

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes



Tese

**Herança transgeracional da disponibilidade de fósforo na produção de
sementes e rendimento de grãos em soja**

Gustavo Zimmer

Pelotas, 2021

Gustavo Zimmer

**Herança transgeracional da disponibilidade de fósforo na produção de
sementes e rendimento de grãos em soja;**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências.

Orientador: Prof^a. Dr^a. Lilian Vanussa Madruga de Tunes

Coorientador(es): Prof.^a Dr.^a Camila Pegoraro

Prof. Dr. Gustavo Maia Souza

Pelotas, 2021.

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

Z72h Zimmer, Gustavo

Herança transgeracional da disponibilidade de fósforo na produção de sementes e rendimento de grãos em soja / Gustavo Zimmer ; Lilian Vanussa Madruga de Tunes, orientadora. — Pelotas, 2021.

125 f.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2021.

1. Produção de sementes. 2. Vigor de sementes. 3. Nutrição de plantas. 4. Adubação fosfatada. 5. Associação genômica ampla. I. Tunes, Lilian Vanussa Madruga de, orient. II. Título.

CDD : 631.521

Gustavo Zimmer

Herança transgeracional da disponibilidade de fósforo na produção de sementes e rendimento de grãos em soja;

Tese aprovada, como requisito parcial, para obtenção do grau de Doutor em Ciências, Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

Data da Defesa: 23/12/2021

Banca examinadora:

.....
Prof^a. Dr^a. Lilian Vanussa Madruga de Tunes..... (Orientadora)
Doutora em Fitotecnia..... pela Universidade Federal de Santa Maria.....

.....
Prof. Dr. Tiago Zanatta Aumonde.....
Doutor em Ciência e Tecnologia de Sementes pela Universidade Federal de Pelotas.

.....
Prof^a. Dr^a. Andréia da Silva Almeida.....
Doutora em Ciência e Tecnologia de Sementes pela Universidade Federal de Pelotas.

.....
Dr^a. Andréia Bicca Noguez Martins.....
Doutora em Ciência e Tecnologia de Sementes pela Universidade Federal de Pelotas.

.....
Prof^a. Dr^a. Gerusa Massuquini Conceição.....
Doutora em Agronomia pela Universidade Federal de Santa Maria.....

Agradecimentos

À minha orientadora Prof^a. Lilian Vanussa Madruga de Tunes, que me deu incentivo e liberdade para buscar a execução de experimentos diferenciados.

À minha coorientadora Prof^a Dr^a Camila Pegoraro, por estar sempre disposta a me orientar e auxiliar quando da execução de análises fora de minha expertise.

Aos demais professores e funcionários do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes pelo suporte fundamental na realização das atividades de pesquisa.

Aos colegas Alcimar Mazon, Ana Suñé, Bruna Barreto Reis, Carla Dias Tunes, Gustavo Rodrigues, Henrique Lopes Chagas, Luís Henrique Konzen, Mariana Salbego Franco, Jacqueline Barcelos e Patricia Migliorini do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes da UFPel e Alexandra Ostezan, Ethan Menke, Mark Muller, Renan Souza e Silva, Sam McDonald e Ivy Tran do *Soybean Breeding and Genetics Laboratory* da Universidade da Geórgia pela amizade e ensinamentos valiosos obtidos durante os momentos divididos.

Aos estagiários, Dienifer Borges, Gabriela Dias Gomes, Victória Dias, William Lorenski Corrêa, pelo auxílio na execução dos trabalhos, sem vocês esse trabalho não teria sido possível.

Aos meus amigos e ex-colegas de apartamento Andrés Monge Vargas e Joanei Cechin.

À minha família, sempre pronta a me dar suporte e afeto durante os momentos de dificuldade.

À minha namorada Thais Ongaratto de Camargo, parceira e incentivadora durante todo esse período.

Às agências de fomento CAPES e CNPq pelas bolsas de doutorado e de doutorado sanduíche, as quais viabilizaram a realização das atividades de pesquisa.

À Deus, pelo dom da vida e a oportunidade de viver sob sua infinita Graça.

RESUMO

ZIMMER, Gustavo. Herança transgeracional da disponibilidade de fósforo na produção de sementes e rendimento de grãos em soja. Orientadora: Lilian Vanussa Madruga de Tunes. 2021. 125 f. Tese (Doutorado em Ciência e Tecnologia de Sementes) – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2021.

O efeito da adubação fosfatada em sementes de diversas espécies tem sido extensivamente estudado à medida que o setor sementeiro brasileiro atinge um grau avançado de maturidade. Embora diversos trabalhos tenham avaliado os efeitos da adubação fosfatada na qualidade física e fisiológica de sementes de soja, poucos trabalhos observaram diferenças acentuadas nos testes de vigor e viabilidade empregados, contudo, respostas acentuadas na produtividade de grãos na geração subsequente foram observadas em alguns destes estudos. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar os mecanismos responsáveis pelo desempenho superior de sementes de soja produzidas sob elevada disponibilidade de fósforo. No capítulo I, foi realizada a seleção de cultivares contrastantes para tolerância à limitação de fósforo. Seis cultivares apresentaram desempenho superior enquanto quatro cultivares foram mais afetadas pela deficiência de fósforo. No capítulo II, foram produzidas sementes das cultivares DM 66i68 RSF IPRO (mais tolerante ou mais estável) e SYN 15630 IPRO (mais sensível ou responsiva) sob doses proporcionais a 0, 50, 100, 150 e 200% do recomendado de P para uma expectativa de rendimento de 5 t ha⁻¹ de grãos. A adubação fosfata promove maior crescimento e produção de matéria seca, a melhoria de todos os componentes do rendimento, aumenta a proporção entre matéria seca total da parte aérea e a produção de grãos, aumenta a concentração dos minerais P, Ca, Mg, Fe e Zn. Sementes produzidas sob maior disponibilidade de fósforo apresentam menor perda de solutos durante a embebição nos testes de condutividade elétrica e lixiviação de potássio e produzem plântulas com maior índice de velocidade de emergência, matéria seca de partes e área foliar. No capítulo III, sementes de ambas cultivares avaliados no capítulo II e produzidas sob as doses de 0%, 50% e 200% de fósforo foram utilizadas para a produção de grãos usando as doses de 0 e 200% de fósforo. Maiores doses de fósforo na produção de sementes acarretam no aumento da altura de plantas, número de nós, diâmetro do caule, produção de grãos e massa de mil sementes durante a produção de grãos. No capítulo IV, são apresentados os resultados obtidos durante período sanduíche na University of Georgia onde foi realizado estudo de associação genômica ampla (GWA) para a característica grupo de maturação em variedades de soja do banco de germoplasma da USDA. Foram utilizados 16.879 genótipos pertencentes aos grupos de maturação 000 a IX. Através de associações pareadas entre cada grupo de maturação adjacente foram detectados 58 QTLs dos quais 54 foram confirmados através de GWA utilizando todos os acessos. Esses resultados podem auxiliar melhoristas na manipulação dos loci para o melhoramento genético da produtividade em soja.

Palavras-chave: produção de sementes. vigor de sementes. nutrição de plantas. adubação fosfatada. associação genômica ampla. grupos de maturação.

ABSTRACT

ZIMMER, Gustavo. Transgenerational inheritance of phosphorus availability on soybean seed production and grain yield. Advisor: Lilian Vanussa Madruga de Tunes. 2021. 125f. Dissertation (Doctorate in Seed Science and Technology) – Eliseu Maciel College of Agronomy, Federal University of Pelotas, Pelotas, 2021.

The effect of phosphate fertilization on seeds from several species has been extensively studied as the Brazilian seed market reaches an advanced degree of maturity. Although several studies have evaluated the effect of phosphate fertilization on soybean seed physical and physiological quality, only a few studies observed marked differences on seed viability and vigor tests performed, however, marked responses on yield on the subsequent generation were observed in some of these studies. Thus, the aim of this research was to identify the underlying mechanisms responsible for the superior performance of soybean seeds produced under elevated availability of phosphorus. On chapter I, contrasting cultivars were selected for tolerance to phosphate starvation. Six cultivars presented superior performance while four were more severely affected by phosphate starvation. On chapter II, seeds from the cultivars DM 66i68 RSF IPRO (more tolerant or more stable) and SYN 15630 IPRO (more sensitive or responsive) were produced under doses proportional to 0, 50, 100, 150 and 200% of the recommended P dosage for a yield expectation of 5 Mg ha⁻¹. Phosphate fertilization promotes growth and dry matter production, improves all yield components, increases the ratio between total dry matter and yield, promotes greater concentration of the minerals P, Ca, Mg, Fe and Zn on seeds. Seeds produced under greater availability of phosphorus present less solute loss during imbibition on the electrical conductivity and potassium leakage tests and produce seedlings with greater speed of emergence index, greater dry matter of components and leaf area. On chapter III, seeds from both cultivars evaluated on chapter II and produced under the doses of 0%, 50% and 200% of phosphorus were used for grain production using the doses 0 and 200% of phosphorus. Greater doses of phosphorus during seed production led to increased plant height, node number, shoot diameter, grain yield and 1000-seeds weight during grain production. On chapter IV, the results from a study performed during the Doctoral Exchange Program at the University of Georgia are presented where a genome-wide association (GWA) study for the characteristic maturity group on soybean varieties from the USDA germplasm was carried out. 16879 genotypes from maturity groups 000 through IX were used. Using paired associations between every two adjacent maturity groups, 58 QTLs were detected from which 54 were confirmed in the GWA with all the accessions. The results generated can help soybean breeders manipulate the maturity loci for genetic improvement of soybean yield.

Keywords: seed production. seed vigor. plant nutrition. phosphate fertilization. genome-wide association. maturity groups.

Lista de Figuras

Figura 1 - Características morfológicas durante o desenvolvimento de cultivar tolerante e suscetível sob distintas doses de fósforo. FAEM/UFPeI, Capão do Leão, 2019.	36
Figura 2 - Produção de matéria seca de partes: e percentual de grãos em relação a matéria seca de parte aérea de cultivares de soja estável e responsiva a disponibilidade de fósforo submetidas a diferentes doses. FAEM/UFPeI. Capão do Leão, 2019.	38
Figura 3 - Componentes do rendimento durante a produção de sementes de cultivar estável e responsiva à dose de fósforo. FAEM/UFPeI, Capão do Leão, 2019.	40
Figura 4 - Retenção de sementes de cultivares estável e responsiva à disponibilidade de fósforo sob distintas doses. UFPeI/FAEM, Capão do Leão, 2019.	42
Figura 5 - Qualidade fisiológica em sementes de cultivar estável e responsiva à dose de fósforo. FAEM/UFPeI, Capão do Leão, 2019.	55
Figura 6 - Desempenho inicial de plântulas derivadas de sementes de cultivar estável e responsiva à disponibilidade de fósforo produzidas sob diferentes doses. FAEM/UFPeI. Capão do Leão, 2019.	56

Lista de Tabelas

Tabela 1 - Lista de cultivares comerciais utilizadas para seleção de tolerância a deficiência de fósforo. UFPel, Capão do Leão, 2018.	20
Tabela 2 - Desempenho relativo médio (%) de 22 cultivares de soja aos 28 dias após a emergência submetidas a disponibilidade limitada de fósforo. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	23
Tabela 3 - Faixas de trabalho para cada mineral analisado.	31
Tabela 4 - Características morfológicas de plantas de soja de cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	34
Tabela 5 - Diâmetro do caule de plantas de soja de cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	34
Tabela 6 - Produção de matéria seca de partes durante a produção de sementes em cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	37
Tabela 7 - Percentual de grãos em relação a matéria seca dos componentes da parte área. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	39
Tabela 8 - Médias gerais das cultivares para os componentes do rendimento vagens c/1 grão, grãos/vagem e peso de mil sementes. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	39
Tabela 9 - Componentes do rendimento em cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	41
Tabela 10 - Médias gerais das cultivares para o percentual de sementes retidas em cada peneira e tamanho das sementes. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	43
Tabela 11 - Percentual de sementes retidas nas peneiras 5 e 7mm para sementes de cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	43
Tabela 12- Concentração de macro e micronutrientes em sementes de soja estável e responsiva a disponibilidade de fósforo sob diferentes doses. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	47

Tabela 13 - Qualidade fisiológica de sementes de cultivar de soja tolerante/estável e suscetível/responsiva à disponibilidade de fósforo. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.	53
Tabela 14 - Diâmetro do caule (mm) aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a semeadura em soja de cultivar tolerante e suscetível a deficiência de fósforo sob distinta disponibilidade na produção de sementes e grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.	67
Tabela 15 - Altura de planta (cm) aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a semeadura em soja de cultivar tolerante e suscetível a deficiência de fósforo sob distinta disponibilidade na produção de sementes e grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.	69
Tabela 16 - Número de nós do ramo principal aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a semeadura em soja de cultivar tolerante e suscetível a deficiência de fósforo sob distinta disponibilidade na produção de sementes e grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.	71
Tabela 17 - Produção de matéria seca de partes e percentual de grãos em relação a matéria seca de parte aérea de cultivares de soja estável e responsiva a disponibilidade de fósforo submetidas a diferentes doses de fósforo na produção de sementes e de grãos. FAEM/UFPel. Capão do Leão, 2020.....	73
Tabela 18 - Componentes do rendimento de plantas de soja de cultivar tolerante/estável e suscetível/responsiva a disponibilidade de fósforo sob distintas doses do nutriente na produção de sementes e de grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.	75
Tabela 19 – Peso de mil sementes (g) e produção de grãos (g planta ⁻¹) de cultivar estável e responsiva à disponibilidade de fósforo soja sob distintas doses do nutriente na produção de sementes e de grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.....	77

Sumário

1. Introdução.....	9
1.1 O mercado de sementes de soja no Brasil.....	9
1.2 Vigor de sementes: importância e avaliação	9
1.3 <i>Fósforo: importância para as plantas, adaptações metabólicas e consequências da limitação</i>	14
1.4 Mecanismos de resposta à estresses e a memória transgeracional	15
2. Capítulo I: Seleção de cultivares tolerantes e suscetíveis a disponibilidade limitada de fósforo	18
2.1 Introdução.....	18
2.2 Objetivo	19
2.3 Material Vegetal	19
2.4 Localização do Experimento.....	19
2.5 Correção e adubação do solo	20
2.6 Semeadura	21
2.7 <i>Manejo da cultura</i>	21
2.8 Tratamentos e delineamento experimental	21
2.9 Avaliações realizadas	22
2.10 Resultados e Discussão	22
2.11 Conclusões	24
Referências	25
3. Capítulo II: Produção de sementes de soja de cultivares tolerante ou estável e cultivar suscetível ou responsiva à adubação fosfatada.....	26
3.1 Introdução.....	26
3.2 Objetivo	27
3.3 Material Vegetal	27
3.4 Localização do Experimento.....	27
3.5 Correção e adubação do solo	28
3.6 Semeadura	28
3.7 Manejo de pragas e doenças	28
3.8 Tratamentos	29
3.9 Avaliações realizadas	29
3.10 Delineamento experimental	33
3.11 Resultados e Discussão	33
3.12 Conclusões	58

Referências	59
4. Capítulo III: Impacto da adubação fosfatada durante a produção de sementes na produção de grãos e efeito transgeracional.....	61
4.1 Introdução.....	61
4.2 Objetivo	62
4.3 Material Vegetal.....	63
4.4 Localização do experimento	63
4.5 Correção e adubação do solo	63
4.6 Semeadura	64
4.7 Manejo de pragas e doenças	64
4.8 Tratamentos	64
4.9 Avaliações realizadas	65
4.10 Delineamento experimental	66
4.11 Resultados e discussão.....	66
4.12 Conclusões	80
Referências	81
5. Capítulo IV: Controle genético e variação alélica entre os grupos de maturação da soja entre 000 e IX	83
5.1 Abstract	84
5.2 Introduction.....	84
5.3 Materials and Methods	87
5.4 Results	88
5.5 Discussion	103
Acknowledgments	106
Data Availability Statement	106
Conflict of Interest Disclosure.....	106
ORCID	106
References	106
6. Considerações Finais	110
Referências Bibliográficas	111

1. Introdução

1.1 *O mercado de sementes de soja no Brasil*

A soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é a cultura de maior expressão na agricultura brasileira, respondendo por 56% da área cultivada com grãos na safra 2020/2021, o que corresponde a mais de 40 milhões de hectares (CONAB, 2021) com uma produtividade média estimada de 3,56 toneladas ha⁻¹, que colocam o País na primeira posição em produção a nível mundial (USDA, 2021). Devido à magnitude do complexo soja, desenvolveu-se no Brasil um robusto e atrativo mercado de sementes, existindo na safra 2014/15 uma demanda efetiva de sementes de mais de 1,36 milhões de toneladas (ABRASEM, 2019), contudo, a taxa de utilização de sementes comerciais no País é de apenas 71% (ABRASEM, 2019). Assim, de forma a fornecer subsídios para a comercialização de sementes e diminuir a utilização de semente salva ou pirata, diversos estudos têm buscado melhorar as técnicas de produção de sementes e quantificado o efeito da utilização de sementes de alta qualidade através da associação entre o vigor de sementes e a produtividade de grãos.

1.2 *Vigor de sementes: importância e avaliação*

O conceito de vigor envolve “um conjunto de características que determinam o potencial para a emergência e o rápido desenvolvimento de plântulas normais” (MARCOS FILHO, 1999). Da mesma maneira, para cada espécie ou ainda, para uma mesma espécie, diferentes testes de vigor podem ser empregados dependendo do objetivo de estudo e da etapa em que a semente se encontra dentro do processo de produção, armazenamento e utilização. Dentre os principais testes de vigor atualmente empregados na cultura da soja podem ser mencionados o teste de envelhecimento acelerado e o teste de tetrazólio.

Os testes de vigor têm sido utilizados, principalmente, para proporcionar informações adicionais ao teste de germinação (MARCOS FILHO, 1999) permitindo a tomada de decisão quanto a melhor forma de utilização de lotes de sementes tais como a opção pelo descarte do lote, posicionamento dos lotes em diferentes ambientes e quanto ao método tratamento de sementes a ser empregado, contudo, vários estudos já têm demonstrado a importância do vigor de sementes não apenas no estabelecimento das culturas, mas também na sua produtividade. Balbinotti Filho

(2014), por exemplo, testou níveis de vigor entre 81 e 97% na cultura da soja, mensurados através do teste de tetrazólio, e obteve um incremento aproximado de 60 kg ha⁻¹ de grãos à cada 1,5% adicionais no vigor das sementes. Bagateli (2015) obteve incrementos de até 28 kg ha⁻¹, dependendo do cultivar, em função de um incremento de 1% no vigor de sementes, avaliado pelo teste de envelhecimento acelerado. Ainda, Scheeren et al. (2010) ao avaliarem lotes de sementes de soja de alto e baixo vigor, com diferença média de vigor de 30% pelo teste de tetrazólio e 23% pelo teste de emergência a campo e utilizando um fator de correção para a semeadura, observaram uma produtividade de grãos 9% (311 kg ha⁻¹) superior em decorrência do uso de lotes de sementes de alto vigor.

Paralelamente, outros trabalhos têm se dedicado à melhoria das técnicas de produção, secagem e beneficiamento de sementes visando a obtenção de índices superiores de qualidade das sementes e, conseqüentemente, maior produtividade de grãos. Nesse sentido, destaca-se trabalho realizado por Marin (2015) que, utilizando diferentes doses de fósforo na produção de sementes, observou um aumento de 9% no vigor das sementes produzidas, mensurado pelo teste de tetrazólio, entre a menor e a maior dose de adubação fosfatada aplicada e de quase 1500 kg ha⁻¹ na fase de produção de grãos, os quais foram cultivados sob a dose recomendada de adubo fosfatado. Percebe-se que o incremento em produtividade constatado nesse trabalho é bastante superior, comparativamente aos outros trabalhos presentes na literatura, observados em decorrência de incrementos semelhantes no vigor das sementes.

As magnitudes distintas de resposta em produtividade para o mesmo teste de vigor, nesse caso o teste de tetrazólio, podem estar relacionadas às condições ambientais contrastantes durante a fase de produção de grãos, possíveis diferenças na composição química e tamanho entre os lotes de sementes, a diferenças intrínsecas entre cultivares, e ainda, devido à natureza do teste de vigor utilizado. Nesse sentido, ressalta-se que o teste de tetrazólio, utilizado no trabalho realizado por Marin (2015), realiza a estimativa do vigor das sementes a partir da identificação da ocorrência de danos como a deterioração por umidade, danos mecânicos e pela ação de percevejos e, dessa forma, não se constitui na melhor alternativa para a avaliação de mudanças no vigor das sementes decorrentes da nutrição das plantas durante a fase de produção de sementes. Assim, testes como o de transferência de matéria seca de plântulas, testes baseados na integridade das membranas, como a condutividade elétrica e lixiviação de potássio, e testes de resistência a estresses, como o teste de

envelhecimento acelerado, se constituem em melhores alternativas para avaliação do vigor em experimentos que avaliam a resposta das sementes à adubação.

Estudos recentes têm demonstrado ainda, que plantas cultivadas sob condições ambientais estressantes podem apresentar alterações no comportamento de sua progênie através de mecanismos como a memória transgeracional (BILICHAK e KOVALCHUK, 2016). Esses mecanismos não são detectados pelos testes de vigor atualmente empregados, acarretando diferenças de desempenho que não podem ser explicadas pelas diferenças no vigor das sementes. Nesse sentido, os resultados apresentados por Marin (2015) podem ainda ser decorrentes de efeito epigenético transgeracional, causado pela deficiência de fósforo, no desempenho das plantas resultantes durante a produção de grãos, ainda que estas diferenças de desempenho sejam de difícil detecção pelo teste de vigor empregado pelo autor.

1.3 Fósforo: importância para as plantas, adaptações metabólicas e consequências da limitação

O fósforo é um fator limitante para a produtividade da cultura da soja e em países tropicais como o Brasil, que é dependente de fontes importadas desse nutriente (IEA, 2018), a disponibilidade é limitada devido ao alto grau de intemperização do solo, onde predominam argilas 1:1 e óxidos de ferro e alumínio que possuem elevada afinidade por fósforo (CAMPOS, 2014). No solo, este nutriente é encontrado em elevadas quantidades, contudo, a formação de compostos insolúveis com o alumínio, ferro e cálcio resulta em reduzida disponibilidade na solução (PÉRET et al., 2011), acarretando a necessidade da adição de adubos fosfatados. Mundialmente, as principais reservas de fósforo têm diminuído rapidamente e estima-se que devam se esgotar até o final deste século (VANCE et al., 2003). Por outro lado, aplicações excessivas de fertilizantes fosfatados estão relacionadas à eutrofização dos recursos hídricos, tornando a ciclagem do fósforo um fator crítico para a redução da poluição das águas superficiais.

Nas plantas, o fósforo é componente de importantes moléculas orgânicas como os ácidos nucleicos, o ATP e os fosfolipídios de membrana, atuando também na regulação da atividade de inúmeras enzimas através da fosforilação. A molécula de ATP é produzida a partir de ADP+Pi durante a fosforilação oxidativa na respiração e na fase fotoquímica da fotossíntese, sendo utilizado posteriormente para a redução

do carbono (TAIZ & ZEIGER, 2013). Na ausência de ATP ocorre o estímulo à glicólise, de acordo com o efeito de Pasteur, e o bloqueio do processo de fixação do carbono atmosférico no Ciclo de Calvin (C3), aumentando a proporção entre NADPH/NADP. Nesse sentido, alguns fluxos alternativos de elétrons que agem como mecanismos de proteção em condições de elevada intensidade luminosa envolvem a fotofosforilação acíclica, a qual necessita na síntese de ATP e será limitada devido à baixa disponibilidade de Pi, e a reação de Mehler, que leva à produção de espécies reativas de oxigênio (ROBERTY et al., 2014).

Na cultura da soja, Singh et al. (2014) caracterizou algumas respostas à deficiência de fósforo, constatando que concentrações limitantes provocam a redução na taxa fotossintética, na condutância estomática, na concentração de CO₂ subestomática, na fotossíntese líquida, na área foliar e massa seca de plantas, na eficiência de uso e de absorção de nitrogênio e na produtividade de sementes e acarretam no aumento da razão raiz/parte aérea. Em trabalho complementar, Singh et al. (2016), também observaram redução nas concentrações de diversos minerais como o potássio, cálcio, zinco, magnésio, cobre, entre outros, em sementes de soja em decorrência da deficiência de fósforo durante o desenvolvimento da espécie.

Segundo Péret et al. (2011) a inibição do crescimento da raiz primária, o maior crescimento das raízes laterais e de pelos radiculares constituem modificações morfológicas que permitem o aumento na absorção de fósforo, o qual é encontrado em maiores concentrações na camada superficial do solo. Em contrapartida, Plaxton e Tran (2011) enumeraram adaptações metabólicas que permitem o aumento da absorção e da eficiência de utilização de fósforo, como o aumento na síntese de fosfatases ácidas, de hidrolases e de transportadores de fósforo de elevada afinidade, o uso de desvios metabólicos visando a economia de ATP e a manutenção do fluxo respiratório, a substituição dos fosfolipídios de membrana por sulfolipídios e galactolipídios e a excreção de ácidos orgânicos. Dessa maneira, modificações morfológicas e no metabolismo das plantas constituem estratégias adaptativas e/ou mecanismos de defesa que visam diminuir o estresse causado pela limitação de fósforo.

1.4 Mecanismos de resposta à estresses e a memória transgeracional

A ativação de mecanismos de defesa a estresses bióticos ou abióticos é, em geral, coordenada por moléculas de sinalização e detecção celular e pelo efeito do estresse oxidativo que, quando severo, pode danificar diversas biomoléculas incluindo o próprio DNA. Em nível somático, plantas submetidas à estresses adquirem “memória epigenética” ou “*stress imprint*” que as prepara para novas exposições à estresses, que podem ser similares ou não, tais fenômenos são conhecidos como aclimação ao estresse ou resistência sistêmica adquirida (RSA) em resposta à estresses abióticos e bióticos, respectivamente (BILICHAK e KOVALCHUK, 2016).

Estudos recentes têm demonstrado que esta memória pode ser fixada na cromatina ou em níveis diferenciais de siRNAs no citoplasma de gametas ou do embrião em desenvolvimento, tal fenômeno é chamado de memória transgeracional e é dependente do genótipo e do tipo de estresse à que a planta foi submetida (BILICHAK e KOVALCHUK, 2016). Um exemplo de variação fenotípica de natureza epigenética bastante persistente é a mutante pilórica, que é a mudança na simetria floral bilateral para radial em plantas do gênero *Anthirinum* originalmente descrita por Lineu, cujo fenótipo se mantém estável por mais de 250 anos (CUBAS et al., 1999).

Na literatura, trabalhos já demonstraram a transmissão de marcas epigenéticas para a progênie de plantas submetidas a estresses. Migicovsky et al. (2014), em experimento realizado com plantas de *Arabidopsis thaliana* (L) Heynh onde os genitores foram submetidos à estresse por elevada temperatura, observaram modificações no número, comprimento e largura das folhas, as quais constituem modificações adaptativas ao estresse por elevada temperatura, sendo que as maiores diferenças entre a progênie de plantas estressadas ou não foram observadas sob condições normais de cultivo. Além disso, os autores constataram o aumento da expressão do fator de transcrição *HSFA2* (*heat shock factor 2*) e diminuição da expressão de genes relacionados ao reparo do DNA, regulação da estrutura da cromatina e da metilação do DNA, sendo que a diminuição da expressão desses genes já foi previamente constatada na progênie de plantas submetidas à estresse por salinidade (BILICHAK et al., 2012).

É importante mencionar, no entanto, a existência de custo adaptativo na indução de resistência de plantas a fatores bióticos e abióticos, conforme observado por Kuhn e Pascholati (2010) ao induzirem resistência à patógenos em plantas de feijoeiro. Nesse sentido, Crisp et al. (2016) afirmam que a memória do estresse pode ser mal adaptativa, prejudicando a recuperação e afetando o desenvolvimento e

produtividade potencial sendo que em algumas situações o “esquecimento” pode ser favorável às plantas. Adicionalmente, segundo Hofmeister et al. (2017) a metilação do DNA, um dos mecanismos associados a transmissão da memória transgeracional, é herdada de forma estável pela progênie das plantas e o surgimento de epialelos são raros. No caso da deficiência de fósforo, por exemplo, a exsudação de ácidos orgânicos pelas raízes, que é aumentada em condições limitantes desse nutriente, pode variar entre 10 e 25% da massa de matéria seca total da planta (VANCE et al., 2003) e poderia constituir uma desvantagem competitiva para plantas sob condições de disponibilidade de fósforo. Dessa maneira, a existência de custo adaptativo devido à memória epigenética pode representar um fator limitante a produtividade das culturas sob condições de cultivo favoráveis.

Os mecanismos moleculares de resposta ao estresse por deficiência de fósforo já foram objeto de diversos trabalhos, sendo que para *Arabidopsis* e soja, podem ser citados os trabalhos desenvolvidos por Yong-Villalobos et al. (2015) e Wang et al. (2016). Entretanto, não existem trabalhos que tenham investigado a possibilidade de herança transgeracional decorrente da deficiência desse nutriente na cultura da soja. Tal fenômeno, poderia corroborar os resultados obtidos por Marin (2015), o qual pode estar associado a desativação de mecanismos de tolerância a estresse que apresentem elevado custo adaptativo, com consequente aumento de produtividade. Além disso, o trabalho mencionado não avaliou os efeitos da escassez de fósforo na produção de sementes sob as plantas resultantes quando cultivadas sob condições limitantes do nutriente, havendo a possibilidade de maior adaptação dessas plantas, comparativamente a plantas originárias de sementes produzidas sob elevada disponibilidade. Outro aspecto importante não abordado no trabalho é a possibilidade de respostas diferenciais entre cultivares tolerantes e suscetíveis a deficiência de fósforo visto que o fenômeno de herança transgeracional parece ser genótipo-dependente.

2. Capítulo I: Seleção de cultivares tolerantes e suscetíveis a disponibilidade limitada de fósforo

2.1 Introdução

A soja (*Glycine max* [L] Merrill) é a principal cultura de grãos no Brasil com mais de 40 milhões de hectares previstos para a safra 2020/21, que representam 56% da área cultivada com grãos no País (CONAB, 2021). Dentre as limitações à produtividade da cultura está a deficiência de fósforo. Em países tropicais como o Brasil, que é dependente de fontes importadas desse nutriente (IEA, 2018), a disponibilidade é reduzida devido ao alto grau de intemperização do solo, onde predominam elementos de elevada afinidade por fósforo (CAMPOS, 2014).

As plantas de uma mesma espécie apresentam, de forma geral, respostas diferenciadas à disponibilidade de nutrientes sendo algumas cultivares ou híbridos mais estáveis enquanto outros tendem a ser mais responsivos. Obtentores de cultivares comerciais de soja disponibilizam o nível de exigência de suas cultivares através de informações relativamente abstratas, como por exemplo, classificações quanto ao nível de exigência à fertilidade. Essas classificações, embora extremamente úteis aos assistentes técnicos e produtores rurais, são insuficientes para a realização de experimentos visando nutrientes específicos, como o fósforo, não existindo abundância de informações quanto aos níveis de tolerância à deficiência de fósforo para as cultivares comerciais brasileiras.

Marin, et al. (2015) utilizou a cultivar de soja CD 242 RR e observou efeito da disponibilidade de fósforo nas características vigor de sementes pelo teste de tetrazólio e produtividade de grãos na geração subsequente. Pazin (2015) utilizou 5 cultivares de soja produzidas sob distintas disponibilidades de fósforo e seus resultados, embora demonstrem uma tendência de maior qualidade e desempenho de sementes produzidas sob maior disponibilidade de fósforo, não foram significativos para todas as cultivares. Por outro lado, Oliveira (2015), utilizou a cultivar DM 5958 RSF IPRO e não observou efeito das doses de fósforo durante a produção de sementes em nenhuma característica avaliada durante a produção de grãos. Da mesma forma, Batistella et al. (2013) não observou efeito da adubação fosfatada em nenhuma característica da qualidade de sementes com exceção da lixiviação de

potássio no primeiro ano de seu estudo ao utilizar a cultivar MG/BR 46 (Conquista). Esses resultados evidenciam que a resposta das cultivares de soja para as características da qualidade de sementes em função da disponibilidade de fósforo é dependente do genótipo. Dessa maneira, estudos visando elucidar os mecanismos pelos quais a disponibilidade de fósforo pode afetar a qualidade das sementes de soja e o subsequente desempenho das plântulas e plantas durante a produção de grãos devem, portanto, considerar a importância do componente genético em seus estudos.

A seleção de cultivares para tolerância à estresses deve submeter as plantas à níveis suficientes para que seja possível discriminá-las sem, contudo, acarretar na morte de todas as plantas. Nesse sentido, a identificação do nível adequado de estresse é fundamental para uma seleção eficiente e com aplicação prática na agricultura. Wang et al. (2016), por exemplo, utilizou experimento hidropônico para selecionar cultivares de soja com desempenhos contrastantes sob distinta disponibilidade de fósforo. Contudo, a disponibilidade de fósforo tem efeito direto na fixação biológica de nitrogênio (Singh, et al. 2016), dessa maneira, a utilização exclusiva de experimentos hidropônicos que forneçam nitrogênio para a seleção de cultivares pode não refletir uma condição real de campo.

2.2 *Objetivo*

O objetivo deste trabalho foi identificar a existência de respostas contrastantes à disponibilidade de fósforo em cultivares de soja indicadas para o cultivo na Região Sul do Brasil.

2.3 *Material Vegetal*

Para a seleção de cultivares foram obtidas sementes de 27 cultivares comerciais indicadas para semeadura na região Sul do Brasil. Em decorrência de sua baixa qualidade fisiológica, 5 cultivares foram posteriormente excluídas do estudo por terem produzido somente plântulas de baixo vigor. As características de cada cultivar são descritas na Tabela 1.

2.4 *Localização do Experimento*

O trabalho foi realizado em casa de vegetação pertencente à Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, situada à altitude de 13 m, 31° 52' de latitude Sul e 52° 21' de longitude Oeste. O clima da região é do tipo Cfa segundo a classificação de Köppen, com chuvas bem distribuídas e verão quente.

Tabela 1 - Lista de cultivares comerciais utilizadas para seleção de tolerância a deficiência de fósforo. UFPel, Capão do Leão, 2018.

Cultivar	Obtento	GM	Hábito	PMS (g)
BMX Raio IPRO	<i>Brasmax Genética</i>	5.0	Indeterminado	201
NS 5258 RR	<i>Nidera Sementes</i>	5.0	Indeterminado	-
DM 53i54 RSF IPRO	<i>Donmario Sementes</i>	5.4	Indeterminado	200
BMX Zeus IPRO	<i>Brasmax Genética</i>	5.5	Indeterminado	209
DM 5958 RSF IPRO	<i>Donmario Sementes</i>	5.8	Indeterminado	172
BMX Delta IPRO	<i>Brasmax Genética</i>	5.9	Indeterminado	168
M 5947 IPRO	<i>BAYER</i>	5.9	Indeterminado	-
BS 2606 IPRO	<i>BASF</i>	6.0	Indeterminado	165
TMG7262 RR	<i>Tropical Melhoramento & Genética S.A.</i>	6.0	Semideterminado	194
DM 61i59 RSF IPRO	<i>Donmario Sementes</i>	6.1	Indeterminado	-
SYN 1561 IPRO	<i>Syngenta Brasil</i>	6.1	Indeterminado	164
NA 5909 RG	<i>Nidera Sementes</i>	6.2	Indeterminado	-
TMG 7062 IPRO	<i>Tropical Melhoramento & Genética S.A.</i>	6.2	Semideterminado	200
M 6410 IPRO	<i>Bayer</i>	6.4	Indeterminado	145
SYN 15630 IPRO	<i>Syngenta Brasil</i>	6.3	Indeterminado	164
TMG 7063 IPRO	<i>Tropical Melhoramento & Genética S.A.</i>	6.3	Indeterminado	191
TEC IRGA 6070	<i>BASF</i>	6.3	Indeterminado	145
BS IRGA 1642 IPRO	<i>BASF</i>	6.4	Indeterminado	-
DM 66i68 RSF IPRO	<i>Donmario Sementes</i>	6.6	Indeterminado	194
BMX Valente RR	<i>Brasmax Genética</i>	6.7	Indeterminado	189
BMX Ícone IPRO	<i>Brasmax Genética</i>	6.8	Indeterminado	185
CD 2737 RR	<i>Codetec</i>	7.3	Indeterminado	147

2.5 Correção e adubação do solo

As características químicas do solo utilizado são apresentadas no Anexo A. A acidez do solo foi corrigida utilizando-se 0,3 g CaO kg de solo⁻¹ (PRNT:167%). A quantidade de corretivo de acidez foi determinada através de curva de calibração, adicionando diferentes percentuais da dose de corretivo recomendado e, após a incubação, foi realizada a determinação do pH H₂O do solo. Essa abordagem foi adotada em decorrência de experiência prévia com esse solo que demonstrou que a utilização das doses recomendadas no manual de adubação e calagem resultava em

aumento excessivo do pH (acima de 7,0) com consequente limitação da disponibilidade do fósforo e micronutrientes fornecidos. Para adubação potássica foram adicionados 0,21 g de KCl kg de solo⁻¹ (100 ppm de K kg de solo⁻¹). Nos tratamentos onde foi realizada a correção para fósforo foi utilizada uma dose de 0,56 g de superfosfato triplo kg de solo⁻¹ (100 ppm de P kg de solo⁻¹). A correção do solo foi realizada previamente à semeadura com a homogeneização dos fertilizantes previamente moídos em 3 kg de solo seco, em seguida, o solo foi umedecido até o ponto de friabilidade e depositado em vasos plásticos de 4 Litros de volume total, selados com filme plástico para a manutenção da umidade.

2.6 Semeadura

Após um período de incubação de 15 dias, foi realizada a semeadura utilizando-se 10 sementes por balde, sendo que cada balde constituiu uma unidade experimental. As sementes utilizadas foram previamente tratadas com o produto comercial Standak® Top (fungicida e inseticida) e inoculadas utilizando inoculante turfoso contendo a espécie *Bradyrhizobium japonicum*. Aos sete dias após a semeadura foi realizado o desbaste mantendo-se 4 plantas uniformes por balde.

2.7 Manejo da cultura

A irrigação foi realizada diariamente e a necessidade de água determinada através da pesagem dos vasos. Aos 14 e 21 dias após a emergência (DAE) as plântulas foram aspergidas com fertilizante foliar *NutriJá Premium* (Soja/Feijão), utilizando a dose recomendada pelo fabricante. Foi necessário o manejo semanal de insetos devido à presença de mosca branca (*Bemisia tabaci* raça B [Bellows & Perring]), trips e o ácaro-rajado (*Tetranychus urticae*). Insetos comuns em experimentos realizados em casa de vegetação. O manejo foi realizado através aplicações rotacionadas dos inseticidas: Engeo Pleno™ S (Tiametoxam + Lambda-Cialotrina), Mustang® 350 EC (Zeta-Cipermetrina) e Pyrinex 480 EC (Clorpirifós). Não foi observada a ocorrência de percevejos.

2.8 Tratamentos e delineamento experimental

O experimento foi conduzido em Blocos Completos Casualizados com 3 repetições, em esquema fatorial simples [Cultivares (22) x Doses de fósforo (0 e 100 ppm de P kg de solo⁻¹)]. Contudo, visando desconsiderar o desempenho diferencial inerente ao genótipo quando em condições ideais de cultivo, a média dos valores obtidos para cada cultivar sob suficiência de fósforo foi considerado como 100%. Dessa maneira, os resultados de cada cultivar sob condições limitantes de fósforo foram divididos pela média da cultivar sob condições ideais, transformando os resultados em percentual. Posteriormente, os dados foram submetidos à análise de variância e, atendidas as pressuposições do teste, as médias dos tratamentos foram comparadas pelo teste de Scott-Knott ($p < 0.05$).

2.9 Avaliações realizadas

Considerando que a disponibilidade de fósforo tem efeito em características de avaliação fácil e prática como a área foliar, a produção de matéria seca e razão raiz/parte área (Singh et al., 2014), essas características foram selecionadas para identificação de cultivares com comportamentos distintos em relação a disponibilidade de fósforo. A metodologia das avaliações, realizadas aos 28 dias após a semeadura (DAE) são descritas abaixo, sendo os resultados apresentados como percentual do desempenho sob condições ideais:

- a) Área foliar (AF): realizada através de três repetições de quatro plantas, através de medidor de área foliar modelo LI3100 (LI-COR Biosciences).
- b) Massa de matéria seca de raiz (MR), caule (MC) e folhas (MF): realizada aos 28 dias a partir de 3 amostras de 4 plântulas por cultivar. As plantas foram separadas em raiz, caule e folhas e colocadas em envelopes de papel pardo e levadas a estufa de circulação de ar forçado, à temperatura de 70 °C, até massa constante, determinada em balança de precisão.
- c) Massa de matéria seca total (MT): Calculada através da soma dos valores observados para matéria seca de raiz, caule e folhas.
- d) Razão raiz/parte aérea (RPA): calculada através da divisão dos valores observados para massa de matéria seca de raiz e a soma da massa de matéria seca de caule e folhas.

2.10 Resultados e Discussão

A partir dos resultados da análise de variância para as variáveis avaliadas, apresentados no Anexo B, pôde-se observar que todas apresentaram efeito para o fator cultivar. O desempenho relativo médio (%) para as variáveis área foliar (Af), matéria seca de raiz (Mr), matéria seca de caule (Mc), matéria seca de folha (Mf), matéria seca total (Mt) e razão raiz/parte aérea (Rrpa) são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Desempenho relativo médio (%) de 22 cultivares de soja aos 28 dias após a emergência submetidas a disponibilidade limitada de fósforo. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

CULTIVAR	AF	MR	MC	MF	MT	RRPA
BMX Raio IPRO	63,91 a	88,73 a	69,34 a	66,41 a	73,25 a	131,18 a
NS 5258 RR	67,19 a	69,25 b	72,02 a	68,89 a	69,80 a	100,72 b
DM 53i54	65,25 a	74,90 b	64,49 a	64,47 b	69,80 a	117,06 a
BMX Zeus IPRO	64,51 a	71,60 b	64,84 a	63,48 a	65,93 a	112,37 b
DM5958 RSF IPRO	63,56 a	84,83 a	75,97 a	67,28 a	74,32 a	122,49 a
BMX Delta IPRO	72,39 a	98,37 a	102,02 a	83,56 a	92,17 a	108,42 b
M5947 IPRO	50,26 b	64,53 b	54,66 b	51,90 b	55,93 b	120,79 a
NA 5909 RG	56,82 b	64,09 b	45,77 b	50,44 b	52,23 b	137,02 a
BS 2606 IPRO	71,50 a	74,71 b	73,87 a	71,66 a	73,16 a	102,58 b
DM 61i59 RSF IPRO	66,88 a	73,81 b	66,82 a	71,07 a	70,78 a	107,67 b
SYN1561 IPRO	66,92 a	84,22 a	65,87 a	69,45 a	72,56 a	122,86 a
TMG 7062 IPRO	76,51 a	89,91 a	74,18 a	75,34 a	79,01 a	119,12 a
TMG 7262 RR	66,88 a	75,86 b	76,48 a	74,71 a	75,48 a	98,83 b
M6410 IPRO	73,29 a	98,06 a	71,96 a	77,81 a	81,45 a	127,81 a
SYN 15630 IPRO	55,26 b	61,70 b	48,06 b	50,20 b	52,58 b	127,36 a
TMG 7063 IPRO	63,58 a	74,47 b	56,34 b	62,44 a	63,77 b	127,24 a
TEC IRGA 6070	51,41 b	55,17 b	45,77 b	50,87 b	50,81 b	114,89 b
BS IRGA 1642 IPRO	55,07 b	71,47 b	51,21 b	53,39 b	57,48 b	136,10 a
DM 66i68 RSF IPRO	77,67 a	102,54 a	75,39 a	79,06 a	83,72 a	131,16 a
BMX Valente RR	72,44 a	76,29 b	64,94 a	71,46 a	70,66 a	110,22 b
BMX Ícone IPRO	83,24 a	64,84 b	76,12 a	67,21 a	68,98 a	91,78 b
CD 2737 RR	63,21 a	68,42 b	55,11 b	58,56 b	59,81 b	117,64 a
Média	65,81	76,72	65,97	65,93	68,90	117,51

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste de Scott-Knott.

