

CIRCULAR TÉCNICA

68

Passo Fundo, RS
Abril, 2022

Resistência a *Phytophthora sojae* em linhagens de soja da Embrapa, em 2021

Leila Maria Costamilan
Paulo Fernando Bertagnolli
Carlos Lásaro Pereira de Melo
Rafael Moreira Soares
Claudia Cristina Clebsch

OBJETIVOS DE
DESENVOLVIMENTO
SUSTENTÁVEL



Resistência a *Phytophthora sojae* em linhagens de soja da Embrapa, em 2021¹

A podridão-radicular de *Phytophthora* em soja causa prejuízos principalmente no sul do Brasil, durante o período de emergência das plantas, levando a falhas no estande inicial e à necessidade de ressemeaduras. Perdas foram registradas nas safras 2005/2006 e 2018/2019 (Deuner et al., 2019) e em 2019/2020, em várias lavouras do Rio Grande do Sul e do Paraná. Também causa perdas a empresas de melhoramento de soja, em seus campos experimentais. Populações do patógeno, coletadas em 2018 e em 2019 em algumas lavouras do RS (municípios de Carazinho, Gentil, Passo Fundo, Ibirubá e Getúlio Vargas), conseguiram causar a doença em cultivares comerciais que contavam com genes *Rps* de resistência da soja efetivos.

Os sintomas em plantas de soja ocorrem desde a pré-emergência até a fase adulta, sendo característica a coloração marrom escura da haste, desde o solo, progredindo para hastes laterais em direção ao topo da planta. Em planta adulta, os tecidos apodrecidos da raiz e da haste permanecem firmes.

O controle da doença é baseado em resistência genética, que pode se manifestar de três formas: como resistência completa ou raça-específica, como resistência radicular e como resistência parcial ou de campo.

A resistência completa é mediada por genes maiores (*Rps*) no hospedeiro. Todos os genes descritos, exceto *Rps2*, limitam completamente o crescimento de *P. sojae* através de reação de hipersensibilidade no hipocótilo. Atualmente, a identificação de patótipos ou de fórmulas de virulência baseada em reações de suscetibilidade ou resistência de plantas com genes *Rps* é utilizada para estudos sobre a variabilidade do patógeno e, a série diferencial mais usada conta com os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *2*, *3a*, *3b*, *3c*, *4*, *5*, *6*,

¹ Leila Maria Costamilan, engenheira-agrônoma, mestre em Fitotecnia, pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. Paulo Fernando Bertagnolli, engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia/Plantas de Lavoura, pesquisador da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. Carlos Lásaro Pereira de Melo, engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Soja, Londrina, PR. Rafael Moreira Soares, engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia/Proteção de Plantas, pesquisador da Embrapa Soja, Londrina, PR. Cláudia Cristina Clebsch, bióloga, mestre em Ecologia, analista da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

7 e 8 (Dorrance et al., 2004). A resistência radicular é mediada apenas por *Rps2*. Atualmente, já são conhecidos 27 genes maiores em soja conferindo resistência completa a *P. sojae* (Yang et al., 2020). No Brasil, os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k*, *3a* e *8* conferem resistência à maioria das populações de *P. sojae* (Costamilan et al., 2013). Embora altamente eficaz, a resistência completa é específica à população de *P. sojae* presente no solo.

A resistência parcial, também conhecida como de campo, de planta adulta ou tolerância, é herdada quantitativamente por ação de vários genes menores e expressa-se pela redução de extensão de colonização de tecidos radiculares. A resistência parcial só é funcional a partir da formação da primeira folha trifoliolada, sendo efetiva contra todos os patotipos de *P. sojae* (Mideros et al., 2007; Schmitthenner; Dorrance, 2015).

Para áreas onde a doença é predominante, indica-se conjugar as estratégias de resistência completa com parcial, além de tratamento de sementes com fungicidas à base de metalaxil/mefenoxam (Schmitthenner; Dorrance, 2015).

Os objetivos deste trabalho foram identificar genótipos de soja, do programa de melhoramento genético da Embrapa, resistentes à podridão-radicular de *Phytophthora*, além de determinar possíveis genes de resistência completa *Rps* e níveis de resistência parcial em linhagens avançadas.

