R6p y R3-R7p	NA5009 Tamba	Glyma.12G067000 Glyma.12G067100 Glyma.12G068500 Glyma.12G068900 Glyma.12G069100 Glyma.12G069200
14977509 F 0-23:T>C-23:T>C	R3-R6p	DM4670 LAE0690102 NA5009	Glyma.02G252800 Glyma.02G253100 Glyma.02G253700 Glyma.02G253900 Glyma.02G254200 Glyma.02G254300 Glyma.02G254600 Glyma.02G254800
14977610 F 0-6:T>A-6:T>A	E-R1c	NS6002 Tamba	Glyma.12G035000 Glyma.12G035100 Glyma.12G035200 Glyma.12G035300 Glyma.12G035400 Glyma.12G035600

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.12G035700 Glyma.12G035800 Glyma.12G036400 Glyma.12G036700 Glyma.12G037000 Glyma.12G037200 Glyma.12G037400 Glyma.12G037700 Glyma.12G038000
14977693 F 0-33:A>G-33:A>G	E-R1c	DM4670 Harosoy NA5009	Glyma.06G207300 Glyma.06G207700 Glyma.06G207800
14977726 F 0-20:C>T-20:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002 Tamba	Glyma.15G141200 Glyma.15G141300 Glyma.15G141400 Glyma.15G142400 Glyma.15G142500 Glyma.15G142700 Glyma.15G143000 Glyma.15G143100
14977726 F 0-20:C>T-20:C>T	R3-R7p	Enrei	Glyma.15G141200 Glyma.15G141300 Glyma.15G141400 Glyma.15G142400 Glyma.15G142500 Glyma.15G142700 Glyma.15G143000 Glyma.15G143100
14977784 F 0-40:A>G-40:A>G	E-R1c	Crockett Fukuyutaka NS6002 PI416937	Glyma.18G130300 Glyma.18G130400 Glyma.18G130500 Glyma.18G130800 Glyma.18G130900
14978580 F 0-13:A>T-13:A>T	E-R1c	Moyayimame NattoKotsubu NS6002	Glyma.14G127800

Continuación Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1c, R1-R3p, R3-R6p y R3-R7p.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14978824 F 0-55:C>T-55:C>T	E-R1c y R3-R7p	Crockett Tamba	Glyma.01G035800 Glyma.01G035900 Glyma.01G036100 Glyma.01G036500 Glyma.01G036600
14978824 F 0-55:C>T-55:C>T	R3-R7p	Enrei	Glyma.01G035800 Glyma.01G035900 Glyma.01G036100 Glyma.01G036500 Glyma.01G036600
14978946 F 0-7:A>G-7:A>G	E-R1c	Crockett	Glyma.06G202400 Glyma.06G202500*
14978975 F 0-46:A>C-46:A>C	E-R1c	PI416137	Glyma.18G073600 Glyma.18G073700 Glyma.18G074200 Glyma.18G074400 Glyma.18G074800 Glyma.18G075100 Glyma.18G075300 Glyma.18G075500
14978975 F 0-46:A>C-46:A>C	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka	Glyma.18G073600 Glyma.18G073700 Glyma.18G074200 Glyma.18G074400 Glyma.18G074800 Glyma.18G075100 Glyma.18G075300 Glyma.18G075500
14978975 F 0-46:A>C-46:A>C	R3-R7p	Enrei	Glyma.18G073600 Glyma.18G073700 Glyma.18G074200 Glyma.18G074400 Glyma.18G074800 Glyma.18G075100 Glyma.18G075300

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.18G075500
14979104 F 0-58:C>T-58:C>T	E-R1c	Moyayimame	Glyma.08G104100 Glyma.08G104300 Glyma.08G105000 Glyma.08G105100 Glyma.08G105200 Glyma.08G105400 Glyma.08G105500
14979104 F 0-58:C>T-58:C>T	E-R1c y R3-R7p	Crockett Fukuyutaka Tamba	Glyma.08G104100 Glyma.08G104300 Glyma.08G105000 Glyma.08G105100 Glyma.08G105200 Glyma.08G105400 Glyma.08G105500
14979283 F 0-54:G>A-54:G>A	E-R1c	Harosoy Tamba	Glyma.12G224300 Glyma.12G224500 Glyma.12G224600 Glyma.12G224800 Glyma.12G225100 Glyma.12G225600
14979317 F 0-31:T>A-31:T>A	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka LAE0690102 Moyayimame NattoKotsubu NS6002 Tamba	Glyma.02G030900 Glyma.02G032200 Glyma.02G032800
14979449 F 0-5:G>A-5:G>A	E-R1c	Akishinore Moyayimame NattoKotsubu PI416937 Tamba	Glyma.19G222200 Glyma.19G222600 Glyma.19G222700 Glyma.19G222900 Glyma.19G223000 Glyma.19G223500