Observa-se desempenho contrastante para cada variável (Tabela 3), destacando-se, as cultivares BMX Raio RR, DM5958 RSF IPRO, SYN1561 IPRO, TMG 7062 IPRO, M6410 IPRO e DM 66i68 RSF IPRO que apresentaram desempenho superior para todas as variáveis avaliadas, seguidas pela cultivar BMX Delta IPRO,

que apresentou resultados inferiores para apenas uma variável. Considerando a matéria seca total como a variável mais importante, os maiores valores para performance relativa foram observados para as cultivares BMX Delta IPRO, DM 66i68 RSF IPRO e M6410 IPRO.

A cultivar TEC IRGA 6070 apresentou desempenho inferior para todas as variáveis avaliadas, seguida pelas cultivares M5947 IPRO, NA 5909 RG, SYN 15630 IPRO e BS IRGA 1642 IPRO. Considerando-se a matéria seca total, os menores valores para performance relativa, em ordem crescente, foram observados para as cultivares TEC IRGA 6070, NA 5909 RG, SYN 15630 IPRO e M5947 IPRO, respectivamente.

2.11 Conclusões

As cultivares BMX Raio RR, DM5958 RSF IPRO, SYN1561 IPRO, TMG 7062 IPRO, M6410 IPRO e DM 66i68 RSF IPRO apresentam performance superior para tolerância a deficiência de fósforo.

Referências

- BATISTELLA FILHO, F.; FERREIRA, M. E.; VIEIRA, R. D.; CRUZ, M. C. P.; CENTURION, M. A. P. C.; SYLVESTRE, T. B.; RUIZ, J. G. C. L. Adubação com fósforo e potássio para produção e qualidade de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.7. 2013.
- CAMPOS, M. **Grau de saturação de fósforo em solos tropicais altamente intemperizados**. 2014. 91f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba - SP.
- CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). 2021. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, terceiro levantamento, safra 2021/2022, dezembro de 2021**. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> >. Acesso em 12 dez. 2021.
- FERREIRA, E.; CAVALCANTI, P.; NOGUEIRA, D. ExpDes: An R Package for ANOVA and Experimental Designs. **Applied Mathematics**, v. 5, n. 19, p. 2952-2958. 2014. doi: 10.4236/am.2014.519280.
- IEA (INSTITUTO DE ECONOMIA AGRÍCOLA). Mercado de Fertilizantes: aumento das importações preocupa. **Análises e indicadores do agronegócio**, v.13, n.4, 2018.
- MARIN, R. S. F.; BAHRY, C. A.; ZIMMER, P. D. Effect of phosphate fertilization in production of soybean seeds. **Revista Ceres**, v. 62, n. 3, pp. 265-274. 2015.
- R Core Team (2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.
- RStudio Team (2021). **RStudio: Integrated Development Environment for R**. RStudio, PBC, Boston, MA. Disponível em: <http://www.rstudio.com/>
- OLIVEIRA, L. **Doses de fósforo na produção de sementes de soja e desempenho na produção de grãos**. 2015. 20f. Dissertação (Mestrado Profissional) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS.
- WANG, Q.; WANG, J.; YANG, Y.; DU, W.; ZHANG, D.; YU, D.; CHENG, H. A genome-wide expression profile analysis reveals active genes and pathways coping with phosphate starvation in soybean. **BMC Genomics**, v.17, n. 192, 2016.65-274.
- SINGH, S. K.; REDDY, V. R.; FLEISHER, D. H.; TIMLIN, D. J. Growth, nutrient dynamics, and efficiency responses to carbon dioxide and phosphorus nutrition in soybean. **Journal of Plant Interactions**, v. 9, n. 1, p.838–849, 2014.
- WANG, Q.; WANG, J.; YANG, Y.; DU, W.; ZHANG, D.; YU, D.; CHENG, H. A genome-wide expression profile analysis reveals active genes and pathways coping with phosphate starvation in soybean. **BMC Genomics**, v.17, n. 192, 2016.

3. Capítulo II: Produção de sementes de soja de cultivares tolerante ou estável e cultivar suscetível ou responsiva à adubação fosfatada

3.1 Introdução

A produção de sementes de soja sob doses superiores às utilizadas durante a produção de grãos já tem sido realizada empiricamente por diversas empresas produtoras de sementes no Brasil. Contudo, apesar de existir uma considerável quantidade de trabalhos que observaram melhoria do desempenho de sementes sob maior disponibilidade de fósforo, os resultados são variáveis entre os trabalhos e todos foram conduzidos sem informação prévia do comportamento das cultivares utilizadas em situações limitantes de fósforo comparativamente com as demais cultivares presentes no mercado (Batistella Filho et al., 2013; Marin et al., 2015; Oliveira, 2015; Pazzin, 2015). Além disso, foram selecionadas por serem cultivares amplamente utilizadas nas regiões de realização dos experimentos, ou ainda, por pertencerem a distintos grupos de maturação.

A adubação fosfatada já demonstrou efeitos benéficos na viabilidade e vigor de sementes através do teste de tetrazólio (Marin et al., 2015) e no vigor através do percentual de emergência de plântulas (Pazzin, 2015). Contudo, estes testes são mais generalistas e não apresentam uma relação íntima com as possíveis causas da melhoria no vigor das sementes em decorrência do fósforo. Além disso, repetidamente a ausência de efeito na qualidade fisiológica das sementes é observada através dos testes mais utilizados como o teste de germinação e o de emergência a campo (Marin et al., 2015; Batistella Filho et al., 2013).

Dentre as respostas das plantas à limitação por fósforo está a substituição de fosfolipídios nas membranas da planta por glicolipídios e sulfolipídios visando a economia de P e a manutenção da integridade das membranas (Plaxton & Tran, 2011). Caso esse processo de substituição também ocorra em sementes de soja, considerando que glicolipídios e sulfolipídios possam ser menos efetivos que os fosfolipídios na manutenção da integridade das membranas das sementes, o que levaria a maiores índices de lixiviação de solutos durante a embebição das sementes, diminuindo o vigor. Nesse sentido, os testes de condutividade elétrica e de lixiviação de potássio, pela sua relação com a integridade das membranas, são potencialmente capazes detectar se há efeito da adubação fosfatada nessa característica. Batistella

Filho et al. (2013) não observou efeito da adubação fosfatada na condutividade elétrica e, inclusive, um aumento da lixiviação de potássio sob maiores doses de P, contudo, as sementes avaliadas por esses autores foram produzidas a campo, onde uma série de fatores pode afetar a qualidade.

3.2 *Objetivo*

O objetivo desse trabalho foi avaliar o efeito da adubação fosfatada no desenvolvimento de plantas durante a produção de sementes e seus efeitos na qualidade fisiológica em cultivares com desempenho contrastante quanto à resposta a adubação fosfatada.

3.3 *Material Vegetal*

A partir dos resultados obtidos durante a seleção de cultivares foram escolhidas as cultivares DM66i68 RSF IPRO, identificada como mais tolerante ou mais estável, e SYN 15630 IPRO classificada como mais suscetível ou responsiva. Embora tenham sido obtidas outras cultivares com desempenhos similares as mencionadas, observou-se o desempenho similar dessas cultivares sob condições de suficiência de fósforo nos ensaios preliminares e a proximidade quanto ao grupo de maturação, sendo a cultivar DM66i68 RSF IPRO do grupo de maturação 6.6 e a cultivar SYN 15630 IPRO do grupo 6.3. Assim, minimizou-se o risco de que eventuais diferenças nos ensaios de produção de sementes e de grãos pudessem ser atribuídas a diferenças nessas características.

3.4 *Localização do Experimento*

O trabalho foi realizado em casa de vegetação e no Laboratório de Análise de Sementes do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, situada à altitude de 13 m, 31° 52' de latitude Sul e 52° 21' de longitude Oeste. O clima da região é do tipo Cfa segundo a classificação de Köppen, com chuvas bem distribuídas e verão quente.

3.5 Correção e adubação do solo

A partir da análise química (Anexo C), o solo foi corrigido para uma expectativa de produtividade de 5 toneladas ha^{-1} , com exceção das diferentes doses de fósforo que foram realizadas de acordo com cada tratamento, seguindo as recomendações do Manual de Adubação e Calagem para os Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina (CQFS, 2016).

A calagem e a adubação com P e K foram incorporados previamente à semeadura, utilizando como fontes o óxido de cálcio, o superfosfato triplo moído e o cloreto de potássio moído, respectivamente.

3.6 Semeadura

A semeadura foi realizada em baldes de polietileno, com 20 litros de capacidade, contendo como substrato solo do horizonte A1 de um Planossolo. A quantidade de solo seco em cada balde foi de 24 kg de solo seco e peneirado. As sementes foram tratadas previamente com Standak® Top (fungicida e inseticida) obedecendo as doses recomendadas pelo fabricante. Adicionalmente, considerando o efeito do fósforo sobre a eficiência da fixação biológica no nitrogênio, foi realizada inoculação juntamente a semeadura, utilizando-se o inoculante turfoso contendo a espécie *Bradyrhizobium japonicum*, verificando a eficiência da nodulação aos 12 dias após a emergência.

3.7 Manejo de pragas e doenças

Não foi observada a ocorrência de doenças fúngicas durante o desenvolvimento da cultura para nenhum dos tratamentos. Dessa forma, não foi necessária a aplicação de fungicidas. Contudo, foi observada a ocorrência de sintoma semelhante ao vírus do mosaico da soja em 3 baldes. As plantas foram imediatamente eliminadas e não foram observados sintomas em nenhuma outra planta posteriormente. As plantas removidas foram analisadas com resultado negativo para o vírus via teste de PCR. Foi necessário o manejo semanal de insetos devido à presença de mosca branca (*Bemisia tabaci* raça B [Bellows & Perring]), trips e o ácaro-rajado (*Tetranychus urticae*). Insetos comuns em experimentos realizados em casa

de vegetação. O manejo foi realizado através aplicações rotacionadas dos inseticidas: Engeo Pleno™ S (Tiametoxam + Lambda-Cialotrina), Mustang® 350 EC (Zeta-Cipermetrina) e Pynex 480 EC (Clorpirifós). Não foi observada a ocorrência de percevejos.

3.8 *Tratamentos*

As cultivares tolerante e suscetível foram submetidas a cinco diferentes doses de fósforo adicionado ao solo, correspondentes a 0, 50, 100, 150 e 200 % da dose recomendada de P para uma expectativa de produtividade de 5 t há⁻¹ em um solo com teor de P classificado com muito baixo e classe de argila 4, com o fornecimento de 100% da adubação de correção e de manutenção. Segundo o manual de adubação e calagem, a dose recomendada de P para um solo nessas condições é 575 kg de superfosfato triplo (SFT) por hectare. Considerando-se uma camada arável de 20 cm, cada balde de 20 litros correspondeu à 0,001% de um hectare. Assim, as doses de SFT moído em cada unidade experimental foram de 0 g (0 ppm), 2,875 g (21,45 ppm), 5,75 g (42,9 ppm), 8,625 g (64,35 ppm), e 11,5 g (85,8 ppm) que corresponderam à 0, 50, 100, 150 e 200% da dose recomendada de P, para as características desse solo.

3.9 *Avaliações realizadas*

3.9.1 *Características morfológicas*

As características morfológicas foram determinadas a partir dos 30 dias, em intervalos regulares de 15 dias. A altura de planta foi determinada através de régua graduada, mensurando a distância entre o nível do solo e a extremidade superior do caule. O diâmetro do colmo foi determinado com o auxílio de paquímetro digital e expresso em mm e o número de nós através de contagem direta, considerando aqueles em que tenha ocorrido a emissão de folhas completamente expandidas. Ao final do cultivo as plantas de cada repetição foram cortadas junto à base do solo e a matéria seca do ramo principal (MSRP), ramificações (MSR), vagens (MSV) foram determinadas. A massa de parte aérea (MSPA) foi calculada a partir da soma de MSRP, MSR, MSV e do rendimento de grãos. A matéria seca de folhas e raízes não foi determinada devido ao elevado grau de deterioração das mesmas por ocasião da

colheita. Os resultados para as variáveis foram apresentados em gramas. Adicionalmente, foi calculado o percentual entre o rendimento de grãos e MSPA (GPA).

3.9.2 Componentes do rendimento

Após a colheita foram avaliados o número, de vagens, de sementes por vagem e a massa de mil sementes. A produtividade de grãos foi determinada através da colheita e debulha manual das vagens de todas as plantas de cada tratamento seguida de correção da umidade para 13%, apresentando os resultados em g planta⁻¹.

3.9.3 Rendimento de sementes

A partir da fração colhida em cada unidade experimental foi realizado o teste de uniformidade (retenção em peneiras), determinando o percentual de sementes de cada tamanho em cada unidade experimental e o tamanho de semente predominante em cada tratamento. Adicionalmente, através da média ponderada entre o percentual de sementes retidas em cada peneira e usando como pesos os diâmetros das peneiras foi obtido o valor aproximado do tamanho médio das sementes em cada unidade experimental. Posteriormente, as sementes provenientes de cada unidade experimental foram peneiradas para a remoção de impurezas e sementes fora do padrão (sementes menores que 5.0 mm). O tamanho de semente predominante foi utilizado para obtenção da geração de produção de grãos, empregando sementes de mesma dimensão para todos os tratamentos.

3.9.4 Composição química das sementes

A composição química das sementes foi determinada através de digestão ácida das amostras seguida de determinação elementar por ICP-MS. A digestão ácida foi realizada utilizando aproximadamente 0,1 g das amostras foram pesadas em tubos (tipo falcon) de 15 mL e 1,5 mL de HNO₃ concentrado foi adicionado. As amostras foram deixadas em repouso por período aproximado de 24 horas para pré-digestão. Em seguida, as amostras foram colocadas em banho-maria, onde foram deixadas por 4 horas a uma temperatura máxima de 90 °C. Feito isso, água ultrapura foi utilizada

para aferição (15 mL) e as soluções foram armazenadas para posterior análise por ICP-MS.

Alguns materiais de referência foram utilizados com intuito de verificar exatidão e precisão do método de preparo de amostras utilizado. Os materiais utilizados foram: NIST 1640a (água natural) e NIST 1568b (farinha de arroz), ambos são materiais de referência certificados da National Institute of Standards and Technology (NIST, EUA). Além desses, dois materiais de referência internos também foram utilizados para a avaliação da exatidão: um material de farinha de soja e outro de farinha de arroz. Duplicatas de cada material de referência foram submetidas ao mesmo procedimento que as amostras.

Após a digestão as amostras foram analisadas em um espectrômetro de massa (ICP-MS 7900, Agilent, Hachioji, Japão) equipado com cela de reação para a minimização de interferências espectrais. Padrão interno de Y (10 ppb) foi utilizado durante a análise como forma de avaliar a resposta do equipamento. As faixas de trabalho utilizadas para cada analito estão descritas na Tabela 1. Os limites de detecção e quantificação do método foram calculados de acordo com as instruções descritas nos protocolos de validação analítica do Instituto Nacional de Metrologia, Qualidade e Tecnologia (INMETRO).

Tabela 3 - Faixas de trabalho para cada mineral analisado.

Mineral	Faixa de Trabalho (ppb)
B, Mg, K, Fe, Mo	1 a 5000
P, S, Ca	100 a 5000
Mn, Co, Ni, Cu, Zn, As, Cd e P	1 a 200

3.9.5 Qualidade fisiológica das sementes

Os testes utilizados na determinação da qualidade fisiológica das sementes são descritos a seguir:

a) Teste de germinação (G) e primeira contagem da germinação (PCG): Foram utilizadas 4 subamostras de 50 sementes por unidade experimental, semeadas em rolos de papel *Germitest* umedecidos com quantidade de água equivalente a 2,5 vezes o peso de papel seco, permanecendo em germinador a 25°C. As avaliações foram efetuadas aos cinco (PCG) e aos oito (G) dias após a semeadura, conforme as

Regras para Análise de Sementes (BRASIL, 2009), e os resultados expressos em percentual de plântulas normais.

b) Condutividade elétrica e lixiviação de potássio: foram utilizadas 4 subamostras de 25 sementes por unidade experimental. As sementes de cada subamostra foram devidamente pesadas e pré-embebidas por 12 horas em caixa modelo gerbox com adaptação à realização do teste de envelhecimento acelerado. Após esse período as sementes foram pesadas novamente e transferidas para copos plásticos com capacidade para 200 mL de volume total onde receberam 75 mL de água deionizada. Os períodos de pré-embebição e embebição foram realizados em sala com temperatura controlada e mantida à 20°C. As leituras foram realizadas após quatro, oito e 24 horas de embebição sempre observando a necessidade de homogeneização da amostra para leitura. Após esse período, determinou-se a condutividade elétrica da solução, utilizando um condutímetro marca Digimed (modelo MD-31). Os resultados foram expressos em $\mu\text{S cm}^{-1} \text{ g}^{-1}$ de semente. Nos momentos de leitura da condutividade foram coletadas alíquotas de 1 mL de cada amostra para a realização do teste de lixiviação de potássio. O soluto foi então diluído em 10 mL de água deionizada e a concentração de potássio foi determinada através de leitura em fotômetro de chama da marca MICRONAL® (Modelo: B462, São Paulo, SP, Brasil). Os resultados foram expressos em mg de K g de semente⁻¹.

c) Emergência em canteiros: foram utilizadas 200 sementes, divididas em quatro subamostras de 50 sementes, semeadas no solo do tipo Planossolo, na profundidade de 3cm. A contagem das plântulas emergidas foi realizada aos 15 dias após a semeadura.

d) Índice de velocidade de emergência: foi conduzido conjuntamente com o teste de emergência em canteiro por contagens diárias sempre no mesmo horário até obter número constante de plântulas emergidas. A fórmula utilizada foi a proposta por Popinigis (1977), sendo:

$$IVE = \frac{E1}{N1} + \frac{E2}{N2} + \dots + \frac{En}{Nn}$$

Em que: IVE - índice de velocidade de emergência; E - número de plântulas computadas nas contagens; N- número de dias da semeadura à 1ª, 2ª ... enésima avaliação.

e) Área foliar e massa seca de partes de plântulas: ao final do teste de emergência, foram coletadas 10 plântulas uniformes para cada repetição, separadas as porções raiz, caule e folhas. A área foliar de cada amostra foi mensurada em medidor de área foliar da marca modelo LI3100 (LI-COR Biosciences). Os resultados foram apresentados em $\text{cm}^2.\text{plântula}^{-1}$. As porções coletadas foram então levadas a estufa a 65°C , por 72 horas. Posteriormente, foi realizada a pesagem das partes em balança analítica de precisão de 0,001g, e os resultados para massa seca de raízes, caule, folhas e total foram expressos em mg plântula^{-1} .

3.10 *Delineamento experimental*

O experimento foi conduzido em blocos completos casualizados com 4 repetições, em esquema fatorial, cultivares (tolerante e suscetível [2]) x doses de fósforo (0%, 50%, 100%, 150% e 200% da dose recomendada [5]). As análises estatísticas foram realizadas utilizando R (R Core Team, 2020), através da interface *RStudio* (RStudio Team) e o pacote estatístico *ExpDes.pt* (FERREIRA et al., 2014). Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando o F calculado foi significativo em nível de 5% de probabilidade e atendidas as pressuposições da análise da variância, as médias das cultivares foram comparadas pelo teste de t, para efeito de dose foi calculado o polinômio mais representativo através de análise de regressão. A normalidade dos resíduos foi avaliada através do teste de Shapiro-Wilk. A escolha do polinômio levou em consideração os valores do coeficiente de determinação (R^2), a significância dos parâmetros pelo teste t e a significância dos efeitos linear, quadrático e cúbico na análise de variância dos modelos. Na ausência de interação entre os fatores cultivar e dose, a análise de regressão foi utilizada para a obtenção de um desempenho médio das duas cultivares como resposta ao fator dose, obtendo-se assim apenas um polinômio.

3.11 *Resultados e Discussão*

3.11.1 *Características morfológicas*

Os resultados da análise de variância para as características morfológicas das plantas de soja avaliadas durante o desenvolvimento são apresentados no Anexo D. Pode-se perceber que houve o efeito simples de cultivar e dose para todas os períodos

de avaliação nas variáveis número de nós e altura de plantas, com exceção de número de nós aos 60 dias após a semeadura (DAS) e altura de plantas aos 75 DAS onde houve somente o efeito simples da dose de fósforo. Para diâmetro do caule houve interação entre os fatores para todos os períodos avaliados.

A Figura 1 apresenta os modelos ajustados para cada variável. Pode-se perceber que as respostas para todas as variáveis avaliadas apresentaram um comportamento quadrático com elevado coeficiente de determinação, variando entre 0,84 e 0,99.

A cultivar SYN 15630 IPRO apresentou consistentemente maiores valores para a variável número de nós enquanto a cultivar DM 66i68 RSF IPRO foi superior para a variável altura de planta (Tabela 4). Na Tabela 5 são apresentados os resultados para diâmetro do caule de cada cultivar dentro de cada dose avaliada. Pode-se perceber que adubação fosfatada acarretou em respostas mais acentuadas para a cultivar SYN 15630 IPRO.

Tabela 4 - Características morfológicas de plantas de soja de cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPeI, Capão do Leão, 2019.

Cultivar	N 30	N 45	N 75	A 30	A 45	A 60
DM 66i68 RSF IPRO	7,49 b	11,33 b	17,55 b	31,84 a	54,39 a	83,26 a
SYN 15630 IPRO	7,74 a	11,65 a	18,27 a	24,96 b	45,39 b	76,41 b
Média Geral	7,62	11,49	17,91	28,40	49,89	83,57

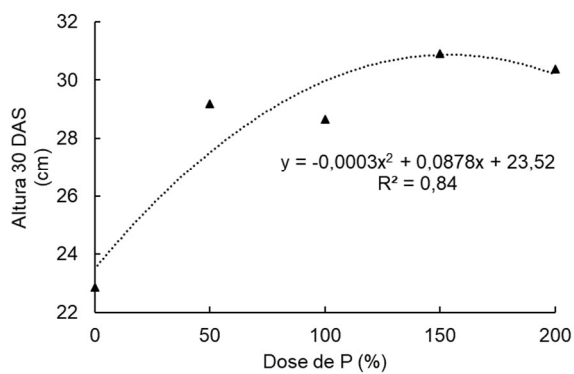
*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

Tabela 5 - Diâmetro do caule de plantas de soja de cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPeI, Capão do Leão, 2019.

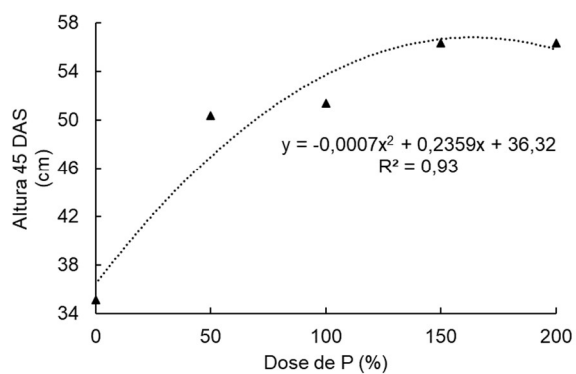
Avaliação	Cultivar	Dose de Fósforo (%)									
		0		50		100		150		200	
		mm									
30	DM 66i68 RSF IPRO	4,32	ns	6,08	ns	6,30	b	7,13	ns	6,95	b
	SYN 15630 IPRO	4,12		6,01		6,86	a	7,00		7,23	a
45	DM 66i68 RSF IPRO	6,05	ns	8,44	ns	8,55	b	9,61	ns	9,10	b
	SYN 15630 IPRO	5,73		8,64		9,33	a	9,31		10,13	a
60	DM 66i68 RSF IPRO	6,67	ns	9,69	ns	10,17	ns	11,18	ns	10,49	b
	SYN 15630 IPRO	6,39		10,11		10,56		11,49		11,77	a

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

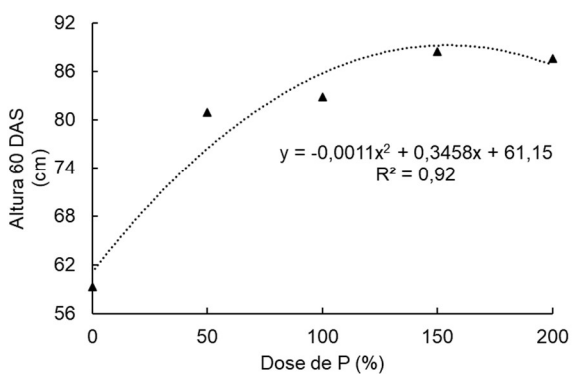
A



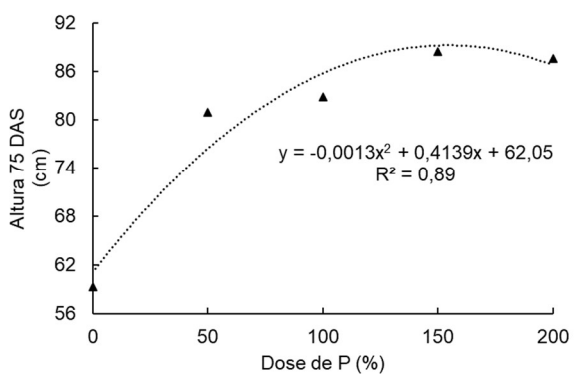
B



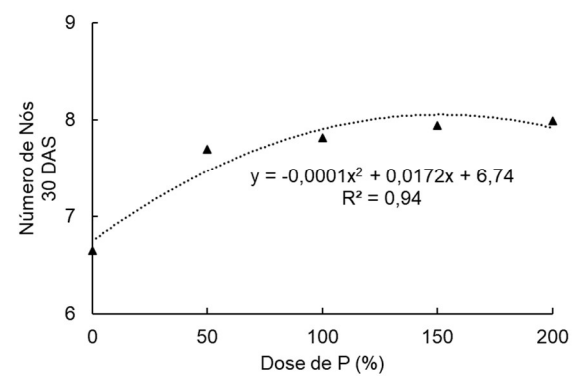
C



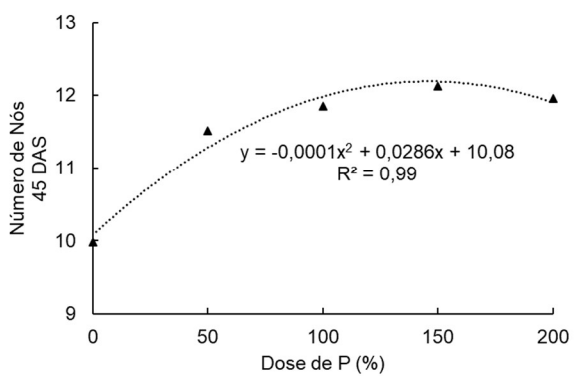
D



E



F



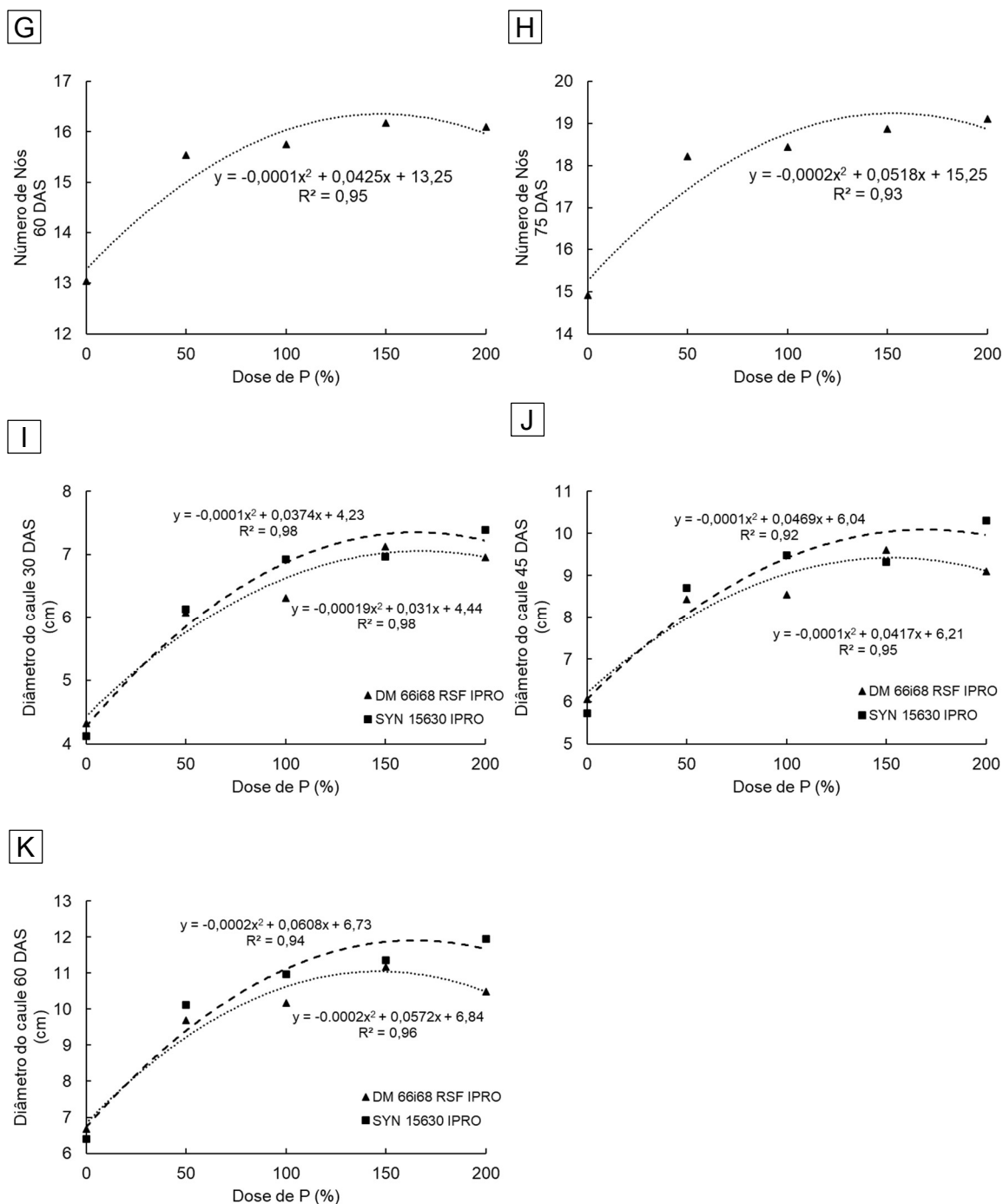


Figura 1 - Características morfológicas durante o desenvolvimento de cultivar tolerante e suscetível sob distintas doses de fósforo. FAEM/UFPeL, Capão do Leão, 2019.

3.11.2 Produção de matéria seca de tecidos

O anexo E apresenta os resultados da análise de variância para as variáveis relacionadas a produção de matéria seca. Houve interação entre os fatores cultivar e dose de fósforo para todas as variáveis exceto GPA onde houve apenas o efeito simples de ambos os fatores. Para as variáveis que apresentaram interação, foram

estimadas curvas dose-resposta para as duas cultivares, em todos os casos os resultados puderam ser ajustados ao modelo quadrático com coeficientes de determinação (R^2) superiores à 95% (Figura 2). Em contrapartida, para RGA foi realizada a comparação das médias das cultivares pelo Teste t e o efeito das doses foi ajustado ao modelo linear com R^2 de 0,98.

A variável MSRP (Figura 2A) apresentou aumentos rápidos a partir dos incrementos iniciais da disponibilidade fósforo e um desempenho superior para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO em todas as doses. Contudo, na dose 200% pode-se observar um pequeno declínio de MSRP para a cultivar, que atingiu o ponto de máxima na dose de 167%, enquanto o ponto de máxima estimado para SYN 15630 IPRO foi de 188%.

Para as variáveis MSR, MSV e MSPA (Figura 2B, 2C e 2D), as cultivares apresentaram comportamento semelhante a MSRP. Contudo, a cultivar SYN 15630 IPRO apresentou desempenho superior nas doses de 150% para MSV e MSPA e de 200% para MSR, MSV e MSPA. A ausência de interação entre os fatores para a variável GPA e o maior valor observado para a variável na cultivar SYN 15630 IPRO (Tabela 7) demonstram que maior produção de matéria seca durante o início do desenvolvimento sob condições limitantes de P não acarreta, necessariamente, em maior produção de grãos. Dessa maneira, percebe-se que estudos subsequentes que busquem selecionar cultivares com maior tolerância a deficiência de fósforo obterão, possivelmente, melhores resultados caso utilizem como estratégia a seleção baseada no rendimento de grãos sob condições limitantes.

Tabela 6 - Produção de matéria seca de partes durante a produção de sementes em cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Variável	Cultivar	Dose de Fósforo (%)									
		0		50		100		150		200	
		mm									
MSRP	DM 66i68 RSF IPRO	1,89	a	5,66	a	6,11	a	7,42	a	7,14	a
	SYN 15630 IPRO	1,54	a	4,02	b	5,29	b	5,80	b	6,20	b
MR	DM 66i68 RSF IPRO	0,36	a	3,89	a	4,51	a	5,45	a	4,70	b
	SYN 15630 IPRO	0,21	a	3,20	b	4,21	a	5,00	a	5,23	a
MSV	DM 66i68 RSF IPRO	1,31	a	6,62	a	8,26	b	11,33	a	10,25	b
	SYN 15630 IPRO	1,15	a	5,94	a	9,32	a	10,29	b	11,82	a
MSPA	DM 66i68 RSF IPRO	5,76	a	27,31	a	34,00	b	47,14	a	43,49	b
	SYN 15630 IPRO	4,99	a	23,98	b	37,74	a	43,44	b	49,55	a

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

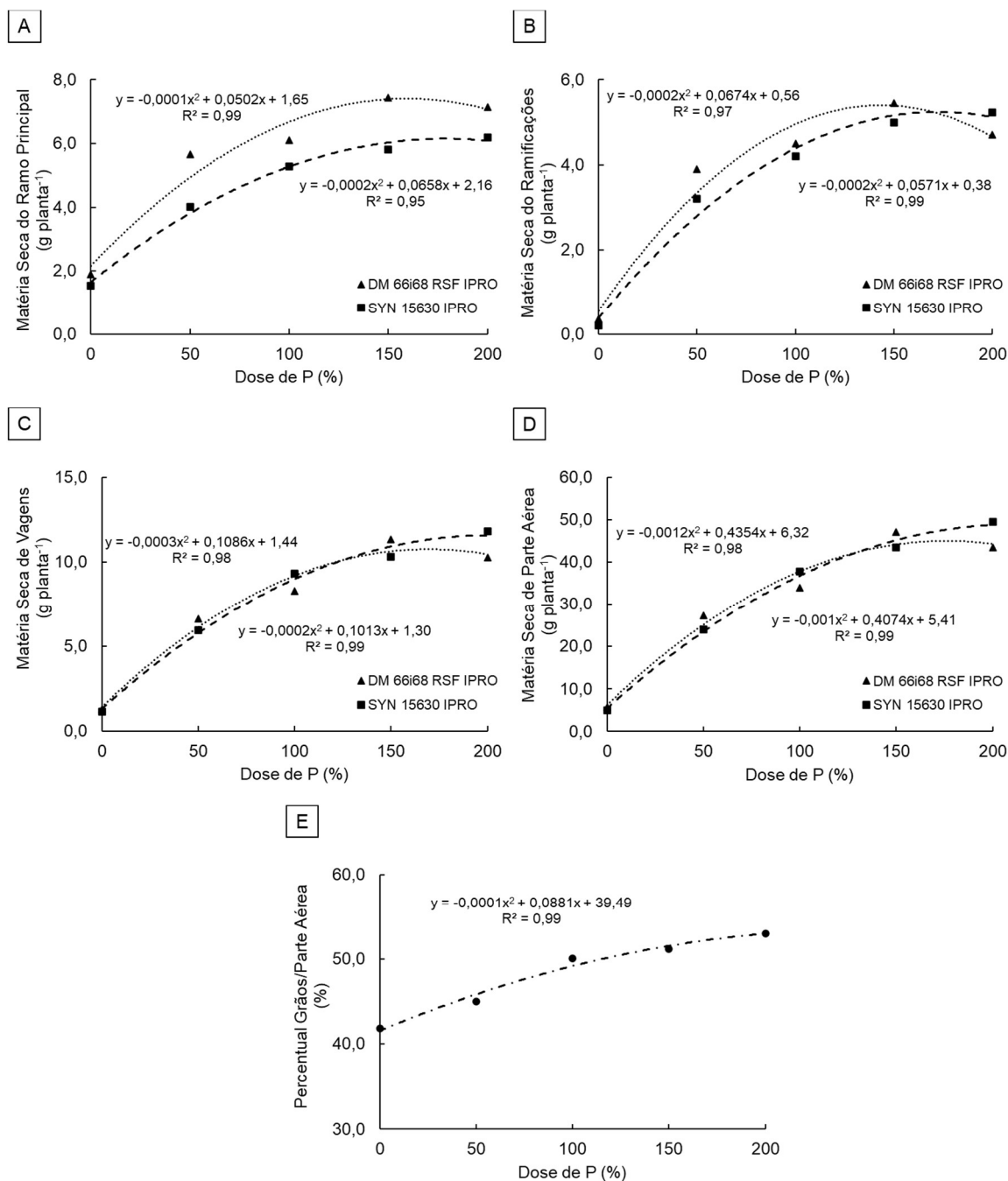


Figura 2 - Produção de matéria seca de partes: e percentual de grãos em relação a matéria seca de parte aérea de cultivares de soja estável e responsiva a disponibilidade de fósforo submetidas a diferentes doses. FAEM/UFPel. Capão do Leão, 2019.

3.11.3 Componentes do rendimento

A análise de variância para os componentes do rendimento, apresentada no anexo F, demonstra que houve interação entre os fatores cultivar e dose para as variáveis número de vagens, vagens com 2 grãos, vagens com 3 grãos, grãos por

planta e produtividade de grãos. Já para as variáveis vagens com 1 grão, grãos vagem⁻¹ e peso de mil sementes (PMS) foi observado o efeito simples dos fatores. Finalmente, para a variável vagens vazias não houve efeito de nenhum dos fatores sobre a variável resposta.

Tabela 7 - Percentual de grãos em relação a matéria seca dos componentes da parte área. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Cultivar	GPA (%)
DM 66i68 RSF IPRO	43,77 b
SYN 15630 IPRO	48,60 a
Média Geral	46,19

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

A Figura 3 apresenta os modelos ajustados para os componentes do rendimento. Pode-se perceber que todas as variáveis puderam ser ajustadas a um modelo quadrático através da análise de regressão. Ou seja, foi utilizada uma amplitude de doses suficiente para obter a máxima resposta das cultivares, dentro das condições em que o experimento foi executado.

As médias para as variáveis que apresentaram efeito simples de cultivar e ausência de interação são apresentadas na Tabela 8. A cultivar DM 66i68 RSF IPRO apresentou em média maior percentual de vagens com um grão e maior peso de mil sementes enquanto que a cultivar SYN 15630 apresentou maior número de grãos por vagem.

Tabela 8 - Médias gerais das cultivares para os componentes do rendimento vagens c/1 grão, grãos/vagem e peso de mil sementes. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Cultivar	Vagens C/ 1 grão (%)	Grãos/ Vagem	PMS (g)
DM 66i68 RSF IPRO	25,42 a	1,74 b	155,62 a
SYN 15630 IPRO	14,02 b	1,99 a	148,36 b
Média Geral	19,72	1,87	151,99

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

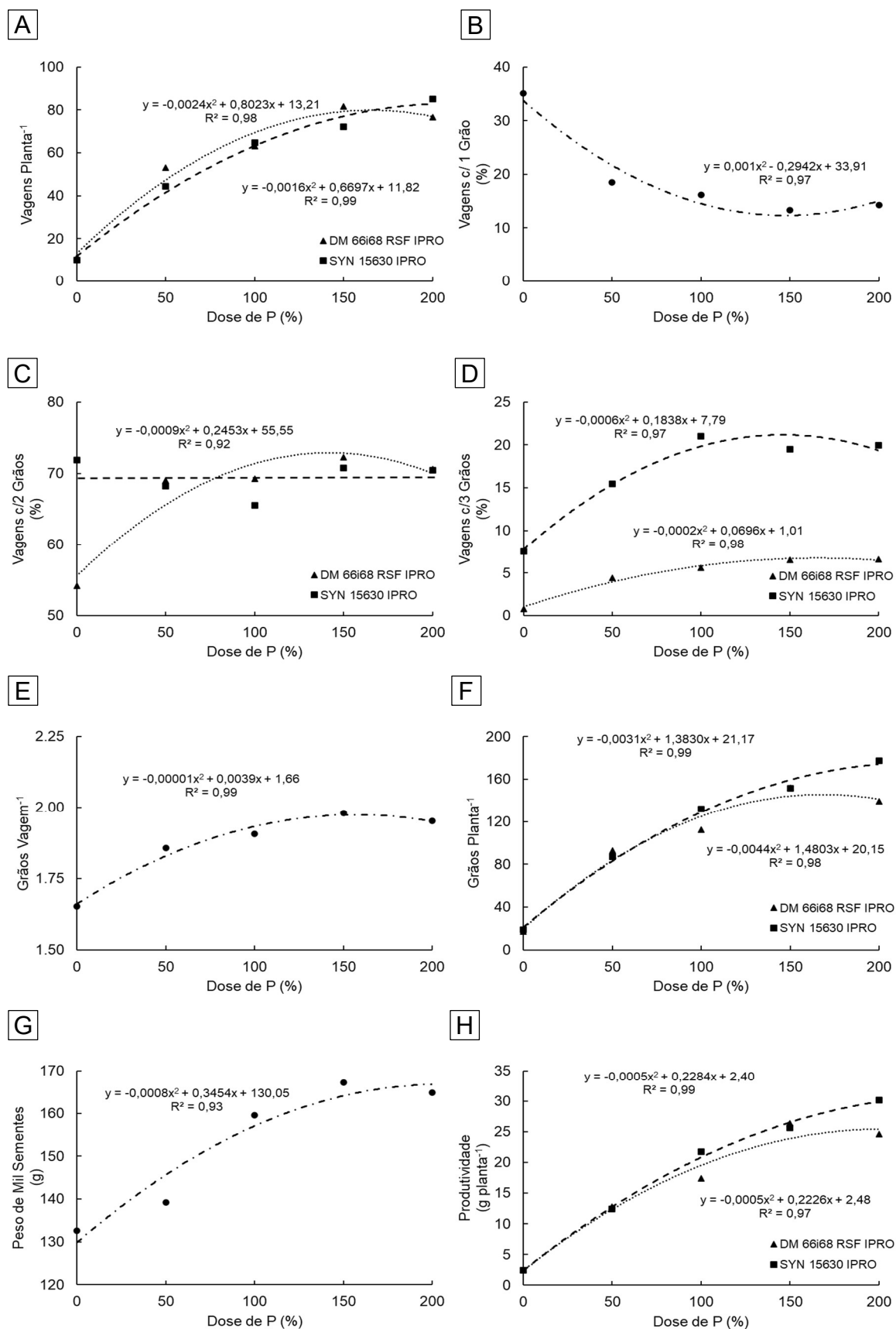


Figura 3 - Componentes do rendimento durante a produção de sementes de cultivar estável e responsiva à dose de fósforo. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

A Tabela 9 apresenta os resultados para as médias das variáveis em cada dose para aquelas em que houve interação significativa entre os fatores cultivar e dose. De forma geral, a cultivar SYN 15630 IPRO apresentou resultados superiores à DM 66i68 RSF IPRO para todas as variáveis na dose de 200% de P, exceção apenas para o percentual de vagens com 2 grãos. Além disso, a cultivar também foi superior à DM 66i68 RSF IPRO em todas as doses para a variável vagens com 3 grãos.