Desta forma, este trabalho contribui para o ODS – Objetivos de Desenvolvimento Sustentável 2, reduzindo riscos à produção de soja e assegurando oferta de alimentos por meio de práticas de agricultura sustentável.

Rotina de pré-seleção: todos os testes foram realizados em casa de vegetação na Embrapa Trigo, em Passo Fundo, RS, durante o ano de 2021.

Inicialmente, todos os patotipos a serem utilizados durante o ano (Tabela 1) foram recuperados do armazenamento em nitrogênio líquido e individualmente inoculados na seguinte série diferencial de genes *Rps*: *1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *3a*, *3b*, *3c*, *4*, *5*, *6*, *7* e *8* (Tabela 2), com a cultivar BRS 244RR servindo como testemunha suscetível, com o objetivo de confirmar se a fórmula de virulência de cada patotipo, anteriormente descrita, estava mantida após o período de armazenamento. O gene *Rps2* não foi utilizado, devido ao padrão de resistência que confere, apenas nas raízes, o que não foi objeto de avaliação neste ensaio.

Tabela 1. Patotipos de *Phytophthora sojae* utilizados na Embrapa Trigo para seleção de genótipos de soja resistentes à podridão-radicular de *Phytophthora*, para postulação de genes *Rps* e para avaliação de resistência parcial em linhagens de soja.

| Patotipo | Fórmula de virulência (genes <i>Rps</i>) |
|-----------------|--------------------------------------------------|
| Ps2.4 ou Ps32.2 | 1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7 |
| R4 | 1a, 1c, 1d, 7 |
| Ps14.4 | 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 7, 8 |
| Ps36.1 | 1b, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8 |
| Ps45 | 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8 |

Tabela 2. Cultivares ou linhagens de soja contendo genes *Rps*, usadas na Embrapa Trigo na série diferencial de 14 genes para teste de virulência de patotipos de *Phytophthora sojae*.

| Gene | Genótipo ou cultivar de soja | Fonte do gene <i>Rps</i> |
|-------------------------|------------------------------|--------------------------|
| <i>rps</i> (suscetível) | BRS 244RR | - |
| <i>Rps1a</i> | L59-731 (PI 547677) | Blackhawk |
| <i>Rps1b</i> | L77-1863 (PI 547842) | Harrell |
| <i>Rps1c</i> | L75-3735 (PI 547834) | Lee 68 |
| <i>Rps1d</i> | L99-3312 | PI 103091 |
| <i>Rps1k</i> | L77-1794 (PI 547890) | Kingwa |
| <i>Rps3a</i> | L83-570 (PI 547862) | PI 86972-1 |
| <i>Rps3b</i> | L91-8347 (PI 591509) | PI 172901 |
| <i>Rps3c</i> | L92-7857 | PI 340046 |
| <i>Rps4</i> | L85-2352 | PI 86050 |
| <i>Rps5</i> | L85-3059 (PI 547876) | PI 91160 |
| <i>Rps6</i> | L89-1581 (PI 591511) | Altona |
| <i>Rps7</i> | L93-3258 (PI 591512) | Harosoy |
| <i>Rps8</i> | PI 399073 | - |

Fonte: adaptado de Dorrance et al. (2004).

Após a confirmação das fórmulas de virulências, os trabalhos foram iniciados com a seleção de linhagens resistentes. Doze sementes de cada genótipo foram semeadas em substrato agrícola (terra vegetal) contido em potes plásticos de 500 mL, preparando-se um pote por genótipo. Utilizou-se o patotipo

Ps32.2, de fórmula de virulência (vir) *1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7*, correspondente à população patogênica de maior frequência registrada no Brasil até 2013 (Costamilan et al., 2013). No mesmo dia da semeadura, colônias de Ps32.2 foram repicadas para meio de cultura de manutenção (Costamilan; Clebsch, 2016), contendo pontas de palitos de dentes montadas, na vertical, sobre base de papel. As placas foram mantidas em sala de incubação, em temperatura de 25 °C ± 3 °C durante 14 dias, até colonização da extremidade do palito. A inoculação ocorreu 14 dias após a semeadura, inserindo-se uma ponta de palito colonizada no hipocótilo de cada planta, mantendo-se dez plantas por vaso. A cultivar BRS 244RR foi usada como testemunha suscetível. Seguiu-se período de 48 h de alta umidade relativa, com nebulização de água por 30 s a cada 3 min. A leitura da reação ocorreu entre cinco e sete dias após a inoculação, calculando-se a relação entre número de plantas mortas pelo número total de plantas inoculadas multiplicado por 100, por linhagem. Adotou-se a seguinte escala de reação: resistente (R, até 30% de plantas mortas); intermediário (I, entre 31% e 69% de plantas mortas); suscetível (S, igual ou superior a 70% de plantas mortas).