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14979509 F 0-48:G>C-48:G>C	E-R1c	Harosoy	Glyma.20G186200 Glyma.20G186500 Glyma.20G187200* Glyma.20G187300 Glyma.20G188000 Glyma.20G188100
14979524 F 0-32:G>A-32:G>A	E-R1c	Moyayimame PI416937	Glyma.16G073000 Glyma.16G073100 Glyma.16G073500 Glyma.16G073600 Glyma.16G074200
14979527 F 0-16:C>T-16:C>T	E-R1c	ACA420 PI71465	Glyma.05G014800 Glyma.05G015100 Glyma.05G015200 Glyma.05G015900 Glyma.05G016000 Glyma.05G016600 Glyma.05G016700 Glyma.05G016800 Glyma.05G016900 Glyma.05G017400 Glyma.05G017700 Glyma.05G017800
14979560 F 0-19:G>A-19:G>A	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	DM4670	Glyma.15G249700
14979582 F 0-29:C>T-29:C>T	E-R1c	Moyayimame PROT12FCA	Glyma.17G164400 Glyma.17G164500 Glyma.17G164600
14979582 F 0-29:C>T-29:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002 Tamba	Glyma.17G164400 Glyma.17G164500 Glyma.17G164600
14979582 F 0-29:C>T-29:C>T	E-R1c y R3-R7p	Enrei PI90768	Glyma.17G164400 Glyma.17G164500 Glyma.17G164600

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14979707 F 0-7:G>C-7:G>C	E-R1c	Harosoy NA5009	Glyma.15G176400 Glyma.15G176500 Glyma.15G176800 Glyma.15G176900 Glyma.15G177000
14979861 F 0-39:G>A-39:G>A	E-R1c	Akishinore Crockett Fukuyutaka Harosoy PI416937	Glyma.13G332000 Glyma.13G332300 Glyma.13G332700 Glyma.13G332800 Glyma.13G333200 Glyma.13G333300 Glyma.13G333400 Glyma.13G334400
14979972 F 0-41:T>C-41:T>C	E-R1c y R3-R6p	Moyayimame PI416937	Glyma.07G137000 Glyma.07G137200 Glyma.07G137300 Glyma.07G138300
14979972 F 0-41:T>C-41:T>C	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	NS6002 Tamba	Glyma.07G137000 Glyma.07G137200 Glyma.07G137300 Glyma.07G138300
14979999 F 0-47:T>C-47:T>C	E-R1c	A4613 DM2200 DM4670 J040284 Mireya42 NA5009 PI371611 PI542044	Glyma.06G211900 Glyma.06G212800 Glyma.06G212900
14980416 F 0-52:T>G-52:T>G	E-R1c y R3-R7p	Crockett NS6002	Glyma.06G202400
14980416 F 0-52:T>G-52:T>G	R3-R7p	A7321	Glyma.06G202400

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14980458 F 0-39:C>T-39:C>T	E-R1c	Akishinore Harosoy NS6002	Glyma.10G153500 Glyma.10G153700 Glyma.10G153800 Glyma.10G153900 Glyma.10G154600 Glyma.10G154700 Glyma.10G155000 Glyma.10G155200 Glyma.10G155300 Glyma.10G155400 Glyma.10G155500 Glyma.10G155600 Glyma.10G155800 Glyma.10G155900 Glyma.10G156200 Glyma.10G156300
14980539 F 0-12:A>G-12:A>G	E-R1c	Harosoy	Glyma.20G127300 Glyma.20G127500 Glyma.20G128100 Glyma.20G128600 Glyma.20G129000 Glyma.20G129200 Glyma.20G129400 Glyma.20G129600 Glyma.20G130200
14980572 F 0-18:C>T-18:C>T	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Fukuyutaka	Glyma.08G110500 Glyma.08G110700 Glyma.08G110900 Glyma.08G111500* Glyma.08G111700 Glyma.08G111800 Glyma.08G112000 Glyma.08G112600