Tabela 9 - Componentes do rendimento em cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPeI, Capão do Leão, 2019.

Variável	Cultivar	Dose de Fósforo (%)									
		0		50		100		150		200	
		mm									
Número de Vagens	DM 66i68 RSF IPRO	11,29	a	53,08	a	63,33	a	81,83	a	76,79	b
	SYN 15630 IPRO	10,13	a	44,33	b	64,83	a	72,20	b	85,04	a
Vagens c/ 2 grãos	DM 66i68 RSF IPRO	54,23	b	69,04	a	69,26	a	72,30	a	70,66	a
	SYN 15630 IPRO	71,89	a	68,24	a	65,52	a	70,80	a	70,44	a
Vagens c/ 3 grãos	DM 66i68 RSF IPRO	0,81	b	4,46	b	5,60	b	6,54	b	6,63	b
	SYN 15630 IPRO	7,52	a	15,47	a	21,04	a	19,51	a	19,99	a
Grãos/ Planta	DM 66i68 RSF IPRO	17,42	a	92,67	a	112,3	b	152,2	a	139,4	b
	SYN 15630 IPRO	18,58	a	86,96	a	131,8	a	151,5	a	177,5	a
Prod./ Planta	DM 66i68 RSF IPRO	2,52	a	12,80	a	17,38	a	26,36	a	24,60	b
	SYN 15630 IPRO	2,40	a	12,43	a	21,75	a	25,69	a	30,23	a

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

3.11.4 Retenção em peneiras e tamanho médio das sementes

Os resultados da análise de variância para o percentual de sementes em cada peneira durante o teste de retenção (Anexo G) demonstraram que as características relacionadas ao tamanho da semente foram drasticamente afetadas pela disponibilidade de fósforo. Para as variáveis percentual de sementes nas peneiras 7 e 5 mm houve interação entre os fatores cultivar e dose, enquanto que para as variáveis percentual de sementes retidas nas peneiras 6,5, 6,0, 5,5 e tamanho médio das sementes houve apenas o efeito simples dos fatores.

Na Figura 4 podemos observar que o aumento da disponibilidade de fósforo aumentou o percentual de sementes retidas nas peneiras 7 (A) e 6,5 (B) e também o tamanho médio das sementes enquanto que para as sementes retidas nas peneiras 6,0, 5,5 e 5 houve redução dos valores observados como consequência de uma maior disponibilidade de fósforo. Sementes retidas nas peneiras 5, 5,5 e 6,0 apareceram em

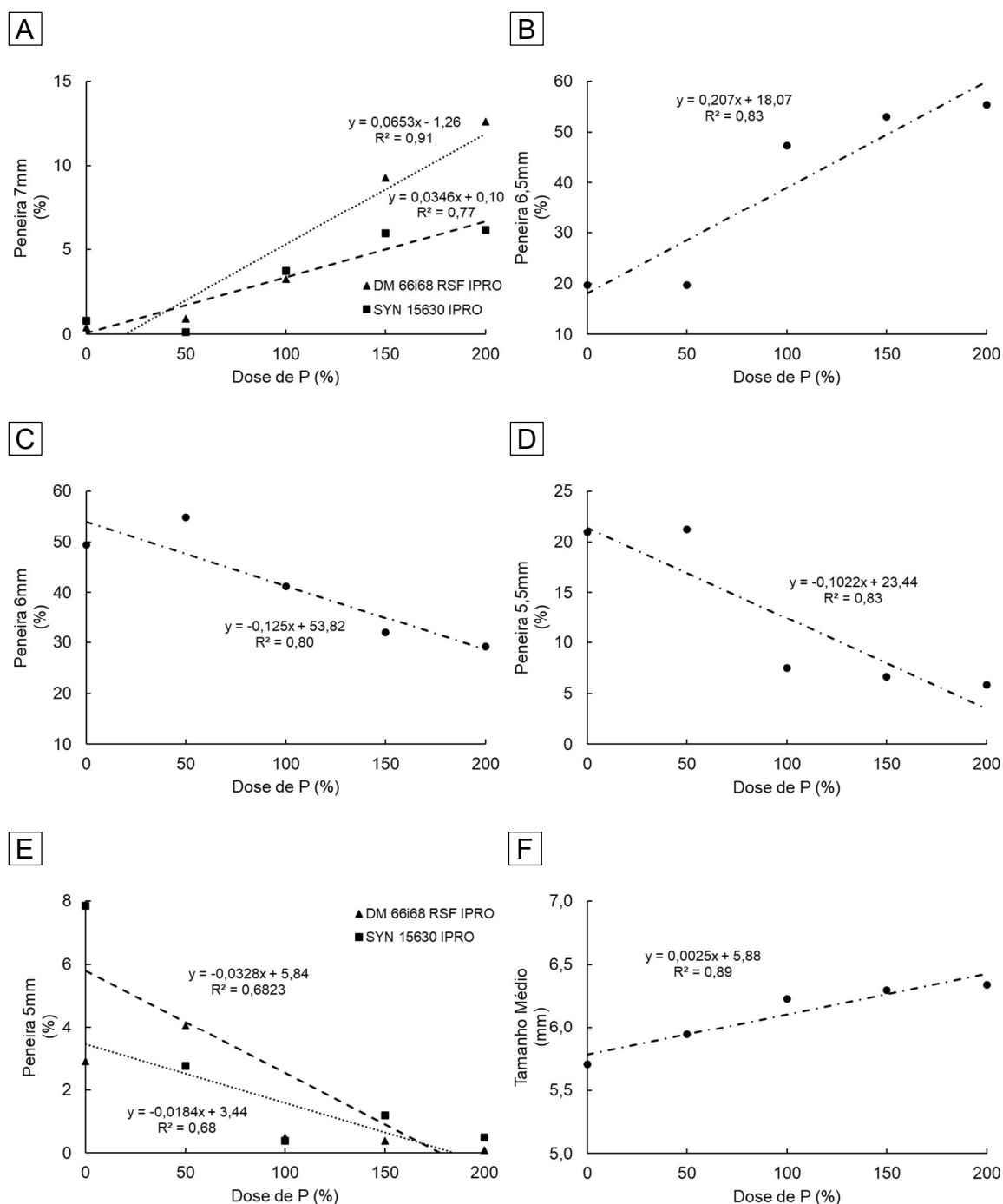


Figura 4 - Retenção de sementes de cultivares estável e responsiva à disponibilidade de fósforo sob distintas doses. UFPel/FAEM, Capão do Leão, 2019.

percentuais superiores para a cultivar SYN 15630 IPRO (Tabelas 10 e 11). Foi observado um aumento mais marcante do percentual de sementes retidas na peneira 7mm para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO (Tabela 11). Apesar da interação dos fatores cultivar e dose para o percentual de sementes retidas nas peneiras 7 e 5 mm, ao observarmos que houve ausência de interação para a média ponderada do tamanho

das sementes percebe-se que a disponibilidade de fósforo acarreta no aumento do tamanho das sementes em intensidade semelhante independentemente da cultivar.

Sementes excessivamente grandes apresentam maior suscetibilidade à danos mecânicos durante a colheita e beneficiamento e também exigem maior peso de grãos por área para semeadura. No caso da venda de sementes por número, sementes maiores são menos lucrativas para a empresa produtora de sementes e numa situação de venda de sementes por peso, o custo da semeadura se torna mais elevado ao produtor rural. Essas considerações evidenciam que a comercialização de sementes produzidas sob doses elevadas de fósforo deverá se basear no marketing do valor agregado para se justificar comercialmente. Além disso, esses resultados indicam que esse marketing baseado em valor agregado é mais vantajoso ao trabalhar com cultivares que tenham sementes naturalmente menores.

Tabela 10 - Médias gerais das cultivares para o percentual de sementes retidas em cada peneira e tamanho das sementes. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Cultivar	P 5.5 mm (%)	P 6.0 mm (%)	P 6.5 mm (%)	Tamanho Médio (mm)
DM 66i68 RSF IPRO	10,27 b	37,70 b	45,00 a	6,19 a
SYN 15630 IPRO	16,27 a	45,07 a	32,33 b	6,09 b
Média Geral	13,27	41,38	38,66	6,14

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

Tabela 11 - Percentual de sementes retidas nas peneiras 5 e 7mm para sementes de cultivar estável e responsiva a adubação fosfatada. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Variável	Cultivar	Dose de Fósforo (%)									
		0		50		100		150		200	
		mm									
P5 mm	DM 66i68 RSF IPRO	2,91	b	4,04	a	0,48	a	0,39	a	0,10	a
	SYN 15630 IPRO	7,85	a	2,76	a	0,60	a	1,04	a	0,50	a
P7 mm	DM 66i68 RSF IPRO	0,40	a	0,92	a	3,26	a	9,30		12,63	a
	SYN 15630 IPRO	0,81	a	0,13	a	3,69	a	7,25		5,91	b

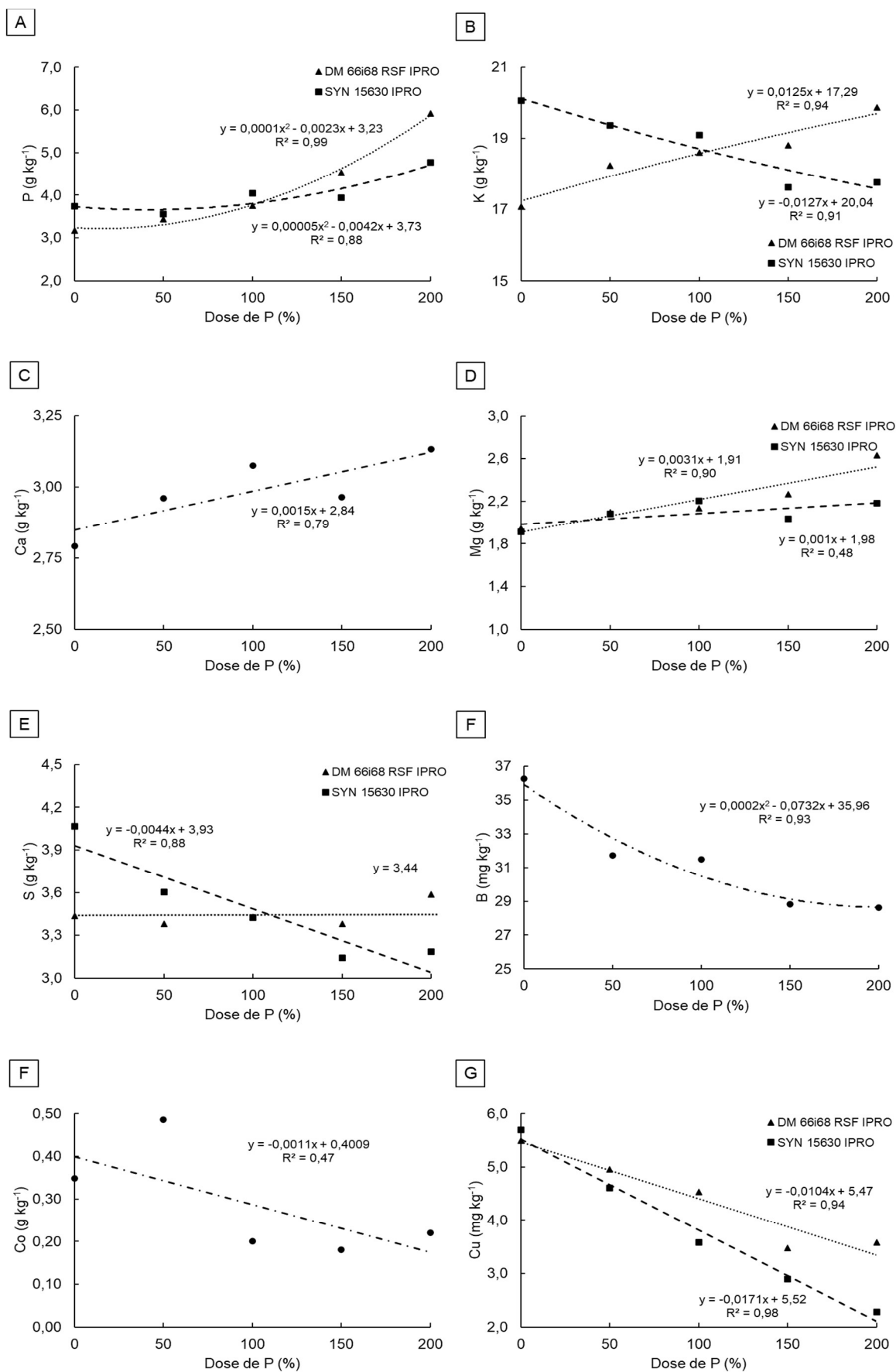
*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

3.11.5 Composição química das sementes

A composição química das sementes das duas cultivares foi significativamente afetada pela disponibilidade de fósforo. Conforme pode ser observado no Anexo I,

houve interação entre os fatores cultivar e dose de fósforo para o conteúdo de P, K, Mg, S, Mn, Fe, Cu, Ni e Zn. Para os nutrientes Cálcio e Boro foi constatado o efeito simples dos fatores cultivar e dose enquanto para o nutriente Co foi constatado o efeito simples da dose de fósforo.

A Figura 5 apresenta os gráficos contendo os polinômios mais representativos obtidos para cada macro e micronutriente avaliado. Para o fósforo (Figura 5A), o aumento da adubação fosfatada acarretou no aumento de sua concentração nas sementes, contudo, esse aumento não foi linear, sendo mais intenso nas doses de 150 e 200% e se ajustando à um modelo quadrático. Na ausência de adubação fosfatada (0%) a cultivar SYN 15630 apresentou maior concentração de fósforo nas sementes enquanto que nas doses 150 e 200% a concentração de fósforo foi superior para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO (Tabela 5). Esses resultados são congruentes com os resultados observados por Marin et al. (2015) que observou aumentos na concentração de P nas sementes da cultivar CD 242 RR que se ajustaram à um modelo quadrático. Singh et al. (2016) também observou aumento da concentração de P em sementes de soja produzidas sob maiores concentrações de P. A concentração de P nas sementes do experimento variou entre 3,18 a 5,92 g de P kg de semente⁻¹, inferior as quantidades observadas por Marin et al. (2015), entre 6 e 8 g de P Kg de semente⁻¹, aproximadamente, mas ainda dentro dos limites observados por Singh et al. (2016) que ficaram entre 3 e 8 g de P kg de semente⁻¹, aproximadamente.



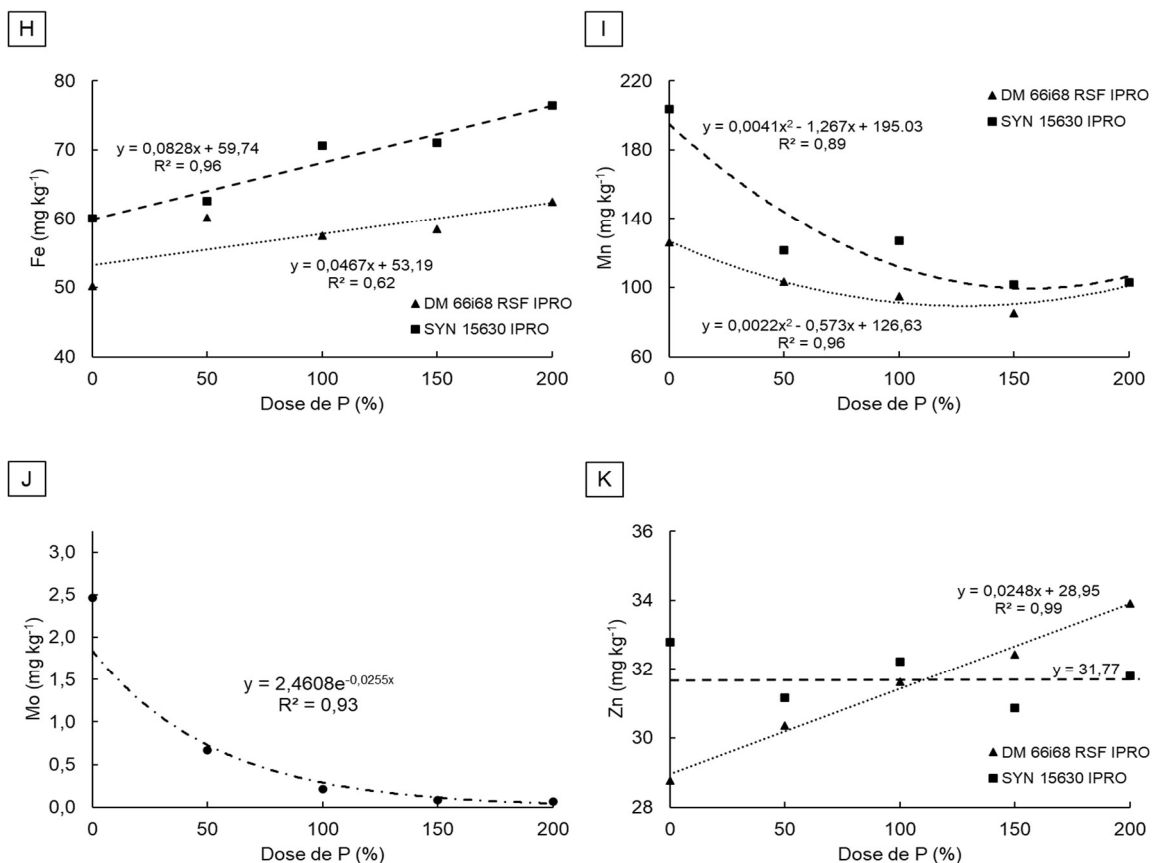


Figura 5 - Composição química de sementes de cultivar estável e responsiva a disponibilidade de fósforo produzidas sob distintas doses. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Para o Potássio (K), foram observadas tendências contrastantes entre as cultivares à medida que ocorre o aumento da disponibilidade de P (Figura 5 B). Enquanto as concentrações de K se ajustaram à um modelo linear crescente para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO, para a cultivar SYN 15630 IPRO as concentrações de K se ajustaram a um polinômio linear decrescente. Os teores observados do nutriente variaram entre 17,08 e 20,07 g de K kg de semente⁻¹, teor similar ao

Tabela 12- Concentração de macro e micronutrientes em sementes de soja estável e responsiva a disponibilidade de fósforo sob diferentes doses. FAEM/UFPeL, Capão do Leão, 2019.

Mi	Cultivar	Dose de Fósforo (%)										Média
		0		50		100		150		200		
g kg de sementes ⁻¹												
P	DM 66i68 RSF IPRO	3,18	b	3,43	a	3,74	a	4,53	a	5,92	a	4,16
	SYN 15630 IPRO	3,74	a	3,55	a	4,04	a	3,94	b	4,77	b	4,01
K	DM 66i68 RSF IPRO	17,08	b	18,24	a	18,60	a	18,82	a	19,87	a	18,52
	SYN 15630 IPRO	20,07	a	19,36	a	19,09	a	17,61	a	17,77	b	18,78
Ca	DM 66i68 RSF IPRO	2,56		2,83		2,80		2,73		2,91		2,77
	SYN 15630 IPRO	3,02		3,09		3,35		3,20		3,36		3,20
Mg	DM 66i68 RSF IPRO	1,95	a	2,10	a	2,14	a	2,27	a	2,63	a	2,22
	SYN 15630 IPRO	1,91	a	2,08	a	2,20	a	2,04	b	2,18	b	2,08
S	DM 66i68 RSF IPRO	3,44	b	3,38	a	3,43	a	3,38	a	3,59	a	3,44
	SYN 15630 IPRO	4,06	a	3,60	a	3,43	a	3,14	a	3,19	b	3,48
mg por kg de sementes ⁻¹												
B	DM 66i68 RSF IPRO	37,26		32,63		33,37		31,27		30,22		33,04
	SYN 15630 IPRO	35,31		30,80		29,62		26,39		27,02		29,83
Co	DM 66i68 RSF IPRO	0,39	a	0,54	a	0,19	a	0,17	a	0,22	a	0,30
	SYN 15630 IPRO	0,30	a	0,44	a	0,22	a	0,19	a	0,22	a	0,27
Cu	DM 66i68 RSF IPRO	5,49	a	4,96	a	4,53	a	3,48	a	3,58	a	4,41
	SYN 15630 IPRO	5,69	a	4,61	a	3,59	b	2,90	a	2,28	b	3,81
Fe	DM 66i68 RSF IPRO	50,21	b	60,16	a	57,53	b	58,47	b	62,51	b	57,78
	SYN 15630 IPRO	60,01	a	62,58	a	70,66	a	71,03	a	76,49	a	68,15
Mn	DM 66i68 RSF IPRO	126,14	b	103,47	a	94,93	b	85,27	a	102,97	a	102,55
	SYN 15630 IPRO	203,64	a	121,59	a	127,03	a	101,71	a	102,88	a	131,37
Mo	DM 66i68 RSF IPRO	2,14		0,55		0,15		0,06		0,05		0,61
	SYN 15630 IPRO	2,79		0,79		0,27		0,11		0,09		0,84
Ni	DM 66i68 RSF IPRO	2,42	a	3,01	a	2,76	a	2,26	a	3,25	a	2,74
	SYN 15630 IPRO	2,52	a	3,24	a	3,07	a	2,39	a	2,48	b	2,74
Zn	DM 66i68 RSF IPRO	28,77	b	30,36	a	31,63	a	32,43	a	33,91	a	31,42
	SYN 15630 IPRO	32,79	a	31,16	a	32,21	a	30,86	a	31,80	a	31,77

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste de t.

observado por Marin et al. (2015), que variaram entre 17 e 22 g de K kg de semente⁻¹, e Singh et al. (2016), que variaram entre 20 e 26 g de K kg de semente⁻¹, aproximadamente. Embora os teores sejam semelhantes as tendências observadas diferem dos resultados obtidos por Marin et al. (2015) que obteve um comportamento quadrático para o nutriente, com inicial redução da concentração de K para as doses de 50, 100 e 150% de P seguida de um aumento marcante na dose de 200%. Em contrapartida, Singh et al. (2016) observou o aumento da concentração de K em sementes da cultivar Spencer como consequência de maior fornecimento de P. Batistella Filho et al. (2013) observou que o aumento da adubação potássica aumentou percentual de germinação sem, contudo, aumentar o vigor nos testes de condutividade elétrica, envelhecimento acelerado e lixiviação de potássio.

As concentrações de cálcio apresentaram tendência de incremento à medida que aumentaram as doses de fósforo (Figura 5C), sendo que os resultados se ajustaram à um polinômio linear crescente. A cultivar SYN 1530 IPRO diferiu de DM 66i68 RSF IPRO com maiores concentrações de cálcio. Esses resultados são similares aos observados por Singh et al. (2016), que observou aumento da concentração de Ca nas maiores doses de P. Em contrapartida, contrastam com o resultado obtido por Marin et al. (2015) que observou uma tendência de queda para o nutriente. Contudo o polinômio obtido pelo autor atingiu um coeficiente de determinação (R^2) de apenas 0,20 comparativamente a um R^2 de 0,79. Adicionalmente, o trabalho utilizou amplitude inferior de doses de P_2O_5 e um solo com maior teor inicial de fósforo e de argila (0 – 108,68 kg ha⁻¹, 11,5 mg de P dm⁻³ e 30%, respectivamente) comparativamente a este trabalho (0 – 506 kg ha⁻¹; 3,7 mg de P dm⁻³ e 14% de argila). Solos com maior teor de argila apresentam maior poder tampão restando maior quantidade de fósforo em seus colóides, exigindo assim maiores adubações em condições de baixa disponibilidade. Harter & Barros (2011) observaram que a suplementação de cálcio durante o desenvolvimento das plantas melhorou a qualidade fisiológica de sementes de soja através dos testes de germinação, primeira contagem da germinação, condutividade elétrica e teste de frio. Contudo, os autores não avaliaram se essa suplementação acarretou em maiores concentrações do nutriente nas sementes produzidas.

O magnésio (Mg) apresentou incrementos de concentração à medida que foram aumentadas as doses de fósforo adicionado (Figura 5D). A cultivar DM 66i68

RSF IPRO apresentou uma tendência de aumento mais acentuada comparativamente à SYN 15630 IPRO, observando-se diferença entre as cultivares para as doses 150 e 200% de P (Tabela 5). Rufino et al. (2017) observou a melhoria de diversas variáveis do desenvolvimento inicial, como matéria seca, área foliar e altura de plantas, quando sementes de soja das cultivares BRS 243 RR e CD 233 RR foram suplementadas com cálcio, magnésio e silício através do recobrimento de sementes.

As concentrações de enxofre (S) apresentaram comportamentos contrastantes para as duas cultivares avaliadas neste estudo (Figura 5E). Para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO não houve efeito das doses de P na concentração de S, que se mantiveram constantes com uma média geral de 3,44 g de S kg de semente⁻¹ (Tabela 5). Enquanto que para a cultivar SYN 15630 IPRO foi observada uma tendência de redução, variando de 4,06 para 3,19 g de S kg de semente⁻¹ entre as doses 0 e 200% de P. As concentrações de S diferiram entre as cultivares para as doses 0%, onde a concentração de S foi maior para a cultivar SYN 15630 IPRO, e 200% de P, onde foi superior para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO. Os resultados obtidos para a cultivar SYN 15630 IPRO estão de acordo com os obtidos por Marin et al., (2015), que observaram tendência de redução no conteúdo de S à medida que aumenta o fornecimento de P. Contudo, os resultados contrastam os obtidos por Singh et al., (2016) que observou o aumento do teor de S em sementes produzidas sob maior suprimento de P. Em condições limitantes de P, as plantas substituem os fosfolipídios de membrana por sulfolipídios e glicolipídios (Plaxton & Tran, 2011). Dessa maneira, esses resultados podem indicar que a cultivar SYN 15630 IPRO se utiliza dessa estratégia para economia de P e preservação da integridade de suas membranas enquanto que a cultivar DM66i68 IPRO pode utilizar a substituição de fosfolipídios por glicolipídios ou outra estratégia.

O micronutriente boro (B) apresentou tendência de redução da concentração com o aumento da dose de P adicionado (Figura 5 F). As concentrações do nutriente nas sementes variaram entre 27,02 a 37,26 mg de B kg de semente⁻¹. Esses valores são um pouco inferiores aos observados por Singh et al. (2016) para a cv. Spencer que ficaram entre 30 e 42 mg de B kg de semente⁻¹. Os resultados obtidos por Singh et al. (2016) sugerem uma tendência de aumento linear para o teor de boro em função da suplementação de P sob atmosferas suplementadas com CO₂ (800 ppm), e um comportamento similar ao quadrático sob concentrações normais de CO₂ (400 ppm),

contudo o autor trabalhou com apenas 3 doses de P, não fazendo o ajuste do polinômio mais significativo. Por outro lado, Marin et al., (2015) não observou efeito da adubação fosfatada nos teores deste micronutriente. A importância do boro em sementes foi associada a estrutura das paredes celulares e à integridade das membranas (Hu & Brown, 1994; Brown et al., 2002) especialmente no tegumento das sementes resultando em maior tolerância ao estresse por calor e à atrasos na colheita (Bellaloui et al., 2017).

Para o micronutriente cobalto (Co) houve redução da concentração como consequência do aumento das doses de P (Figura 5G), os resultados se ajustaram à um modelo de regressão linear decrescente, contudo, o coeficiente de determinação para esse nutriente não foi elevado (R^2 : 0,47). As concentrações nas sementes obtidas no experimento variaram entre 0,17 e 0,54 mg de B kg de semente⁻¹ (Tabela 5). Dalmolin et al. (2021) observaram que a fertilização foliar com produto comercial contendo Co e Molibdênio (Mo) resultaram em incremento da qualidade fisiológica das sementes produzidas através dos testes de primeira contagem da germinação, germinação padrão e emergência a campo.

O cobre (Cu), apesar de sua importância como um micronutriente, pode acarretar em toxicidade às plantas quando presente em quantidades excessivas, especialmente em sementes. As concentrações de Cu nas sementes variaram entre 2,28 a 5,69 mg de Cu kg de semente⁻¹ (Tabela 5), sendo bastante inferiores às observadas por Marin et al. (2015) e Singh et al., (2016) que observaram concentrações entre 5 e 12 e entre 9 e 14 mg de Cu kg de semente⁻¹, aproximadamente. Rigo (2016) obteve valores entre 8,59 e 15,33 mg kg⁻¹ ao avaliar 280 lotes de 9 diferentes cultivares produzidas na Região Noroeste do Rio Grande do Sul. As concentrações do nutriente apresentaram tendência de queda com o incremento das doses de P (Figura 5H) para as duas cultivares se ajustando a modelos lineares decrescentes, sendo essa redução mais intensa para a cultivar SYN 15630 IPRO, que diferiu de DM 66i68 RSF IPRO nas doses de 100 e 200% de P. A tendência de queda observada nesse trabalho contrasta com os resultados obtidos pelos autores supracitados, sendo que o primeiro obteve resultados que se ajustaram a um modelo quadrático com $a > 0$ e o segundo obteve incremento da dose de Cu com o aumento das doses de P. Rigo (2016) observou correlação positiva entre os teores

de Cu e a qualidade fisiológica de algumas cultivares de soja nos testes de germinação, envelhecimento acelerado, viabilidade e vigor pelo teste de tetrazólio.

A concentração do micronutriente ferro (Fe) aumentou significativamente em decorrência do fornecimento de maiores doses de P (Figura 5I). Os níveis de Fe observados nas sementes do experimento variaram entre 50,21 a 76,48 mg de Fe kg de semente⁻¹. Esses valores compreendem os intervalos observados por Marin et al. (2015), entre 50 e 60 mg de Fe kg de semente⁻¹, aproximadamente. Sendo bastante superiores aos resultados observados por Singh et al. (2016), que foram próximo de 30 mg de Fe kg de semente⁻¹, e ao mesmo tempo inferiores aos observados por Rigo (2016), que apresentaram valor médio de 97,83 mg de Fe kg de semente⁻¹. A tendência de aumento nos teores de Ferro em tratamentos com maior disponibilidade de P obtida neste trabalho, também foi observada por Singh et al. (2016) e Marin et al. (2015). A cultivar SYN 15630 IPRO apresentou maiores teores de Fe comparativamente a DM 66i68 RSF IPRO para as doses de 100, 150 e 200% de P (Tabela 5).

O manganês tem importante função na atividade de diversas enzimas nas plantas. Em sementes de soja produzidas sob aplicação de manganês via fertilização foliar foi observado o incremento da atividade das enzimas álcool desidrogenase (ADH), isocitrato liase (ICL) e redução para as enzimas malato desidrogenase (MDH) e peroxidase (PRX) (Carvalho et al., 2014). Os valores observados para as sementes do experimento variaram entre 85,27 e 203,64 mg de Mn Kg de semente⁻¹ (Tabela 5). Esses valores são bastante superiores aos valores observados por Marin et al. (2015), Singh et al. (2016) e Rigo (2016), que variaram entre 1 e 33 mg de Mn kg de semente⁻¹. Contudo, os valores observados ainda estão dentro das amplitudes observadas por Vargas (2014). A concentração de manganês reduziu concomitantemente ao aumento da fertilização com P (Figura 5J), sendo observada diferença entre as cultivares nas doses 0 e 100% de P, com maiores concentrações de Mn para a cultivar SYN 15630 IPRO. Esses resultados estão de acordo com os resultados observados por Marin et al. (2015) mas contrastam dos observados por Singh et al. (2016) que observou tendência contrária.

Rigo (2016) observou correlação positiva entre o teor de molibdênio (Mo) em sementes de soja com a qualidade fisiológica das mesmas pelos testes de germinação, envelhecimento acelerado e viabilidade e vigor pelo teste de tetrazólio.

Nesse trabalho, os teores observados foram baixos, variando entre 0,05 e 2,79 mg de Mo kg de semente⁻¹, comparativamente aos observados pelo autor que ficaram entre 2,40 e 6,37 mg de Mo kg de semente⁻¹. Contudo, Vargas (2014) observou que a concentração média de Mo em 2543 lotes de sementes de soja foi de 1,95 mg kg⁻¹. O Mo apresentou tendência de decréscimo com aumento das doses de P adicionado, sendo que os resultados foram excepcionalmente ajustados usando um modelo exponencial com beta negativo (Figura 5K, regressão não linear). Embora fosse possível ajustar um modelo quadrático, o modelo apresentava porção da curva com valores abaixo de zero, o que é impossível para a concentração de nutrientes.

O níquel (Ni) foi o único nutriente para o qual não foi possível ajustar um modelo de regressão significativo de resposta ao fósforo para nenhuma das cultivares avaliadas. Contudo, foi observada diferença para as cultivares na dose de 200% com superioridade para a cultivar DM66i68 RSF IPRO (Tabela 5).

O zinco (Zn) apresentou respostas contrastantes para as cultivares avaliadas (Figura 5L), com tendência de aumento nas concentrações em decorrência da fertilização fosfata para a cultivar DM66i68 RSF IPRO e ausência de resposta para a cultivar SYN 15630 IPRO (Figura 5M). Os resultados para a cultivar DM66i68 RSF IPRO estão de acordo com os observados por Marin et al. (2015) e Singh et al. (2016). Adicionalmente, Rigo (2016) observou correlação positiva da concentração de zinco nas sementes com o potencial de germinação, percentual de plântulas normais no teste de envelhecimento acelerado, viabilidade e vigor pelo teste de tetrazólio.

3.11.6 Qualidade fisiológica das sementes

A determinação da qualidade fisiológica se aproveita de um conjunto de características passíveis de serem avaliadas nas sementes que apresentam relação direta ou indireta com o desempenho de sementes à campo. Os resultados da análise de variância para os testes de qualidade fisiológica realizados em laboratório são apresentados no Anexo I enquanto que os resultados referentes ao desempenho inicial das sementes em campo são apresentados no anexo J. Para as variáveis de desenvolvimento inicial foi possível testar apenas as sementes produzidas nas doses entre 50% e 200% devido à quantidade limitada de sementes produzidas no tratamento 0%. Os resultados da análise de variância demonstram que houve

interação entre os fatores cultivar e dose para as variáveis condutividade elétrica e lixiviação de potássio às 4, 8 e 24 horas, índice de velocidade de emergência, área foliar e matéria seca de caule e razão raiz/parte aérea. Para a variável matéria seca de raiz foi constatado o efeito simples de cultivar e dose enquanto que para matéria seca de folhas e matéria seca total foi observado apenas o efeito simples de dose. Para as variáveis primeira contagem da germinação, germinação e emergência de plântulas a campo foi constatado apenas o efeito simples da cultivar.

A Tabela 13 traz os resultados de qualidade fisiológica para as variáveis onde houve efeito simples de cultivar. Para as variáveis primeira contagem da germinação, germinação e emergência de plantas a cultivar SYN 15630 IPRO apresentou desempenho superior comparativamente a cultivar DM 66i68 RSF IPRO. Enquanto que para variável matéria seca de raiz a cultivar DM66i68 RSF IPRO apresentou desempenho superior.

Tabela 13 - Qualidade fisiológica de sementes de cultivar de soja tolerante/estável e suscetível/responsiva à disponibilidade de fósforo. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

Cultivar	PCG (%)	G (%)	EC (%)	MSR (mg)
DM66i68 RSF IPRO	79 b*	89 b	84 b	121,28 a
SYN 15630 IPRO	83 a	94 a	89 a	103,43 b
Média Geral	81	92	87	112,35

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si em nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste de t.

A emergência de plântulas não foi afetada pela quantidade de fósforo disponível. Marin et al. (2015) e Batistella Filho et al. (2013) também não observaram diferença estatística para a variável emergência de plântulas em sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo.

Para a condutividade elétrica as 4, 8 e 24 horas após o início da embebição das sementes a cultivar SYN 15630 IPRO apresentou condutividade elétrica significativamente maior na dose 0% de P adicionado em todos os tempos avaliados, na dose de 50% de P para as avaliações as 4 e 8 horas de embebição e a menor condutividade na dose de 200% de P adicionado nos tempos de embebição de 8 e 24 horas. Para as duas cultivares houve tendência de redução dos valores observados em todos os tempos de avaliação como resposta ao aumento da fertilização fosfatada (Figuras 6 A, B e C, respectivamente). Os resultados para a lixiviação de potássio apresentaram tendência similar à condutividade elétrica com redução dos valores

observados para a variável como resposta aos acréscimos de P adicionado. A cultivar SYN 15630 IPRO apresentou maior lixiviação de K comparativamente a cultivar DM 66i68 RSF IPRO na dose 0% de P nos tempos de avaliação 4 e 8 horas e na dose de 50% no tempo de avaliação de 8 horas. Em contrapartida, a cultivar apresentou menor lixiviação de K nas doses de 150% e 200% para a avaliação as 8 horas e na dose de 200% de P para o tempo de avaliação de 24 horas. Esses resultados contrastam os resultados obtidos por Batistella Filho et al. (2013) que não observou efeito da adubação fosfatada na condutividade elétrica de sementes de soja e ajustou um modelo de resposta linear crescente para a lixiviação de potássio em função da adubação fosfatada.

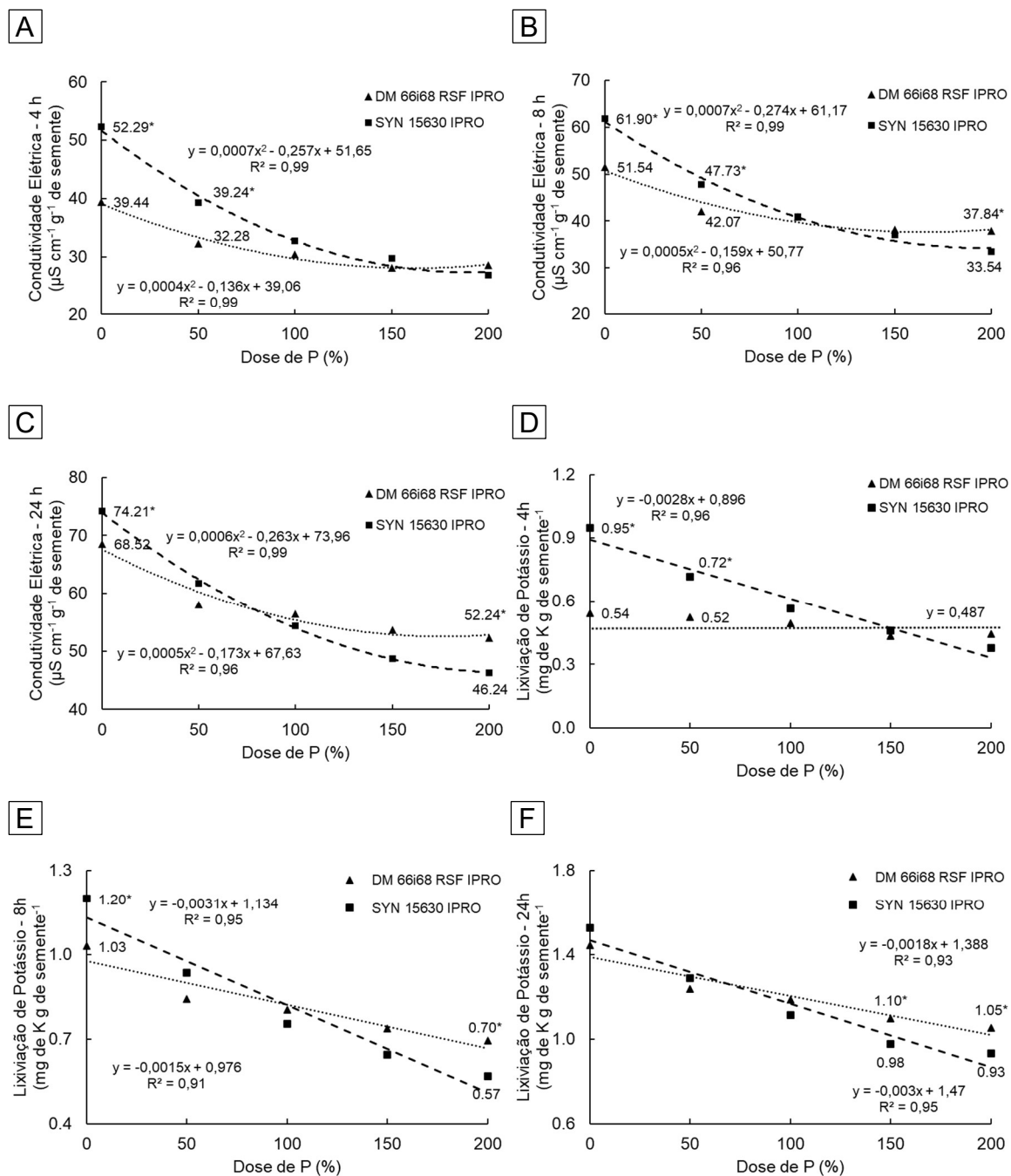


Figura 5 - Qualidade fisiológica em sementes de cultivar estável e responsiva à dose de fósforo. FAEM/UFPel, Capão do Leão, 2019.