Com este método, foram avaliadas 474 linhagens de soja na geração F5 da Embrapa Trigo, sendo que 67% dos genótipos foram considerados resistentes, 10% apresentaram reação intermediária e 23% foram classificados como suscetíveis.

Em 2021, na Embrapa Trigo, foram selecionados genótipos apresentando até 30% de plantas mortas para prosseguirem no programa de melhoramento genético. Como foram testados com o patotipo Ps32.2, vir *1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7*, pode-se postular que as linhagens resistentes poderiam conter os genes *Rps1a, 1b, 1c, 1k, 3a* e/ou *8* atuando na resistência completa.

Identificação de genes *Rps* (resistência completa): realizada com 30 linhagens da Embrapa Trigo e 20 linhagens da Embrapa Soja, em testes de Valor de Cultivo e Uso (VCU) ou em pré-lançamento, em 2021 (tabelas 3 e 4). As linhagens da Embrapa Trigo foram avaliadas em anos anteriores como resistentes à podridão-radicular de *Phytophthora* com o patotipo Ps2.4 (vir *1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7*); na Embrapa Soja, foram testadas com o patotipo CMES 526 (vir *1d, 2, 4, 5, 7*), não sendo, necessariamente, resistentes.

Foram preparados seis potes plásticos de 500 mL com substrato vegetal para cada genótipo de soja a ser avaliado, sendo dois potes para cada patotipo de *P. sojae* utilizado (R4, Ps14.4 e Ps36.1), com oito sementes por pote. Também foi preparado um pote para cada uma das linhagens da série diferencial contendo os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k*, *3a* e *8*, para fins de comparação de reação, e consequente postulação da presença dos genes indicados.

Tabela 3. Linhagens de soja da Embrapa Trigo em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em 2021, avaliadas para tipos de resistência à podridão-radicular de *Phytophthora*.

| Linhagem | Resistência completa (possível gene <i>Rps</i>) ^(a) | Resistência parcial (nota e tipo) ^(b) |
|-------------|--------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|
| PFR191357 | 1k | 3,00 ARP |
| PFR191362 | 1k | 5,33 MS |
| PFR191367 | 1a/1c | 2,67 ARP |
| BRR17-76998 | 1k | 2,00 ARP |
| PFR191386 | 1a/1c | 3,33 MRP |
| BRR18-85940 | 1a/1c | 4,00 MRP |
| PFR191416 | 1a/1c | 2,67 ARP |
| PFR191431 | 1a/1c | 4,33 MRP |
| PFR191456 | 1k | 2,33 ARP |
| PFR191471 | 1k | 3,00 ARP |
| PFR191472 | 1k | 2,67 ARP |
| PFR191506 | 1k | 1,00 ARP |
| PFR191508 | 1k | 1,33 ARP |
| PFR191372 | 1k | 1,00 ARP |
| PF190208 | 1k | 2,00 ARP |
| BRR18-94310 | 1k | 2,00 ARP |
| BRR18-97056 | 1a/1c | 1,00 ARP |
| BRR18-91904 | 1a/1c | 2,00 ARP |
| PFR191418 | 1k | 1,00 ARP |
| PFR191381 | 1k | 1,00 ARP |
| PFR191385 | 1k | 1,00 ARP |
| BRR18-86217 | 1a/1c | 2,00 ARP |
| BRR18-86223 | 1k | 1,33 ARP |

Continua...