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14980572 F 0-18:C>T-18:C>T	E-R1c y R3-R7p	Crockett	Glyma.08G110500 Glyma.08G110700 Glyma.08G110900 Glyma.08G111500* Glyma.08G111700 Glyma.08G111800 Glyma.08G112000 Glyma.08G112600
14980672 F 0-5:C>T-5:C>T	E-R1c	Harosoy	Glyma.18G232400 Glyma.18G232900
14980773 F 0-62:C>G-62:C>G	E-R1c	PROT12FCA	Glyma.18G189500 Glyma.18G189700
14980773 F 0-62:C>G-62:C>G	E-R1c y R3-R7p	Crockett	Glyma.18G189500 Glyma.18G189700
14980884 F 0-32:T>C-32:T>C	E-R1c	NattoKotsubu NS6002	Glyma.14G137200 Glyma.14G137500 Glyma.14G137600 Glyma.14G137700
14980998 F 0-68:A>C-68:A>C	E-R1c	Harosoy	Glyma.05G071700 Glyma.05G072000
14980999 F 0-38:C>G-38:C>G	E-R1c	DM4670 Harosoy NA5009	Glyma.06G203800 Glyma.06G203900 Glyma.06G204100 Glyma.06G204200 Glyma.06G204300 Glyma.06G204400
14981197 F 0-42:A>T-42:A>T	R1-R3p	IntaParana5500 LAE9757504 NattoKotsubu PI123440 PI200492	Glyma.14G208500 Glyma.14G209000 Glyma.14G209400 Glyma.14G210000 Glyma.14G210100 Glyma.14G210200 Glyma.14G210500 Glyma.14G210600 Glyma.14G210700

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.14G211000 Glyma.14G211100
14981402 F 0-22:T>C-22:T>C	E-R1c	Akishinore Crockett Harosoy PI416937	Glyma.15G083600 Glyma.15G083700 Glyma.15G083800 Glyma.15G084000 Glyma.15G084100 Glyma.15G084200 Glyma.15G084400 Glyma.15G084500 Glyma.15G084800 Glyma.15G084900 Glyma.15G085400
14981487 F 0-12:G>A-12:G>A	R1-R3p	Akishinore Crockett PI200492 PROT12FCA Tamba	Glyma.20G221100 Glyma.20G221800 Glyma.20G222600 Glyma.20G222700 Glyma.20G223200 Glyma.20G223300
14981512 F 0-15:G>A-15:G>A	E-R1c	Akishinore Moyayimame NS6002 Tamba	Glyma.14G204100 Glyma.14G204200 Glyma.14G204400 Glyma.14G205200 Glyma.14G205500
14981550 F 0-33:A>G-33:A>G	R1-R3p	DM4670 PI200492 PI385942	Glyma.08G047400 Glyma.08G047800 Glyma.08G048700 Glyma.08G048800* Glyma.08G049000 Glyma.08G049300
14981744 F 0-66:A>T-66:A>T	R3-R7p	NS6002	Glyma.07g070200 Glyma.07g070300 Glyma.07g070400 Glyma.07g070700

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
			Glyma.07g070800 Glyma.07g071000 Glyma.07g071400 Glyma.07g071500 Glyma.07g071600 Glyma.07g071800 Glyma.07g072100
14982046 F 0-28:T>A-28:T>A	E-R1c	Harosoy	Glyma.13G312700 Glyma.13G312800 Glyma.13G312900 Glyma.13G313000 Glyma.13G313100 Glyma.13G313500 Glyma.13G314000 Glyma.13G314100
14982630 F 0-23:C>T-23:C>T	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka	Glyma.15G238300 Glyma.15G238400 Glyma.15G238500 Glyma.15G238700 Glyma.15G238800 Glyma.15G238900 Glyma.15G239000 Glyma.15G239100
14982884 F 0-19:C>T-19:C>T	E-R1c	Moyayimame	Glyma.16G073100 Glyma.16G073500 Glyma.16G073600 Glyma.16G074200* Glyma.16G074300
14983065 F 0-17:C>T-17:C>T	E-R1c	DM4670 Fukuyutaka NA5009 NS6002	Glyma.06G198400 Glyma.06G198600 Glyma.06G199600