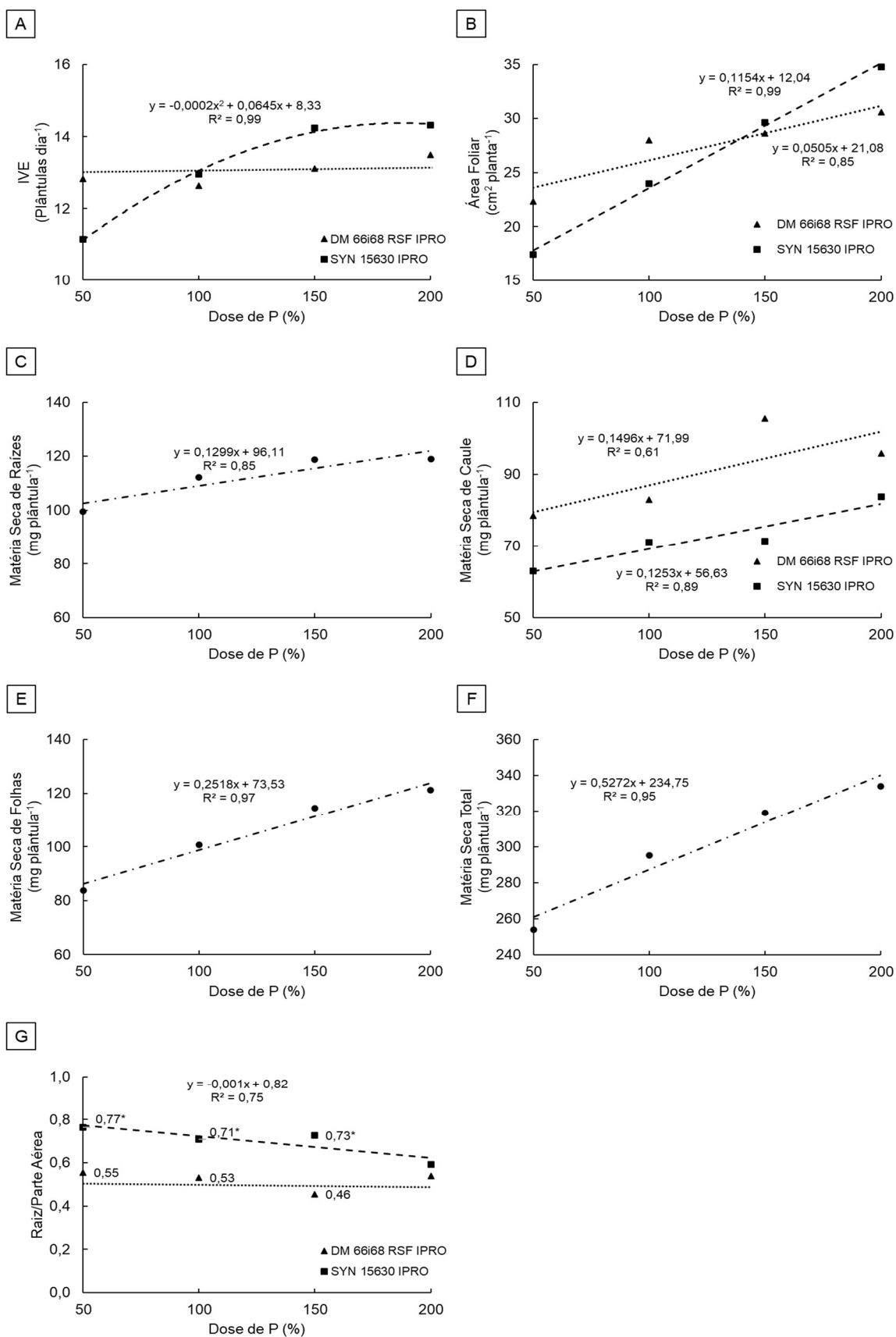


Figura 6 - Desempenho inicial de plântulas derivadas de sementes de cultivar estável e responsiva à disponibilidade de fósforo produzidas sob diferentes doses. FAEM/UFPel. Capão do Leão, 2019.

Para a cultivar SYN 15630 IPRO pode-se observar a melhoria do índice de velocidade de emergência em decorrência do aumento das doses de adubação fosfatada (Figura 7A). Adicionalmente, todas as variáveis associadas a produção de matéria seca de plântulas apresentaram efeito positivo do aumento das doses de adubação fosfatada. Para as variáveis área foliar, matéria seca de raízes, caules, folhas e matéria seca total foi observado o efeito simples da dose de fósforo que foram ajustados a modelos de regressão lineares (Figuras 7B, 7C, 7D, 7E e 7F). Esses resultados indicam que não houve exaustão dos efeitos benéficos da adubação fosfatada na produção de matéria seca de plântulas de soja nas condições em que o experimento foi realizado.

As respostas da variável matéria seca do caule foram ajustadas a modelos de regressão lineares para ambas as cultivares. Embora esse efeito não tenha sido observado para todas as variáveis, ressalta-se a existência de variabilidade na resposta à disponibilidade de fósforo entre cultivares, o que pode justificar a ausência de respostas significativas em estudos disponíveis na literatura, como no trabalho realizado por OLIVEIRA (2015).

3.12 Conclusões

A seleção de cultivares para níveis de tolerância à deficiência de fósforo através de experimentos que utilizam a produção de matéria seca nos estágios iniciais de crescimento tem potencial de aplicação limitado no melhoramento vegetal e pesquisa acadêmica.

A adubação fosfatada aumenta o diâmetro do caule, o número de nós, a altura de plantas, o número de ramificações por planta, a produção de matéria seca de parte aérea ao mesmo tempo que aumenta o percentual de grãos em relação à massa de parte aérea.

A adubação fosfata promove o aumento do número de vagens por planta, o número de grãos por vagem, através da redução do número de vagens com 1 grão e aumento das vagens com 2 e 3 grãos, consequentemente aumentando o número de grãos por planta. Além disso, aumenta o peso de mil sementes e a produtividade de grãos por planta.

Sementes produzidas sob maiores doses de fósforo apresentam maior tamanho médio das sementes do lote através da redução do percentual de sementes menores que 6.5, 6.0 e 5.5 mm e aumento da fração de sementes maiores que 6.5 e 7.0 mm.

O incremento das doses de fertilizante fosfatado acarreta em maior acúmulo dos minerais fósforo, cálcio, magnésio e ferro. Para o potássio pode ocorrer tanto o aumento como redução dependendo da cultivar. Para o enxofre pode ocorrer a redução ou a ausência de resposta. Para o zinco pode ocorrer o aumento ou a ausência de resposta dependendo do genótipo.

A produção de sementes em ambientes com maior disponibilidade de fósforo melhora a qualidade fisiológica de sementes determinada através do índice de velocidade de emergência, da área foliar e matéria seca de plântulas, do teste condutividade elétrica e do teste de lixiviação de potássio.

Referências

- BATISTELLA FILHO, F.; FERREIRA, M. E.; VIEIRA, R. D.; CRUZ, M. C. P.; CENTURION, M. A. P. C.; SYLVESTRE, T. B.; RUIZ, J. G. C. L. Adubação com fósforo e potássio para produção e qualidade de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.7. 2013.
- BROWN, P. H., BELLALLOUI, N., WIMMER, M. A., BASSIL, E. S., RUIZ, J., HU, H., et al.. Boron in plant biology. **Plant Biol**, v.4, p.205–223. 2002.
- BELLALLOUI, N.; SMITH, J.R.; MENGISTU, A. Seed Nutrition and Quality, Seed Coat Boron and Lignin Are Influenced by Delayed Harvest in Exotically-Derived Soybean Breeding Lines under High Heat. **Front. Plant Sci.** 8:1563. 2017.
- EVERSON REIS CARVALHO, E. R.; OLIVEIRA, J. A.; VON PINHO, E. V. DE R.; COSTA NETO, J. Enzyme activity in soybean seeds produced under foliar application of manganese. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 38, n. 4, pp. 317-327. 2014.
- DALMOLIN, A. K.; ALMEIDA, A. S.; RODRIGUES, D. B.; MARTINS, A. B. N.; GEWEHR, E.; DENARDIN, N. D.; DE TUNES, L. V. M. aplicação foliar de molibdênio e cobalto na soja cultura: rendimento e qualidade de sementes. **Brazilian Journal of Development**, v.7, n.5, p. 43873-43885. 2021
- FERREIRA, E.; CAVALCANTI, P.; NOGUEIRA, D. ExpDes: An R Package for ANOVA and Experimental Designs. **Applied Mathematics**, v. 5, n. 19, p. 2952-2958. 2014. doi: 10.4236/am.2014.519280.
- HARTER, F. S.; BARROS, A. C. S. A. Cálcio e silício na produção e qualidade de sementes de soja. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n.1 p. 054 - 060, 2011.
- Hu, H., and Brown, P. H. Localization of boron in cell walls of squash and tobacco and its association with pectin: Evidence for a structural role of boron in the cell wall. **Plant Physiol.** V.105, p. 681–689. 1994.
- MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de Sementes de Plantas Cultivadas**. Londrina: ABRATES, 2 ed., 2015. 660p.
- MARIN, R. S. F.; BAHRY, C. A.; ZIMMER, P. D. Effect of phosphate fertilization in production of soybean seeds. **Revista Ceres**, v. 62, n. 3, pp. 265-274. 2015.
- PAZZIN, D. **Produção e qualidade de sementes de soja em função do teor de fósforo na semente e da adubação fosfatada**. 2015. 37f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG.
- R Core Team (2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.
- RStudio Team (2021). **RStudio: Integrated Development Environment for R**. RStudio, PBC, Boston, MA. Disponível em: <http://www.rstudio.com/>

RIGO, G. A. **Teor de nutrientes e qualidade fisiológica de sementes de soja**. 2016. 45f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS.

RUFINO, C. DE A.; TAVARES, L. C.; MARTÍN-RAMOS, P.; FERNANDES-VIEIRA, J.; ABREU JÚNIOR, J. DE S.; SILVA, F. J. A.; FERNANDES-CORREA, M.; MARTÍN-GIL, J. Performance of Soybean Seedlings Upon Nutrient Application by Seed Coating. **Brazilian Archives of Biology and Technology** [online]. 2017, v. 60, e17160128.

OLIVEIRA, L. **Doses de fósforo na produção de sementes de soja e desempenho na produção de grãos**. 2015. 20f. Dissertação (Mestrado Profissional) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS.

PLAXTON, W. T.; TRAN, H. T. Metabolic Adaptations of Phosphate-Starved Plants. **Plant Physiology**, v. 156, pp. 1006–1015, 2011.

VARGAS, R. L **Teores de macronutrientes e micronutrientes em sementes de soja**. 2014. 61f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS.

4. Capítulo III: Impacto da adubação fosfatada durante a produção de sementes na produção de grãos e efeito transgeracional.

4.1 Introdução

O agronegócio brasileiro vem fomentando o desenvolvimento de diversas cidades e a interiorização da atividade econômica brasileira (Graziano, 2021). Dentre as atividades agrícolas praticadas no Brasil, o cultivo de soja é uma das mais expressivas com mais de 40 milhões de hectares destinados a produção desse grão na safra 2021/22 (CONAB, 2021), o que corresponde a 56% da área cultivada com grãos no País. Para atender a demanda de sementes dessa cultura na safra 2020/21, por exemplo, foram produzidas 3817540 toneladas de sementes, ainda que a taxa de utilização de semente comercial no Brasil seja de apenas 67% (ABRASEM, 2021).

A elevada demanda por sementes demonstra a importância desse setor, por outro lado, a baixa taxa de utilização de sementes certificada evidencia que existe espaço para crescimento e que uma parcela significativa de produtores ou não acredita na qualidade superior de sementes produzidas dentro do sistema de certificação, comparativamente a sementes piratas, ou ainda, acredita que sementes produzidas *on farm* irão apresentar o mesmo desempenho.

As empresas produtoras de sementes se utilizam de várias estratégias para a produção de sementes de qualidade superior aquelas produzidas *on farm*. Algumas delas são a utilização de técnicas avançadas de seleção durante o processamento como o uso de separadores em espiral, mesas densimétricas, classificação em peneiras, uso de seletrons, também é realizada a colheita antecipada e secagem, o armazenamento a frio, e o tratamento industrial das sementes. A campo são utilizados uma série de critérios desde o descarte de campos de acordo com testes como o de tetrazólio, a utilização de níveis de controle mais severos para diversas pragas e o emprego de doses superiores de macro e micronutrientes. Contudo, apesar da extensa literatura demonstrando o efeito dessas práticas na qualidade das sementes e performance inicial, poucos são os estudos demonstrando o efeito final na produção de grãos.

No que se refere ao fósforo, vários trabalhos avaliaram os efeitos de maiores doses do nutriente na germinação, emergência de plântulas e outras variáveis relacionadas a qualidade fisiológica (BATISTELA FILHO et al., 2013; GUERRA et al., 2006; MARIN et al., 2015; OLIVEIRA, 2015; PAZZIN, 2015, TRIGO et al., 1997). Contudo, apenas alguns desses autores avaliaram o desempenho dessas sementes até a conclusão de uma nova geração de produção de grãos. Nesses estudos foi observado o aumento da matéria seca das hastes, do número de ramificações e de sementes, e em alguns casos maior produtividade (MARIN et al., 2015; PAZZIN, 2015). Por outro lado, alguns estudos não observaram efeitos de maiores doses de fósforo na produção de grãos, ou até mesmo na qualidade de sementes (BATISTELA FILHO et al., 2013; OLIVEIRA, 2015).

A ausência de resposta em alguns estudos indica que os efeitos de maiores doses de fósforo são mais evidentes sob condições específicas e que outros fatores podem interferir de maneira mais intensa no desempenho dessas sementes. Alguns desses fatores, podem estar relacionadas a características intrínsecas da cultivar, visto que os estudos presentes na literatura não avaliaram o grau de tolerância dessas cultivares a limitação de fósforo previamente a realização dos trabalhos, à ocorrência de estresses, pragas e doenças durante a produção de sementes e de grãos, à época de plantio do experimento, entre outros, que podem interferir na detecção de diferenças significativas.

No que se refere aos efeitos de cultivar, Silva (2016) observou que em condições de baixa disponibilidade de P a eficiência de utilização é o componente mais importante da eficiência de uso de P, enquanto em condições de alta disponibilidade de P, a eficiência de absorção deve ser o principal componente da eficiência de uso de P. Por outro lado, Alves (2018) observou que a maior dissimilaridade genética para eficiência de uso de P entre genótipos de soja pode ser observada na dose de 50% do recomendado de P em solos com baixo teor do nutriente, o autor sugere que em doses extremamente baixas do nutriente pode haver prejuízo a expressão de genes relacionados a eficiência de uso e absorção de P.

4.2 *Objetivo*

O objetivo desse trabalho foi avaliar o efeito transgeracional na produção de grãos decorrente da utilização de distintas doses adubação fosfatada na produção de sementes em cultivares de soja com desempenhos contrastantes quanto à resposta a adubação fosfatada.

4.3 *Material Vegetal*

A partir dos resultados obtidos no capítulo II foram selecionadas sementes das duas cultivares (DM66i68 RSF IPRO [tolerante] e SYN15630 IPRO [suscetível]) produzidas sob as doses de 0%, 50% e 200% da dose recomendada de P. A utilização de sementes da dose 50% visou observar se existe efeito contrastante para sementes produzidas sob condições severas de limitação de P (0%) comparativamente a doses subótimas do nutriente (50%).

4.4 *Localização do experimento*

O trabalho foi realizado em casa de vegetação e no Laboratório de Análise de Sementes do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, situada à altitude de 13 m, 31° 52' de latitude Sul e 52° 21' de longitude Oeste. O clima da região é do tipo Cfa segundo a classificação de Köppen, com chuvas bem distribuídas e verão quente.

4.5 *Correção e adubação do solo*

A partir da análise química (Anexo K), o solo foi corrigido para uma expectativa de produtividade de 5 toneladas ha⁻¹, com exceção das diferentes doses de fósforo que foram realizadas de acordo com cada tratamento, seguindo as recomendações do Manual de Adubação e Calagem para os Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina (CQFS, 2016).

A calagem e a adubação com P e K foram incorporados previamente à semeadura, utilizando como fontes o óxido de cálcio, o superfosfato triplo moído e o cloreto de potássio moído, respectivamente.

4.6 Semeadura

A semeadura foi realizada em baldes de polietileno, com 20 litros de capacidade, contendo como substrato solo do horizonte A1 de um Planossolo. A semeadura foi realizada no dia 29 de setembro de 2019, visando proporcionar uma janela de desenvolvimento ampla para que as plantas atingissem seu máximo potencial produtivo. A quantidade de solo seco em cada balde foi de 24 kg de solo seco e peneirado. As sementes foram tratadas previamente com Standak® Top (fungicida e inseticida) obedecendo as doses recomendadas pelo fabricante. Adicionalmente, considerando o efeito do fósforo sobre a eficiência da fixação biológica no nitrogênio, foi realizada inoculação juntamente a semeadura, utilizando-se o inoculante turfoso contendo a espécie *Bradyrhizobium japonicum*, verificando a eficiência da nodulação aos 12 dias após a emergência.

4.7 Manejo de pragas e doenças

Não foi observada a ocorrência de doenças fúngicas durante o desenvolvimento da cultura para nenhum dos tratamentos. Dessa forma, não foi necessária a aplicação de fungicidas. Foi necessário o manejo semanal de insetos devido à presença de mosca branca (*Bemisia tabaci* raça B [Bellows & Perring]), trips e o ácaro-rajado (*Tetranychus urticae*). Insetos comuns em experimentos realizados em casa de vegetação. O manejo foi realizado através aplicações rotacionadas dos inseticidas: Engeo Pleno™ S (Tiametoxam + Lambda-Cialotrina), Mustang® 350 EC (Zeta-Cipermetrina) e Pyrinex 480 EC (Clorpirifós). Não foi observada a ocorrência de percevejos.

4.8 Tratamentos

Os lotes de sementes produzidas no anterior (0%, 50% e 200% de P) das cultivares tolerante (estável) e suscetível (responsiva) foram submetidas a duas diferentes doses de fósforo adicionado ao solo durante a produção de grãos, correspondentes a 0 e 200 % da dose recomendada de P para uma expectativa de produtividade de 5 t há⁻¹ em um solo com teor de P classificado com muito baixo e

classe de argila 4, com o fornecimento de 100% da adubação de correção e de manutenção. Segundo o manual de adubação e calagem, a dose recomendada de P para um solo nessas condições é 575 kg de superfosfato triplo (SFT) por hectare. Considerando-se uma camada arável de 20 cm, cada balde de 20 litros correspondeu à 0,001% de um hectare. Assim, as doses de SFT moído em cada unidade experimental foram de 0 g (0 ppm) e 11,5 g (85,8 ppm) que corresponderam à 0 e 200% da dose recomendada de P, para as características desse solo.

4.9 Avaliações realizadas

4.9.1 Características morfológicas

As características morfológicas foram determinadas a partir dos 30 dias, em intervalos regulares de 15 dias. A altura de planta foi determinada através de régua graduada, mensurando a distância entre o nível do solo e a extremidade superior do caule. O diâmetro do colmo foi determinado com o auxílio de paquímetro digital e expresso em mm e o número de nós através de contagem direta, considerando aqueles em que tenha ocorrido a emissão de folhas completamente expandidas. Ao final do cultivo as plantas de cada repetição foram cortadas junto à base do solo e a matéria seca do ramo principal (MSRP), ramificações (MSR), vagens (MSV) foram determinadas. A massa de parte aérea (MSPA) foi calculada a partir da soma de MSRP, MSR, MSV e do rendimento de grãos. A matéria seca de folhas e raízes não foi determinada devido ao elevado grau de deterioração das mesmas por ocasião da colheita. Os resultados para as variáveis foram apresentados em gramas. Adicionalmente, foi calculado o percentual entre o rendimento de grãos e MSPA (GPA).

4.9.2 Componentes do rendimento

Após a colheita foram avaliados o número, de vagens, de sementes por vagem e a massa de mil sementes. A produtividade de grãos foi determinada através da colheita e debulha manual das vagens de todas as plantas de cada tratamento seguida de correção da umidade para 13%, apresentando os resultados em g planta⁻¹.

4.10 Delineamento experimental

O experimento foi conduzido em blocos completos casualizados com 4 repetições, em esquema fatorial triplo, cultivares (tolerante e suscetível [2]) x doses de fósforo na produção de sementes (0%, 50% e 200% da dose recomendada de P[3]) e doses de fósforo na produção de grãos (0 e 200% da dose recomendada de P[2]). As análises estatísticas foram realizadas utilizando R (R Core Team, 2020), através da interface *RStudio* (RStudio Team) e o pacote estatístico *ExpDes.pt* (FERREIRA et al., 2014). Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando o F calculado foi significativo em nível de 5% de probabilidade e atendidas as pressuposições da análise da variância, as médias das cultivares foram comparadas pelo teste de t. Embora as doses de fertilizante fosfatado sejam, em essência, fatores quantitativos, devido ao uso de apenas duas doses na produção de grãos e 3 doses na produção de sementes, os efeitos dos níveis desses fatores foram comparados através dos testes t e de Tukey, respectivamente. A normalidade dos resíduos foi avaliada através do teste de Shapiro-Wilk.

4.11 Resultados e discussão

4.11.1 Características morfológicas

Os resultados das avaliações morfológicas para as características diâmetro do caule, altura de plantas e número de nós podem ser observados nas Tabelas 14, 15 e 16, respectivamente. Para a variável diâmetro do caule os fatores avaliados apresentaram interação tripla para as avaliações realizadas aos 30 DAS e aos 45 DAS (Anexo L). Para as avaliações aos 60 e 75 DAS foi observado o efeito da interação entre os fatores cultivar (CV) e dose de P na produção de grãos (DG) e o efeito simples do fator dose de P na produção de sementes (DS). Para a avaliação aos 90 DAS foi observada a interação entre os fatores DS e DG e o efeito simples do fator cultivar.

Na avaliação realizada aos 30 DAS, o efeito no diâmetro de caule da maior disponibilidade de P durante a produção de sementes pôde ser observado em ambas as doses de P durante a produção de grãos na cultivar tolerante, onde a dose de 200% de P foi superior as demais. Na cultivar suscetível, a dose de 200% de P foi superior apenas a dose de 0% de P na produção de sementes quando utilizada a dose de 0%

na produção de grãos, não havendo efeito da dose de P nas sementes quando utilizada a dose de 200% de P na produção de grãos. Para a avaliação aos 45 DAS foi observado um comportamento semelhante, contudo, para a dose de 200% de P na produção de grãos as plantas derivadas de sementes produzidas sob a dose de 0% de P foram superiores as demais doses. Para as avaliações aos 60 e 75 DAS houve o efeito simples do fator dose de P na produção de sementes com superioridade da dose de 200% de P sob as demais. Para a avaliação aos 90 DAS houve interação

Tabela 14 - Diâmetro do caule (mm) aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a semeadura em soja de cultivar tolerante e suscetível a deficiência de fósforo sob distinta disponibilidade na produção de sementes e grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.

DAS	Cultivar	%P (G)	%P (S)			Média (G°C)	Média (C)
			0	50	200		
30 Dias	Tol.	0	3,13 Baβ*	3,07 Baβ	3,73 Aaβ	3,31	3,97
		200	4,31 Baα	4,44 Baα	5,12 Aaα	4,62	
	Sus.	0	2,77 Baβ	3,08 ABAβ	3,41 Aaβ	3,09	3,72
		200	4,55 Aaα	4,06 Aaα	4,46 Abα	4,36	
	Média (S*G)	0	2,95	3,08	3,57	3,22	
		200	4,43	4,25	4,79	4,49	
45 Dias	Tol.	0	3,51 Baβ	3,45 Baβ	4,10 Aaβ	3,69	4,58
		200	5,06 Bbα	5,45 Baα	5,91 Aaα	5,47	
	Sus.	0	3,09 Bbβ	3,37 Baβ	3,95 Aaβ	3,47	4,35
		200	5,69 Aaα	5,16 Baα	5,21 Bbα	5,24	
	Média (S*G)	0	3,30	3,41	4,02	3,58	
		200	5,38	5,30	5,39	5,36	
60 Dias	Tol.	0	5,02	4,97	5,90	5,29 aβ	6,48
		200	7,51	7,44	8,05	7,67 aα	
	Sus.	0	4,39	4,98	5,39	4,92 bβ	6,39
		200	7,74	8,03	7,84	7,87 aα	
	Média (S*G)	0	4,70	4,97	5,64	5,11 β	
		200	7,63	7,73	7,95	7,77 α	
75 Dias	Tol.	0	6,75	6,44	7,58	6,91 aβ	8,51
		200	10,00	9,89	10,45	10,11 bα	
	Sus.	0	6,46	6,66	7,59	6,84 aβ	8,73
		200	10,45	11,16	10,49	10,87 aα	
	Média (S*G)	0	6,60	6,54	7,58	6,91	
		200	10,22	10,53	10,68	10,47	
90 Dias	Tol.	0	7,60	6,83	8,61	7,68	9,47
		200	10,93	11,71	11,12	11,25	
	Sus.	0	7,06	8,16	8,53	7,92	10,02

	200	11,85	12,46	12,05	12,12
Média (S*G)	0	7,33 B β	7,50 B β	8,57 A β	7,80
	200	11,39 A α	12,09 A α	11,59 A α	11,69
Média (S)		9,44	9,81	10,10	
CV (%)			7,85%		

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna, ao comparar as cultivares, ou pela mesma letra grega, ao comparar as doses de fósforo durante a produção de grãos, não diferem entre si pelo teste t. Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha, ao comparar as doses de P durante a produção de sementes, não diferem entre si pelo Teste de Tukey.

entre os fatores DS e DG, observando-se superioridade da dose 200% de P na produção de sementes sob as demais quando da utilização de 0% de P na produção de grãos. Em contrapartida, quando a dose de 200% de P foi utilizada na produção de grãos, não houve efeito das doses de P utilizadas na produção de sementes.

Para o fator cultivar, a cultivar tolerante apresentou maior diâmetro de caule sob as doses de 200% de P na produção de sementes e 200% de P na produção de grãos nas avaliações realizadas aos 30 e 45 DAS e também na avaliação aos 60 DAS para 0% de P na produção de grãos. Em contrapartida, a cultivar suscetível apresentou maior diâmetro de caule aos 45 DAS na dose de 0% de P na produção de sementes associado a 200% de P na produção de grãos. Para a avaliação aos 75 DAS, a cultivar suscetível foi superior na dose de 200% de P durante a produção de grãos. Ao observamos o fator dose de P durante a produção de grãos (DG), pode-se perceber que a dose de 200% de P foi superior a dose 0% para todas as comparações indicadas pela análise de variância (Anexo L).

Pode-se perceber que para a variável altura de plantas aos 30 dias foi observado apenas o efeito simples de todos os fatores (Anexo L) com incremento da altura das plantas provenientes de sementes produzidas na dose de 200% de P comparativamente às demais doses (Tabela 15). A mesma tendência foi observada aos 90 DAS. Aos 45 e 60 DAS houve interação entre os fatores dose semente e cultivar sendo que a cultivar tolerante apresentou desempenho superior na dose de 200% de comparativamente as demais. Para a cultivar suscetível, aos 45 DAS, as plantas derivadas de sementes produzidas a 200% de P apresentaram maior altura comparativamente às produzidas sob as doses de 50% de P não diferindo das plantas derivadas de sementes produzidas na dose de 0% que, em contrapartida, não diferiu da dose de 50%. Aos 60 DAS, não foi possível observar efeito da dose de P nas sementes na altura das plantas derivadas para a cultivar suscetível. Aos 75 DAS foi

observado o efeito de interação tripla entre os fatores. Pode-se observar que plantas derivadas de sementes produzidas sob a dose de 200% de P resultaram em plantas mais altas que aquelas produzidas sob 50% de P durante a produção de grãos na dose de 0% de P sem, contudo, diferir de plantas derivadas de sementes produzidas sob condições de 0% de P para ambas as cultivares. Sob o fornecimento de 200% do P recomendado durante a produção de grãos, observou-se maior altura de plantas para a cultivar tolerante na dose de 200% de P durante a produção de sementes sem, contudo, diferir da dose de 50% de P. Para a cultivar suscetível, foi observado

Tabela 15 - Altura de planta (cm) aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a semeadura em soja de cultivar tolerante e suscetível a deficiência de fósforo sob distinta disponibilidade na produção de sementes e grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.

DAS	Cultivar	%P (G)	%P (S)			Média (G*C)	Média (C)
			0	50	200		
30 DAS	Tol.	0	18,10*	19,03	20,36	19,17	20,95 a
		200	21,96	21,69	24,56	22,74	
	Sus.	0	13,11	13,08	15,01	13,73	15,04 b
		200	16,65	15,51	16,87	16,34	
	Média (S*G)	0	15,61	16,06	17,68	16,42 β	
		200	19,31	18,60	20,71	19,54 α	
	Média (S)		17,46 B	17,33 B	19,20 A		
	CV (%)		6,72%				
45 DAS	Tol.	0	19,84	20,50	22,90	21,08	23,31
		200	24,45	24,60	27,57	25,54	
		(S*C)	22,14 Ba	22,55 Ba	25,23 Aa		
	Sus.	0	14,05	13,85	16,00	14,68	16,31
		200	19,01	16,66	18,30	17,64	
		(S*C)	16,53 ABb	15,25 Bb	17,15 Ab		
	Média (S*G)	0	16,95	17,17	19,51	17,85 β	
		200	21,73	20,63	22,41	21,76 α	
	Média (S)		19,34	18,90	21,19		
	CV (%)		6,65%				
60 DAS	Tol.	0	28,74	29,07	34,10	30,64	34,41
		200	36,50	37,41	40,60	38,17	
		(S*C)	32,62 Ba	33,24 Ba	37,35 Aa		
	Sus.	0	21,23	21,29	24,52	22,35	26,15
		200	31,66	28,02	30,18	29,95	
		(S*C)	26,44 b	24,65 b	27,35 b		
	Média (S*G)	0	24,98	25,18	29,31	26,49 β	
		200	34,08	32,71	35,39	34,06 α	
	Média (S)		29,53	28,95	32,35		
	CV (%)		6,75%				
75 DAS	Tol.	0	41,31 ABa β	39,35 Ba β	45,83 Aa β	41,20	46,91
		200	48,37 Ba α	53,77 Aa α	55,71 Aa α	52,62	
	Sus.	0	32,63 ABa β	31,14 Bb β	36,93 Ab β	33,56	38,67
		200	47,26 Aa α	42,53 Bb α	43,37 ABb α	44,39	
	Média (S*G)	0	36,97	35,25	41,38	37,86	
		200	47,81	48,15	49,54	48,50	

90 DAS	Média (S)		41,67	41,70	45,46	
	CV (%)		5,94%			
	Tol.	0	50,81	50,86	57,44	53,04
		200	63,89	70,86	71,04	68,60
	Sus.	0	48,45	46,64	52,13	49,07
		200	65,25	60,89	63,53	63,22
	Média (S*G)	0	49,63	48,75	54,78	51,01 β
		200	64,57	65,87	67,28	65,91 α
	Média (S)		57,10 B	57,31 B	61,62 A	
	CV (%)		7,69%			

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna, ao comparar as cultivares, ou pela mesma letra grega, ao comparar as doses de fósforo durante a produção de grãos, não diferem entre si pelo teste t. Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha, ao comparar as doses de P durante a produção de sementes, não diferem entre si pelo Teste de Tukey.

desempenho superior para altura em plantas derivadas de sementes produzidas na dose de 0% de P sem diferir da dose de 200% de P.

Para o fator cultivar, a cultivar DM66i68 RSF IPRO apresentou de forma consistente maior altura de plantas comparativamente à SYN 15630 IPRO aos 30, 45, 60, 75 e 90 DAS com exceção apenas das comparações entre as cultivares para a dose 0% de P durante a produção de sementes e doses de 0 e 200% de P durante a produção de grãos aos 75 DAS. Para o fator dose de P durante a produção de grãos a altura de plantas foi superior na dose de 200% em todos os momentos de avaliação.

A Tabela 16 apresenta os resultados para a variável número de nós do ramo principal. Foi observada interação tripla entre os fatores aos 30, 45 e 90 DAS (Anexo M) e interação dupla entre os fatores dose de P na produção de sementes (DS) e dose de P na produção de grãos (DG), sem efeito do fator cultivar. Para a avaliação aos 75 DAS, foi observado o efeito simples de todos os fatores. O número de nós foi superior para plantas derivadas de sementes produzidas sob a dose de 200% de P para a cultivar tolerante aos 30, 45 DAS para ambas as doses de P na produção de grãos, não sendo observada diferença entre as doses durante a produção de sementes sob a dose 200% de P durante a produção de grãos aos 90 DAS. Para a cultivar suscetível, sementes produzidas sob a dose de 200% de P foram superiores as demais na dose de 0% de P durante a produção de grãos quando avaliadas aos 30 DAS. Enquanto que na dose 200% de P na produção de grãos, plantas derivadas de sementes produzidas sob 0% de P foram superiores às demais doses nas avaliações aos 30 e 45 DAS. Para as avaliações aos 60 DAS, foi observado o efeito simples da dose de P nas sementes com desempenho superior de plantas derivadas de sementes produzidas sob a dose de 200% de P. Apesar da interação entre DS e DG, uma tendência similar foi observada para a avaliação aos 75 DAS, onde a dose de 200%

de P durante a produção de sementes acarretou em maior número de nós em plantas cultivadas sob a dose 0% de P na produção de grãos. Não foi observado efeito da de P durante a produção de sementes quando utilizada a dose de 200% de P na produção de grãos para a avaliação aos 75 DAS.

Para o fator cultivar, DM66i68 RSF IPRO apresentou maior número de nós para todas as comparações aos 45 DAS, com exceção da comparação sob a dose de 0% de P na produção de sementes e 200% de P na produção de grãos. Aos 45 DAS, a cultivar DM 66i68 RSF IPRO foi superior para ambas as comparações com 200% de P nas sementes (0 e 200% de P na produção de grãos), para a comparação com

Tabela 16 - Número de nós do ramo principal aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a semeadura em soja de cultivar tolerante e suscetível a deficiência de fósforo sob distinta disponibilidade na produção de sementes e grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.

DAS	Cultivar	%P (G)	%P (S)			Média (G*C)	Média (C)
			0	50	200		
30 DAS	Tol.	0	4,92 Ba β *	4,83 Ba β	5,50 Aa β	5,08	5,74
		200	6,00 Ba α	6,38 ABa α	6,83 Aa α	6,40	
	Sus.	0	3,94 Bb β	4,08 Bb β	4,63 Ab β	4,25	5,08
		200	6,21 Aa α	5,67 Bb α	5,83 ABb α	5,90	
	Média (S*G)	0	4,43	4,46	5,11	4,67	
		200	6,10	6,02	6,33	6,15	
	Média (S)		5,27	5,24	5,72		
	CV (%)		5,37%				
45 DAS	Tol.	0	5,75 Ba β	5,50 Ba β	6,54 Aa β	5,93	6,72
		200	7,17 Ba α	7,42 ABa α	7,92 Aa α	7,50	
	Sus.	0	5,08 b β	5,08 a β	5,83 ba β	5,33	6,18
		200	7,67 Aa α	6,75 Bb α	6,67 Bb α	7,03	
	Média (S*G)	0	5,42	5,29	6,19	5,63	
		200	7,42	7,08	7,29	7,26	
	Média (S)		6,42	6,19	6,69		
	CV (%)		6,16%				
60 DAS	Tol.	0	8,46	8,13	9,21	8,60	9,40 a
		200	9,92	10,08	10,63	10,21	
	Sus.	0	7,81	8,25	8,67	8,24	9,17 b
		200	10,19	9,69	10,39	10,09	
	Média (S*G)	0	8,14	8,19	8,94	8,38 β	
		200	10,05	9,89	10,51	10,20 α	
	Média (S)		9,09 B	9,04 B	9,72 A		
	CV (%)		4,67%				
75 DAS	Tol.	0	11,04	10,71	11,92	11,22	12,34
		200	13,02	13,60	13,75	13,46	
	Sus.	0	10,52	10,94	12,03	11,16	12,33
		200	13,40	13,88	13,00	13,42	
	Média (S*G)	0	10,78 B β	10,82 B β	11,97 A β	11,19	
		200	13,21 α	13,74 α	13,45 α	13,44	
	Média (S)		11,99	12,28	12,67		

90 DAS	CV (%)		4,19%				
	Tol.	0	13,60 ABaβ	13,25 Baβ	14,50 Aaβ	13,78	15,28
		200	16,35 Abα	17,04 Aaα	16,96 Aaα	16,78	
	Sus.	0	13,23 Baβ	13,96 Baβ	15,33 Aaβ	14,17	15,62
		200	17,23 Aaα	16,96 Aaα	17,00 Aaα	17,06	
	Média (S*G)	0	13,42	13,60	14,92	13,98	
		200	16,79	17,00	16,98	16,92	
	Média (S)		15,18	15,43	15,82		
	CV (%)		3,58%				

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna, ao comparar as cultivares, ou pela mesma letra grega, ao comparar as doses de fósforo durante a produção de grãos, não diferem entre si pelo teste t. Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha, ao comparar as doses de P durante a produção de sementes, não diferem entre si pelo Teste de Tukey.

200% de P na produção de grãos quando utilizado 50% de P na produção de sementes e para comparação com 0% de P na produção de grãos e sementes. Aos 60 DAS foi observado o efeito simples de cultivar com superioridade para a cultivar DM 66i68 RSF IPRO. Aos 75 DAS não foi constatado o efeito do fator cultivar. Em contrapartida, aos 90 DAS foi observada a superioridade da cultivar SYN 15630 IPRO na dose de 0% de P na produção de semente e 200% de P na produção de grãos. Para o fator dose de P na produção de grãos foi observada superioridade para todas as comparações realizadas de acordo com os resultados da ANOVA (Anexo M).

4.11.2 Produção de matéria seca de partes

Os resultados para as variáveis relacionadas a produção de matéria seca são apresentados na Tabela 17. Para a variável matéria seca de vagens foi observado o efeito de interação tripla dos fatores (Anexo N). Contudo, o efeito da dose de P na produção de sementes foi pouco expressivo, sendo constada inferioridade para a característica apenas em plantas derivadas de sementes produzidas sob a dose de 50% de P, comparativamente as demais, quando sob a dose de 200% de P durante a produção de grãos. A cultivar SYN 15630 IPRO foi superior à DM 66i68 RSF IPRO apenas na dose de 200% de P na produção de sementes e de grãos. No que se refere ao fator dose de P na produção de grãos (DG) houve superioridade da dose de 200% em todas as comparações realizadas.

Para efeito matéria seca do ramo principal foi observado a interação entre os fatores dose de P na produção de sementes e a dose na produção de grãos. Quando utilizada uma dose 0% de P na produção de grãos não houve diferença entre as doses

utilizadas na produção de sementes para a característica. Em contrapartida, ao serem utilizadas as doses de 200% de P na produção de grãos, as plantas provenientes da dose de 50% de P durante a produção de sementes apresentaram maior massa comparativamente à dose de 200%.

A matéria seca de ramificações apresentou interação entre os fatores dose de P na produção de sementes e cultivar. Para a cultivar tolerante não houve efeito da dose de P na produção de sementes para a característica. Já para a cultivar suscetível, a matéria seca das ramificações foi superior para a dose de 200% de P durante a produção de sementes. Também foi observada a interação entre os fatores cultivar e dose de P na produção de grãos. A matéria seca das ramificações foi superior para ambas as cultivares sob a dose de 200% de P na produção de grãos comparativamente a dose de 0%. Adicionalmente, a cultivar suscetível apresentou maior massa de ramificações sob a dose de 200% comparativamente a cultivar tolerante, não havendo diferença entre ambas na dose de 0%.

Tabela 17 - Produção de matéria seca de partes e percentual de grãos em relação a matéria seca de parte aérea de cultivares de soja estável e responsiva a disponibilidade de fósforo submetidas a diferentes doses de fósforo na produção de sementes e de grãos. FAEM/UFPel. Capão do Leão, 2020.

Var.	Cultivar	%P (G)	%P (S)			Média (G*C)	Média (C)
			0	50	200		
Matéria Seca de Vagens	Tol.	0	2,12 Aaβ	1,73 Aaβ	2,30 Aaβ	2,05	6,31
		200	10,76 Aaα	10,50 Aaα	10,45 Abα	10,57	
	Sus.	0	1,26 Aaβ	2,03 Aaβ	2,10 Aaβ	1,80	6,38
		200	11,37 Aaα	10,07 Baα	11,44 Aaα	10,96	
	Média (S*G)	0	1,69	1,88	2,20	1,93	
		200	11,07	10,29	10,94	10,77	
	Média (S)		6,38	6,08	6,57		
Matéria Seca do Ramo Principal	Tol.	0	2,41	1,97	2,45	2,28	4,40
		200	6,30	7,12	6,13	6,52	
	Sus.	0	1,59	2,30	2,88	2,26	4,74
		200	7,05	7,60	6,54	7,07	
	Média (S*G)	0	2,00 Aβ	2,14 Aβ	2,64 Aβ	2,27	
		200	6,67 ABα	7,36 Aα	6,34 Bα	6,79	
	Média (S)		4,34	4,75	4,50		
Matéria Seca das	Tol.	0	0,71	1,10	0,85	0,89 aβ	2,64
		200	4,11	4,92	4,14	4,39 bα	
	Sus.	0	0,13	0,60	0,80	0,48 aβ	2,86
		200	4,42	5,06	6,15	5,21 aα	
	Média (S*G)	0	0,42	0,85	0,83	0,70	2,75
	CV (%)		10,43				
Matéria Seca do Ramo Principal	Tol.	0	2,41	1,97	2,45	2,28	4,40
		200	6,30	7,12	6,13	6,52	
	Sus.	0	1,59	2,30	2,88	2,26	4,74
		200	7,05	7,60	6,54	7,07	
	Média (S*G)	0	2,00 Aβ	2,14 Aβ	2,64 Aβ	2,27	
		200	6,67 ABα	7,36 Aα	6,34 Bα	6,79	
	Média (S)		4,34	4,75	4,50		
Matéria Seca das	Tol.	0	0,71	1,10	0,85	0,89 aβ	2,64
		200	4,11	4,92	4,14	4,39 bα	
	Sus.	0	0,13	0,60	0,80	0,48 aβ	2,86
		200	4,42	5,06	6,15	5,21 aα	
	Média (S*G)	0	0,42	0,85	0,83	0,70	2,75
	CV (%)		16,11				

		200	4,27	4,99	5,14	4,80	
	Média (CV*S)	Tol.	2,41 A	3,01 A	2,49 A		
		Sus.	2,28 B	2,83 B	3,85 A		
	Média (S)		2,34	2,92	2,98		
	CV (%)		23,63				
Matéria Seca Total	Tol.	0	9,13 Aaβ	7,26 Aaβ	9,86 Aaβ	8,75	28,10
		200	43,10 Abα	44,49 Aaα	43,26 Abα	43,62	
	Sus.	0	5,18 Abβ	7,85 Aaβ	9,28 Aaβ	7,44	28,46
		200	46,90 Aaα	43,32 Baα	46,88 Aaα	45,70	
	Média (S*G)	0	7,15	7,56	9,57	8,09	
		200	45,00	43,90	45,07	44,66	
	Média (S)		28,02	27,52	29,30		
	CV (%)		6,29				

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna, ao comparar as cultivares, ou pela mesma letra grega, ao comparar as doses de fósforo durante a produção de grãos, não diferem entre si pelo teste t. Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha, ao comparar as doses de P durante a produção de sementes, não diferem entre si pelo Teste de Tukey.