Tabela 3. Continuação.

| Linhagem | Resistência completa (possível gene <i>Rps</i>) ^(a) | Resistência parcial (nota e tipo) ^(b) | |
|-------------|--------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|-----|
| BRR18-86277 | 1a/1c | 2,00 | ARP |
| BRR18-86834 | 1a/1c | 1,00 | ARP |
| BRR18-91906 | 1a/1c | 1,67 | ARP |
| PFR191494 | 1a/1c | 1,33 | ARP |
| PFR191496 | 1k | 1,00 | ARP |
| PFR191501 | 1a/1c | 1,00 | ARP |
| PFR191503 | 1a/1c | 1,00 | ARP |

^(a) Avaliação com inoculação na haste dos patótipos de *Phytophthora sojae*: Ps2.4 (vir 1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), Ps14.4 (vir 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 7, 8), R4 (vir 1a, 1c, 1d, 7) e Ps36.1 (vir 1b, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8).

^(b) Avaliação de severidade de apodrecimento radicular com o patótipo Ps45 de *Phytophthora sojae* (vir *Rps*1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8). Alta resistência parcial (ARP): nota média até 3,0; moderada resistência parcial (MRP): nota média entre 3,1 e 5,0; moderada suscetibilidade (MS): nota média entre 5,1 e 6,0; e alta suscetibilidade (AS): nota média igual ou superior a 6,1.

Tabela 4. Linhagens de soja da Embrapa Soja em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) em 2021, avaliadas para possíveis genes *Rps* de resistência à podridão-radicular de *Phytophthora*.

| Linhagem | Resistência completa (possível gene <i>Rps</i>) ^(a) | Resistência parcial (nota e tipo) ^(b) | |
|--------------|--------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|-----|
| BRB15-237527 | - ^c | 3,67 | MRP |
| BRB15-237545 | - | 3,67 | MRP |
| BRB17-201571 | - | 6,67 | AS |
| BRB17-201576 | - | 4,67 | MRP |
| BRB17-242159 | 1a/1c | 4,33 | MRP |
| BRR16-72230 | - | 3,33 | MRP |
| BRR16-111668 | 1k | 5,00 | MRP |
| BRR16-110509 | - | 2,67 | ARP |
| BRR17-72487 | - | 5,67 | MS |
| BRDR18-32315 | - | 5,33 | MS |
| BRDR18-32357 | 1a/1c | 6,00 | MS |
| BRDR18-32370 | 1a/1c | 3,00 | ARP |
| BRDR18-32383 | 1a/1c | 3,67 | MRP |
| BRDR18-32940 | 1a/1c | 3,00 | ARP |

Continua...

Tabela 4. Continuação.

| Linhagem | Resistência completa (possível gene <i>Rps</i>) ^(a) | Resistência parcial (nota e tipo) ^(b) |
|--------------|--------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|
| BRDR18-32961 | 1a/1c | 1,33 ARP |
| BRDR18-32963 | 1a/1c | 2,33 ARP |
| BRDR18-33610 | 1a/1c | 3,67 MRP |
| BRDR18-33660 | 1a/1c | 4,00 MRP |
| BRDR18-33663 | 1a/1c | 2,67 ARP |
| BRDR18-33714 | 1k | 3,00 ARP |
| BRDR18-33721 | 1k | 3,00 ARP |
| BR17-7333 | 1b | 3,00 ARP |
| BR17-2369 | 1a/1c | 2,33 ARP |

^(a) Avaliação com inoculação na haste dos patótipos de *Phytophthora sojae*: Ps32.2 (vir 1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), Ps14.4 (vir 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 7, 8), R4 (vir 1a, 1c, 1d, 7) e Ps36.1 (vir 1b, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8).

^(b) Avaliação de severidade de apodrecimento radicular com o patótipo Ps45 de *Phytophthora sojae* (vir 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8). Alta resistência parcial (ARP): nota média até 3,0; moderada resistência parcial (MRP): nota média entre 3,1 e 5,0; moderada suscetibilidade (MS): nota média entre 5,1 e 6,0; e alta suscetibilidade (AS): nota média igual ou superior a 6,1.

^(c) Não avaliada para resistência completa por ser suscetível ao isolado Ps32.2.

Na Embrapa Trigo, as linhagens da Embrapa Soja foram primeiramente inoculadas com o patótipo Ps32.2 e somente as resistentes a este patótipo seguiram para o ensaio de resistência completa, conforme descrito acima. A postulação de genes obedeceu ao esquema apresentado na Tabela 5.