Continuación Anexo IV. Tabla IV-1. Marcadores SNP y Darts, genotipos y genes candidatos, asociados a las fases E-R1 cortas y R1-R3 y R3-R6 prolongadas.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen
14983664 F 0-18:C>A-18:C>A	E-R1c	PI416937	Glyma.08G320700 Glyma.08G321300 Glyma.08G321700 Glyma.08G321800 Glyma.08G322200 Glyma.08G322600 Glyma.08G322700 Glyma.08G322800
14983664 F 0-18:C>A-18:C>A	E-R1c y R3-R7p	Fukuyutaka	Glyma.08G320700 Glyma.08G321300 Glyma.08G321700 Glyma.08G321800 Glyma.08G322200 Glyma.08G322600 Glyma.08G322700 Glyma.08G322800
14983664 F 0-18:C>A-18:C>A	R3-R7p	Enrei	Glyma.08G320700 Glyma.08G321300 Glyma.08G321700 Glyma.08G321800 Glyma.08G322200 Glyma.08G322600 Glyma.08G322700 Glyma.08G322800

E-R1c: Fase corta en días termales desde de emergencia a inicio de floración; R1-R3p: fase prolongada en días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación; R3-R6p: fase prolongada en días termales desde inicio de fructificación a pleno llenado de granos prolongado; R3-R7p: Fase prolongada desde inicio de fructificación a madurez fisiológica.

*El marcador es parte de la secuencia del gen.

ANEXO V

Anexo V. Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14968542	E-R1c	Harosoy LAE0690102 Akishinore Moyayimame	<i>Glyma.03G037700</i>	Proteína con dominio Aminotransferasa clase 1 y 2, respuesta al ión cadmio, interacción con piridoxal fosfato, procesos metabólicos de aminoácidos.
14972704 F 0-47:G>T-47:G>T	E-R1c, R3-R6p	Fukuyutaka	<i>Glyma.04G060800</i>	Desarrollo de flores, regulación positiva del desarrollo de flores, respuesta al estímulo de la luz, transporte de auxinas.
14972779 F 0-40:C>T-40:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002	<i>Glyma.04G093100</i>	Gravitropismo, interferencia de ARN, silenciamiento de la cromatina dependiente de la metilación, regulación negativa del proceso biosintético de aminoácidos.
	R3-R7p	Enrei		
14975200 F 0-15:G>C-15:G>C	E-R1c y R3-R7p	NS6002	<i>Glyma.04G096600</i>	Respuesta al estímulo de etileno, actividad de carboxipeptidasa, proteólisis.
14974463 F 0-15:T>A-15:T>A, 14977010 F 0-10:A>G-10:A>G	E-R1c	Harosoy NA5009	<i>Glyma.05G000600</i>	Adhesión celular, depolimerización de microtúbulos, desumoilación proteica, morfogénesis de tricomas, polimerización de actina, proceso biosintético de peróxido de hidrógeno, transición de la fase vegetativa a la reproductiva del meristema.

Continuación Anexo V. Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14966214	R1-R3p	Maria50 PI385942 A5409 PI123440 LAE0696358 LAE0690102 IntaParana5500 LAE9754703 LAE9757504 PROT12FCA IAC100	<i>Glyma.05G227100</i>	Desfosforilación proteica, casada de MAPK (Mitogen-Activated Protein Kinases), dirección de proteínas a la membrana, regulación de la germinación de semillas, regulación de la respuesta de hipersensibilidad, regulación del movimiento estomático, regulación negativa de la respuesta de defensa, respuesta a la privación de agua, respuesta al estímulo de las hormonas ácido absísico, auxinas, etileno y ácido jasmónico, respuesta al frío, transducción de señales, vía de señalización mediada por ácido jasmónico, vía de señalización mediada por etileno.
14977033 F 0-28:G>A-28:G>A	E-R1c y R3-R7p	A5901 A6126 LAE0690102 LAE9956204 LAE9758803-B Tamba	<i>Glyma.05G231700 (FRI)</i>	Autofosforilación de proteínas, importación de proteínas a la matriz peroxisomal, diferenciación celular y desarrollo de flores. Gen homólogo a <i>Frigida</i> que tiene GO de regulación del tiempo a floración en <i>A. thaliana</i> en genotipos de floración tardía.
	R3-R7p	Inta Paraná 6200 Inta Paraná 5500 LAE9754703 PI90768 RA514 RA605 LAE9757504		