A variável matéria seca total (Tabela 17) apresentou efeito de interação tripla entre os fatores (Anexo N). Contudo, percebe-se que para a dose de P na produção de sementes, houve diferença apenas para a dose 50% de P foi que inferior as demais sob a condição de 200% de P na produção de grãos para a cultivar suscetível. A cultivar suscetível apresentou desempenho superior para a característica sob a condição de 200% de P na produção de grãos e 0 e 200% de P na produção de sementes.

4.11.3 Componentes do rendimento

As características relativas aos componentes de rendimento são apresentadas na Tabela 18. Para a variável vagens por planta houve apenas o efeito simples (Anexo O) dos fatores cultivar e dose de P na produção de grãos, com superioridade para a característica para a cultivar suscetível. Para o fator dose na produção de grãos houve maior produção de vagens na dose de 200% de P. O número de sementes por planta apresentou interação tripla entre os fatores. Contudo, houve diferença significativa entre os níveis do fator dose de P na produção de sementes apenas sob a dose de 200% de P na produção de grãos considerando a cultivar suscetível onde a dose 0% foi superior a dose 50%. A cultivar suscetível apresentou desempenho superior para a característica em todas as doses de P na produção de sementes quando a dose na produção de grãos foi de 200%. Para o fator dose de P na produção de grãos a dose de 200% foi superior a dose de 0% para todas as comparações realizadas.

A variável percentual de vagens vazias apresentou efeito de interação tripla entre os fatores (Anexo O). Para a cultivar tolerante, houve o aumento do percentual de vagens vazias em plantas derivadas de sementes produzidas sob a maior dose de P (200%), comparativamente a dose de 50%, quando submetidas a produção de grãos sob a ausência de adubação (0% de P). Em contrapartida, para a cultivar suscetível foi observada expressiva redução do percentual de vagens vazias de acordo com o aumento da dose de P na produção de sementes sob a mesma condição. Não foi constatado efeito da dose de P na produção de sementes para a variável quando a dose de 200% de P foi utilizada na produção de grãos.

Ao observar o fator dose de P na produção de grãos pode-se observar menor percentual de vagens vazias para a dose de 200% em todas as comparações realizadas. Para o fator cultivar, pode-se observar menor percentual de vagens vazias

Tabela 18 - Componentes do rendimento de plantas de soja de cultivar tolerante/estável e suscetível/responsiva a disponibilidade de fósforo sob distintas doses do nutriente na produção de sementes e de grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.

Var.	Cultivar	%P (G)	%P (S)			Média (G*C)	Média (C)
			0	50	200		
Vagens/ Planta	Tol.	0	18,83	12,06	17,42	16,10	48,21 b
		200	82,42	80,96	77,58	80,32	
	Sus.	0	11,17	17,50	22,56	16,58	53,23 a
		200	88,50	84,54	87,46	80,32	
	Média (S*G)	0	15,00	14,78	19,99	16,32 β	
		200	85,46	82,75	82,52	83,58 α	
	Média (S)		50,23 A	48,76 A	53,17 A		
CV (%)			11,47				
Sementes/ Planta	Tol.	0	29,1 Aa β	19,0 Aa β	26,5 Aa β	24,9	79,9
		200	137,8 Ab α	134,8 Ab α	132,4 Ab α	135,0	
	Sus.	0	18,5 Aa β	32,9 Aa β	43,7 Aa β	30,1	100,5
		200	179,7 Aa α	161,1 Ba α	167,2 ABa α	169,3	
	Média (S*G)	0	23,8	25,9	35,1	28,3	
		200	158,8	147,9	149,8	152,2	
	Média (S)		91,3	86,9	92,5		
CV (%)			10,81				
Vagens Vazias (%)	Tol.	0	5,99 ABb α	4,40 Ba α	8,67 Aa α	6,35	5,52
		200	4,92 Aa α	5,35 Aa α	3,76 Aa β	4,68	
	Sus.	0	15,80 Aa α	4,60 Ba α	0,77 Cb β	7,06	5,46
		200	3,29 Aa β	4,08 Aa α	4,21 Aa α	3,86	
	Média (S*G)	0	10,89	4,50	4,72	6,71	
		200	4,11	4,71	3,98	4,27	
	Média (S)		7,50	4,61	4,35		
			34,91				
Vagens (%)	Tol.	0	41,36	34,72	31,47	35,85	32,22 a
		200	28,37	29,19	28,18	28,58	

Vagens C/3 Grãos (%)	Sus.	0	15,31	19,15	23,80	19,42	18,35 b
		200	15,14	19,36	18,69	17,73	
	Média (S*G)	0	28,34	26,93	27,64	27,80 α	
		200	21,75	24,28	23,44	23,15 β	
	Média (S)		25,04	25,60	25,65		
	CV (%)			27,52			
	Tol.	0	5,52	4,62	4,33	4,82 b α	5,78
		200	5,91	7,50	6,82	6,75 b α	
	Sus.	0	13,21	13,81	11,06	12,84 a β	16,74
		200	23,96	19,20	19,23	20,80 a α	
	Média (S*G)	0	9,36	9,22	7,70	8,76	
		200	14,94	13,35	13,02	13,77	
	Média (S)		12,15	11,28	10,31		
	CV (%)			24,24			

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna, ao comparar as cultivares, ou pela mesma letra grega, ao comparar as doses de fósforo durante a produção de grãos, não diferem entre si pelo teste t. Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha, ao comparar as doses de P durante a produção de sementes, não diferem entre si pelo Teste de Tukey.

para a cultivar tolerante na dose de 0% de P durante a produção de sementes e de grãos enquanto que a cultivar suscetível apresentou menor percentual de vagens vazias que a tolerante sob a dose de 200% de P na produção de sementes e 0% de P na produção de grãos.

O percentual de vagens com um grão apresentou resposta somente ao efeito simples dos fatores cultivar e dose de P na produção de grãos (Anexo O) sendo observado maior percentual de vagens com 1 grão para a cultivar tolerante e para a dose de 0% de P durante a produção de grãos. O percentual de vagens com dois grãos não apresentou efeito de nenhum dos fatores avaliados durante o experimento. Para o percentual de vagens com 3 grãos foi observada a interação entre os fatores dose de P na produção de grãos e o fator cultivar. A cultivar suscetível apresentou maior percentual de vagens com 3 grãos em relação a cultivar tolerante independentemente da dose de P na produção de grãos. Adicionalmente, o percentual de vagens com 3 grãos foi superior na dose de 200% de P na produção de grãos para a cultivar suscetível, não havendo diferença entre as doses para a cultivar tolerante.

A Tabela 19 apresenta os resultados para as variáveis peso de mil sementes e rendimento de grãos. Como pode-se observar no Anexo O foi constatado o efeito simples de todos os fatores avaliados. Para o fator cultivar foi observado maior peso de mil sementes para a cultivar classificada com tolerante. Para o fator dose de P durante a produção de sementes foi observada performance superior para a dose de 200% de P. Já para o fator dose de P na produção de sementes pode-se observar

que a dose de 200% de P resultou em maior peso de mil sementes comparativamente a dose de 50%.

A variável produtividade de grãos apresentou resposta a interação de todos os fatores avaliados neste experimento. Para o fator dose de P na produção de sementes foi observado desempenho superior na dose de 200%, comparativamente a dose de 50% quando cultivados sob a dose de 0% de P durante a produção de grãos na cultivar tolerante. Para cultivar suscetível, plantas derivadas de sementes produzidas nas doses de 0 e 200% de P foram superiores às produzidas na dose de 50% de P quando cultivadas sob a dose de 200% de P para produção de grãos.

Ao observar o fator cultivar, pode-se perceber que a cultivar tolerante apresentou desempenho superior a cultivar suscetível sob algumas situações. Sob a dose de 0% de P tanto na produção de sementes quanto de grãos, na dose de 50% de P na produção de sementes e 200% na produção de grãos e na dose de 200% na produção de sementes e 0% de P na produção de grãos. A cultivar suscetível, por outro lado, apresentou desempenho superior na dose 0% de P na produção de sementes e 200% de P na produção de grãos. Todas as comparações realizadas para o fator dose de P durante a produção de grãos evidenciaram desempenho superior sob a dose de 200% de P.

Tabela 19 – Peso de mil sementes (g) e produção de grãos (g planta⁻¹) de cultivar estável e responsiva à disponibilidade de fósforo soja sob distintas doses do nutriente na produção de sementes e de grãos. UFPel, Capão do Leão – RS, 2021.

Var.	Cultivar	%P (G)	%P (S)			(G*C)	(C)
			0	50	200		
Peso de Mil Sementes	Tol.	0	148,16	156,46	190,18	164,93	172,14 a
		200	178,73	170,26	189,07	179,36	
	Sus.	0	119,41	108,26	119,84	115,84	133,12 b
		200	149,12	142,94	148,55	146,87	
	(S*G)	0	133,79	132,36	155,01	141,78 β	
		200	163,93	156,60	168,81	163,48 α	
	(S)		148,86 AB	144,48 B	164,55 A		
14,66							
Produtividade de Grãos	Tol.	0	4,33 ABa β *	2,70 Ba β	4,74 Aa β	3,92	14,58
		200	25,01 Ab α	24,93 Aa α	24,78 Aa α	25,24	
	Sus.	0	2,03 Ab β	2,59 Aa β	3,32 Ab β α	2,65	13,62
		200	26,52 Aa α	22,46 Bb α	24,79 Aa α	24,59	
	(S*G)	0	3,18	2,64	4,03	3,28	
		200	25,76	23,70	25,28	24,91	
	(S)		14,47	13,17	14,66		
CV (%)			7,19%				

*Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna, ao comparar as cultivares, ou pela mesma letra grega, ao comparar as doses de fósforo durante a produção de grãos, não diferem entre si pelo teste t. Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha, ao comparar as doses de P durante a produção de sementes, não diferem entre si pelo Teste de Tukey.

O efeito positivo da adubação fosfatada durante a produção de sementes na altura das plantas, matéria seca das hastes e ramificações, peso de mil sementes e rendimento durante a produção de grãos, especialmente sob condições limitantes de fósforo, tem precedente e está em concordância com os resultados presentes na literatura (PAZZIN, 2015; TRIGO et al., 1997). Contudo, os resultados superiores para o rendimento de grãos na cultivar suscetível em plantas derivadas do lote produzido com 0% de P na produção de sementes quando cultivadas em solo sob 200% de P na produção de grãos vão de encontro à literatura. É importante ressaltar, contudo, que as condições ótimas em que as plantas foram submetidas durante a produção de grãos superam as condições normais de produção a campo, sendo elas o elevado fornecimento de fósforo na adubação de base (200% de P), o qual é consideravelmente superior as doses utilizadas em nível de campo, as aplicações quinzenais de micronutrientes, a realização de irrigação duas a três vezes ao dia, dependendo da necessidade das plantas, e a realização de semeadura precoce, que permitiu ampla janela de recuperação durante o desenvolvimento vegetativo. Essas condições podem ter permitido a recuperação das plantas produzidas durante o período vegetativo resultando em produtividades elevadas durante o período reprodutivo. Além disso, ao observar os resultados observados para a cultivar suscetível durante a produção de sementes, percebe-se que a mesma é altamente responsiva a dose de fósforo, o que pode indicar uma elevada eficiência de absorção do nutriente. Conforme Silva (2016) em solos sob elevada disponibilidade de fósforo, a eficiência de absorção é o fator mais importante para a eficiência de utilização de P.

Como podemos observar nas características morfológicas avaliadas, nas avaliações aos 30 dias após a semeadura, as plantas derivadas do lote de sementes produzidas sob 0% de P apresentaram desempenho inferior comparativamente as produzidas sob a dose de 200% de P, exceto para a cultivar suscetível na dose de 200% de P na produção de grãos. Esse desempenho inferior pode ser decorrente do custo adaptativo da indução de tolerância a deficiência de fósforo, decorrente das condições da geração anterior, ou ainda, da menor disponibilidade de nutrientes e reservas nas sementes comparativamente aquelas produzidas sob maior

disponibilidade de fósforo. Contudo, esse efeito aparece apenas esporadicamente para a cultivar suscetível quando cultivada sob 200% de P. Esses resultados indicam que sob elevada disponibilidade de fósforo, e nas condições em que o experimento foi conduzido, a cultivar suscetível foi capaz de “superar” o efeito da limitação a que foi submetida durante a produção de sementes. A superação do efeito do estresse em plantas é classificada como recuperação ou “esquecimento” (Crisp et al., 2016).

O desempenho inferior de sementes produzidas nas doses de 50% de P recomendado comparativamente à dose de 0% de P em diversas avaliações pode indicar que doses subótimas do nutriente podem ter consequências drásticas na qualidade das sementes, inclusive superiores à ausência de adubação. Alves (2018) observou que uma dose de 50% do P recomendado é mais efetiva em discriminar diferenças genéticas na eficiência de uso de P do que doses extremamente baixas do nutriente.

4.12 Conclusões

A produção de sementes sob elevada disponibilidade de fósforo aumenta a altura, o número de nós, o diâmetro do caule e a matéria seca das ramificações das plantas derivadas de tais sementes, especialmente nas fases iniciais de desenvolvimento.

Maior disponibilidade de fósforo na produção de sementes acarreta em maior peso de mil sementes durante a produção de grãos.

Sementes produzidas sob maior disponibilidade de fósforo resultam em maior produtividade de grãos em solos com baixo teor do nutriente, sendo a resposta variável com a cultivar.

As diferenças no rendimento de grãos decorrente da utilização de elevadas doses de fósforo na produção de sementes são mais evidentes comparativamente a sementes produzidas sob condições subótimas do nutriente.

Sob condições ambientais ótimas e semeadura precoce, sementes da cultivar responsiva a adubação fosfatada produzidas na menor dose de fósforo alcançaram a maior produtividade quando cultivadas sob doses elevadas do nutriente, apesar dos efeitos negativos observados durante o desenvolvimento inicial.

Referências

- ABRASEM (Associação Brasileira de Sementes e Mudas). 2021. **Estatísticas**. Disponível em: <http://www.abrasem.com.br/site/estatisticas/>. Acesso em 12 de dez. 2021.
- ALVES, V. S. B. **Eficiência de genótipos de soja no uso do fósforo**. 2018. 72f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.
- BATISTELLA FILHO, F.; FERREIRA, M. E.; VIEIRA, R. D.; CRUZ, M. C. P.; CENTURION, M. A. P. C.; SYLVESTRE, T. B.; RUIZ, J. G. C. L. Adubação com fósforo e potássio para produção e qualidade de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.7. 2013.
- CRISP, P.A.; GANGULY, D.; EICHTEN, S.R.; BOREVITZ, J. O.; POGSON, B. J. Reconsidering plant memory: Intersections between stress recovery, RNA turnover, and epigenetics. **Science Advances**, 2: e1501340, 2016.
- CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). 2021. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, terceiro levantamento, safra 2021/2022, dezembro de 2021**. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> >. Acesso em 12 dez. 2021.
- FERREIRA, E.; CAVALCANTI, P.; NOGUEIRA, D. ExpDes: An R Package for ANOVA and Experimental Designs. **Applied Mathematics**, v. 5, n. 19, p. 2952-2958. 2014. doi: 10.4236/am.2014.519280.
- GRAZIANO, X. A interiorização do desenvolvimento. **PODER360**, 06 abr. 2021. Opinião. Disponível em: <https://www.poder360.com.br/opiniaao/a-interiorizacao-do-desenvolvimento-por-xico-graziano/>. Acesso em: 12 dez. 2021.
- GUERRA, C. A.; MARCHETTI, M. E.; ROBAINA, A. D.; DE SOUZA, L. C. F.; GONÇALVES, M. C.; NOVELINO, J. O. Qualidade fisiológica de sementes de soja em função da adubação com fósforo, molibdênio e cobalto. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 28, n. 1, p. 1-7, 2006.
- OLIVEIRA, L. **Doses de fósforo na produção de sementes de soja e desempenho na produção de grãos**. 2015. 20f. Dissertação (Mestrado Profissional) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS.
- PAZZIN, D. **Produção e qualidade de sementes de soja em função do teor de fósforo na semente e da adubação fosfatada**. 2015. 37f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- R Core Team (2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.
- RStudio Team (2021). **RStudio: Integrated Development Environment for R**. RStudio, PBC, Boston, MA. Disponível em: <http://www.rstudio.com/>

ORIGINAL RESEARCH

Genetic control and allele variation among soybean maturity groups 000 through IX

Gustavo Zimmer^{1,2}  | Mark J. Miller¹ | Clinton J. Steketee¹  | Scott A. Jackson¹  | Lilian Vanussa Madruga de Tunes² | Zenglu Li¹ 

¹ Institute of Plant Breeding, Genetics, and Genomics, and Department of Crop and Soil Sciences, University of Georgia, Athens, GA, 30602, USA

² Department of Crop Production, Federal University of Pelotas, Capão do Leão, RS, 96160-000, Brazil

Correspondence

Zenglu Li, Institute of Plant Breeding, Genetics, and Genomics, and Department of Crop and Soil Sciences, University of Georgia, Athens, GA, USA 30602.

Email: zli@uga.edu

Assigned to Associate Editor David Hyten.

Abstract

Soybean [*Glycinemax* (L.) Merr.] maturity determines the growing region of a given soybean variety and is a primary factor in yield and other agronomic traits. The objectives of this research were to identify the quantitative trait loci (QTL) associated with maturity groups (MGs) and determine the genetic control of soybean maturity in each MG. Using data from 16,879 soybean accessions, genome-wide association (GWA) analyses were conducted for each paired MG and across MGs 000 through IX. Genome-wide association analyses were also performed using 184 genotypes (MGs V–IX) with days to flowering (DTF) and maturity (DTM) collected in the field. A total of 58 QTL were identified to be significantly associated with MGs in individual GWAs, which included 12 reported maturity loci and two stem termination genes. Genome-wide associations across MGs 000–IX detected a total of 103 QTL and confirmed 54 QTL identified in the individual GWAs. Of significant loci identified, *qMG-5.2* had effects on the highest number (9) of MGs, followed by *E2*, *E3*, *Dt2*, *qMG-15.5*, *E1*, *qMG-13.1*, *qMG-7.1*, and *qMG-16.1*, which affected five to seven MGs. A high number of genetic loci (8–25) that affected MGs 0–V were observed. Stem termination genes *Dt1* and *Dt2* mainly had significant allele variation in MGs II–V. Genome-wide associations for DTF, DTM, and reproductive period (RP) in the diversity panel confirmed 15 QTL, of which seven were observed in MGs V–IX. The results generated can help soybean breeders manipulate the maturity loci for genetic improvement of soybean yield.

Abbreviations: Chr, chromosome; DTF, days to flowering; DTM, days to maturity; FarmCPU, fixed and random model circulating probability unification; GWA, genome-wide association; MG, maturity group; NIL, near-isogenic line; QTL, quantitative trait loci; RP, reproductive period; SNP, single nucleotide polymorphism.

This is an open access article under the terms of the [Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivs](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/) License, which permits use and distribution in any medium, provided the original work is properly cited, the use is non-commercial and no modifications or adaptations are made.

© 2021 The Authors. *The Plant Genome* published by Wiley Periodicals LLC on behalf of Crop Science Society of America

1 | INTRODUCTION

Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] is a photosensitive short-day plant, and soybean varieties differ in geographical adaptability according to photoperiod, temperature, rate of photoperiodic changes, daily irradiance, management practices, and genetics (Cober et al., 2014; Mourtzinis & Conley, 2017). Hypothetical maturity group (MG) zones were first

defined across the U.S. territory using empirical data (Scott & Aldrich, 1970) and represent a defined area where a cultivar is best adapted and recommended for agricultural use (Figure 1). Maturity groups range from 000 to X (Boerma & Specht, 2004) and are essential in determining planting dates and locations, as late planting can lead to truncated vegetative growth periods, reduced nitrogen uptake, and ultimately lower yields (Ortel et al., 2020).

The genetic loci associated with soybean maturity have been defined as *E* loci with 12 loci reported so far. The first two loci, *E1* and *E2*, were discovered by Bernard (1971) using genotypes from MGs II–V. The *E1* allele delayed flowering by downregulating *GmFT2a* and *GmFT5a* (Xu et al., 2015). Besides the *E1* locus on chromosome (Chr) 6, the soybean genome has two *E1* homologues, *E1La* and *E1Lb*, located on Chr 4, with minor effects on flowering time (Xu et al., 2015). A recent study demonstrated that *E1Lb* delays flowering under long-day conditions independently of *E1* (Zhu, et al., 2019). *E2*, located on Chr 10, is an ortholog of the *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. *GIGANTEA* (*GI*) gene, which delays flowering by inhibiting expression of *GmFT2a* under long days (Watanabe et al., 2011).

E3 and *E4* encode *PYTHOCHROME A* genes *GmPHYA3* (Watanabe et al., 2009) and *GmPHYA2* (Liu et al., 2008), which suppress the expression of *GmFT2a* and *GmFT5a* (Kong et al., 2010). The *E3* locus, identified by Buzzell (1971) using genotypes from MGs 0–III, is located on Chr 19 (Watanabe et al., 2009), while *E4* was reported by Buzzell and Voldeng (1980) using genotypes from MGs 00–II, which is located on Chr 20 (Liu et al., 2008). The recessive allele of *E4* was identified to confer adaptation to high-latitude environments in Japan (Kanazawa et al., 2009). *E3* and *E4* are also responsible for postflowering photoperiod responses affecting the expression of *Dt1*, the determinate growth habit gene (Xu et al., 2013).

The *E5* locus was detected in the cross of Harosoy (*e5*) × PI 80837 (*E5*) (McBlain & Bernard, 1987), which are genotypes from MGs II and IV, respectively. A subsequent study by Dissanayaka et al. (2016) failed to identify a QTL for *E5* in the original cross, suggesting that a unique *E5* gene may not exist. However, the molecular analysis of the near-isogenic lines (NILs) at the transcriptome level of *E5* indicated that it was a unique locus (Wu et al., 2019).

The delayed flowering under short-day conditions has been defined as a long-juvenile trait (Hartwig & Kiihl, 1979). *E6* is involved in the control of late flowering under short-day conditions and the dominant allele conditions early flowering (Bonato & Vello, 1999). The *E6* locus was identified in natural mutations in the cultivar Parana (MG VI). Li et al. (2017a) mapped the *E6* locus to Chr 4 near the single nucleotide polymorphism (SNP) marker *HRM101* and demonstrated that *E6* had a suppressive effect on *E1*. Additionally, *E6*, the *J* gene located on Chr 4, is also involved in this character-

Core Ideas

- Soybean maturity is a primary factor that affects yield and agronomic traits
- Understanding maturity genetic control will aid breeders to use germplasm across maturity groups
- The genetic profile of maturity groups were determined using genome-wide association analyses
- Effects of these QTL were calculated
- Our results can help breeders manipulate the maturity loci for genetic improvement of yield

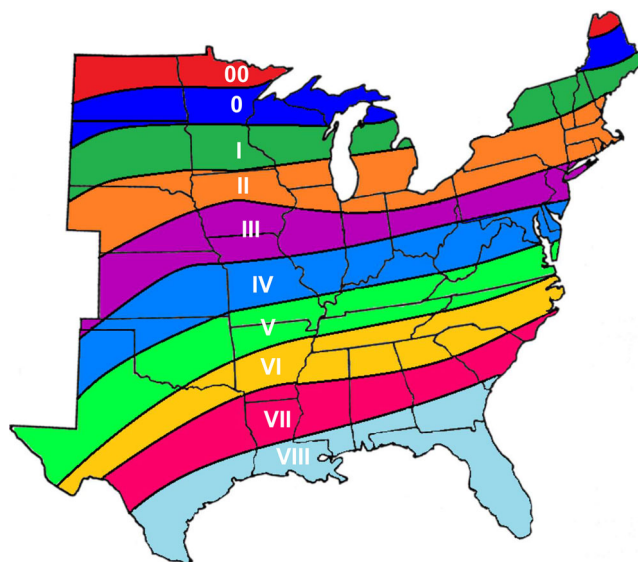


FIGURE 1 Soybean maturity group map depicting approximate growing regions in the United States based on Stowe and Dunphy (2017).

istic where the dominant allele conditioned early flowering and the recessive allele was responsible for the long-juvenile trait (Ray et al., 1995). Genetic mapping demonstrated that *E6* and *J* are tightly linked (Li et al., 2017a), and subsequent research discovered that these are different alleles of *ELF3* (Miranda et al., 2020; Fang et al., 2021; Nissan et al., 2021).

The *E7* locus was detected because of an association between early maturity and tawny pubescence observed in short-season soybean from MGs 000–II (Cober & Voldeng, 2001). Molnar et al. (2003) mapped *E7* to Chr 6 between *Satt100* and *Satt460*. While markers identified by Molnar et al. (2003) for *E1* and *T* loci are located near their known position in the Glyma.Wm82.a2 genome assembly, the position identified for *E7* relative to *E1* and *T* was not consistent with the result from Cober and Voldeng (2001).

The *E8* locus was mapped to Chr 4 using isolines developed from the crosses of genotypes in MGs 000–II and the dominant *E8* allele resulted in late maturity (Cober et al., 2010). *GmCRY1a* played a predominant role in photoperiodic flowering (Zhang et al., 2008) and is most likely associated with *E8* (Cheng et al., 2011). However, while some markers reported in these studies are located closer to *GmCRY1a*, others are either unknown or located closer to *E1La* and *E1Lb* in the Glyma.Wm82.a2 genome assembly. *E8* was associated with the photoperiod sensitivity, prolonging the reproductive period in normal environments and long day conditions (Cheng et al., 2011).

The *E9* locus was identified on Chr 16 using a cross between early cultivar Tokey 780 and a late wild soybean (*G. soja* Siebold & Zucc.) accession Hidaka 4 (Kong et al., 2014). The dominant allele promotes early flowering under a long-day condition (Kong et al., 2014). The *e9* allele maintains vegetative growth in early flowering genetic backgrounds and can be used to select the long-juvenile trait (Zhao et al., 2016). *E9*, which encodes *GmFT2a* and *GmFT5a*, are *Flowering Locus T* orthologs that have been shown to control photoperiod-regulated flowering redundantly and differentially in soybean, inducing the expression of floral identity genes (Nan et al., 2014). The *E10* locus was mapped to Chr 8 using materials from MGs 000–0 and encodes the florigen gene *GmFT4*, also a *Flowering Locus T* ortholog (Samanfar et al., 2016). *GmFT4* is expressed in parallel with *E1* and upregulated under long days, delaying flowering, and downregulated under short days, resulting in earlier flowering (Zhai et al., 2014).

The latest maturity locus reported was *E11*, which was mapped to Chr 7 in a cross of ‘Minsoy’ (MG 0) by ‘Archer’ (MG I). The dominant allele of *E11* promotes earlier flowering and maturity under long day conditions (Wang et al., 2019). Recently, several independent studies also reported the effect of *PSEUDO RESPONSE REGULATOR* (*PRR*) genes, *PRR3* and *PRR7*, which controlled flowering time and maturity in soybean (Li et al., 2019a, 2019b, 2020; Lu et al., 2020; Ogiso-Tanaka et al., 2019). These genes were identified through targeted resequencing of germplasm collections followed by multiple-regression analysis (Ogiso-Tanaka et al., 2019) and genome-wide association (GWA) studies followed by fine mapping with recombinant inbred lines (Li et al., 2019a, 2019b, 2020; Lu et al., 2020). *PRR3* and *PRR7* were associated with ancient flowering time adaptation and domestication resulting from reduced presence of fully functional alleles (Li et al., 2019a, 2020; Lu et al., 2020). The identification of these genes disclosed the involvement of the circadian clock in flowering time regulation in soybean (Li et al., 2019b). Lu et al. (2020) proposed a model for *PRR3* and *PRR7* actions after observing that *E3* and *E4* upregulated *PRR3* and *PRR7*. Quantitative trait loci for *PRR3* and *PRR7* were only detected in recombinant inbred line subpopulations carrying the *E1* allele (Lu et al., 2020), indicating these genes might be

of special importance for late MGs where previous evidence suggested that late MG soybean accessions have the *E1* allele (Jiang et al., 2014; Li et al., 2017b).

The determinate growth habit in soybean is controlled by a recessive allele at the *Dt1* locus (Liu et al., 2010). Several studies have shown that *Dt1* can also affect flowering and maturity time (Bernard, 1972; Zhang et al., 2015a; Kong et al., 2018; Ogiso-Tanaka et al., 2019; Yue et al., 2021). The semi-indeterminate phenotype in soybean is conditioned by a dominant epistatic effect of *Dt2* in *Dt1* backgrounds, which represses *Dt1* in the shoot apical meristem promoting the early conversion of shoot apical meristem into reproductive inflorescences (Bernard, 1972; Ping et al., 2014). However, the effect of *Dt2* on flowering time and maturity has not been reported in the literature.

The allelic diversity for major maturity loci has been characterized in different soybean collections (Miladinović et al., 2018; Tsubokura et al., 2014; Ogiso-Tanaka et al., 2019) and mostly was focused on reported maturity genes *E1*, *E2*, *E3*, and *E4*. Langewisch et al. (2017) identified the eight most common genotype combinations for *E1*, *E2*, and *E3* alleles within MGs in the USDA Soybean Germplasm Collection. Additionally, they identified *E1* in ~98% of MG V+ lines and *E3* in a majority of those lines (Langewisch et al., 2017). Li et al. (2017b) reported 12 different allele combinations of *E1*, *E2*, *E3*, and *E4* in a Chinese mini-core collection, in which 99% of lines in MG V+ had a combination of functional *E1* and *E3*. A similar finding was also previously reported by Jiang et al. (2014). These findings suggested that combining the roles of *E* loci could be used to design MGs when selecting soybean parents to breed varieties adapted to distinct cropping systems. Furthermore, these studies demonstrated that *E1* and *E3* alleles are prevalent in MGs V+, while most soybean accessions throughout MGs 000–VI (Li et al., 2017b), and possibly up to MG X (Langewisch et al., 2017), carry an *e2* allele. Soybean accessions containing an *E1/E2/E3/E4* genotype have also been detected in MGs I and II (Liu et al., 2020).

Despite the recent progress in identifying new soybean maturity genes, the relationship between these loci and MG classification is still poorly understood. Soybean breeders tend to use genotypes with similar maturities for crosses, while they try to introgress the desirable traits from different maturity groups (Kumar et al., 2015; Prenger et al., 2019). The *e2* allele, for example, was a confounding factor during the combined introgression of the high oleic–low linolenic acid trait and elevated vitamin E in soybean seed oil (Hagely et al., 2021). Understanding the allelic variation of maturity genes and the genetic control of each MG will help soybean breeders leverage soybean germplasm across MGs in their breeding programs. During the expansion of soybean cultivation to the tropics, the introgression of loss-of-function *j* alleles to temperate cultivars was successfully used in the

development and introduction of elite cultivars in Brazil and Southern China (Destro et al., 2001; Lu et al., 2017; Yue et al., 2017). The objectives of this study were to identify the QTL associated with MGs using GWA analyses and determine the genetic control of maturity in each MG.

2 | MATERIALS AND METHODS

2.1 | Materials

The Germplasm Resources Information Network (GRIN, www.ars-grin.gov) contains MG observations for 18,432 *Glycine* accessions. SoySNP50K data for these accessions were retrieved at SoyBase (www.soybase.org), which contains data from 20,087 *Glycine* genotypes (Song et al., 2015). After filtering, 16,879 soybean accessions having both MG and SNP genotype data were used for the analyses in this study (Supplemental Table S1).

To validate the results obtained from the Soybean Germplasm Collection with the data collected from field evaluations such as days to maturity (DTM), days to flowering (DTF), and reproductive period (RP), an assembled diversity panel consisting of 184 diverse soybean genotypes in MGs V–IX from 27 different countries (Stekette et al., 2020) was used (Supplemental Table S2).

2.2 | Genotype data and quality control

All accessions obtained from the USDA Soybean Germplasm Collection and most of the accessions from the diversity panel have high-density SNP data available from the SoySNP50K project (Song et al., 2015). Eight genotypes on the diversity panel were genotyped with SoySNP50K iSelect BeadChips as described by Stekette et al. (2020). Prior to the analyses, datasets were filtered to remove SNPs with minor allele frequencies <5% or with >10% missing data. Therefore, the number of SNPs used varied slightly across analyses, ranging from 31,627 to 35,133. The number of SNPs used in the GWA analysis of the diversity panel was 34,764. The physical positions of Glyma.Wm82.a2.v1 reference genome were used to determine the locations of the SNPs used in the analyses.

2.3 | Experimental design and phenotypic data collection

The diversity panel was evaluated for DTF and DTM in Athens, GA, in both 2015 (GA-15) and 2016 (GA-16). Genotypes were planted in two-row plots in a randomized complete block design with three replications per environment. Experiments were sown on 16 June 2015 (GA-15) and 8 June 2016

(GA-16). The plots were 2.43 m in length and planted with 0.76-m row spacing at a seeding density of 32 seeds m⁻². Days to flowering was recorded as the number of days from planting until 50% of the plants in a plot reached the R1 stage. Days to maturity was recorded as the number of days from planting to maturity, when 95% of the pods of plants in a plot exhibited a mature pod color at the R8 stage. Reproductive period was calculated as the difference between DTF and DTM.

2.4 | Statistical analyses

Genotypic data of 16,879 accessions from MGs 000–IX were coded numerically (0, 1, 2). Principal component analysis was performed using GAPIT (Lipka et al., 2012). The first two principal components were plotted for visualization with TIBCO Spotfire (Spotfire).

Maturity groups retrieved from the USDA Soybean Germplasm Collection were converted into integers, ranging from 0 to 11 for MGs 000–IX, respectively, for the subsequent GWA analyses. Phenotypic observations of DTF, DTM, and RP from the diversity panel were used for analysis of variance (ANOVA) using PROC GLM in SAS v9.4 (SAS Institute Inc.). The least-squares means of DTF, DTM, and RP were calculated using PROC MIXED, with genotype treated as a fixed effect and replication and year as random effects. The model for the combined datasets from two environments GA-15 and GA-16 accounted for the interaction between genotypes and years. To determine the correlation among DTF, DTM, and RP, a Pearson correlation analysis was performed using PROC CORR in SAS v9.4.

Genome-wide association analyses were performed using a ‘fixed and random model circulating probability unification’ (FarmCPU) method (Liu et al., 2016). Individual GWA analysis was performed for the paired MGs from USDA Soybean Germplasm Collection. To control false positives, a GWA analysis was also performed across MGs 000–IX. The population structure was accounted for using the first four principal components, while a Bonferroni threshold of 0.01 per number of markers was used for the significance level. The threshold ranged from $-\log_{10}(P) > 6.50$ to $-\log_{10}(P) > 6.55$ according to the number of markers used in each analysis. To further reduce false positives, significant markers with minor allele frequency ≤ 0.09 were not included in this paper except for those observed for MGs VIII–IX, where MG IX only accounted for 10% of the observations used in the analysis. Manhattan and quantile–quantile plots were visualized with the ‘qqman’ R package (Turner, 2018) using *p* values generated from the FarmCPU output.

For the diversity panel, GWAs were performed similarly to the method previously described with minor modifications. The least-squares means of DTF, DTM, and RP were used

as the phenotype values for subsequent GWAs. Two principal components were used to account for population structure. Considering the reduced number of phenotypic observations used in the GWA, a less stringent Bonferroni threshold (0.05 per number of markers) was used for significance level [$-\log_{10}(P) > 5.84$].

2.5 | Identification and naming of QTL associated with MGs

Significant markers observed in an individual analysis were attributed to the same QTL if the distance between them was <3 Mbp. Similarly, these QTL were considered as ‘confirmed’ if markers in the GWA across MGs 000–IX were identified <3 Mbp from their positions. The distance of 3 Mbp was chosen based on the linkage disequilibrium tests. At the QTL where more than one known maturity genes are located, such as *Dt1* and *E3* on Chr 19, the QTL were then split and SNPs attributed to the closest maturity locus. Quantitative trait loci identified in individual GWA were defined using a prefix ‘*qMG*–’ followed by the number of the chromosome and an identifier associated with the QTL order on the chromosome. The prefix for the QTL identified in GWA across MG 000–IX is ‘*ECqMG*–’, wherein EC stands for ‘entire collection’, while for QTL only identified from the diversity panel, the prefix is ‘*qDTF*–’, ‘*qDTM*–’ or ‘*qRP*–’ according to the trait where each region was identified.

2.6 | Orthologs of Arabidopsis flowering genes

Except for *E1* and *E1L* genes, all other reported maturity loci, the recently identified *PRR* genes, and stem termination genes are orthologs of genes identified in Arabidopsis. An extensive list of Arabidopsis genes is already identified and characterized. Therefore, previously assembled lists of soybean orthologs of Arabidopsis flowering genes were verified as possible candidates for QTL identified in our GWAs (Jung et al., 2012; Kim et al., 2012; Watanabe et al., 2012). Gene positions were converted from the Glyma.wm82.a1 assembly to Glyma.wm82.a2 using the ‘gene model correspondence lookup’ available at SoyBase (SoyBase.org). Additionally, using the ‘TAIR keyword search and browse’ available at TAIR (arabidopsis.org) and selecting the option ‘go biological process’, we searched for the terms ‘flowering’, ‘photoperiodism’, and ‘vegetative to reproductive phase transition of the meristem’ (Berardini et al., 2015). Using the gene model names downloaded, all annotated genes on the Glyma.wm82.a2 were filtered.

3 | RESULTS

3.1 | GWA analyses on MGs among soybean germplasm

Soybean genetic diversity is unevenly distributed across MGs in the USDA Soybean Germplasm Collection (Figure 2, Table 1). Based on the principal component analysis plot, in general, soybean germplasm can be grouped approximately by MG. While some overlap exists, there is a clear separation between genotypes from MG III and earlier and those from MGs V+. A list of reported loci affecting maturity is presented in Table 2. For the loci where the causal genes have been identified, the physical position and the gene names are also provided in the table. Overall, GWA analyses using paired MGs identified 58 QTL, consisting of 146 SNPs that are significantly associated with differences in paired MGs (Table 3). These QTL included the genomic regions for reported *E* maturity loci, flowering and maturity genes *PRR3* and *PRR7*, and stem termination genes described in Table 2.

3.1.1 | MGs 000–00

Genome-wide association for MGs 000–00 did not reveal significant SNPs near known *E* maturity genes (Supplemental Figure S1a; Table 3). However, two QTL, *qMG*-13.4 and *qMG*-19.2 located on Chrs 13 and 19, showed a significant association with MGs 000–00 (Tables 3 and 4). The SNP at *qMG*-13.4 is only 85 kb from an ortholog of *TARGET OF EARLY ACTIVATION TAGGED (EAT) 1 (TOE1)* (Supplemental Table S3). *TOE1* has been shown to inhibit early flowering in Arabidopsis by suppressing *Flowering Locus T* genes (Jung et al., 2007). The SNP for *qMG*-19.2 is <530 kb from *GmFT3b* and *GmFT5b*, which are soybean orthologs of *Flowering Locus T* genes and promoted flowering in Arabidopsis when expressed ectopically (Fan et al., 2014). Both QTL identified in this analysis have not been reported (Supplemental Table S4).

3.1.2 | MGs 00–0

The GWA between MGs 00–0 also did not yield significant SNPs near known *E* maturity loci (Table 4; Supplemental Figure S1b). However, four significant QTL, defined as *qMG*-5.2, –10.1, –13.1, and –15.5, were detected (Table 4). The SNPs for the QTL *qMG*-5.2 and –15.5 are both located near orthologs of the genes associated with *FLC* expression (Supplemental Table S3). The SNP for *qMG*-10.1 is near *GmPHYA1* (Supplemental Table S3), a homologous copy of

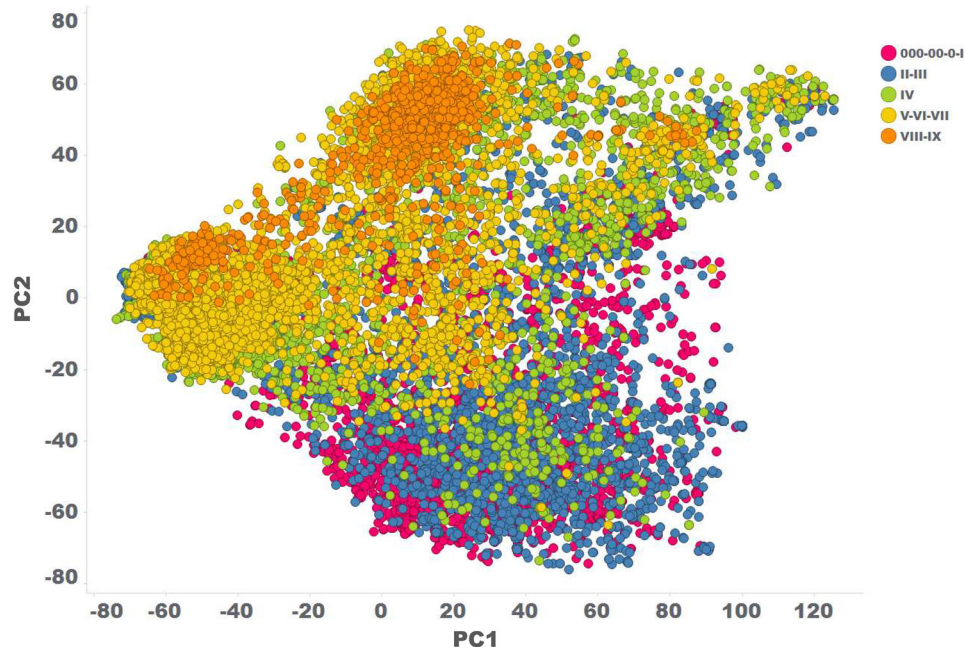


FIGURE 2 Principal component (PC) plot of soybean accessions from the USDA Soybean Germplasm Collection determined by genome-wide single nucleotide polymorphism markers. Accessions are colored by maturity group.

TABLE 1 Number of soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] accessions from each maturity group used in this study

Maturity group	000	00	0	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	Total
Total no. of accessions ^a	136	509	1,150	1,719	2,011	1,954	4,037	2,707	1,547	940	913	30	1	17,654
No. of accessions used	136	498	1,119	1,642	1,868	1,823	3,939	2,572	1,476	901	887	18	0	16,879

^aNumber of accessions after filtering out *Glycine soja* accessions and duplicated entries on the raw data downloaded at Germplasm Resources Information Network (GRIN, <https://www.ars-grin.gov/>).

E4. However, the effect of *E4* was not detected in the individual GWA and only a minor effect was found in the GWA for MGs 000–IX. At *qMG*-13.1, the significant SNP is near an ortholog of *ENHANCED EM LEVEL* (*EEL*). *qMG*-10.1 and –13.1 were previously reported as GWA QTL in SoyBase (Supplemental Table S4). Furthermore, QTL overlapping *qMG*-5.2 and –15.5 were previously reported for the DTF in a study with 86 plant introductions from MGs 000 and 00 (Copley et al., 2018).