Tabela 5. Esquema de postulação de gene *Rps* de resistência completa de soja à podridão-radicular de *Phytophthora*, usado na Embrapa Trigo.

| Gene <i>Rps</i> postulado | Reação a patótipo de <i>Phytophthora sojae</i> ^(a) | | | |
|---------------------------|---------------------------------------------------------------|----|--------|--------|
| | Ps2.4 ou Ps32.2 ^(b) | R4 | Ps14.4 | Ps36.1 |
| 1a e/ou 1c | R | S | R | R |
| 1b | R | R | R | S |
| 1k | R | R | R | R |
| 3a e/ou 8 | R | R | S | S |

^(a) Ps2.4 e Ps32.2 (vir 1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), Ps14.4 (vir 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 7, 8), R4 (vir 1a, 1c, 1d, 7) e Ps36.1 (vir 1b, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8).

^(b) Ps2.4 usado em linhagens da Embrapa Trigo; Ps32.2 usado em linhagens da Embrapa Soja.

A inoculação ocorreu entre 10 e 14 dias após a semeadura, pelo método de introdução, na haste, de macerado de micélio e meio de cultura, 1 cm abaixo do nó cotiledonar. O ambiente de casa de vegetação foi mantido com elevada umidade relativa nas primeiras 48 h, pela nebulização de água por 30 s a cada 3 min. A leitura da reação foi realizada entre cinco e sete dias após a inoculação, considerando-se resistente a linhagem com reação de até 30% de plantas mortas, e suscetível, com número de plantas mortas igual ou superior a 70% (Costamilan; Clebsch, 2016).

Das 30 linhagens de soja da Embrapa Trigo (Tabela 4), 16 foram caracterizadas como possuindo o gene *Rps1k*, pela resistência apresentada a todos os patotipos utilizados, e em 14 postulou-se a presença dos genes maiores *Rps1a* e/ou *Rps1c*, pela suscetibilidade ao patotipo R4 e resistência aos demais patotipos.

Entre as 20 linhagens da Embrapa Soja (Tabela 5), 12 apresentaram resistência devido à presença dos genes *Rps1a* e/ou *Rps1c*, devido à suscetibilidade ao patotipo R4 e resistência aos demais, sete apresentaram resistência devida ao *Rps1k*, pelas reações de resistência a todos os patotipos, e uma linhagem mostrou suscetibilidade ao patotipo Ps36.1 e resistência aos demais, postulando-se a presença do gene de resistência *Rps1b*.

Identificação de resistência parcial: este teste foi realizado com as 50 linhagens, utilizando-se o patotipo Ps45 (*vir 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8*) inoculado com o método de camada de micélio do patógeno posicionado abaixo das sementes (Dorrance et al., 2003; Costamilan; Clebsch, 2016). Prepararam-se três potes por linhagem, com cinco sementes em cada, posicionadas 5 cm acima do inóculo, entre camadas de vermiculita umedecida. Em um quarto pote, não foi colocada a camada de inóculo, para servir como padrão de sanidade de raízes. Após 21 dias, as raízes foram lavadas e avaliadas visualmente, com auxílio da seguinte escala de notas, segundo Dorrance et al. (2003): (1) sem apodrecimento de raízes, (2) traços de apodrecimento, (3) terço inferior da massa de raízes apodrecido, (4) dois terços inferiores da massa de raízes apodrecidos, (5) todas raízes podres + 10% de plantas mortas, (6) 50% de plantas mortas + diminuição moderada de crescimento da parte aérea, (7) 75% de plantas mortas + severa diminuição de crescimento, (8) 90% de plantas mortas, e (9) todas plantas mortas. As linhagens foram consideradas com alta resistência parcial (ARP) com nota

média até 3,0; de moderada resistência parcial (MRP), com nota média entre 3,1 e 5,0; com moderada suscetibilidade (MS), com nota média entre 5,1 e 6,0; e alta suscetibilidade (AS), com nota média igual ou superior a 6,1.

Entre os genótipos (tabelas 3 e 4), observou-se que, pela alta resistência parcial demonstrada, foram destaques 26 linhagens da Embrapa Trigo e 10 linhagens da Embrapa Soja.