Continuación Anexo V. Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14978946 F 0-7:A>G-7:A>G	E-R1c	Crockett	<i>Glyma.06G202500</i>	Gravitropismo. Actividad de helicasa, interacción con ARN y ATP.
14984252	E-R1c	Harosoy DM4670	<i>Glyma.06G221400</i>	Fosforilación proteica.
14981744 F 0-66:A>T-66:A>T	R3-R7p	NS6002	<i>Glyma.07g070800</i>	Organización estructural de meristemas
14981223	E-R1c	Harosoy NA5009 Champaqui5.40 LAE0690102 Akishinore PI416937 Fukuyutaka	<i>Glyma.07G099600</i>	Proceso de óxido reducción.
14975388 F 0-5:T>C-5:T>C	E-R1c y R3-R7p	Crockett	<i>Glyma.07G100200</i>	Diferenciación celular, fosforilación proteica.
	R3-R7p	LAE9754703		
14981550 F 0-33:A>G-33:A>G	R1-R3p	PI385942 DM4670 PI200492	<i>Glyma.08G048800</i>	Gravitropismo, proceso catabólico de proteínas dependiente de ubiquitina, proceso catabólico de proteínas proteasomales.
14980572 F 0-18:C>T-18:C>T	E-R1c, R3-R6p	Crockett	<i>Glyma.08G111500</i>	Polimerización de actina.
	E-R1c, R3-R6p y R3-R7p	Fukuyutaka		

Continuación Anexo V. Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14970841	E-R1c, R3-R6p y R3- R7p	Fukuyutaka Tamba	<i>Glyma.08G199000</i>	Autofosforilación de proteínas, fotosíntesis, proceso de óxido reducción, regulación del transporte de protones, respuesta a la luz azul, actividad de glucosa-6-fosfato-1-dehidrogenasa.
14978202	E-R1c	Akishinore PI416937 Fukuyutaka Tamba	<i>Glyma.08G317800</i>	Regulación de la transcripción dependiente del ADN, diferenciación celular.
14969797	E-R1c	Harosoy NA5009 Moyayimame	<i>Glyma.09G025900</i>	Regulación de la transcripción dependiente del ADN, interacción con lípidos.
14973343 F 0-52:G>C-52:G>C	E-R1c	Harosoy	<i>Glyma.09G225200</i>	Proceso catabólico de proteínas dependiente de ubiquitina.
14972917 F 0-42:T>C-42:T>C	R3-R6p	Mireya42	<i>Glyma.10G027000</i>	Regulación del ritmo circadiano, proteína tipo TIC.
14973357 F 0-58:G>C-58:G>C	E-R1c	Harosoy Akishinore NS6002 Tamba	<i>Glyma.10G153900</i>	Respuesta al estímulo de ácido absísico y ácido jasmónico, actividad de oxidoreductasa.

Continuación Anexo V. Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14973767 F 0-65:T>C-65:T>C	E-R1c	Harosoy Moyayimame Fukuyutaka	<i>Glyma.11G130300</i>	Lipoxigenasa 2, homeostasis de cationes celulares, respuesta a bacterias, respuesta a la privación de agua, respuesta al estímulo de ácido absísico y ácido jasmónico, respuesta al estímulo de la luz, respuesta al estrés salino, respuesta al frío, transporte de iones metálicos divalentes.
14972460 F 0-23:G>T-23:G>T	E-R1c	NS6002 Moyayimame NattoKotsubu Fukuyutaka Tamba	<i>Glyma.14G036000</i>	Autofosforilación de proteínas, importación de proteínas a la matriz peroxisomal, actividad de hidrolasa.
14974037 F 0-17:A>G-17:A>G	R1-R3p	PI123440 IntaParana5500 LAE9757504 NattoKotsubu	<i>Glyma.14G209400</i>	Proceso de óxido reducción.
14974167 F 0-29:G>A-29:G>A	E-R1, R1-R3p	Harosoy Akishinore PI416937 Crockett	<i>Glyma.15G083800</i>	Fosforilación proteica.
14982884 F 0-19:C>T-19:C>T	E-R1c	Moyayimame	<i>Glyma.16G074200</i>	Respuesta al estímulo de ácido absísico.
14984163	E-R1c	Tamba Crockett	<i>Glyma.16G178700</i>	Regulación de la transcripción dependiente del ADN, respuesta al estímulo de ácido absísico, ácido salicílico, etileno, giberelina, y del ácido jasmónico, respuesta al estrés salino, respuesta al ión cadmio.