3.1.3 | MGs 0–I

Genome-wide association for MGs 0 and I detected 15 significant QTL, of which six QTL were located near the known *E* maturity loci: *E1*, *E1La*, *E2*, *E3*, *J*, and *E10* (Supplemental Figure S1c; Table 4). The most significant SNP in this anal-

ysis is located near *E1La*. The SNPs near *E1* and *E1La* presented extensive linkage blocks. The second and third most significant SNPs were located near *E2* and *E3*.

Nine additional QTL were also detected in this GWA analysis (Table 4). The most significant SNP among these regions was observed for *qMG*-15.2, near an ortholog of *SHOOT MERISTEMLESS* (*STM*) (Supplemental Table S3), a well-characterized regulator of shoot apical meristem maintenance in Arabidopsis, which is also involved in flower meristem identity (Roth et al., 2018). Significant SNPs for seven of these QTL (*qMG*-1.1, –2.2, –5.1, –7.1, –13.2, –15.1, and –15.3) are located near orthologs of the genes associated with the vernalization pathway and responses to low temperatures in Arabidopsis, especially genes that affect *FLC* expression (Supplemental Table S3). Of these seven regions, *qMG*-5.1, –13.2, and –15.1 are reported as QTL for maturity related traits (Supplemental Table S4).

TABLE 2 Reported soybean maturity loci or genes and flowering and stem termination genes and associated SNP markers

Name	Gene ID	Description	Chromosome	Gene position ^a bp	ID of the most significantly associated SNP	SNP position ^a bp	−log ₁₀ (P)	MG ^b	Reference
Reported E maturity loci									
<i>E1</i>	<i>Glyma.06G207800</i>	B3 domain-containing	6	20,207,077–20,207,940	ss715593833	19,913,355	194.6	II–V	Bernard, 1971; Xia, et al., 2012
<i>E1La</i>	<i>Glyma.04G156400</i>	B3 domain-containing	4	36,758,125–36,758,770	ss715587784	38,334,609	47.8	I ^c	Xu, et al., 2015
<i>E1Lb</i>	<i>Glyma.04G143300</i>	B3 domain-containing	4	26,120,011–26,120,532	–	–	–	I ^c , 000–II	Xu, et al., 2015; Zhu et al., 2019
<i>E2</i>	<i>Glyma.10G221500</i>	<i>GIGANTEA (GI)</i>	10	45,294,735–45,316,121	ss715607502	45,550,230	141.4	II–V	Bernard, 1971; Watanabe, et al., 2011
<i>E3</i>	<i>Glyma.19G224200</i>	<i>Phytochrome A (PHYA3)</i>	19	47,633,059–47,641,958	ss715635703	47,632,093	93.4	0–III	Buzzell, 1971; Watanabe, et al., 2009
<i>E4</i>	<i>Glyma.20G090000</i>	<i>Phytochrome A (PHYA2)</i>	20	33,236,018–33,241,692	ss715637690	36,473,914	13.1	00–II	Buzzell & Voldeng, 1980; Liu, et al., 2008
<i>E5</i>	Not Identified	Not Identified	10	–	–	–	–	II, IV	McBlain & Bernard, 1987
<i>E6/J</i>	<i>Glyma.04G050200</i>	<i>Early Flowering 3 (ELF3)</i>	4	4,075,901–4,081,260	ss715587817	3,674,817	7.1	VI–VIII	Hartwig & Kiihl, 1979; Bonato & Vello, 1999; Yue, et al., 2017; Fang, et al., 2021; Nissan, et al., 2021
<i>E7</i>	Not Identified	Not Identified	6	–	ss715592723	10,863,803	28.0	000–II	Cober & Voldeng, 2001; Molnar, et al., 2003
<i>E8</i>	<i>Glyma.04g101500</i>	<i>Cryptochrome 1A (CRY1a)</i>	4	9,337,214–9,341,731	ss715589384	8,296,302	10.3	000–II	Cober, et al., 2010; Cheng, et al., 2011
<i>E9</i>	<i>Glyma.16G150700</i>	<i>Flowering Locus T (FT2a)</i>	16	31,109,999–31,114,963	ss715624382	31,208,131	22.4	NA	Kong, et al., 2014; Zhao, et al., 2016
<i>E10</i>	<i>Glyma.08G363100</i>	<i>Flowering Locus T (FT4)</i>	8	47,458,142–47,459,829	ss715602235	44,623,218	21.7	000–0	Samanfar, et al., 2016; Zhai, et al., 2014
<i>E11</i>	<i>Glyma.07G048500</i>	<i>LHY1/CCA1-like (LCL4)</i>	7	4,102,968–4,114,174	ss715598197	4,429,773	26.5	0–I	Wang, et al., 2019

(Continues)

TABLE 2 (Continued)

Name	Gene ID	Description	Chromosome	Gene position ^a	ID of the most significantly associated SNP	SNP position ^a	−log ₁₀ (P)	MG ^b	Reference
Reported other flowering and maturity genes									
<i>PRR3</i>	<i>Glyma.U034500</i>	<i>Pseudo Response Regulator 3</i>	S32	197,150–220,019	ss715608786	10,848,358	46.3	NA	Ogiso-Tanaka, et al., 2019; Lu et al., 2020
<i>PRR7</i>	<i>Glyma.12g073900</i>	<i>Pseudo Response Regulator 7</i>	12	5,508,365–5,522,772	ss715613180	5,502,184	164.7	NA	Ogiso-Tanaka, et al., 2019; Li, et al., 2019; Lu et al., 2020
Stem termination genes									
<i>Dt1</i>	<i>Glyma.19G194300</i>	<i>TERMINAL FLOWER 1</i>	19	45,183,357–45,185,175	ss715635506	45,557,751	7.6	II–V	Bernard, 1972; Liu, et al., 2010
<i>Dt2</i>	<i>Glyma.18g273600</i>	<i>Agamous-Like 8 (AGL8)</i>	18	55,638,209–55,646,547	ss715632241	55,784,646	18.3	II–V	Bernard, 1972; Ping, et al., 2014

^aPositions of the genes and SNPs were based on the Glyma.Wm82.a2.v1 genome assembly and the genes were identified from the SoyBase (<http://SoyBase.org>).

^bMaturity group.

^cVirus-induced gene silencing.

3.1.4 | MGs I–II

A total of 16 significant QTL were identified in GWA for MGs I–II. Of these regions, three were overlapped with *E1*, *E2*, and *E3 loci*, with the most significant SNP near *E2* (Table 4; Supplemental Fig. S1d). All known maturity loci detected in this analysis were also observed in the GWA for MGs 0–I. Additionally, 13 QTL were also detected in this analysis. Significant SNPs for six of these QTL, *qMG-5.2*, *-6.1*, *-13.3*, *-15.2*, *-16.4*, and *-20.1* are located very close to orthologs of the Arabidopsis genes associated with meristem identity (Supplemental Table S3). The SNP for *qMG-15.2* is the second most significant in this analysis, which is close to *Chromatin Remodeling Factor17 (CHR17)*. In Arabidopsis, *CHR17* prevents early activation of the vegetative-to-reproductive transition by regulating several key genes that contribute to flower timing such as *FT*, *SEP1*, *SEP3*, and *FUL* (Li et al., 2012). The third most significant SNP is in *qMG-3.2*, which is near an ortholog *NUCLEAR FACTOR Y SUBUNIT B8 (NF-YB8)*, and the SNP for *qMG-3.3* close to an ortholog of *NUCLEAR FACTOR Y SUBUNIT C9 (NF-YC9)*. As observed in the previous GWA, significant SNPs for four QTL (*qMG-3.1*, *-6.4*, *-7.1*, and *-19.5*) were located near the genes involved in the regulation of *FLC* expression (Supplemental Table S3). The QTL *qMG-3.2*,

-3.3, *-6.4*, *-9.1*, *-16.4*, and *-20.1* identified in this analysis were also reported as GWA QTL in SoyBase (Supplemental Table S4).

3.1.5 | MGs II–III

Genome-wide association for MGs II–III detected significant SNPs near *E1* and *E2* and *Dt1* and *Dt2* (Table 4; Supplemental Figure S1e). The most significant SNP is located near *E2* and the second one is close to *E1*. Additionally, four QTL, *qMG-5.3*, *-13.3*, *-15.4*, and *-16.1*, were also detected in this analysis (Table 4). The SNP for *qMG-16.1* is located near an ortholog of *HLP1*. In Arabidopsis, *HLP1* regulates plant flowering by targeting alternative polyadenylation, which ultimately suppresses *FLC* expression via *FCA* (Zhang et al., 2015b). The QTL *qMG-13.3* was again detected with a SNP near an ortholog of *SHORT VEGETATIVE PHASE (SVP)*. Two QTL, *qMG-5.3* and *-15.4*, were only detected in this analysis. *qMG-5.3* is located near *SPA1-related2 (SPA2)*, while *qMG-15.4* is close to an ortholog of *CYCLING DOF FACTOR 2 (CDF2)*. However, *qMG-15.4* could not be confirmed in GWA for MGs 000–IX. Of these four additional regions, *qMG-5.3* and *-16.1* have been reported as GWA QTL on SoyBase (Supplemental Table S4).

TABLE 3 Genomic regions detected with genome-wide association (GWA) analyses in paired maturity groups and a diversity panel or across maturity groups (MGs) 000 through IX

Name of QTL	Chromosome	Genomic region identified by individual GWAs in paired MGs and a diversity panel				Genomic region identified by GWA across MGs 000–IX			
		Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)	Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)
		bp				bp		bp	
<i>qMG-1.1</i>	1	823,278–4,576,595	ss715579545	4,576,595	13.6	683,307–6,613,885	ss715579934	4,934,180	15.6
<i>ECqMG-1.1</i>	1	–	–	–	–	9,410,680–10,015,821	ss715580877	9,736,511	9.1
<i>qMG-1.2</i>	1	17,436,477	ss715578644	17,436,477	7.9	–	–	–	–
<i>ECqMG-1.2</i>	1	–	–	–	–	38,438,736–43,632,505	ss715579323	41,331,273	8.3
<i>qMG-1.3</i>	1	47,064,250–48,078,170	ss715579673	48,078,170	13.7	44,117,573–50,630,943	ss715579488	44,965,732	15.8
<i>qMG-1.4</i>	1	53,074,367–53,136,582	ss715580337	53,074,367	8.3	55,572,527–56,830,220	ss715580723	56,770,865	8.4
<i>qMG-2.1</i>	2	4,363,973–7,233,292	ss715583837	7,233,292	7.2	51,236–7,126,284	ss715583777	6,812,100	34.7
<i>qMG-2.2</i>	2	12,190,975	ss715581049	12,190,975	7.8	9,541,869–15,271,225	ss715581055	12,242,977	36.7
<i>qMG-2.3</i>	2	34,898,716	ss715582072	34,898,716	11.1	–	–	–	–
<i>ECqMG-2.1</i>	2	–	–	–	–	39,244,018–46,461,916	ss715583006	43,440,684	18.6
<i>ECqMG-3.1</i>	3	–	–	–	–	344,529–5,244,122	ss715586167	425,209	9.4
<i>ECqMG-3.2</i>	3	–	–	–	–	21,261,809–23,085,439	ss715584554	21,261,809	20.5
<i>qMG-3.1</i>	3	34,532,040	ss715585469	34,532,040	6.5	33,636,101	ss715585354	33,636,101	14.7
<i>qMG-3.2</i>	3	39,438,564–39,727,905	ss715586078	39,438,564	8.6	38,876,486–39,946,374	ss715585981	38,876,486	7.5
<i>qMG-3.3</i>	3	43,513,124	ss715586428	43,513,124	7.1	41,473,003–41,491,337	ss715586233	41,473,003	7.5
<i>qMG-4.1</i>	4	1,514,139–3,752,035	ss715587850	3,752,035	7	321,728–3,674,987	ss715587817	3,674,987	7.1
<i>qMG-4.2</i>	4	9,358,265	ss715589638	9,358,265	9.2	8,260,240–8,537,216	ss715589384	8,296,302	10.3
<i>ECqMG-4.1</i>	4	–	–	–	–	15,927,855–16,536,652	ss715587172	15,927,855	24.9
<i>ECqMG-4.2</i>	4	–	–	–	–	19,570,043–19,731,043	ss715587282	19,570,043	7.3
<i>ECqMG-4.3</i>	4	–	–	–	–	30,123,651	ss715587362	30,123,651	6.7
<i>qMG-4.3</i>	4	38,334,609–39,977,826	ss715587844	39,977,826	32.9	38,334,609	ss715587784	38,334,609	47.8
<i>ECqMG-4.4</i>	4	–	–	–	–	41,351,742–45,185,501	ss715587995	43,710,656	22.2
<i>ECqMG-4.5</i>	4	–	–	–	–	45,305,251–51,927,929	ss715588448	47,242,528	29.5

(Continues)

TABLE 3 (Continued)

Name of QTL	Chromosome	Genomic region identified by individual GWAs in paired MGs and a diversity panel				Genomic region identified by GWA across MGs 000–IX			
		Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)	Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)
<i>qMG-5.1</i>	5	3,057,232	ss715589900	3,057,232	6.5	1,070,290–5,397,251	ss715592501	1,070,290	25.7
<i>ECqMG-5.1</i>	5	–	–	–	–	7,534,622–8,820,984	ss715592451	8,820,984	12.5
<i>ECqMG-5.2</i>	5	–	–	–	–	19,982,333	ss715589809	19,982,333	8.2
<i>ECqMG-5.3</i>	5	–	–	–	–	24,193,817–28,758,005	ss715590269	26,446,634	12.9
<i>qMG-5.2</i>	5	32,020,107–35,918,853	ss715590998	34,338,769	10.7	33,550,707–36,707,377	ss715591126	35,209,993	15.8
<i>qMG-5.3</i>	5	39,168,144	ss715592097	39,168,144	6.5	38,691,715–42,119,049	ss715591630	41,925,052	44.8
		41,571,382–41,598,296 [‡]	ss715591680	41,571,382	7.2				
<i>qMG-6.1</i>	6	608,094	ss715595380	608,094	7.7	894,552	ss715595639	894,552	24.7
<i>qMG-6.2</i>	6	13,462,721–14,363,799	ss715593059	13,509,587	9	10,402,418–14,029,207	ss715592723	10,863,803	28.1
<i>ECqMG-6.1</i>	6	–	–	–	–	15,379,050–17,453,327	ss715593752	17,453,327	25.9
<i>qMG-6.3</i>	6	19,486,921–20,940,014	ss715593832	19,858,251	16.2	19,913,355–22,212,993	ss715593833	19,913,355	194.6
<i>qMG-6.4</i>	6	47,568,246–50,743,212	ss715594829	47,999,849	10.4	47,959,012–51,076,174	ss715595278	51,046,599	20.3
		47,416,685–47,526,846 ^b	ss715594695	47,416,685	10.8				
<i>qMG-7.1</i>	7	1,159,635–1,443,929	ss715596226	1,443,929	7.8	1,789,219–2,222,940	ss715596814	2,222,940	6.6
<i>ECqMG-7.1</i>	7	–	–	–	–	4,429,773–6,306,291	ss715598197	4,429,773	26.5
<i>qMG-7.2</i>	7	15,741,518–18,327,575	ss715596697	18,327,575	7.8	–	–	–	–
<i>qMG-7.3</i>	7	35,220,682	ss715597312	35,220,682	7.3	35,613,115–38,770,938	ss715597441	36,523,592	9.9
<i>ECqMG-7.2</i>	7	–	–	–	–	41,776,639–42,909,420	ss715598143	42,909,420	10.6
<i>ECqMG-8.1</i>	8	–	–	–	–	1,632,674–3,810,391	ss715601551	3,604,631	20.6
<i>ECqMG-8.2</i>	8	–	–	–	–	7,470,603–9,909,193	ss715602913	9,909,193	20.3
<i>ECqMG-8.3</i>	8	–	–	–	–	11,259,469–11,843,090	ss715599301	11,571,237	9
<i>ECqMG-8.4</i>	8	–	–	–	–	16,161,353–17,748,776	ss715599780	16,161,353	13.3
<i>ECqMG-8.5</i>	8	–	–	–	–	35,572,498–36,272,305	ss715601530	36,075,677	9.4

(Continues)

TABLE 3 (Continued)

Name of QTL	Chromosome	Genomic region identified by individual GWAs in paired MGs and a diversity panel				Genomic region identified by GWA across MGs 000–IX			
		Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)	Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)
<i>ECqMG-8.6</i>	8	–	–	–	–	39,599,594–43,023,964	ss715601743	40,648,803	32
<i>qMG-8.1</i>	8	45,603,518–46,696,857	ss715602415	46,696,857	10.5	44,623,218–47,636,307	ss715602235	44,623,218	21.7
		45,939,398 ^b	ss715602332	45,939,398	6.7				
<i>ECqMG-9.1</i>	9	6,551,732 [‡]	ss715605312	6,551,732	11	722,588–6,256,888	ss715605167	5,557,122	13.2
<i>ECqMG-9.2</i>	9	–	–	–	–	20,477,995–21,780,623	ss715603268	21,494,387	13.2
<i>ECqMG-9.3</i>	9	–	–	–	–	28,590,229–32,388,671	ss715603485	31,230,369	13.1
<i>ECqMG-9.4</i>	9	–	–	–	–	37,706,393–42,366,861	ss715603782	39,137,680	11.5
<i>qMG-9.1</i>	9	43,517,260–4,564,8182	ss715604581	45,416,118	7.3	43,072,567–48,792,461	ss715604897	48,543,094	22.2
<i>ECqMG-10.1</i>	10	–	–	–	–	3,057,808–5,366,082	ss715607708	4,735,320	15.5
<i>ECqMG-10.2</i>	10	7,741,398 ^b	ss715608531	7,741,398	6.2	9,092,840–9,707,338	ss715608709	9,707,338	20.1
<i>qDTF-10.1</i>	10	14,457,726 ^b	ss715605986	14,457,726	6.5	–	–	–	–
<i>qMG-10.1</i>	10	37,229,632	ss715606418	37,229,632	8	39,017,342–42,522,750	ss715606978	40,636,624	11
<i>qMG-10.2</i>	10	44,990,199–45,826,997	ss715607517	45,826,997	31.9	44,224,500–46,839,076	ss715607502	45,550,230	141.4
<i>qMG-10.3</i>	10	50,364,853	ss715608125	50,364,853	6.7	48,197,057–48,689,540	ss715607788	48,197,057	25.8
<i>ECqMG-11.1</i>	11	–	–	–	–	423,724–7,299,608	ss715611000	6,506,375	16.1
<i>qMG-11.1</i>	11	10,457,269–45,826,997	ss715608812	11,032,954	30.1	8,148,438–11,133,013	ss715608786	10,848,358	46.3
		10,477,945 ^b	ss715608757	10,477,945	11.3				
<i>ECqMG-11.2</i>	11	–	–	–	–	15,649,090–15,678,644	ss715609885	15,649,090	11.6
<i>qMG-11.2</i>	11	19,622,661–24,156,840	ss715609781	19,622,661	9.1	20,324,493–26,217,355	ss715609757	20,324,493	26.9
		24,450,418–24,605,877 [‡]	ss715609104	24,450,418	10.1				
<i>ECqMG-11.3</i>	11	–	–	–	–	28,292,491–33,838,162	ss715609996	28,333,194	8.4
<i>qMG-12.1</i>	12	2,839,426–7,829,045	ss715613180	5,502,184	19.9	1,464,938–7,545,940	ss715613180	5,502,184	164.7
		3,551,311–6,896,151 [‡]	ss715613335	6,896,151	6.6				

(Continues)

TABLE 3 (Continued)

Name of QTL	Chromosome	Genomic region identified by individual GWAs in paired MGs and a diversity panel				Genomic region identified by GWA across MGs 000–IX			
		Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)	Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)
<i>qMG-12.2</i>	12	34,178,221	ss715612380	34,178,221	7.2	35,429,338–36,530,315	ss715612674	36,444,348	11
<i>ECqMG-12.1</i>	12	–	–	–	–	39,605,154–39,740,802	ss715612992	39,628,194	9.5
<i>ECqMG-13.1</i>	13	–	–	–	–	437,287–7,767,773	ss715613779	437,287	9
<i>qMG-13.1</i>	13	12,937,337–19,373,536	ss715616972	15,183,485	15.2	10,706,972–20,896,502	ss715613749	10,706,972	27.7
		14,774,149 ^b	ss715617053	14,774,149	6.6				
<i>ECqMG-13.2</i>	13	–	–	–	–	23,852,214–25,259,816	ss715614171	25,259,816	25.5
<i>qMG-13.2</i>	13	28,443,623	ss715614630	28,443,623	6.5	27,335,661–28,970,569	ss715614445	27,335,661	10
		28,674,444 ^b	ss715614684	28,674,444	6.4				
<i>qMG-13.3</i>	13	36,221,688–37,756,892	ss715615732	36,221,688	7.6	33,204,263–39,607,602	ss715615977	37,756,892	31.0
<i>qMG-13.4</i>	13	42,512,630	ss715616362	42,512,630	8.6	42,643,435–43,322,945	ss715616434	43,322,945	8.9
<i>ECqMG-14.1</i>	14	–	–	–	–	38,001–4,131,877	ss715618715	4,131,877	12.9
<i>ECqMG-14.2</i>	14	8,109,384 ^b	ss715619996	8,109,384	10.1	10,170,989	ss715617384	10,170,989	31.5
<i>ECqMG-14.3</i>	14	–	–	–	–	19,438,518	ss715618515	19,438,518	24
<i>qMG-14.1</i>	14	47,621,296	ss715619421	47,621,296	6.7	44,916,140–48,566,026	ss715619207	46,197,333	26.3
<i>qMG-15.1</i>	15	1,969,699–4,334,070	ss715621926	4,334,070	9.3	1,490,854–4,171,376	ss715621693	3,573,258	11.9
<i>qMG-15.2</i>	15	7,632,638–8,829,779	ss715623042	7,632,638	11.3	6,689,402–9,941,854	ss715623029	7,550,103	40.4
<i>qMG-15.3</i>	15	12,816,590–14,876,073	ss715620851	14,876,073	6.9	11,280,882–14,551,414	ss715620628	13,684,555	12.6
<i>ECqMG-15.1</i>	15	–	–	–	–	24,160,945–28,637,600	ss715621754	27,430,182	10.4
<i>ECqMG-15.2</i>	15	–	–	–	–	31,169,128–32,116,867	ss715621511	32,116,867	8.1
<i>qMG-15.4</i>	15	35,067,373	ss715621602	35,067,373	6.6	–	–	–	–
<i>ECqMG-15.3</i>	15	–	–	–	–	43,135,797	ss715621895	43,135,797	6.8
<i>qMG-15.5</i>	15	47,538,275–48,537,095	ss715622238	47,693,099	7.3	46,458,753–49,902,462	ss715622143	47,324,767	28
<i>qMG-16.1</i>	16	204,698–6,042,142	ss715623677	204,698	13.8	137,239–8,037,107	ss715625403	7,229,931	9.2
		114,805–139,928 ^b	ss715623373	114,805	13.6				

(Continues)

TABLE 3 (Continued)

Name of QTL	Chromosome	Genomic region identified by individual GWAs in paired MGs and a diversity panel				Genomic region identified by GWA across MGs 000–IX			
		Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)	Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)
<i>qMG-16.2</i>	16	26,791,660	ss715623863	26,791,660	9.9	27,169,242–28,765,102	ss715623971	28,762,445	10
<i>qMG-16.3</i>	16	29,084,941–30,777,681	ss715624158	29,609,620	7.9	29,309,383–31,765,761	ss715624382	31,208,131	22.4
<i>qMG-16.4</i>	16	36,556,952	ss715624868	36,556,952	7.6	33,406,638–37,653,674	ss715624927	37,000,804	10.7
<i>qMG-17.1</i>	17	2,160,065	ss715626414	2,160,065	7.8	3,237,615–3,644,762	ss715626835	3,532,847	19
<i>qMG-17.2</i>	17	7,488,569	ss715628177	7,488,569	9.5	7,913,612–8,285,863	ss715628225	7,913,612	7.6
<i>ECqMG-17.1</i>	17	–	–	–	–	11,379,945–14,188,211	ss715625783	11,404,483	8
<i>ECqMG-17.2</i>	17	–	–	–	–	35,528,444–36,248,107	ss715626948	36,180,745	12.1
<i>qMG-17.3</i>	17	39,528,940	ss715627640	39,528,940	7.6	37,879,637–41,052,244	ss715627754	40,575,507	16.2
<i>ECqMG-18.1</i>	18	–	–	–	–	433,470–9,365,931	ss715630397	3,706,238	19.1
<i>ECqMG-18.2</i>	18	–	–	–	–	18,240,230–22,192,855	ss715629942	22,192,855	14.4
<i>qMG-18.1</i>	18	43,090,752	ss715630715	43,090,752	6.7	41,820,094	ss715630648	41,820,094	8.1
<i>ECqMG-18.3</i>	18	–	–	–	–	49,080,769–50,727,159	ss715631442	49,080,769	12.1
<i>qMG-18.2</i>	18	53,076,934–57,094,471	ss715632205	55,478,846	11.2	54,391,672–57,272,786	ss715632241	55,784,646	18.3
		54,143,499 ^b	ss715631995	54,143,499	5.8				
<i>qMG-19.1</i>	19	975,170–1,150,070	ss715633055	1,150,070	8.7	546,020–3,810,489	ss715634669	3,810,489	20
		5,674,894 ^b	ss715636141	5,674,894	7.4				
<i>qMG-19.2</i>	19	34,484,934–36,578,790	ss715634147	34,484,934	7.1	33,080,644–37,185,287	ss715634523	36,869,893	13
		38,458,734 ^b	ss715634725	38,458,734	7.7				
<i>ECqMG-19.1</i>	19	–	–	–	–	40,022,634–41,094,171	ss715634923	40,022,634	8.6
<i>qMG-19.3</i>	19	45,589,306–45,830,407	ss715635535	45,830,407	7.8	45,557,751–45,643,073	ss715635506	45,557,751	7.6
<i>qMG-19.4</i>	19	46,509,345–48,137,823	ss715635694	47,564,698	33	47,329,907–48,331,596	ss715635703	47,632,093	93.4
<i>qMG-19.5</i>	19	49,327,515–50,325,877	ss715635915	49,327,515	7.8	49,327,515	ss715635915	49,327,515	18.3
<i>qMG-20.1</i>	20	3,413,871	ss715637552	3,413,871	6.6	208,950–3,978,705	ss715639020	678,338	27.6
<i>ECqMG-20.1</i>	20	–	–	–	–	11,811,683–20,229,461	ss715636765	12,236,008	10.8

(Continues)

TABLE 3 (Continued)

Name of QTL	Chromosome	Genomic region identified by individual GWAs in paired MGs and a diversity panel				Genomic region identified by GWA across MGs 000–IX			
		Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)	Genomic region ^a	ID of the most significant SNP	SNP position ^a	–log ₁₀ (P)
<i>ECqMG-20.2</i>	20	–	–	–	–	34,830,489–37,218,045	ss715637690	36,473,914	13.1
<i>ECqMG-20.3</i>	20	–	–	–	–	39,207,633–43,293,034	ss715638198	41,797,319	14.1
<i>qMG-20.2</i>	20	47,638,221	ss715638916	47,638,221	6.5	44,108,146–46,968,588	ss715638617	45,398,904	21

^aPhysical positions are based on Glyma.Wm82.a2.v1 genome assembly. The genomic regions were defined by significant SNPs across GWAs.

^bPhysical positions of SNPs detected with GWA in the diversity panel.

3.1.6 | MGs III–IV

The GWA for MGs III and IV revealed the greatest number of significant SNPs near known flowering and maturity loci, with SNPs being near seven *E* maturity loci and *PRR3* (Table 4; Supplemental Figure S1f). The most significant SNP was associated with *E3*, which was followed by *E1* and *PRR3*. A significant SNP associated with *Dt1* was also detected in this analysis, while *E8* was only detected in this analysis. The greater portion of the most significant SNPs in this analysis are associated with the photoperiodic and circadian clock pathways; however, six QTL (*qMG-1.1*, –6.2 [*E7*], –6.4, –17.2, –18.1, and –19.1) have significant SNPs close to orthologs of genes associated with the control *FLC* expression (Supplemental Table S3). Other QTL detected from this analysis were *qMG-2.1*, –9.1, and –13.1. The QTL *qMG-2.1*, –6.2, and –18.1 have been reported as GWA QTL in SoyBase (Supplemental Table S4).

3.1.7 | MGs IV–V

The GWA between MGs IV and V yielded 25 QTL. Significant SNPs near known *E* maturity loci were observed for *E1*, *E1La*, *E2*, *E7*, and *E10* (Table 4; Supplemental Figure S1g). Additionally, SNPs for *Dt2* and the recently identified *PRR3* and *PRR7* genes were also observed. The SNPs for *PRR3*, *E2*, and *PRR7* were most significant in this analysis, highlighting the importance of circadian-clock-related genes in MGs IV and V. For the other 17 QTL detected, SNPs for three regions (*qMG-19.5*, –13.1, and –16.1) are near orthologs of the genes associated with the circadian clock (Supplemental Table S3). Additionally, 13 QTL (*qMG-1.4*, –2.3, –3.2, –5.2, –8.1 [*E10*], –11.2, –12.2, –15.1, –15.3, –15.5, –16.2, –19.1, and –20.2) contained SNPs close to orthologs of genes associated with responses to environmental temperature

(Supplemental Table S3). The SNP for *qMG-5.2* is only 46 kb from the sole ortholog of *FLC* in the soybean, *Glyma.05g148700*, which has been implicated in long-term, low-temperature-triggered late flowering by inhibiting *FT* expression (Lyu et al., 2020). The other QTL detected from this analysis were *qMG-7.2* and –14.1. In addition to the QTL previously mentioned in other analyses, *qMG-1.4*, –2.3, and –16.2 have been reported as maturity related GWA QTL in SoyBase (Supplemental Table S4).

3.1.8 | MGs V–VI

For MGs V–VI, significant SNPs near *E2*, *E3*, *E6*, *E9*, *E10*, and *PRR7* were detected (Table 4; Supplemental Figure S1h). The SNPs attributed to *E3*, *E10*, and *PRR7* were near orthologs of other Arabidopsis flowering genes (Supplemental Table S3). Five additional QTL were also identified (Table 4). The most significant SNP in this analysis was observed for *qMG-16.1*, which was closest to an ortholog of *VRN1*. Quantitative trait loci *qMG-7.3*, –17.1, and –17.3 were only detected in this analysis. The SNP for *qMG-7.3* is closest to an ortholog of *SVP*, *qMG-17.1* to an ortholog of *EARLY IN SHORT DAYS 4 (ESD4)* and *qMG-17.3* to an ortholog of *MED25-BINDING RING-H2 PROTEIN2 (MBR2)*, while *qMG-19.2* is closest to an ortholog of *MBR1*. In Arabidopsis, *MBR1* and *MBR2* promote the degradation of *MEDIATOR25 (MED25)*, which is required for the activation of *FT* transcription (Iñigo et al., 2012). Of these five additional regions, only *qMG-17.3* was also reported as GWA QTL in SoyBase (Supplemental Table S4).

3.1.9 | MGs VI–VII

The GWA analysis in MGs VI–VII detected four QTL (Table 4; Supplemental Figure S1i). The most significant

TABLE 4 Quantitative trait loci (QTL) for maturity groups (MGs) detected by the genome-wide association analyses in paired MGs and across MGs 000 through IX

Name of QTL	Reported locus	Chromosome	000–IX	000–00	00–0	0–I	I–II	II–III	III–IV	IV–V	V–VI	VI–VII	VII–VIII	VIII–IX	No. MGs affected
<i>qMG-1.1</i>	–	1	15.6 ^a	–	–	7.3	–	–	13.6	–	–	–	–	–	4
<i>qMG-1.2</i>	–	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	7.9	2
<i>qMG-1.3</i>	–	1	15.9	–	–	–	–	–	–	–	–	–	7.5	13.7	3
<i>qMG-1.4</i>	–	1	8.4	–	–	–	–	–	–	8.3	–	–	–	–	2
<i>qMG-2.1</i>	–	2	34.7	–	–	–	–	–	7.0	–	–	–	7.2	–	4
<i>qMG-2.2</i>	–	2	36.7	–	–	7.8	–	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-2.3</i>	–	2	–	–	–	–	–	–	–	11.1	–	–	–	–	2
<i>qMG-3.1</i>	–	3	14.7	–	–	–	6.5	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-3.2</i>	–	3	7.5	–	–	–	8.6	–	–	8.1	–	–	–	–	4
<i>qMG-3.3</i>	–	3	7.5	–	–	–	7.1	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-4.1</i>	<i>E6/J</i>	4	7.1	–	–	7.0	–	–	–	–	6.5	–	–	–	4
<i>qMG-4.2</i>	<i>E8</i>	4	10.3	–	–	–	–	–	9.2	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-4.3</i>	<i>E1La</i>	4	47.8	–	–	32.9	–	–	10.6	8.4	–	–	–	–	5
<i>qMG-5.1</i>	–	5	25.7	–	–	6.5	–	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-5.2</i>	–	5	15.1	–	8.1	–	8.3	–	–	10.7	–	–	7.0	7.6	9
<i>qMG-5.3</i>	–	5	44.8	–	–	–	–	6.5	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-6.1</i>	–	6	24.7	–	–	–	7.7	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-6.2</i>	<i>E7</i>	6	28.0	–	–	–	–	–	9.0	8.6	–	–	7.1	7.6	6
<i>qMG-6.3</i>	<i>E1</i>	6	194.6	–	–	8.6	7.6	9.8	16.2	7.8	–	–	–	–	6
<i>qMG-6.4</i>	–	6	19.8	–	–	–	6.5	–	6.7	–	–	–	–	10.4	4
<i>ECqMG-7.1</i>	<i>E11</i>	7	26.5	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	na
<i>qMG-7.1</i>	–	7	6.6	–	–	6.6	7.0	–	–	–	–	–	7.8	–	5
<i>qMG-7.2</i>	–	7	–	–	–	7.8	–	–	–	6.7	–	–	–	–	4
<i>qMG-7.3</i>	–	7	9.9	–	–	–	–	–	–	–	7.3	–	–	–	2
<i>qMG-8.1</i>	<i>E10</i>	8	21.7	–	–	10.5	–	–	–	10.0	6.7	–	–	–	5
<i>qMG-9.1</i>	–	9	22.2	–	–	–	6.7	–	7.3	–	–	–	–	–	4
<i>qMG-10.1</i>	–	10	11.0	–	8.0	–	–	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-10.2</i>	<i>E2</i>	10	141.4	–	–	27.7	31.9	20.5	7.4	22.2	7.7	13.2	–	–	8
<i>qMG-10.3</i>	–	10	25.8	–	–	–	–	–	–	–	–	6.7	–	–	2
<i>qMG-11.1</i>	<i>PRR3</i>	11	46.3	–	–	–	–	–	15.7	30.1	–	8.2	–	–	5
<i>qMG-11.2</i>	–	11	26.9	–	–	–	–	–	–	9.1	–	–	–	–	2
<i>q-MG12.1</i>	<i>PRR7</i>	12	164.7	–	–	–	–	–	–	19.9	8.9	9.7	9.5	–	5
<i>qMG-12.2</i>	–	12	11.0	–	–	–	–	–	–	7.2	–	–	–	–	2
<i>qMG-13.1</i>	–	13	27.7	–	8.6	–	–	–	7.5	15.2	–	–	–	–	5
<i>qMG-13.2</i>	–	13	18.3	–	–	6.5	–	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-13.3</i>	–	13	31.0	–	–	–	6.7	7.6	–	–	–	–	–	–	3
<i>qMG-13.4</i>	–	13	8.9	8.6	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-14.1</i>	–	14	26.3	–	–	–	–	–	–	6.7	–	–	–	–	2
<i>qMG-15.1</i>	–	15	11.9	–	–	7.3	–	–	–	9.3	–	–	–	–	4
<i>qMG-15.2</i>	–	15	40.4	–	–	8.3	11.3	–	–	–	–	–	–	–	3
<i>qMG-15.3</i>	–	15	12.6	–	–	6.7	–	–	–	6.9	–	–	–	–	4
<i>qMG-15.4</i>	–	15	–	–	–	–	–	6.6	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-15.5</i>	–	15	28.0	–	6.7	–	–	–	–	7.3	–	–	6.6	–	6
<i>qMG-16.1</i>	–	16	9.15	–	–	–	–	7.7	–	13.8	10.8	–	–	–	5

(Continues)

TABLE 4 (Continued)

Name of QTL	Reported locus	Chromosome	000–IX	000–00	00–0	0–I	I–II	II–III	III–IV	IV–V	V–VI	VI–VII	VII–VIII	VIII–IX	No. MGs affected
<i>qMG-16.2</i>	–	16	10.9	–	–	–	–	–	–	9.9	–	–	–	–	2
<i>qMG-16.3</i>	<i>E9</i>	16	22.4	–	–	–	–	–	6.7	–	7.9	–	–	–	4
<i>qMG-16.4</i>	–	16	10.7	–	–	–	7.6	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-17.1</i>	–	17	19.0	–	–	–	–	–	–	–	7.8	–	–	–	2
<i>qMG-17.2</i>	–	17	7.6	–	–	–	–	–	9.5	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-17.3</i>	–	17	16.2	–	–	–	–	–	–	–	7.6	–	–	–	2
<i>qMG-18.1</i>	–	18	8.1	–	–	–	–	–	6.7	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-18.2</i>	<i>Dt2</i>	18	18.3	–	–	–	6.9	7.1	–	11.2	–	–	–	6.9	7
<i>qMG-19.1</i>	–	19	20.0	–	–	–	–	–	7.8	8.7	–	–	–	–	3
<i>qMG-19.2</i>	–	19	13.0	6.7	–	–	–	–	–	–	7.1	–	–	–	4
<i>qMG-19.3</i>	<i>Dt1</i>	19	7.6	–	–	–	–	–	7.8	–	–	–	–	–	3
<i>qMG-19.4</i>	<i>E3</i>	19	93.4	–	–	12.2	8.0	–	33.0	–	7.3	–	–	–	7
<i>qMG-19.5</i>	–	19	18.3	–	–	–	7.8	–	–	7.3	–	–	–	–	4
<i>ECqMG-20.2</i>	<i>E4</i>	20	13.1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0
<i>qMG-20.1</i>	–	20	27.6	–	–	–	6.6	–	–	–	–	–	–	–	2
<i>qMG-20.2</i>	–	20	21.0	–	–	–	–	–	–	8.4	–	–	–	–	2
Significant threshold	–	–	6.6	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	6.5	–
Sum of loci	–	–	56	2	4	15	17	8	17	25	11	4	7	6	–

^aThe values of $-\log_{10}(p)$, indicating significance of SNPs.

SNP was observed for *E2*, while SNPs near *PRR3* and *PRR7* were also detected. Furthermore, a significant SNP for QTL *qMG-10.3* was only detected in this analysis, which is near orthologs of *JMJC DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 27 (JM27)* and *TCP7*, a member of the *TCP (TEOSINTE BRANCHED1/CYCLOIDEA/PROLIFERATING CELL FACTOR)* transcription factor family.

3.1.10 | MGs VII–VIII

The GWA between MGs VII and VIII revealed seven significant QTL (Table 4; Supplemental Figure S1j). The most significant SNP is near *PRR7*. A SNP for the QTL where *E7* might be located is also observed. Furthermore, SNPs for the QTL *qMG-1.3*, -2.1 , -5.2 , -7.1 , and -15.5 were also detected. The QTL *qMG-1.3* has been reported as GWA QTL for RP in SoyBase (Supplemental Table S4).

3.1.11 | MGs VIII–IX

For MGs VIII–IX, six QTL were identified (Table 4; Supplemental Figure S1k) including SNPs near *E7* and *Dt2* loci. The most significant SNP was observed for QTL *qMG-1.3*, which was also detected in the GWA for MGs VII–VIII. Of three additional QTL, *qMG-1.2*, -5.2 , and -6.4 , detected, *qMG-1.2*

was only detected in this analysis and was not confirmed in the GWA with MGs 000–IX. There were no known orthologs of Arabidopsis flowering genes close to its position.

3.1.12 | MGs 000–IX

To understand allele variation across MGs 000–IX and confirm the results from each individual analysis, GWA was performed across MGs 000–IX. The analysis identified 103 QTL (Table 3), confirming 54 of the QTL identified in individual GWAs that encompassed 618 significant SNPs. The additional 49 QTL identified in this GWA comprised 508 significant SNPs; 13 have been reported as GWA QTL for maturity related traits in SoyBase, while the other 36 are newly identified GWA QTL (Supplemental Table S4). In this analysis, significant SNPs were identified near all known maturity loci, the stem termination genes, and the recently discovered *PRR* genes (Table 4; Figure 3). The most significant SNPs were observed, in descending order, for *E1*, *PRR7*, *E2*, *E3*, *E1La*, and *PRR3*. Aside from QTL reported near maturity loci and *PRR* genes, four QTL identified in individual GWA and confirmed in this analysis (*qMG-2.1*, -2.2 , -5.3 , and -15.2) presented highly significant SNPs ($-\log_{10}(P) > 34$) with QTL *qMG-2.2* and -15.2 , representing new, unreported GWA QTL for maturity (Supplemental Table S4). For QTL only detected in this GWA, none reached the stringent threshold of $-\log_{10}$

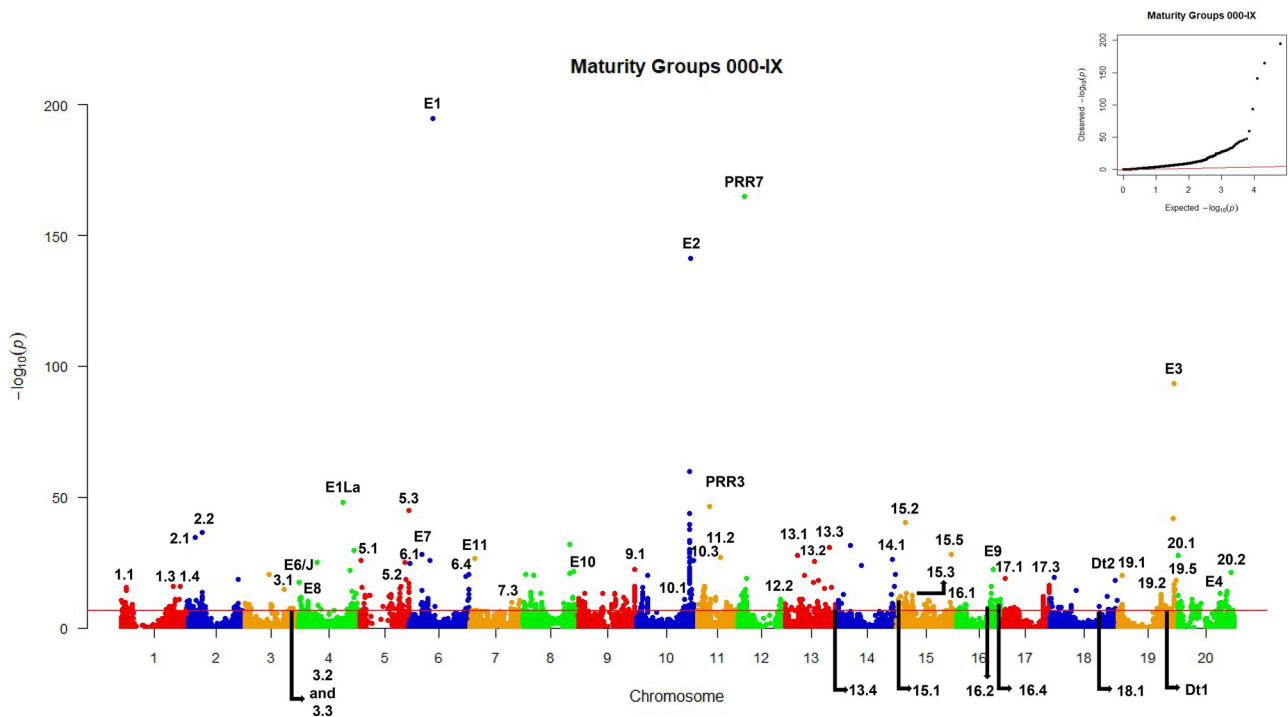


FIGURE 3 Manhattan plot displaying the results of the genome-wide association (GWA) for the accessions across maturity groups 000 to IX. Red threshold line set at $-\log_{10}(2.84 \times 10^{-7}) \approx 6.55$. The known maturity loci are indicated with most significantly associated single nucleotide polymorphisms on each chromosome. Quantitative trait loci confirmed from individual GWA analyses are presented without the prefix ‘*qMG*’ for ease of visualization. The quantile–quantile plot of observed vs. expected *P* values is presented in the top right corner.