Continuación Anexo V. Tabla V-I. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO coincidentes con la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14975838 F 0-46:C>G-46:C>G	E-R1c	PI416937 Harosoy Tamba	<i>Glyma.17G029800</i>	Regulación del desarrollo floral.
14969697	R3-R6p	Mireya42 ACA420 ALIM3.44	<i>Glyma.17G231700</i>	Dirección de proteínas a la vacuola.
14976429 F 0-6:T>C-6:T>C	E-R1c	NS6002 NattoKotsubu Tamba	<i>Glyma.20G113200</i>	Respuesta a la privación de agua, respuesta al frío.
14966283	E-R1c	Moyayimame PROT12FCA	<i>Glyma.20G175700</i>	Respuesta de vernalización.
14979509 F 0-48:G>C-48:G>C	E-R1c	Harosoy	<i>Glyma.20G187200</i>	Fosforilación proteica.

E-R1c: Fase corta en días termales desde emergencia a inicio de floración corto; R1-R3p: fase prolongada en días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación; R3-R6p: fase prolongada en días termales desde inicio de floración a pleno llenado de granos; GO: Gene Ontology.

Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14979317 F 0-31:T>A-31:T>A	E-R1c	LAE0690102 Akishinore NS6002 Moyayimame NattoKotsubu Fukuyutaka Tamba	<i>Glyma.02G032100</i>	Actividad de la N-acetiltransferasa.
14970842	E-R1c	Akishinore NS6002 Fukuyutaka Tamba	<i>Glyma.02G061200</i>	Sin datos.
14974370 F 0-66:C>T-66:C>T	E-R1c, R1-R3p	Harosoy	<i>Glyma.02G150500</i>	Actividad de hidrolasa.
14977509 F 0-23:T>C-23:T>C	R3-R6p	NA5009 DM4670 LAE0690102	<i>Glyma.02G254000</i>	Proceso biosintético de ácido inosínico y purina.
14975065 F 0-51:C>T-51:C>T	E-R1c y R3-R7p	NS6002 Tamba	<i>Glyma.02G277800</i>	Interacción y transporte de proteínas.

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14965970	R1-R3p	Maria50 PI385942 A5409RG PI123440 LAE0696358 LAE0690102 IntaParana5500 LAE9754703 LAE9757504 PROT12FCA IAC100	<i>Glyma.05G226900</i>	Proteína asociada a senescencia.
14976853 F 0-45:A>G-45:A>G, 14973553 F 0-29:A>T-29:A>T	E-R1c	PROT12FCA	<i>Glyma.06G161400</i>	Formación de quiebres de ADN doble hélice durante la meiosis, segregación meiótica de los cromosomas, reproducción de organismos multicelulares, recombinación meiótica recíproca, regulación de la organización de los cromosomas, regulación del mantenimiento de telómeros, respuesta a la radiación gamma, cohesión de cromátidas hermanas, sinapis, mantenimiento de telómeros en respuesta al daño del ADN.
	E-R1c y R3-R7p	Tamba		
14972117 F 0-8:A>G-8:A>G	E-R1c	Harosoy DM4670	<i>Glyma.06G216700</i>	Actividad hidrolítica; unión de cationes metálicos.
14968908	E-R1c	Harosoy DM4670	<i>Glyma.06G218500</i>	Transporte de triosa fosfato, procesos metabólicos de carbohidratos.
14977220 F 0-16:G>T-16:G>T, 14974846 F 0-38:A>T-38:A>T, 14972823, 14972822 F 0-12:A>T-12:A>T, 14971692 F 0-8:A>T-8:A>T	E-R1c	Harosoy DM4670	<i>Glyma.06G253700</i>	Sin datos.

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14971668 F 0-36:C>A-36:C>A	R3-R6p y R3- R7p	NA5009 Enrei FAINTA760 Fukuyutaka Tamba	<i>Glyma.06G303500</i>	Desarrollo de xilema.
	R3-R7p	A7321 Akishinore LAE9754703 LAE9962801 PI90768 Crockett IAC100 PI157440		
14971061 F 0-13:C>A-13:C>A	E-R1c y R3-R7p	NS6002 Fukuyutaka	<i>Glyma.08G140900</i>	Transferencia de grupos fosfato.
	R3-R7p	Enrei		
14983664 F 0-18:C>A-18:C>A	E-R1c y R3-R7p	PI416937 Fukuyutaka	<i>Glyma.08G321900</i>	Proteínas que contienen el dominio SWIB, interacción de proteínas.
	R3-R7p	Enrei		
14970494	E-R1c	Moyayimame PI416937	<i>Glyma.09G057900</i>	Exportación de ARNm del núcleo, importación de proteínas al núcleo, dirección de proteínas a las mitocondrias, maduración de proteínas, interacción de proteínas.

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14971226 F 0-13:G>C-13:G>C	E-R1c	Akishinore NS6002 Fukuyutaka	<i>Glyma.10G169000</i>	Proteínas que contienen el dominio CHHC U11-48K.
14977610 F 0-6:T>A-6:T>A	E-R1c	NS6002 Tamba	<i>Glyma.12G037100</i>	Movimiento de microtúbulos, interacción con ATP.
14977227 F 0-12:A>G-12:A>G	R3-R6p y R3- R7p	NA5009 Tamba	<i>Glyma.12G068100</i>	Procesamiento de ARN, proceso de biosíntesis de acetato desde monóxido de carbono, diferenciación del saco embrionario, cariogamia, oxidación del metanol, transporte de proteínas al núcleo, actividad de la ARN metiltransferasa, interacción con ácido nucleico y iones de Zinc.
14976798 F 0-36:G>A-36:G>A	E-R1c, R3-R6p	PROT12FCA	<i>Glyma.12G075700</i>	Respuesta de defensa contra virus, producción de ARNmi involucrado en el silenciamiento de genes por ARNmi, producción de ARNsi involucrado en el silenciamiento de cromatina, producción de ARNta-si involucrado en la interferencia de ARN, interacción con ARN y proteínas.
	E-R1c, R3-R6p, R3-R7p	NS6002		
14979283 F 0-54:G>A-54:G>A	E-R1c	Harosoy Tamba	<i>Glyma.12G224700</i>	Procesos de biosíntesis de carbohidratos, actividad acetilglucosaminiltransferasa, transferasa asociada a grupos glicosil.

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14967238	E-R1c	Moyayimame PROT12FCA	<i>Glyma.12G225400</i>	Terminación del desarrollo del embrión en semillas, dirección de proteína a cloroplastos.
	E-R1c y R3-R7p	Tamba		
14970130	E-R1c	ACA420	<i>Glyma.14G044900</i>	Segregación de cromosomas, respuesta de defensa contra virus, producción de RNAmi involucrado en el silenciamiento de genes por ARNm, producción de RNAta-si involucrado en la interferencia de ARN, cohesión de cromátidas hermanas, interacción con ATP y cromatina.
14971121 F 0-34:C>T-34:C>T	E-R1c	ACA420	<i>Glyma.14G046100</i>	Proceso catabólico ubiquitina dependiente, interacción con el ion Zinc.
14972905 F 0-62:A>G-62:A>G	R1-R3p	Akishinore IntaParana5500 LAE9757504 Tamba	<i>Glyma.14G073100</i>	Proceso catabólico de D-Ribosa, actividad kinasa.
14981512 F 0-15:G>A-15:G>A	E-R1c	Akishinore NS6002 Moyayimame Tamba	<i>Glyma.14G204600</i>	Respuesta de defensa, Interacción con ADP y nucleótidos, actividad de nucleósido-trifosfatasa.

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14981197 F 0-42:A>T-42:A>T	R1-R3p	PI123440 IntaParana5500 LAE9757504 PI200492 NattoKotsubu	<i>Glyma.14G209800</i>	Actividad de la proteína-lisina N-metiltransferasa, monometilación de peptidil-lisina.
14970599	E-R1c	Akishinore Fukuyutaka	<i>Glyma.15G011500</i>	Actividad de traslocasa ATP: ADP.
14973650	E-R1c	PROT12FCA	<i>Glyma.15G048400</i>	Respuesta de defensa contra virus, producción de ARNmi involucrado en el silenciamiento de genes por ARNmi, producción de ARNta-si involucrado en la interferencia de ARN, cambio de la fase vegetativa, silenciamiento de gen inducido por virus, proceso biosintético de cera.
	E-R1c y R3-R7p	NS6002 NattoKotsubu		
	R3-R7p	LAE9754703		
14973649 F 0-19:G>T-19:G>T	E-R1c	NS6002 PROT12FCA		
14972022 F 0-66:C>T-66:C>T	E-R1c	Tamba	<i>Glyma.15G142600</i>	Interacción con nucleótidos y proteínas, regulación de la transcripción, respuesta a hormonas, regulación del tamaño celular, organización del citoesqueleto,
14979524 F 0-32:G>A-32:G>A	E-R1c	Moyayimame PI416937	<i>Glyma.16G073700</i>	Interacción con grupos 4Fe-4sulfuro.
14969587	E-R1c	Harosoy Akishinore NS6002 Fukuyutaka Tamba Crockett	<i>Glyma.16G098900</i>	Sin datos.