(*P*) > 34; however, seven QTL presented higher significance than reported loci with known effects on maturity such as *Dt1*, *E6*, *E8*, *E9*, *E10*, and *J* (Table 3). Furthermore, five of these seven QTL represent new unreported QTL for maturity (Supplemental Table S4). For QTL detected within individual GWA, a total of 13 also presented higher significance than the abovementioned maturity loci, with eight of these QTL representing new GWA QTL for maturity.

3.2 | Validation using a diversity panel

Soybean maturity is affected by two major periods: from planting to flowering and from flowering to physiological maturity. Increase in DTF or RP periods can extend DTM. Correlation analysis indicated that both DTF and RP had a significant positive correlation with DTM ($P < .01$) with correlation coefficients of 0.85 and 0.53, respectively. No significant correlation was observed between DTF and RP. Besides confirming 15 QTL identified in previous analyses, GWA using the diversity panel also detected one additional QTL for DTF (Tables 3 and 5).

3.2.1 | Days to flowering

Five QTL were identified in a combined DTF dataset from 2 yr (Figure 4, Table 5). Of these five significant regions, four regions have been identified with GWA analyses. The most

significant SNP was detected in *ECqMG*-9.1, near an ortholog of *ELF4-Like3* (*EFL3*) (Supplemental Table S3). The region was also observed in the GA-16 environment (Supplemental Fig. S2b). The second most significant SNP is in *qMG*-6.4 near an ortholog of *VOZ1*. The region was detected in both environments (Supplemental Figure S2a and S2b). The third SNP is in *qMG*-5.3, close to an ortholog of *FLAVIN-BINDING, KELCH REPEAT, F BOX 1* (*FKF1*), and was also detected in GA-16 environment. The QTL *qDTF*-10.1 was only observed for the combined DTF dataset and was not observed in the GWAs with MGs 000–IX. A significant SNP for *PRR7* was also detected in the combined dataset. *E10* was observed individually for GA-15 and GA-16 environments but not in the combined dataset. Furthermore, one SNP near *Dt2* was significant in the GA-15 environment only (Table 5).

3.2.2 | Days to maturity

Four QTL, *qMG*-11.2, –13.1, –16.1, and –19.2, were identified to be significantly associated with DTM in GWA analyses using the combined dataset (Figure 4, Table 5). The most significant SNP for the combined dataset is *qMG*-16.1, which is near an ortholog of *ELF4-Like 4* (*EFL4*) (Supplemental Table S3). The second most significant SNP was observed for *qMG*-19.2 and was closest to an ortholog of *AREB3*. For *qMG*-11.2, the SNP was not near any known orthologs of Arabidopsis

TABLE 5 Genomic regions detected for days to flowering (DTF), days to maturity (DTM), and reproductive period (RP) using a genome-wide association analysis in a diverse panel of soybean genotypes

Name of genomic regions	Reported locus	2015			2016			Combined		
		DTF	DTM	RP	DTF	DTM	RP	DTF	DTM	RP
<i>qMG-5.3</i>	—	—	—	—	6.9 ^a	—	—	7.2	—	—
<i>qMG-6.4</i>	—	10.8	5.9	—	6.5	—	—	9.6	—	—
<i>qMG-8.1</i>	<i>E10</i>	6.7	—	—	5.9	—	—	—	—	—
<i>ECqMG-9.1</i>	—	—	—	—	7.8	—	—	11.0	—	—
<i>ECqMG-10.2</i>	—	—	—	—	—	6.2	—	—	—	—
<i>qDTF-10.1</i>	—	—	—	—	—	—	—	6.5	—	—
<i>qMG-11.1</i>	<i>PRR3</i>	—	—	—	—	11.3	—	—	—	—
<i>qMG-11.2</i>	—	—	—	—	—	—	10.1	—	6.7	6.8
<i>qMG-12.1</i>	<i>PRR7</i>	—	—	—	—	—	6.4	6.6	—	—
<i>qMG-13.1</i>	—	—	—	—	—	—	—	6.6	—	—
<i>qMG-13.2</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	6.4
<i>ECqMG-14.2</i>	—	—	—	—	—	—	10.1	—	—	—
<i>qMG-16.1</i>	—	—	—	—	—	10.7	9.4	—	13.6	12.1
<i>qMG-18.2</i>	<i>Dt2</i>	5.8	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>qMG-19.1</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	7.4
<i>qMG-19.2</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	7.7	—

^aThe values of $-\log_{10}(p)$, indicating significance of SNPs.

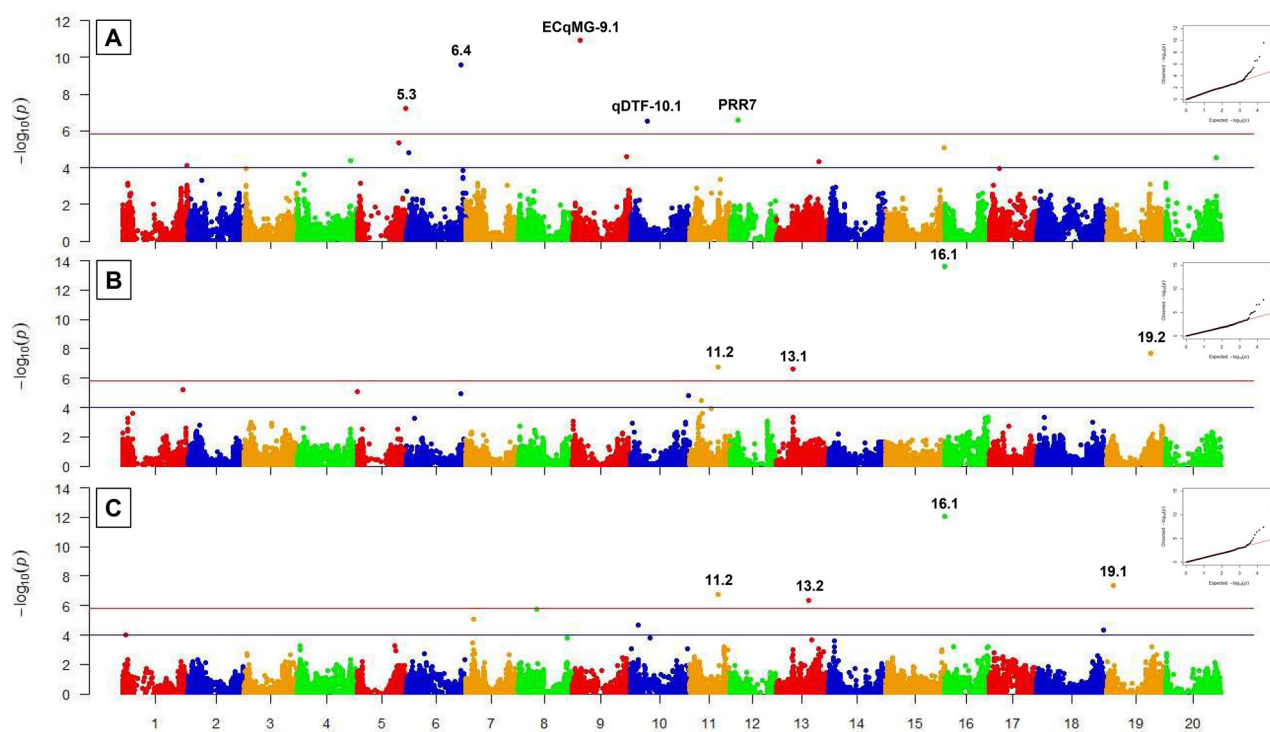


FIGURE 4 Manhattan plots displaying the results of the genome-wide association (GWA) for the diversity panel using a combined dataset. Red threshold line set at $-\log_{10}(1.44 \times 10^{-7}) \approx 5.84$. The quantitative trait loci overlapping the ones from individual GWA analyses are presented without the prefix '*qMG*.' Quantile-quantile plots of observed vs. expected P values are presented in the top right corner of each Manhattan plot. (A) Days to flowering; (B) Days to maturity; (C) Reproductive period.

flowering genes while the SNP for *qMG*-13.1 was close to an ortholog of *COL2*. Only one significant QTL *qMG*-6.4 was observed in GA-15 (Supplemental Figure S2c), while three QTL, *ECqMG*-10.2, *PRR3*, and *qMG*-16.1, were identified in GA-16 environment (Supplemental Figure S2d). Except for *ECqMG*-10.2 and *qMG*-13.1, all other regions observed were also found in the individual analyses for MGs V–IX.

3.2.3 | Reproductive period

Four significant QTL, *qMG*-11.2, -13.2, -16.1, and -19.1, from the diversity panel were identified for RP (Table 5, Figure 4) and these regions have also been detected in previous GWA analyses. Of these four regions, two QTL were also detected in the GWA for DTM. None of these regions are in common with those detected for DTF. The GA-16 environment also confirmed QTL *qMG*-16.1 and -11.2 and detected a SNP for *PRR7* and *ECqMG*-14.2. No significant SNPs were observed for this trait in GA-15.

4 | DISCUSSION

4.1 | Genetic control of soybean maturity

Soybean maturity is a complex trait controlled by the interaction of many genes, pathways, and the cultivation environment (Cober et al., 1996, 2001, 2014). Even with the application of stringent thresholds, we observed a large number of QTL in this study. This might be attributed to the availability of a high number of phenotypic observations, a common limitation with other GWA studies, and the more efficient detection of true positives by FarmCPU (Liu et al., 2016). While several new, unreported GWA QTL were detected, QTL for all reported maturity loci were observed. From the total of 108 QTL detected on all GWAs, 60 are previously unreported GWA QTL for maturity (Supplemental Table S4). Aside from QTL attributed to reported maturity genes, 45 QTL were identified in individual GWA analyses and 25 of these are newly identified GWA QTL.

All 14 reported maturity loci and two stem termination genes were confirmed in the GWA across MGs 000–IX and GWAs using the paired MGs, except for *E4* and *E11*, which were not detected in the GWAs with the paired MGs. None of the reported maturity loci were detected in MGs 000–0. Of those reported loci, *E1*, *E1L*, *E2*, *E3*, *E7*, *E10*, *PRR3*, and *PRR7* affected five or more MGs throughout the USDA Soybean Germplasm Collection. In contrast, of 45 QTL identified in individual GWA analyses, five QTL, including *qMG*-5.2, -7.1, -13.1, -15.5, and -16.1, impacted five or more MGs. Although *Dt1* and *Dt2* are stem termination genes, they had effects on three and seven MGs, respectively (Table 4).

Individual GWAs demonstrated that the *E1*, *E1La*, *E8*, and *Dt1* loci had effects on MGs V and earlier; in contrast, *E7*, *PRR3*, and *PRR7* loci had impacts on MGs III+ (Table 4). Furthermore, of the 45 QTL identified in individual GWA, 29 QTL were observed that had effects in MGs V and earlier, while there were only six QTL that had effects in MGs V+ (Table 4). Among all the significant loci identified in this study, *qMG*-5.2 had effects on the highest number (9) of MGs from 000 to IX, followed by *E2*, *E3*, *Dt2*, *qMG*-15.5, *E1*, *qMG*-13.1, *qMG*-7.1, and *qMG*-16.1, which affected 5–7 MGs. *E2* presented distributed effects in MGs 0–VII, possessing the most significant SNPs for the GWAs between MGs I–II, II–III, and VI–VII and the second most significant SNP for MGs 0–I and MGs IV–V. Although *qMG*-5.2 affected more MGs than *E2*, the effects were small compared with *E2*.

The existence of multiple QTL near each other is a common challenge for QTL detection when working with complex traits (Du et al., 2019). Furthermore, several orthologs of Arabidopsis flowering-related genes are present within the *qMG*-5.2 region (Supplemental Table S3). These factors might be responsible for the lower significance observed for this QTL despite its widespread presence in several MGs. There were 22 QTL that affected only two to four MGs in individual GWA but had SNPs with greater significance in the GWA with MG 000–IX compared with *qMG*-5.2 (Table 3).

Overall, genes associated with the photoperiodic and circadian clock pathways have the greatest effects on soybean maturity, with *E2* among the reported maturity loci affecting the highest number of MGs (Table 4, Figure 3). The absence of significant SNPs near the *E1* locus on MGs VI–IX and near *E3* on MGs VII–IX supports previous evidence that most genotypes from MGs V+ have *E1* and *E3* alleles (Jiang et al., 2014; Langewisch et al., 2017; Li et al., 2017b; Liu et al., 2020; Miranda et al., 2020). Furthermore, the detection of SNPs near *PRR3* and *PRR7* only on MGs III+ supports previous indications that these genes depend on *E1* to delay maturity and are upregulated by *E3* (Lu, et al., 2020).

Quantitative trait loci for the *E4* locus were not detected in individual GWAs, which might be due to the restricted distribution of the recessive *e4* alleles (Kanazawa et al., 2009). Genotyping of 308 cultivars detected *e4*-SORE and *e4*-kes in only 1.3 and 1.9% of the cultivars, respectively, and these alleles were restricted to MGs 0000 and 000 (Liu et al., 2020). These results suggest that recessive *e4* alleles have a limited relevance for accessions in the USDA Soybean Germplasm Collection. Overall, most SNPs near maturity genes were detected in or near the MGs used for their discovery except for *E7* (Tables 2 and 4). The SNPs significantly associated with *E7*, reported in the crosses involving genotypes from MGs 000–II, were detected within MGs III–IX.

Our results provided evidence for further studies on *E5*, *E7*, and *E8* and suggested some candidate genes. For *E5*, previous results suggested that it might be either an allele of *E2*

or a closely located gene (Dissanayaka et al., 2016) with the molecular phenotype for *E5* NILs, indicating the existence of a unique locus (Wu et al., 2019). Our results indicated a QTL in the vicinity of *E2* for the GWA with MGs VI–VII and MGs 000–IX (*qMG*-10.3, Table 3). The most significant SNP ($P = 1.59 \times 10^{-26}$) for this QTL is located near an ortholog of Arabidopsis flowering genes (Supplemental Table S3), which might be responsible for the *E5* locus.

Two QTL detected in our GWA analysis were associated with *E7*. The first is *qMG*-6.2, where significant SNPs were detected for several paired MG GWAs (Table 4), most frequently near an ortholog of *LEAFY* (*LFY*), a floral identity gene. However, the most significant SNPs for this region on the GWA with MGs 000–IX were close to an ortholog of *PRR5*, which, considering the recent discovery of *PRR3* and *PRR7*, might also affect maturity in soybean. Furthermore, the QTL *ECqMG*-6.1 also fits the order observed by Cober and Voldeng (2001) with a highly significant SNP near an ortholog of *CYCLING DOF FACTOR 3* (*CDF3*) (Supplemental Table S3).

The causal gene for *E8* has been attributed to genes in two different QTL on Chr 4. Significant SNPs near *E1La* (Tables 2 and 3), which might be the true gene for the *E8* locus (Cao et al., 2017), were detected in several GWAs (Table 4). In contrast, a SNP near *GmCRY1a*, suggested by Cheng et al. (2011), was only detected for MGs III–IV and had lower significance than *E1La* in the GWA with MGs 000–IX. The presence of *E1* and *E3* alleles for MGs 000–0 was previously predicted in the USDA Germplasm Collection using en masse prediction (Langewisch et al., 2017). However, significant SNPs near *E1* and *E3* were not detected in GWAs for MGs 000–00 and MGs 00–0. These results might indicate that the effect of these alleles might depend on the gene located in *qMG*-4.3. Nevertheless, resequencing of *E1La* and *E1Lb* from 192 accessions in a soybean mini-core collection did not find any high-effect variants to the gene function in these loci (Ogiso-Tanaka et al., 2019). A recessive allele for *E1Lb*, which eliminated the inhibitory effect of far-red light-enriched long-day conditions, was recently discovered in crosses with far-eastern Russian soybean cultivars (Zhu et al., 2019). Another possible candidate gene located in the region is *Glyma.04G159300*, an ortholog of *FRUITFUL* (*FUL*). The expression of *Glyma.06g205800*, also an ortholog of *FUL*, has been previously associated with maturity in soybean varieties with different photoperiod sensitivities; however, *FUL* homologs and their functions are still poorly understood in soybean (Jia et al., 2015). Furthermore, the semi-indeterminate gene *Dt2* is an ortholog of *FUL* (Ping et al., 2014).

The late MGs in the USDA Soybean Germplasm Collection, in contrast with early MGs, were strongly affected by genes associated with the circadian-clock-associated *PRR* genes (Table 4). However, Lu et al. (2020) observed that

PRR3 and *PRR7* are upregulated by *E3* and *E4*, while *E1* acts both downstream of *E3* and the *PRR* genes being, therefore, simultaneously associated with both pathways. In our analyses, several significant SNPs were identified near orthologs of genes associated with the vernalization pathway, especially genes associated in the regulation of *FLC* expression, the *FLC* ortholog itself and three orthologs of *SVP* (Supplemental Table S3). However, while SNPs near vernalization related orthologs appeared in considerable numbers in some GWAs, such as for MGs 0–I, the significance of the SNPs is usually inferior compared with SNPs associated with the circadian and photoperiodic pathways.

Despite consisting in a key integrator of flowering signals, *FT* orthologs had only a modest effect on soybean maturity. While significant SNPs near *E9* (*GmFT2a*), *E10* (*GmFT4*), and *GmFT5b* were detected in individual GWAs, the significance of SNPs near these genes in the GWA with MGs 000–IX is relatively low. Furthermore, the SNPs attributed to *E10* were usually closer to the orthologs of other Arabidopsis flowering genes than to the actual position for the loci (Supplemental Table S3). The soybean genome has 14 orthologs of *FT* (Zhai et al., 2014), which might be responsible for the reduced effect of allele variants in specific locus; however, this would require that we consider that the number of functional *FT* alleles has reduced effects on the phenotypes.

4.2 | Genome-wide association QTL for DTF, DTM, and RP

In soybean, the period from planting to flowering is genetically controlled by multiple genes, while only a few known maturity genes, such as *E3*, *E4*, and *E8*, also have been reported that affect the reproductive period (Cheng et al., 2011; Xu et al., 2013). Genome-wide association QTL for the reproductive period near *E1La*, *E2*, *E7*, *PRR3*, and *PRR7* have been reported in SoyBase. Correlation coefficients indicated that both DTF and RP had significant positive correlations with DTM ($P < .01$) and there was no correlation between DTF and RP, suggesting that the lengths of DTF and RP in the diversity panel might be controlled by different genes. The GWA QTL detected for these traits support the hypothesis drawn for the correlation analysis.

The QTL detected for DTM were very similar to those identified for RP, which shared the genomics regions *qMG*-11.2 and *qMG*-16.1 for the combined datasets; however, none of the QTL observed for DTF in the combined dataset were detected for RP. The most significant SNPs for DTM and RP are near an ortholog of *ELF4-Like 4* (*EFL4*) on *qMG*-16.1. The QTL mapping for the long-juvenile trait recently identified a QTL that encompasses *qMG*-16.1 (Fang et al., 2019). This trait is of special importance for soybean varieties cultivated on low latitudes, which are usually from MGs VI–X.

While SNPs near *EFL4* were not significant for DTF, the most significant SNPs for this trait was an ortholog of *ELF4-Like 3* (*EFL3*). The causative gene for the long-juvenile *j-1* allele is an ortholog of *ELF3* (Yue et al., 2017).

Significant SNPs near an ortholog of *VOZ1* on Chr 6 were consistently observed for DTF and once for DTM in GA-15. Additionally, a SNP near another ortholog of this gene was observed for RP in Chr 13 (Table 5; Supplemental Table S3). Accordingly, significant SNPs near orthologs of *CONTANS-Like 2* (*COL2*) on Chr 13 and 19 were detected for DTM and RP, respectively. While no significant markers near *COL* orthologs were detected for DTF, SNPs near an ortholog of *FKF1* in Chr 5 were observed in two instances (Table 5). Overall, most of the QTL detected in the diversity panel overlapped with those identified in individual MG GWAs with MGs V–IX and the GWA with MGs 000–IX. The significant SNPs detected in the diversity panel are generally near the orthologs of genes that interact with *PRR7* and *GI*, which were consistently significant on late MGs.

4.3 | Implications of genetic variation of maturity loci in plant breeding

Based on the GWA analyses using paired MGs, a range of two to 25 QTL were identified for each pair of MGs, which indicated the genetic controls for the MGs might be more complex in some of MGs than others. Genome-wide association across MGs 000–IX identified more QTL (103) than those using paired MGs (58 QTL), where 54 QTL were in common with those identified across MGs 000–IX. These 49 new QTL identified by the GWA across MGs 000–IX might be due to the allele variation across MGs 000–IX. It is possible that some of these QTL have large effects on the MGs that are not detected using the materials from the paired maturity groups. A follow-up analysis will be conducted to investigate the effects of these QTL across MGs that were not detected using the materials from the paired MGs.

Using $-\log_{10}(P) = 34$ as a threshold, 10 QTL were detected by the GWA across MGs 000–IX, which were also identified by individual GWAs including reported loci *E1*, *E2*, *E3*, *E1La*, *PRR3*, and *PRR7* using paired MGs. When we use $-\log_{10}(P) = 15$ as a threshold, GWA across MGs 000–IX detected 38 QTL, of which 37 QTL were also identified by GWAs with paired MGs. This suggested that the majority of high-effect QTL could be detected using a combination of GWAs across MGs and with paired MGs. The number of QTL conditioning each MG from this study could be used to predict maturity groups in a breeding program.

Maturity's large impacts on soybean yield and other agronomic traits make it a significant factor in accelerated breeding pipelines that use genomic selection, limiting the formation of training sets across multiple MGs. Genomic

selection models are best able to capture small to moderate marker effects (Heslot et al., 2012; Meuwissen et al., 2001; Stewart-Brown et al., 2019; Whittaker et al., 2000). The large impacts of maturity on low heritability traits, such as grain yield, reduces the model's accuracy. Therefore, maturity must be compensated for within a genomic selection model, typically through the addition of DTM as an environmental effect (Crain et al., 2018; Rutkoski et al., 2016). The use of maturity genes as weighted covariates in genomic selection models presents an opportunity for increased genomic selection accuracy (Smallwood et al., 2019).

In Smallwood et al. (2019), plant materials within the training and validation sets segregated for maturity, most notably at the *E1* locus. By including *E1* and *Dt1* as covariates separate from the other markers used in cross-validation, grain yield prediction reached an accuracy of 0.51, as indicated by Pearson correlation. These results indicated that genomic selection across segregating maturities is possible if the segregating maturity genes are accounted for as covariates (Smallwood et al., 2019). This would make the prediction of yield and other agronomic traits possible when crossing distant maturity groups with greater accuracy.

Our results demonstrated that the GWA QTL with the greatest effects identified from paired MGs are mostly associated with characterized *E* maturity loci such as *E1*, *E2*, *E3*, and the *PRR* genes *PRR3* and *PRR7*. The available evidence suggests that functional *E1* and *E3* alleles are necessary to obtain MGs V+ (Jiang et al., 2014; Li et al., 2017b) and that *PRR* genes *PRR3* and *PRR7*, consistently detected on late MGs in our study, might depend on *E1* to delay flowering (Lu et al., 2020). These results indicate that manipulating a few genes might be sufficient to significantly change the MG from an accession, as it was the case during the successful introgression of the long-juvenile trait in temperate cultivars to develop elite cultivars in Brazil and southern China (Lu et al., 2017). Besides conventional breeding strategies, recent studies were also able to use the CRISPR/CAS9 technology to develop earlier and later flowering germplasm by mutating or overexpressing maturity related genes (Han et al., 2019; Lu et al., 2020; Wang et al., 2020).

Additionally, for some paired MGs, the number of significant QTL appear too small, such as for MGs 000–0, where only a total of six QTL were detected. In comparison, a total of 28 QTL were yielded for MGs V–IX, compared with only 25 QTL for MGs IV–V alone. Principal component analyses demonstrated a greater genetic diversity for MGs II–IV (Figure 2), which somewhat agree with our results for the number of QTL. Nevertheless, these results might be partially a consequence of a reduced number of genotypes for testing in early (000–0) and late (V–IX) MGs when compared with the GWA for MGs IV–V (Table 1). Identification and characterization of these new GWA QTL could enable the development of significantly better models

especially for use in genomic prediction to improve optimal cross-predictions.

ACKNOWLEDGMENTS

This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior–Brasil (CAPES)–Finance Code 001 by providing a fellowship to the first author. Support of this research was also provided by the University of Georgia Research Foundation and Georgia Agricultural Experiment Stations. We thank Tatyana Nienow at the University of Georgia for her technical support.

DATA AVAILABILITY STATEMENT

The phenotypes of the accessions used in this study can be accessed through the Germplasm Resources Information Network (GRIN) (www.ars.grin.gov). High-density SNP data for the accessions used in genome-wide association analyses are publicly available and can be retrieved at SoyBase (www.soybase.org). Phenotypes, DTF, DTM, and RP of the diversity panel are listed in the Supplemental Table S2. All other datasets generated for this study are available upon request.

CONFLICT OF INTEREST DISCLOSURE

The authors declare that there is no conflict of interest.

ORCID

Gustavo Zimmer  <https://orcid.org/0000-0001-7164-889X>
Clinton J. Steketee  <https://orcid.org/0000-0003-3868-2396>

Scott A. Jackson  <https://orcid.org/0000-0002-3172-1607>
Zenglu Li  <https://orcid.org/0000-0003-4114-9509>

REFERENCES

- Berardini, T. Z., Reiser, L., Li, D., Mezheritsky, Y., Muller, R., Strait, E., & Huala, E. (2015). The Arabidopsis Information Resource: Making and mining the “gold standard” annotated reference plant genome. *Genesis*, 53, 474–485. <https://doi.org/10.1002/dvg.22877>
- Bernard, R. L. (1971). Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. *Crop Science*, 11, 242–244. <https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020022x>
- Bernard, R. L. (1972). Two genes affecting stem termination in soybeans. *Crop Science*, 12, 235–239. <https://doi.org/10.2135/cropsci1972.0011183X001200020028x>
- Boerma, H.R., & Specht, J.E. (2004). Soybeans: Improvement, production, and uses (3rd Vol.). ASA, CSSA, and SSSA, Madison, Wisconsin.
- Bonato, E. R., & Vello, N. A. (1999). E6, A dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. *Genetics and Molecular Biology*, 22, 229–232. <https://doi.org/10.1590/S1415-47571999000200016>
- Buzzell, R. I. (1971). Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent daylength conditions. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 13, 703–707. <https://doi.org/10.1139/g71-100>
- Buzzell, R., & Voldeng, H. (1980). Inheritance of insensitivity to long daylength. *Soybean Genetics Newsletter*, 7, 26–29.
- Cao, D., Takeshima, R., Zhao, C., Liu, B., Jun, A., & Kong, F. (2017). Molecular mechanisms of flowering under long days and stem growth habit in soybean. *Journal of Experimental Botany*, 68, 1873–1884. <https://doi.org/10.1093/jxb/erw394>
- Cheng, L., Wang, Y., Zhang, C., Wu, C., Xu, J., Zhu, H., Leng, J., Bai, Y., Guan, R., Hou, W., Zhang, L., & Han, T. (2011). Genetic analysis and QTL detection of reproductive period and post-flowering photoperiod responses in soybean. *Theoretical and Applied Genetics*, 123, 421–429. <https://doi.org/10.1007/s00122-011-1594-8>
- Cober, E., Curtis, D., Stewart, D., & Morrison, M. (2014). Quantifying the effects of photoperiod, temperature and daily irradiance on flowering time of soybean isolines. *Plants*, 3, 476–497. <https://doi.org/10.3390/plants3040476>
- Cober, E. R., Molnar, S. J., Charette, M., & Voldeng, H. D. (2010). A new locus for early maturity in soybean. *Crop Science*, 50, 524–527. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.04.0174>
- Cober, E. R., Stewart, D. W., & Voldeng, H. D. (2001). Photoperiod and temperature responses in early-maturing, near-isogenic soybean lines. *Crop Science*, 41, 721–727. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413721x>
- Cober, E. R., Tanner, J. W., & Voldeng, H. D. (1996). Genetic control of photoperiod response in early-maturing, near-isogenic soybean lines. *Crop Science*, 36, 601–605. <https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600030013x>
- Cober, E. R., & Voldeng, H. D. (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>
- Copley, T. R., Duceppe, M. O., & O'donoghue, L. S. (2018). Identification of novel loci associated with maturity and yield traits in early maturity soybean plant introduction lines. *BMC Genomics*, 19, 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4558-4>
- Crain, J., Mondal, S., Rutkoski, J., Singh, R. P., & Poland, J. (2018). Combining high-throughput phenotyping and genomic information to increase prediction and selection accuracy in wheat breeding. *The Plant Genome*, 11, 170043. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2017.05.0043>
- Destro, D., Carpentieri-Pípolo, V., Kiihl, R. A. S., & Almeida, L. A. (2001). Photoperiodism and genetic control of the long juvenile period in soybean: A review. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1, 72–92. <https://doi.org/10.13082/1984-7033.v01n01a10>
- Dissanayaka, A., Rodriguez, T. O., Di, S., Yan, F., Githiri, S. M., Rodas, F. R., Abe, J., & Takahashi, R. (2016). Quantitative trait locus mapping of soybean maturity gene E5. *Breeding Science*, 66, 407–415. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.15160>
- Du, B., Wang, Q., Sun, G., Ren, X., Cheng, Y., Wang, Y., Gao, S., Li, C., & Sun, D. (2019). Mapping dynamic QTL dissects the genetic architecture of grain size and grain filling rate at different grain-filling stages in barley. *Scientific Reports*, 9, 18823. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53620-5>
- Fan, C., Hu, R., Zhang, X., Wang, Xu, Zhang, W., Zhang, Q., Ma, J., & Fu, Y. F. (2014). Conserved CO–FT regulons contribute to the photoperiod flowering control in soybean. *BMC Plant Biology*, 14, 9. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-14-9>
- Fang, C., Chen, L., Nan, H., Kong, L., Li, Y., Zhang, H., Li, H., Li, T., Tang, Y., Hou, Z., Dong, L., Cheng, Q., Lin, X., Zhao, X., Yuan, X., Liu, B., Kong, F., & Lu, S. (2019). Rapid identification of consistent novel QTLs underlying long-juvenile trait in soybean by

- multiple genetic populations and genotyping-by-sequencing. *Molecular Breeding*, 39, 80. <https://doi.org/10.1007/s11032-019-0979-2>
- Fang, C., Liu, J., Zhang, T., Su, T., Li, S., Cheng, Q., Kong, L., Li, X., Bu, T., Li, H., Dong, L., Lu, S., Kong, F., & Liu, B. (2021). A recent retrotransposon insertion of *J* caused *E6* locus facilitating soybean adaptation into low latitude. *Journal of Integrative Plant Biology*, 63, 995–1003. <https://doi.org/10.1111/jipb.13034>
- Hagely, K., Konda, A. R., Kim, J. H., Cahoon, E. B., & Bilyeu, K. (2021). Molecular-assisted breeding for soybean with high oleic/low linolenic acid and elevated vitamin E in the seed oil. *Molecular Breeding*, 41, 3. <https://doi.org/10.1007/s11032-020-01184-y>
- Han, J., Guo, B., Guo, Y., Zhang, Bo, Wang, X., & Qiu, L. J. (2019). Creation of early flowering germplasm of soybean by CRISPR/Cas9 technology. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1446. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01446>
- Hartwig, E. E., & Kihl, R. A. S. (1979). Identification and utilization of a delayed flowering character in soybeans for short-day conditions. *Field Crops Research*, 2, 145–151. [https://doi.org/10.1016/0378-4290\(79\)90017-0](https://doi.org/10.1016/0378-4290(79)90017-0)
- Heslot, N., Yang, H. P., Sorrells, M. E., & Jannink, J. L. (2012). Genomic selection in plant breeding: A comparison of models. *Crop Science*, 52, 146–160. <https://doi.org/10.2135/cropsci2011.06.0297>
- Iñigo, S., Giraldez, A. N., Chory, J., & Cerdán, P. D. (2012). Proteasome-mediated turnover of Arabidopsis MED25 is coupled to the activation of *FLOWERING LOCUS T* transcription. *Plant Physiology*, 160, 1662–1673. <https://doi.org/10.1104/pp.112.205500>
- Jia, Z., Jiang, B., Gao, X., Yue, Y., Fei, Z., Sun, H., Wu, C., Sun, S., Hou, W., & Han, T. (2015). *GmFULa*, a *FRUITFULL* homolog, functions in the flowering and maturation of soybean. *Plant Cell Reports*, 34, 121–132. <https://doi.org/10.1007/s00299-014-1693-5>
- 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., & Liu, B. (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, e106042. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0106042>
- Jung, C. H., Wong, C. E., Singh, M. B., & Bhalla, P. L. (2012). Comparative genomic analysis of soybean flowering genes. *PLoS ONE*, 7, e38250. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038250>
- Jung, J. H., Seo, Y. H., Seo, P. J., Reyes, J. L., Yun, J., Chua, N. H., & Park, C. M. (2007). The *GIGANTEA*-regulated microRNA172 mediates photoperiodic flowering independent of *CONSTANS* in *Arabidopsis*. *Plant Cell*, 19, 2736–2748. <https://doi.org/10.1105/tpc.107.054528>
- Kanazawa, A., Liu, B., Kong, F., Arase, S., & Abe, J. (2009). Adaptive evolution involving gene duplication and insertion of a novel *Ty1/copia*-like retrotransposon in soybean. *Journal of Molecular Evolution*, 69, 164–175. <https://doi.org/10.1007/s00239-009-9262-1>
- Kim, M. Y., Shin, J. H., Kang, Y. J., Shim, S. R., & Lee, S. H. (2012). Divergence of flowering genes in soybean. *Journal of Biosciences*, 37, 857–870. <https://doi.org/10.1007/s12038-012-9252-0>
- Kong, F., Liu, B., Xia, Z., Sato, S., Kim, B. M., Watanabe, S., Yamada, T., Tabata, S., Kanazawa, A., Harada, K., & Abe, J. (2010). Two coordinately regulated homologs of *FLOWERING LOCUS T* are involved in the control of photoperiodic flowering in soybean. *Plant Physiology*, 154, 1220–1231. <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., & Liu, B. (2014). A new dominant gene *E9* conditions early flowering and maturity in soybean. *Crop Science*, 54, 2529–2535. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0228>
- Kong, L., Lu, S., Wang, Y., Fang, C., Wang, F., Nan, H., Su, T., Li, S., Zhang, F., Li, X., Zhao, X., Yuan, X., Liu, B., & Kong, F. (2018). Quantitative trait locus mapping of flowering time and maturity in soybean using next-generation sequencing-based analysis. *Frontiers in Plant Science*, 9, 995. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00995>
- Kumar, V., Rani, A., Rawal, R., & Mourya, V. (2015). Marker assisted accelerated introgression of null allele of kunitz trypsin inhibitor in soybean. *Breeding Science*, 65, 447–452. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.65.447>
- Langewisch, T., Lenis, J., Jiang, G. L., Wang, D., Pantalone, V., & Bilyeu, K. (2017). The development and use of a molecular model for soybean maturity groups. *BMC Plant Biology*, 17, 91. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1040-4>
- Li, C., Li, Y. H., Li, Y., Lu, H., Hong, H., Tian, Yu, Li, H., Zhao, T., Zhou, X., Liu, J., Zhou, X., Jackson, S. A., Liu, B., & Qiu, L. J. (2020). A domestication-associated gene *GmPRR3b* regulates the circadian clock and flowering time in soybean. *Molecular Plant*, 13, 745–759. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.01.014>
- Li, G., Zhang, J., Li, J., Yang, Z., Huang, H., & Xu, L. (2012). Imitation switch chromatin remodeling factors and their interacting RINGLET proteins act together in controlling the plant vegetative phase in *Arabidopsis*. *Plant Journal*, 72, 261–270. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.2012.05074.x>
- Li, J., Wang, X., Song, W., Huang, X., Zhou, J., Zeng, H., Sun, S., Jia, H., Li, W., Zhou, X., Li, S., Chen, P., Wu, C., Guo, Y., Han, T., & Qiu, L. (2017b). Genetic variation of maturity groups and four *E* genes in the Chinese soybean mini core collection. *PLoS ONE*, 12, e0172106. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0172106>
- Li, M. W., Liu, W., Lam, H. M., & Gendron, J. M. (2019a). Characterization of two growth period QTLs reveals modification of *PRR3* genes during soybean domestication. *Plant & Cell Physiology*, 60, 407–420. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcy215>
- Li, X., Fang, C., Xu, M., Zhang, F., Lu, S., Nan, H., Su, T., Li, S., Zhao, X., Kong, L., Yuan, X., Liu, B., Abe, J., Cober, E. R., & Kong, F. (2017a). Quantitative trait locus mapping of soybean maturity gene *E6*. *Crop Science*, 57, 2547–2554. <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.02.0106>
- Li, Y., Dong, Y., Wu, H., Hu, Bo, Zhai, H., Yang, J., & Xia, Z. (2019b). Positional cloning of the flowering time QTL *qFT12-1* reveals the link between the clock related *PRR* homolog with photoperiodic response in soybeans. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1303. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01303>
- Lipka, A. E., Tian, F., Wang, Q., Peiffer, J., Li, M., Bradbury, P. J., Gore, M. A., Buckler, E. S., & Zhang, Z. (2012). GAPIT: Genome association and prediction integrated tool. *Bioinformatics*, 28, 2397–2399. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts444>
- Liu, B., Kanazawa, A., Matsumura, H., Takahashi, R., Harada, K., & Abe, J. (2008). Genetic redundancy in soybean photoreponses associated with duplication of the Phytochrome A gene. *Genetics*, 180, 995–1007. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.092742>
- Liu, B., Watanabe, S., Uchiyama, T., Kong, F., Kanazawa, A., Xia, Z., Nagamatsu, A., Arai, M., Yamada, T., Kitamura, K., Masuta, C., Harada, K., & Abe, J. (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, L., Song, W., Wang, L., Sun, X., Qi, Y., Wu, T., Sun, S., Jiang, B., Wu, C., Hou, W., Ni, Z., & Han, T. (2020). Allele

- combinations of maturity genes *E1–E4* affect adaptation of soybean to diverse geographic regions and farming systems in China. *PLoS ONE*, 15, e0235397. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235397>
- Liu, X., Huang, M., Fan, B., Buckler, E. S., & Zhang, Z. (2016). Iterative usage of fixed and random effect models for powerful and efficient genome-wide association studies. *PLoS Genetics*, 12, e1005957. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005957>
- Lu, S., Dong, L., Fang, C., Liu, S., Kong, L., Cheng, Q., Chen, L., Su, T., Nan, H., Zhang, D., Zhang, L., Wang, Z., Yang, Y., Yu, D., Liu, X., Yang, Q., Lin, X., Tang, Y., Zhao, X., ... Kong, F. (2020). Step-wise selection on homeologous *PRR* genes controlling flowering and maturity during soybean domestication. *Nature Genetics*, 52, 428–436. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0604-7>
- 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. R., Weller, J. L., Liu, B., Hou, X., ... Kong, F. (2017). Natural variation at the soybean *J* locus improves adaptation to the tropics and enhances yield. *Nature Genetics*, 49, 773–779. <https://doi.org/10.1038/ng.3819>
- Lyu, J., Cai, Z., Li, Y., Suo, H., Yi, R., Zhang, S., & Nian, H. (2020). The floral repressor *GmFLC-like* is involved in regulating flowering time mediated by low temperature in soybean. *International Journal of Molecular Sciences*, 21, 1322. <https://doi.org/10.3390/ijms21041322>
- McBlain, B. A., & Bernard, R. L. (1987). A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. *Journal of Heredity*, 78, 160–162. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a110349>
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E., (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819–1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
- Miladinović, J., Čeran, M., Đorđević, V., Balešević-Tubić, S., Petrović, K., Đukić, V., & Miladinović, D. (2018). Allelic variation and distribution of the major maturity genes in different soybean collections. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1286. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01286>
- Miranda, C., Scaboo, A., Cober, E., Denwar, N., & Bilyeu, K. (2020). The effects and interaction of soybean maturity gene alleles controlling flowering time, maturity, and adaptation in tropical environments. *BMC Plant Biology*, 20, 65. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-2276-y>
- Molnar, S. J., Rai, S., Charette, M., & Cober, E. R. (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>
- Mourtzinis, S., & Conley, S. P. (2017). Delineating soybean maturity groups across the United States. *Agronomy Journal*, 109, 1397–1403. <https://doi.org/10.2134/agronj2016.10.0581>
- Nan, H., Cao, D., Zhang, D., Li, Y., Lu, S., Tang, L., Yuan, X., Liu, B., & Kong, F. (2014). *GmFT2a* and *GmFT5a* redundantly and differentially regulate flowering through interaction with and upregulation of the bZIP transcription factor *GmFDL19* in soybean. *PLoS ONE*, 9, e97669. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097669>
- Nissan, N., Cober, E. R., Sadowski, M., Charette, M., Golshani, A., & Samanfar, B. (2021). Identifying new variation at the *J* locus, previously identified as *e6*, in long juvenile ‘Paranagoiana’ soybean. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 1007–1014. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03746-2>
- Ogiso-Tanaka, E., Shimizu, T., Hajika, M., Kaga, A., & Ishimoto, M. (2019). Highly multiplexed AmpliSeq technology identifies novel variation of flowering time-related genes in soybean (*Glycine max*). *DNA Research*, 26, 243–260. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsz005>
- Ortel, C. C., Roberts, T. L., Hoegenauer, K. A., Purcell, L. C., Slaton, N. A., & Gbur, E. E. (2020). Soybean maturity group and planting date influence grain yield and nitrogen dynamics. *AgroSystems, Geoscience & Environment*, 3, e20077. <https://doi.org/10.1002/agg2.20077>
- Ping, J., Liu, Y., Sun, L., Zhao, M., Li, Y., She, M., Sui, Yi, Lin, F., Liu, X., Tang, Z., Nguyen, H., Tian, Z., Qiu, L., Nelson, R. L., Clemente, T. E., Specht, J. E., & Ma, J. (2014). *Dt2* is a gain-of-function MADS-domain factor gene that specifies semideterminacy in soybean. *The Plant Cell*, 26, 2831–2842. <https://doi.org/10.1105/tpc.114.126938>
- Prenger, E. M., Yates, J., Mian, M. A. R., Buckley, B., Boerma, H. R., & Li, Z. (2019). Introgression of a high protein allele into an elite soybean cultivar results in a high-protein near-isogenic line with yield parity. *Crop Science*, 59, 2498–2508. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.12.0767>
- Ray, J. D., Hinson, K., Mankono, J. E. B., & Malo, M. F. (1995). Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. *Crop Science*, 35, 1001–1006. <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500040012x>
- Roth, O., Alvarez, J. P., Levy, M., Bowman, J. L., Ori, N., & Shani, E. (2018). The KNOX1 transcription factor SHOOT MERISTEMLESS regulates floral fate in Arabidopsis. *Plant Cell*, 30, 1309–1321. <https://doi.org/10.1105/tpc.18.00222>
- Rutkoski, J., Poland, J., Mondal, S., Autrique, E., Pérez, L. G., Crossa, J., Reynolds, M., & Singh, R. (2016). Canopy temperature and vegetation indices from high-throughput phenotyping improve accuracy of pedigree and genomic selection for grain yield in wheat. *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 6, 2799–2808. <https://doi.org/10.1534/g3.116.032888>
- Samanfar, B., Molnar, S. J., Charette, M., Schoenrock, A., Dehne, F., Golshani, A., Belzile, F., & Cober, E. R. (2016). 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>
- Scott, W. O., & Aldrich, S. R. (1970). *Modern soybean production* (1st ed.). S & A Publ. Inc.
- Smallwood, C. J., Saxton, A. M., Gillman, J. D., Bhandari, H. S., Wadl, P. A., Fallen, B. D., Hyten, D. L., Song, Q., & Pantalone, V. R. (2019). Context-specific genomic selection strategies outperform phenotypic selection for soybean quantitative traits in the progeny row stage. *Crop Science*, 59, 54–67. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.03.0197>
- Song, Q., Hyten, D. L., Jia, G., Quigley, C. V., Fickus, E. W., Nelson, R. L., & Cregan, P. B. (2015). Fingerprinting soybean germplasm and its utility in genomic research. *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 5, 1999–2006. <https://doi.org/10.1534/g3.115.019000>
- Steketee, C. J., Schapaugh, W. T., Carter, T. E., & Li, Z. (2020). Genome-wide association analyses reveal genomic regions controlling canopy wilting in soybean. *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 10, 1413–1425. <https://doi.org/10.1534/g3.119.401016>
- Stewart-Brown, B. B., Song, Q., Vaughn, J. N., & Li, Z. (2019). Genomic selection for yield and seed composition traits within an applied soybean breeding program. *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 10, 2253–2265. <https://doi.org/10.1534/g3.118.200917>
- Stowe, K. D., & Dunphy, J. (2017). The soybean plant. In *North Carolina soybean production guide* (pp. 3–10). AG-835. North Carolina State Extension.