14983608	E-R1c	Harosoy PROT12FCA Tamba	<i>Glyma.16G155800</i>	Terminación del desarrollo del embrión en semillas, proceso biosintético de histidina, actividad catalítica histidinol-fosfato transaminasa, interacción con piridoxal fosfato.
----------	-------	-------------------------------	------------------------	---

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14984136	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu PI157440	<i>Glyma.16G165000</i>	Procesamiento de ARN, regulación del corte de ARN, regulación de la translación, interacción con ARN, ácido nucleico y nucleótidos.
	R3-R7p	Enrei		
14981158	E-R1c y R3-R7p	NattoKotsubu Tamba Crockett	<i>Glyma.16G166200</i>	Sin datos.
14975918 F 0-11:G>A-11:G>A	E-R1c	ACA420 PI71465	<i>Glyma.16G205700</i>	Plegamiento de proteínas, interacción con ATP, actividad de ATPasa, nucleósido-trifosfatasa, interacción con nucleótidos, interacción con proteínas plegadas.
14975838 F 0-46:C>G-46:C>G	E-R1c	PI416937	<i>Glyma.17G029900</i>	Transporte de iones metálicos.
14975579 F 0-63:C>T-63:C>T	E-R1c, R1-R3p	Harosoy NattoKotsubu Tamba	<i>Glyma.17G074100</i>	Fosforilación de proteínas; receptor de membrana con actividad de tirosina-kinasa, interacción con ATP, actividad de kinasa, actividad de serina/treonina kinasa, transferasa, transferencia de grupos que contienen fósforo.
14976141	E-R1c	Tamba	<i>Glyma.17G234500</i>	Exocitosis, acoplamiento de vesículas
14975330 F 0-25:G>A-25:G>A	R3-R6p	Tamba	<i>Glyma.18G030000</i>	Sin datos.

Continuación Anexo V. Tabla V-II. Genes candidatos con el marcador en su secuencia, con GO distintos a la bibliografía, fases involucradas del ciclo del cultivo y genotipos portadores de genes candidatos.

Marcador	Fase	Genotipo	Gen	GO
14978975 F 0-46:A>C-46:A>C	E-R1c y R3-R7p	PI416937 Fukuyutaka	<i>Glyma.18G074600</i>	Sin datos.
	R3-R7p	Enrei		
14975520 F 0-59:C>A-59:C>A	E-R1c	Harosoy	<i>Glyma.18G224900</i>	Actividad acil-CoA hidrolasa, acción en las uniones ester.
14972421 F 0-42:T>A-42:T>A	E-R1c	Moyayimame PI416937	<i>Glyma.19G229800</i>	Transporte intracelular de proteínas, importación de proteínas al núcleo, proceso catabólico de proteínas.
	E-R1c y R3-R7p	NS6002		
14979705	E-R1c, R1-R3p y R3-R7p	Akishinore Tamba	<i>Glyma.20G013900</i>	Sin datos.
	R3-R7p	PI90768		
14976586 F 0-16:C>A-16:C>A	E-R1c	NattoKotsubu Tamba	<i>Glyma.20G105400</i>	Transporte transmembrana
14973974 F 0-44:T>A-44:T>A	E-R1c	Harosoy	<i>Glyma.20G187000</i>	Modificación de ARNm de cloroplastos; proceso metabólico de maltosa, proceso biosintético de almidón, organización de la membrana de tilacoides.

E-R1c: Fase corta en días termales desde emergencia a inicio de floración corto; R1-R3p: fase prolongada en días termales desde inicio de floración a inicio de fructificación; R3-R6p: fase prolongada en días termales desde inicio de floración a pleno llenado de granos; GO: Gene Ontology.