- Tsubokura, Y., Watanabe, S., Xia, Z., Kanamori, H., Yamagata, H., Kaga, A., Katayose, Y., Abe, J., Ishimoto, M., & Harada, K. (2014). Natural variation in the genes responsible for maturity loci *E1*, *E2*, *E3* and *E4* in soybean. *Annals of Botany*, 113, 429–441. <https://doi.org/10.1093/aob/mct269>
- Turner, D. S. (2018). qqman: An R package for visualizing GWAS results using Q-Q and Manhattan plots. *The Journal of Open Source Software*, 3, 731. <https://doi.org/10.21105/joss.00731>
- Wang, L., Sun, S., Wu, T., Liu, L., Sun, X., Cai, Y., Li, J., Jia, H., Yuan, S., Chen, Li, Jiang, B., Wu, C., Hou, W., & Han, T. (2020). Natural variation and CRISPR/Cas9-mediated mutation in *GmPRR37* affect photoperiodic flowering and contribute to regional adaptation of soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 18, 1869–1881. <https://doi.org/10.1111/pbi.13346>
- Wang, F., Nan, H., Chen, L., Fang, C., Zhang, H., Su, T., Li, S., Cheng, Q., Dong, L., Liu, B., Kong, F., & Lu, S. (2019). A new dominant locus, *E11*, controls early flowering time and maturity in soybean. *Molecular Breeding*, 39, 70. <https://doi.org/10.1007/s11032-019-0978-3>
- Watanabe, S., Harada, K., & Abe, J. (2012). Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. *Breeding Science*, 61, 531–543. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.531>
- Watanabe, S., Hideshima, R., Xia, Z., Tsubokura, Y., Sato, S., Nakamoto, Y., Yamanaka, N., Takahashi, R., Ishimoto, M., Anai, T., Tabata, S., & Harada, K. (2009). Map-based cloning of the gene associated with the soybean maturity locus *E3*. *Genetics*, 182, 1251–1262. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.098772>
- Watanabe, S., Xia, Z., Hideshima, R., Tsubokura, Y., Sato, S., Yamanaka, N., Takahashi, R., Anai, T., Tabata, S., Kitamura, K., & Harada, K. (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>
- Whittaker, J., Thompson, R., & Denham, M. (2000). Marker-assisted selection using ridge regression. *Genetic Research*, 75, 249–252. <https://doi.org/10.1017/S0016672399004462>
- Wu, F., Kang, X., Wang, M., Haider, W., Price, W. B., Hajek, B., & Hanzawa, Y. (2019). Transcriptome-enabled network inference revealed the *GmCOL1* feed-forward loop and its roles in photoperiodic flowering of soybean. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1221. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01221>
- Xia, Z., Watanabe, S., Yamada, T., Tsubokura, Y., Nakashima, H., Zhai, H., Anai, T., Sato, S., Yamazaki, T., Lu, S., Wu, H., Tabata, S., & Harada, K. (2012). Positional cloning and characterization reveal the molecular basis for soybean maturity locus *E1* that regulates photoperiodic flowering. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109, E2155–E2164. <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., & Abe, J. (2013). Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean. *BMC Plant Biology*, 13, 91. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>
- Xu, M., Yamagishi, N., Zhao, C., Takeshima, R., Kasai, M., Watanabe, S., Kanazawa, A., Yoshikawa, N., Liu, B., Yamada, T., & Abe, J. (2015). The soybean-specific maturity gene *E1* family of floral repressors controls night-break responses through down-regulation of *FLOWERING LOCUS T* orthologs. *Plant Physiology*, 168, 1735–1746. <https://doi.org/10.1104/pp.15.00763>
- Yue, L., Li, X., Fang, C., Chen, L., Yang, H., Yang, J., Chen, Z., Nan, H., Chen, L., Zhang, Y., Li, H., Hou, X., Dong, Z., Weller, J. L., Abe, J., Liu, B., & Kong, F. (2021). *FT5a* interferes with the *Dt1-AP1* feedback loop to control flowering time and shoot determinacy in soybean. *Journal of Integrated Plant Biology*, 63, 1004–1020. <https://doi.org/10.1111/jipb.13070>
- Yue, Y., Liu, N., Jiang, B., Li, Mu, Wang, H., Jiang, Ze, Pan, H., Xia, Q., Ma, Q., Han, T., & Nian, H. (2017). A single nucleotide deletion in *J* encoding *GmELF3* confers long juvenility and is associated with adaption of tropic soybean. *Molecular Plant*, 10, 656–658. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.12.004>
- Zhai, H., Lü, S., Liang, S., Wu, H., Zhang, X., Liu, B., Kong, F., Yuan, X., Li, J., & Xia, Z. (2014). *GmFT4*, a homolog of *FLOWERING LOCUS T*, is positively regulated by *E1* and functions as a flowering repressor in soybean. *PLoS ONE*, 9, e89030. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0089030>
- Zhang, J., Song, Q., Cregan, P., Nelson, R., Wang, X., Wu, J., & Jiang, G. (2015a). Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. *BMC Genomics*, 16, 217. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1441-4>
- Zhang, Q., Li, H., Li, R., Hu, R., Fan, C., Chen, F., Wang, Z., Liu, X., Fu, Y., & Lin, C. (2008). Association of the circadian rhythmic expression of *GmCRY1a* with a latitudinal cline in photoperiodic flowering of soybean. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105, 21028–21033. <https://doi.org/10.1073/pnas.0810585105>
- Zhang, Y., Gu, L., Hou, Y., Wang, L., Deng, X., Hang, R., Chen, D., Zhang, X., Zhang, Yi, Liu, C., & Cao, X. (2015b). Integrative genome-wide analysis reveals *HLP1*, a novel RNA-binding protein, regulates plant flowering by targeting alternative polyadenylation. *Cell Research*, 25, 864–876. <https://doi.org/10.1038/cr.2015.77>
- Zhao, C., Takeshima, R., Zhu, J., Xu, M., Sato, M., Watanabe, S., Kanazawa, A., Liu, B., Kong, F., Yamada, T., & Abe, J. (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. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0704-9>
- Zhu, J., Takeshima, R., Harigai, K., Xu, M., Kong, F., Liu, B., Kanazawa, A., Yamada, T., & Abe, J. (2019). Loss of function of the *E1-Like-b* gene associates with early flowering under long-day conditions in soybean. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1867. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01867>

SUPPORTING INFORMATION

Additional supporting information may be found online in the Supporting Information section at the end of the article.

How to cite this article: Zimmer G, Miller MJ, Steketee CJ, Jackson SA, de Tunes LVM, Li Z. Genetic control and allele variation among soybean maturity groups 000 through IX. *Plant Genome*, 2021;14:e220146. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20146>

6. Considerações Finais

Em vista da abundância de resultados associando a adubação fosfatada com uma maior qualidade das sementes na cultura de soja e outras espécies, buscou-se elucidar os mecanismos que acarretam na melhoria da performance dessas sementes considerando que os testes geralmente empregados nesses estudos apresentavam relação mais distante com as possíveis causas desse fenômeno.

A adubação fosfatada apresentou resultados benéficos para o desenvolvimento das plantas durante a produção de sementes e acarretou na melhoria da qualidade física e fisiológica das sementes produzidas, acarretando em melhor desempenho inicial das plântulas derivadas.

A influência do componente genético nas respostas à fertilização fosfatada ficou evidente principalmente nas avaliações relacionadas à integridade das membranas, como a condutividade elétrica e a lixiviação de potássio, à produção de matéria seca dos componentes de parte aérea e a velocidade de emergência.

A produção de sementes de soja sob doses elevadas de fósforo aumenta o diâmetro do caule, a altura de plantas, o número de nós e a produção de matéria seca na geração subsequente. No que se refere ao rendimento de grãos, esse efeito foi observado quando da utilização de doses subótimas do nutriente.

As diferenças entre os grupos de maturação são um desafio tanto para o melhoramento de plantas quanto para a realização de trabalhos acadêmicos que visam elucidar os mecanismos genéticos responsáveis por diferentes características das plantas. A identificação dos loci responsáveis pela maturação em soja pode ser usada como subsídio em estudos de predição genômica para as mais variadas características e permitir subtrair o efeito do grupo de maturação na variável de interesse a ser estudada.

Referências Bibliográficas

- ABRASEM (Associação Brasileira de Sementes e Mudanças). 2021. **Estatísticas**. Disponível em: <http://www.abrasem.com.br/site/estatisticas/>. Acesso em 12 de dez. 2021.
- ALVES, V. S. B. **Eficiência de genótipos de soja no uso do fósforo**. 2018. 72f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.
- BAGATELI, J. R. **Desempenho produtivo da soja originada de lotes de sementes com diferentes níveis de vigor**. 2015. 34f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS.
- BALBINOTTI FILHO, O. Produtividade de soja em função do vigor de sementes. **Revista Seed News**, v. 16 (6), p 8 -11. 2014.
- BATISTELLA FILHO, F.; FERREIRA, M. E.; VIEIRA, R. D.; CRUZ, M. C. P.; CENTURION, M. A. P. C.; SYLVESTRE, T. B.; RUIZ, J. G. C. L. Adubação com fósforo e potássio para produção e qualidade de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.7. 2013.
- BELLALLOUI, N.; SMITH, J.R.; MENGISTU, A. Seed Nutrition and Quality, Seed Coat Boron and Lignin Are Influenced by Delayed Harvest in Exotically-Derived Soybean Breeding Lines under High Heat. **Front. Plant Sci.** 8:1563. 2017.
- BILICHAK, A.; KOVALCHUK, I. Transgenerational response to stress in plants and its application for breeding. **Journal of Experimental Botany**, v. 67(7):2081-92. 2016.
- BRASIL - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E DA REFORMA AGRÁRIA. **Regras para análise de sementes**. Brasília: Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília: Mapa/ACS, 399p. 2009.
- BROWN, P. H., BELLALLOUI, N., WIMMER, M. A., BASSIL, E. S., RUIZ, J., HU, H., et al.. Boron in plant biology. **Plant Biol**, v.4, p.205–223. 2002.
- CAMPOS, M. **Grau de saturação de fósforo em solos tropicais altamente intemperizados**. 2014. 91f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba - SP.
- CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). 2021. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, terceiro levantamento, safra 2021/2022, dezembro de 2021**. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> >. Acesso em 12 dez. 2021.
- CQFS RS/SC (COMISSÃO DE QUÍMICA E FERTILIDADE DO SOLO). **Manual de calagem e adubação para os estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina**. 11ed. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo/Núcleo Regional Sul, 2016. 376p.
- CRISP, P.A.; GANGULY, D.; EICHTEN, S.R.; BOREVITZ, J. O.; POGSON, B. J. Reconsidering plant memory: Intersections between stress recovery, RNA turnover, and epigenetics. **Science Advances**, 2: e1501340, 2016.

- CUBAS, P.; VINCENT, C.; COEN, E. An epigenetic mutation responsible for natural variation in floral symmetry. **Nature**, v.401, p. 157 – 161, 1999.
- DALMOLIN, A. K.; ALMEIDA, A. S.; RODRIGUES, D. B.; MARTINS, A. B. N.; GEWEHR, E.; DENARDIN, N. D.; DE TUNES, L. V. M. aplicação foliar de molibdênio e cobalto na soja cultura: rendimento e qualidade de sementes. **Brazilian Journal of Development**, v.7, n.5, p. 43873-43885. 2021
- EVERSON REIS CARVALHO, E. R.; OLIVEIRA, J. A.; VON PINHO, E. V. DE R.; COSTA NETO, J. Enzyme activity in soybean seeds produced under foliar application of manganese. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 38, n. 4, pp. 317-327. 2014.
- FERREIRA, E.; CAVALCANTI, P.; NOGUEIRA, D. ExpDes: An R Package for ANOVA and Experimental Designs. **Applied Mathematics**, v. 5, n. 19, p. 2952-2958. 2014. doi: 10.4236/am.2014.519280.
- GRAZIANO, X. A interiorização do desenvolvimento. **PODER360**, 06 abr. 2021. Opinião. Disponível em: <https://www.poder360.com.br/opiniaao/a-interiorizacao-do-desenvolvimento-por-xico-graziano/>. Acesso em: 12 dez. 2021.
- GUERRA, C. A.; MARCHETTI, M. E.; ROBAINA, A. D.; DE SOUZA, L. C. F.; GONÇALVES, M. C.; NOVELINO, J. O. Qualidade fisiológica de sementes de soja em função da adubação com fósforo, molibdênio e cobalto. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 28, n. 1, p. 1-7, 2006.
- HARTER, F. S.; BARROS, A. C. S. A. Cálcio e silício na produção e qualidade de sementes de soja. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n.1 p. 054 - 060, 2011.
- HOFMEISTER, B. T.; LEE, K.; ROHR, N. A.; HALL, D. W.; SCHMITZ, R. J. Stable inheritance of DNA methylation allows creation of epigenotype maps and the study of epiallele inheritance patterns in the absence of genetic variation. **Genome Biology**, v.18, n.155, p.2-16.
- Hu, H., and Brown, P. H. Localization of boron in cell walls of squash and tobacco and its association with pectin: Evidence for a structural role of boron in the cell wall. **Plant Physiol.** V.105, p. 681–689. 1994.
- IEA (INSTITUTO DE ECONOMIA AGRÍCOLA). Mercado de Fertilizantes: aumento das importações preocupa. **Análises e indicadores do agronegócio**, v.13, n.4, 2018.
- KUHN, O. J.; PASCHOLATI, S. F. Custo adaptativo da indução de resistência em feijoeiro mediada pela rizobactéria *Bacillus cereus* ou acibenzolar-S-metil: atividade de enzimas, síntese de fenóis e lignina e biomassa. **Summa phytopathol**, v. 36 (2), p. 107 – 114, 2010.
- MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de Sementes de Plantas Cultivadas**. Londrina: ABRATES, 2 ed., 2015. 660p.
- MARCOS FILHO, J. Testes de vigor: importância e utilização. In: KRZYZANOWSKI, F.C.; VIEIRA, R.D.; FRANÇA NETO, J.B. **Vigor de sementes: conceitos e testes**. Londrina: ABRATES, 1999. p. 1-21.
- MARIN, R. S. F.; BAHRY, C. A.; ZIMMER, P. D. Effect of phosphate fertilization in production of soybean seeds. **Revista Ceres**, v. 62, n. 3, pp. 265-274. 2015.

MIGICOVSKY, Z.; YAO, Y.; KOVALCHUK, I. Transgenerational phenotypic and epigenetic changes in response to heat stress in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Sign Behav**, v. 9 (2), e27971, 2014.

OLIVEIRA, L. **Doses de fósforo na produção de sementes de soja e desempenho na produção de grãos**. 2015. 20f. Dissertação (Mestrado Profissional) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS.

PAZZIN, D. **Produção e qualidade de sementes de soja em função do teor de fósforo na semente e da adubação fosfatada**. 2015. 37f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG.

PÉRET, B.; CLÉMENT, M.; NUSSAUME, L.; DESNOS, T. Root developmental adaptation to phosphate starvation: better safe than sorry. **Trends in Plant Science**, v. 16, n. 8, p. 442-450, 2011.

PLAXTON, W. T.; TRAN, H. T. Metabolic Adaptations of Phosphate-Starved Plants. **Plant Physiology**, v. 156, pp. 1006–1015, 2011.

POPINIGIS, F. Fisiologia de sementes: **AGIPLAN**, 1977. 289p.

R Core Team (2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

RIGO, G. A. **Teor de nutrientes e qualidade fisiológica de sementes de soja**. 2016. 45f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS.

ROBERTY S.; BAILLEUL, B.; BERNE, N.; FRANCK, F.; CARDOL, P. PSI Mehler reaction is the main alternative photosynthetic electron pathway in *Symbiodinium* sp., symbiotic dinoflagellates of cnidarians. **New Phytologist**, v.204, n.1, p.81-91, 2014.

RUFINO, C. DE A.; TAVARES, L. C.; MARTÍN-RAMOS, P.; FERNANDES-VIEIRA, J.; ABREU JÚNIOR, J. DE S.; SILVA, F. J. A.; FERNANDES-CORREA, M.; MARTÍN-GIL, J. Performance of Soybean Seedlings Upon Nutrient Application by Seed Coating. **Brazilian Archives of Biology and Technology** [online]. 2017, v. 60, e17160128.

SCHEEREN, B. R.; PESKE, S. T.; SCHUCH, L. O. B.; BARROS, A. C. A. qualidade fisiológica e produtividade de sementes de soja. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 32, n. 3, p.035-041, 2010.

SCHEFE, J.H.; LEHMANN, K.E; BUSCHMANN, I.R.; UNGER, T.; FUNKEKAISER, H. Quantitative real-time RT-PCR data analysis: current concepts and the novel "gene expression's CT difference" formula. **Journal of Molecular Medicine**, v.84, n.11, p.901-910, 2006.

SINGH, S. K.; BARNABY, J. Y.; REDDY, V. R.; SICHER, R. C. Varying Response of the Concentration and Yield of Soybean Seed Mineral Elements, Carbohydrates, Organic Acids, Amino Acids, Protein, and Oil to Phosphorus Starvation and CO2 Enrichment. **Frontiers in Plant Science**, v.7, 2016.

SINGH, S. K.; REDDY, V. R.; FLEISHER, D. H.; TIMLIN, D. J. Growth, nutrient dynamics, and efficiency responses to carbon dioxide and phosphorus nutrition in soybean. **Journal of Plant Interactions**, v. 9, n. 1, p.838–849, 2014.

TRIGO, L. F. N.; PESKE, S. T.; GASTAL, M.; VAHL, L. C.; TRIGO, M. F. O. Efeito do conteúdo de fósforo na semente de soja sobre o rendimento da planta resultante. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 19, n. 1, p. 111-115, 1997.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 5.ed. Porto Alegre: Artmed, 2013. 954p

USDA (United States Department of Agriculture). 2021. **World agricultural production**. Disponível em:

<<http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em 12 dez. 2021.

VANCE, C.P.; UHDE-STONE, C.; ALLAN, D.L. Phosphorus acquisition and use: critical adaptations by plants for securing a nonrenewable resource. **New Phytologist**, v.157, p.427–447, 2003.

VARGAS, R. L **Teores de macronutrientes e micronutrientes em sementes de soja**. 2014. 61f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS.

WANG, Q.; WANG, J.; YANG, Y.; DU, W.; ZHANG, D.; YU, D.; CHENG, H. A genome-wide expression profile analysis reveals active genes and pathways coping with phosphate starvation in soybean. **BMC Genomics**, v.17, n. 192, 2016.

YONG-VILLALOBOS, L.; GONZÁLEZ-MORALES, S. I.; WROBEL, K.; GUTIÉRREZ-ALANIS, D.; CERVANTES-PERÉZ, S. A.; HAYANO-KANASHIRO, C.; OROPEZA-ABURTO, A.; CRUZ-RAMÍREZ, A.; MARTÍNEZ, O.; HERRERA-ESTRELLA, L. Methylome analysis reveals an important role for epigenetic changes in the regulation of the Arabidopsis response to phosphate Starvation. **PNAS**, 2015, p. 7293-7302. Online. www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1522301112

ANEXOS

Anexo A - Análise química do solo referente ao capítulo I. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

Característica	Valor mensurado
pH H ₂ O	5,3
ISMP	6,3
Argila (%)	18,0
Matéria Orgânica (%)	0,97
K (mg dm ⁻³)	33,0
P (mg dm ⁻³)	19,0
Ca (mg dm ⁻³)	3,3
Mg (mg dm ⁻³)	1,6

Anexo B - Quadro de ANOVA para performance relativa das variáveis avaliadas em 22 cultivares de soja submetidas à limitação da disponibilidade fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	AF	MR	MC	MF	MT	RRPA
Cv.	21	216,97**	481,49*	516,45**	292,51**	348,87**	463,69*
Bloco	2	966,06**	1193,03**	763,65*	827,39**	864,35**	370,58 ^{ns}
Resíduo	42	77,96	218,41	163,86	91,87	115,84	224,77
CVe (%)		13,42	19,26	19,41	14,55	15,67	12,76

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; Cv: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo C – Análise química do solo referente ao capítulo II



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL

Departamento de Solos
Laboratório de Análise de Solos



Nome: Gustavo Zimmer

Município: Pelotas

CPF/CNPJ:

Solicitante: Lilian Torres - Sementes

Localidade:

Entrada: 12/11/2018

Emissão: 14/11/2018

Registro	Identificação da Amostra	Matrícula	Área (ha)	Cultura	Profundidade	Latitude	Longitude
1786	01	--X--	--X--	--X--	--X--	--X--	--X--

Diagnóstico para acidez do solo e calagem

"pH em água 1:1; Ca, Mg, Al, e Mn trocáveis extraídos com KCl 1 mol L⁻¹ e CTC a pH 7,0."

Registro	pH água 1:1	Ca	Mg	Al	H+Al	CTC _{efetiva}	Saturação (%)		Índice SMP
		cmol _c /dm ³					Al	Bases	
1786	4,4	0,8	0,5	1,1	5,5	2,6	42,3	21	5,8

Diagnóstico para macronutrientes e recomendação de adubação NPK-S

"Argila determinada pelo método do densímetro; MO por digestão úmida e P, K, Na, Zn e Cu determinados pelo método de Mehlich I."

Registro	% MO	% Argila	Classe de Argila	S	P-Mehlich	K	CTC _{pH7}	K
	m/v			mg/dm ³			cmol _c /dm ³	
1786	0,97	14	4	--X--	3,7	52	7,0	0,13

Diagnóstico para micronutrientes e relações molares

"S-SO₄ extraído com CaHPO₄ 500 mg L⁻¹ de P" e B extraído com água quente."

Registro	Cu	Zn	B	Mn	Na	% Fe	Relações Molares		
	-----mg/dm ³ -----						Ca/Mg	Ca/K	Mg/K
1786	--X--	--X--	--X--	--X--	12	--X--	1,60	6,15	3,85

CONSULTE UM AGRÔNOMO PARA OBTER AS RECOMENDAÇÕES DE ADUBAÇÃO

Os resultados contidos neste documento têm significação restrita e se aplicam somente a(s) amostra(s) ensaiada(s). A(s) amostra(s) ensaiada(s) permanecerá(ão) à disposição do cliente por 30 (trinta) dias consecutivos a contar da data de emissão do Relatório de Ensaio, desde que haja quantidade suficiente. Após este período a(s) amostra(s) será(ão) descartada(s) sem aviso prévio. Não é permitida a reprodução parcial deste documento.



Assinatura digital

AB-69-E1-33-3B-C0-33-7C-DF-80-6C-DD-04-4F-1E-27

Para autenticar, acesse <http://megatecnologia-si.com.br/ufpel/>, em "Autenticar" informe a sequência acima.

Eng^a Agr^a Renata Peixoto Eid
CREA nº 92748 - 8ª Região
Responsável Técnico

Anexo D – Quadro de ANOVA para características morfológicas durante o desenvolvimento em cultivares de soja sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	D_30	D_45	D_60	N_30	N_45	N_60	N_75	A_30	A_45	A_60	A_75
Bloco	3	0,902	0,983	0,284	0,947	1,567**	2,556**	0,912	5,45	28,0	64,4	130,3
CV	1	0,214 ^{ns}	1,244**	2,522**	0,551**	1,286**	0,220 ^{ns}	5,272**	457,49**	792,3**	456,1**	1,6 ^{ns}
Dose	4	43,630**	71,281**	117,94**	9,581**	22,836**	51,680**	90,209**	326,52**	2389,9**	4459,4**	6086,6**
CV*Dose	4	0,771**	2,814**	2,458**	0,225 ^{ns}	0,388 ^{ns}	0,565 ^{ns}	0,809 ^{ns}	21,90 ^{ns}	62,7 ^{ns}	79,8 ^{ns}	95,6 ^{ns}
Resíduo	26	1,792	3,431	3,789	2,070	2,611	2,436	7,616	71,45	286,9	529,1	355,3
Total	38	47,309	79,754	126,994	13,373	28,688	57,457	104,818	882,82	3559,7	5588,9	6669,4
CVe (%)		4,25	4,29	3,89	3,71	2,77	2,00	3,03	5,88	6,72	5,69	4,45

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo E - Quadro de ANOVA para as variáveis de produção de matéria seca de partes em cultivares de soja sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2020.

FV	GL	MSRP	MSR	MSV	MSPA	GPA
Bloco	3	0,561	1,737	5,13	61,4	3,50
CV	1	9,874**	0,238 ^{ns}	0,66 ^{ns}	7,9 ^{ns}	222,12**
Dose	4	128,914**	123,733**	505,40**	8885,4**	759,21**
CV*Dose	4	2,364**	1,654*	9,01**	141,1**	10,49 ^{ns}
Resíduo	25	1,987	3,192	7,24	125,0	47,14
Total	37	143,70	130,554	527,44	9220,8	1042,45
CVe (%)		5,59	9,89	7,19	7,17	2,97

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; Bl: Bloco; Cv: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo F – Quadro da análise de variância para os componentes de rendimento durante a produção de grãos. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	N_Vagens	Vazias	1_Grão	2_Grãos	3_Grãos	Gr_Vagem	Gr_Pi ⁻¹	PMS	PG
Bloco	3	250,9	2,78	112,3	80,39	2,58	0,0110	849*	36,9	857
CV	1	12,9 ^{ns}	10,545 ^{ns}	1232,1**	72,12*	1314,32**	0,578**	1394**	500,6**	1509**
Dose	4	24954,2**	13,297 ^{ns}	2509,9**	318,81**	477,60**	0,525**	101207**	7535,9**	118343**
CV*Dose	4	402,2**	2,016 ^{ns}	86,2 ^{ns}	592,21**	83,39**	0,006 ^{ns}	2526**	452,2 ^{ns}	2492**
Resíduo	25	540,1	48,022	309,4	306,58	59,97	0,087	1632	1377,7	3293
Total	37	26160,4	76,659	4249,9	1370,11	1937,86	1,206	107608	9903,2	126493
CVe (%)		8,39	71,66	17,84	5,13	14,61	3,16	7,6	4,88	11,07

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo G – Quadro da análise de variância para a retenção de peneiras em sementes de soja de cultivar estável e responsiva a disponibilidade de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	P 7 mm	P 6,5 mm	P 6 mm	P 5,5 mm	P 5 mm	Fundo	T_Médio
Bloco	3	20,47	153,2	196,7	13,1	3,02	0,136	0,023
CV	1	23,07 ^{ns}	1535,0**	515,1**	351,5*	7,644 ^{ns}	0,052 ^{ns}	0,089**
Dose	4	537,27**	10086,7**	3860,9**	2481,6**	158,072**	3,424 ^{ns}	1,243**
CV*Dose	4	70,46*	432,9 ^{ns}	284,1 ^{ns}	498,7 ^{ns}	44,172**	0,328 ^{ns}	0,054 ^{ns}
Resíduo	25	150,25	1415,3	1136,8	1206,5	61,831	8,525	0,206
Total	38	801,52	13623,2	5993,6	4551,3	274,739	12,464	1,615
CVe (%)		55,84	19,16	15,94	51,02	73,05	228,16	1,45

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo H - Quadro da análise de variância para macro e micronutrientes avaliados em sementes de soja. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	P	K	Ca	Mg	S	B	Co	Cu	Fe	Mn	Mo	Ni	Zn
Bloco	3	0,30	1,68	0,148	0,059	0,056	41,26	0,008	4,69**	12,91	344	0,287	0,295	4,90
CV	1	0,17 ^{ns}	0,64 ^{ns}	1,737**	0,174**	0,017	97,31*	0,010	3,78**	924,53**	7519**	0,467**	0,019	1,34
Dose	4	19,18**	2,83 ^{ns}	0,531*	0,946**	1,085**	312,75*	0,511**	38,20**	868,73**	24496**	32,26**	3,177**	24,19
CV*Dose	4	3,88**	31,06**	0,092 ^{ns}	0,324**	1,270**	10,97 ^{ns}	0,027	2,60*	242,07*	6908**	0,518 ^{ns}	1,498*	45,83*
Resíduo	25	3,17	17,03	0,835	0,461	1,102	192,12	0,072	4,59	362,94	6873	1,47	2,822	71,33
Total	37	26,70	53,23	3,344	1,966	3,53	654,41	0,628	53,86	2411,18	46141	35,00	7,809	147,59
CVe (%)		8,74	4,43	6,13	6,33	6,06	8,82	18,44	10,34	6,04	14,11	33,32	12,25	5,35

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo I - Quadro de ANOVA para as variáveis de qualidade fisiológica de sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	PCG	G	CE_4	CE_8	CE_24	LK_4	LK_8	LK_24
Bloco	3	14,49	5,35	22,46	25,13	16,93	0,021	0,031	0,024
CV	1	124,33*	225,49**	181,56**	41,63*	5,79 ^{ns}	0,151**	0,000 ^{ns}	0,015 ^{ns}
Dose	4	182,49 ^{ns}	68,88 ^{ns}	1690,66**	2187,35**	2451,38**	0,580**	1,133**	1,226**
Cv*Dose	4	183,09 ^{ns}	37,61 ^{ns}	253,14**	269,70**	210,84**	0,267**	0,127**	0,075*
Resíduo	25	615,29	230,42	104,04	170,23	258,78	0,074	0,170	0,132
Total	37	1119,70	567,76	2251,86	2694,03	2943,72	1,093	1,46	1,473
CVe (%)		6,25	3,39	5,98	6,02	5,59	9,85	10,00	6,11

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo J - Quadro de ANOVA para as variáveis de desempenho inicial de plântulas derivadas de sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2019.

FV	GL	IVE	EC	AF	MSR	MSC	MSF	MST	RRPA
Bloco	3	1,540	61,80	4,16	249,8	534,1	39,7	644	0,016
CV	1	0,159 ^{ns}	195,12**	6,89 ^{ns}	2548,2**	2704,1**	4,2 ^{ns}	189 ^{ns}	0,254**
Dose	3	18,42**	111,45 ^{ns}	705,17**	1986,1*	2030,6**	6550,8**	29216**	0,039*
Cv*Dose	3	9,51**	116,78 ^{ns}	111,44**	584,9 ^{ns}	675,0*	561,1 ^{ns}	620 ^{ns}	0,050 ^{ns}
Res.	21	12,58	354,60	75,63	2744,3	1356,6	1634,6	9832	0,084
Total	31	42,23	839,75	903,28	8113,4	7300,3	8790,5	40501	0,444
CVe (%)		5,91	4,73	7,05	10,17	9,86	8,4	7,20	10,39

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo K – Análise química do solo referente ao capítulo III



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL

Departamento de Solos
Laboratório de Análise de Solos



Nome: Gustavo Zimmer
CPF/CNPJ:
Localidade:

Município: Pelotas
Solicitante: Gustavo Zimmer
Entrada: 07/10/2019

Emissão: 16/10/2019

Registro	Identificação da Amostra	Matrícula	Área (ha)	Cultura	Profundidade	Latitude	Longitude
1791	01	--X--	--X--	--X--	--X--	--X--	--X--

Diagnóstico para acidez do solo e calagem

"pH em água 1:1; Ca, Mg, Al, e Mn trocáveis extraídos com KCl 1 mol L⁻¹ e CTC a pH 7,0."

Registro	pH água 1:1	Ca	Mg	Al	H+Al	CTC _{efetiva}	Saturação (%)		Índice SMP
		cmol _c /dm ³					Al	Bases	
1791	4,8	0,6	0,5	1,3	4,9	2,5	52,0	20	5,9

Diagnóstico para macronutrientes e recomendação de adubação NPK-S

"Argila determinada pelo método do densímetro; MO por digestão úmida e P, K, Na, Zn e Cu determinados pelo método de Mehlich I."

Registro	% MO	% Argila	Classe de Argila	S	P-Mehlich	K	CTC _{pH7}	K
	m/v			mg/dm ³			cmol _c /dm ³	
1791	0,69	16	4	3,9	6,5	22	6,1	0,06

Diagnóstico para micronutrientes e relações molares

"S-SO₄ extraído com CaHPO₄ 500 mg L⁻¹ de P" e B extraído com água quente."

Registro	Cu	Zn	B	Mn	Na	% Fe	Relações Molares		
	----- mg/dm³ -----						Ca/Mg	Ca/K	Mg/K
1791	0,5	0,8	--X--	14	11	0,08	1,20	10,00	8,33

CONSULTE UM AGRÔNOMO PARA OBTER AS RECOMENDAÇÕES DE ADUBAÇÃO

Os resultados contidos neste documento têm significação restrita e se aplicam somente a(s) amostra(s) ensaiada(s). A(s) amostra(s) ensaiada(s) permanecerá(ão) à disposição do cliente por 30 (trinta) dias consecutivos a contar da data de emissão do Relatório de Ensaio, desde que haja quantidade suficiente. Após este período a(s) amostra(s) será(ão) descartada(s) sem aviso prévio. Não é permitida a reprodução parcial deste documento.



Assinatura digital

37-FA-FB-A5-AF-3F-7A-64-6A-62-A5-D6-4F-CD-CC-72

Para autenticar, acesse <http://megatecnologia-si.com.br/ufpel/>, em "Autenticar" informe a sequência acima.

Eng^a Agr^a Renata Peixoto Eid
CREA nº 92748 - 8ª Região
Responsável Técnico

Anexo L - Quadro de ANOVA para as variáveis diâmetro do caule (D) e altura de plantas (cm) aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a emergência em plantas de soja derivadas de sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2021.

FV	GL	D 30	D 45	D 60	D 75	D 90	Alt 30	Alt 45	Alt 60	Alt 75	Alt 90
Bloco	3	1,25	1,53	1,38	1,75	0,11	14,83	25,82	131,49	194,31	436,26
CV	1	0,59*	0,26 ^{ns}	0,31 ^{ns}	2,23*	4,39*	423,99**	587,42**	836,95**	803,44**	219,66**
DS	2	3,09**	2,46**	2,27**	6,90**	5,42*	33,33**	47,24**	96,89**	153,42**	211,56*
DG	1	19,31**	39,41**	84,18**	150,32**	177,61**	116,85**	183,37**	704,57**	1301,37**	2538,91**
CV*DS	2	0,28 ^{ns}	0,43*	0,95 ^{ns}	0,96 ^{ns}	1,61 ^{ns}	4,32 ^{ns}	12,78*	34,07*	86,86**	101,13 ^{ns}
CV*DG	1	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	1,12*	1,83*	1,28 ^{ns}	2,46 ^{ns}	3,66 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,041 ^{ns}	7,72 ^{ns}
DS*DG	2	0,28 ^{ns}	0,79**	0,69 ^{ns}	1,35 ^{ns}	5,01*	2,68 ^{ns}	4,61 ^{ns}	15,10 ^{ns}	52,29*	51,50 ^{ns}
CV*DS*DG	2	0,71*	1,60**	0,13 ^{ns}	0,11 ^{ns}	2,30 ^{ns}	2,42 ^{ns}	3,74 ^{ns}	9,60 ^{ns}	68,63*	48,51 ^{ns}
Resíduo	33	2,79	1,96	5,69	11,53	18,82	48,23	57,21	137,32	205,90	650,25
Total	44	28,32	48,47	96,73	176,99	216,53	649,10	925,84	1966,19	2866,26	4265,50
CVe (%)		7,54	5,41	7,28	6,32	7,85	6,72	6,65	6,75	5,94	7,69

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; DS: Dose Semente; DG: Dose Grão; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo M - Quadro de ANOVA para a variável Número de Nós (N) aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias após a emergência em plantas de soja derivadas de sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2021.

FV	GL	N 30	N 45	N 60	N 75	N 90
Bloco	3	0,47	4,31	5,52	3,30	3,91
CV	1	5,61**	3,89**	1,50**	0,00 ^{ns}	1,42*
DS	2	1,06**	2,00**	2,56**	4,98**	6,92**
DG	1	27,12**	33,33**	35,79**	60,99**	101,73**
CV*DS	2	0,62*	2,00**	0,49 ^{ns}	0,54 ^{ns}	0,02 ^{ns}
CV*Dg	1	0,40*	0,11 ^{ns}	0,21 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,04 ^{ns}
DS*Dg	2	0,35 ^{ns}	1,35*	0,19 ^{ns}	4,18**	4,91**
CV*DS*Dg	2	1,02**	1,42*	1,06 ^{ns}	1,41 ^{ns}	3,04*
Resíduo	33	2,78	5,18	5,95	8,56	9,79
Total	44	40,51	53,60	53,29	84,00	131,80
CVe (%)		5,37	6,16	4,67	4,19	3,58

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; DS: Dose Semente; DG: Dose Grão; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo N - Quadro de ANOVA para as variáveis relacionadas a produção de matéria seca em plantas de soja derivadas de sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2021.

FV	GL	MSV	MSRP	MSR	MST	GPA
Bloco	3	0,23	3,75	1,14	12,41	149,46
CV	1	0,73 ^{ns}	1,51 ^{ns}	1,18 ^{ns}	16,20*	16,78 ^{ns}
DS	2	4,91**	1,48 ^{ns}	5,42**	76,78**	142,99**
DG	1	918,43**	241,00**	195,69**	15668,04	1680,14**
CV*DS	2	0,57 ^{ns}	0,49 ^{ns}	3,88*	7,74 ^{ns}	87,05 ^{ns}
CV*DG	1	1,33 ^{ns}	1,07 ^{ns}	3,97**	35,11 ^{ns}	1,59 ^{ns}
DS*DG	2	1,92 ^{ns}	4,86*	0,38 ^{ns}	10,82 ^{ns}	56,66 ^s
CV*DS*DG	2	3,05**	1,62 ^{ns}	1,08 ^{ns}	46,20**	37,94 ^{ns}
Res.	32	14,42	17,29	13,93 ^{ns}	90,58	746,36
Total	46	945,59	273,08	226,67	15963,90	3061,94
CVe (%)		10,43	16,11	23,63	6,29	9,37

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; DS: Dose Semente; DG: Dose Grão; CVe: Coeficiente de variação experimental.

Anexo O - Quadro de ANOVA para as variáveis dos componentes do rendimento para grãos derivados de sementes produzidas sob diferentes doses de fósforo. FAEM/UFPel, Pelotas, 2021.

FV	GL	Vagens Planta ⁻¹	Grãos Planta ⁻¹	Vagens Vazias	Vagens c/1 Grão	Vagens c/2 Grãos	Vagens c/3 Grãos	PMS	RG
Bloco	3	126,86	603,9	21,20	84,64	164,76	7,75	4651,07	3,02
CV	1	281,88**	6102,8**	0,04 ^{ns}	2235,62**	12,18 ^{ns}	1479,11**	18276,71**	12,27**
DS	2	153,93 ^{ns}	652,0*	97,91**	2,51 ^{ns}	71,10 ^{ns}	16,15 ^{ns}	3564,80*	19,76**
DG	1	53117,25**	181333,9**	71,33**	228,79*	159,88 ^{ns}	280,22**	5653,63**	5640,69**
CV*DS	2	114,08 ^{ns}	77,4 ^{ns}	123,50**	250,40 ^{ns}	102,63 ^{ns}	20,13 ^{ns}	888,54 ^{ns}	2,33 ^{ns}
CV*DG	1	115,46 ^{ns}	2499,4**	6,90 ^{ns}	91,06 ^{ns}	106,08 ^{ns}	111,02**	636,24 ^{ns}	1,59 ^{ns}
DS*DG	2	99,59 ^{ns}	696,7*	115,20**	31,41 ^{ns}	218,36 ^{ns}	4,70 ^{ns}	791,73 ^{ns}	5,11 ^{ns}
CV*DS*DG	2	121,96 ^{ns}	888,1*	195,78**	111,02 ^{ns}	70,93 ^{ns}	31,20 ^{ns}	360,94 ^{ns}	19,08**
Res.	32	1081,03	3109,7	122,47	1567,59	1775,73	238,81	16521,14	33,77
Total	46	55212,04	196041,4	754,34	4603,0	2681,66	2189,10	51344,79	5640,66
CVe (%)		11,47	10,81	35,11	27,52	13,09	24,24	14,66	7,19

**Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}Não significativo. FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Cultivar; DS: Dose Semente; DG: Dose Grão; CVe: Coeficiente de variação experimental.