Assim, constata-se que há linhagens de soja da Embrapa Soja e da Embrapa Trigo com possibilidade de tornarem-se cultivares com resistência genética completa, principalmente pelos genes *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k*, e com alto nível de resistência parcial à podridão-radicular de *Phytophthora*.

Entretanto, devido ao aumento da diversidade e da complexidade de isolados de *P. sojae*, novos genes *Rps* efetivos são necessários. A base genética para resistência completa apresentada nas linhagens da Embrapa (majoritariamente devida aos genes *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k*) pode ser considerada estreita, sugerindo-se aos programas de melhoramento que busquem outras fontes de genes *Rps* eficientes para serem inseridas em futuros cruzamentos.

Referências

- COSTAMILAN, L. M.; CLEBSCH, C. C.; SOARES, R. M.; SEIXAS, C. D. S.; GODOY, C. V.; DORRANCE, A. E. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* pathotypes from Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, v. 135, n. 4, p. 845-853, Apr. 2013. DOI: 10.1007/s10658-012-0128-9.
- COSTAMILAN, L. M.; CLEBSCH, C. C. **Técnicas utilizadas para estudos com *Phytophthora sojae* na Embrapa Trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2016. (Embrapa Trigo. Documentos online, 163). 31 p. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/151335/1/ID43845-2016DO163.pdf>. Acesso em: 15 dez. 2021.
- DEUNER, C. C.; NOVAKOWISKI, J. H.; COSTAMILAN, L. M.; KLEIN, V. A.; CARDOSO, C. A. de A. Problema de estabelecimento na cultura da soja, safra 2018/2019: podridão de sementes, morte de plântulas e podridão radicular. **Revista Plantio Direto & Tecnologia Agrícola**, v. 167, n. 28, p. 34-40, jan./fev. 2019.
- DORRANCE, A. E.; JIA, H.; ABNEY, T. S. Evaluation of soybean differentials for their interaction with *Phytophthora sojae*. **Plant Health Progress**, v. 5, n. 1, Feb. 2004. DOI: 10.1094/PHP-2004-0309-01-RS.
- DORRANCE, A. E.; MCCLURE, S. A.; SAINT MARTIN, S. K. Effect of partial resistance on *Phytophthora* stem rot incidence and yield of soybean in Ohio. **Plant Disease**, v. 87, n. 3, p. 308-312, Mar. 2003. DOI: 10.1094/PDIS.2003.87.3.308.

MIDEROS, S.; NITA, M.; DORRANCE, A. E. Characterization of components of partial resistance, *Rps2*, and root resistance to *Phytophthora sojae* in soybean. **Phytopathology**, v. 97, n. 5, p. 655-662, May 2007. DOI: 10.1094/PHTO-97-5-0655.

SCHMITTHENNER, A. F.; DORRANCE, A. E. Phytophthora root and stem rot. In: HARTMAN, G. L.; RUPE, J. C.; SIKORA, E. J.; DOMIER, L. L.; DAVIS, J. A.; STEFFEY, K. L. (ed.). **Compendium of soybean diseases and pests**. 5th ed. St. Paul: APS Press, 2015. p. 73-76. DOI: 10.1094/9780890544754.002.

YANG, J.; ZHENG, S.; WANG, X.; YE, W.; ZHENG, X.; WANG, Y. Identification of resistance genes to *Phytophthora sojae* in domestic soybean cultivars from China using particle bombardment. **Plant Disease**, v. 104, n. 7, p. 1888-1893, July 2020. DOI: 10.1094/PDIS-10-19-2201-R".

Exemplares desta edição
podem ser adquiridos na:

Embrapa Trigo

Rodovia BR 285, km 294
Caixa Postal 3081
99050-970 Passo Fundo, RS
Telefone: (54) 3316-5800
Fax: (54) 3316-5802
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

1ª edição

Publicação digital - PDF (2022)

Comitê Local de Publicações
da Embrapa Trigo

Presidente

Mercedes Concórdia Carrão-Panizzi

Vice-Presidente

Ana Lídia Variani Bonato

Secretária

Marialba Osorski dos Santos

Membros

*Elene Yamazaki Lau, Fabiano Daniel De Bona,
João Leodato Nunes Maciel, Luiz Eichelberger,
Maria Imaculada Pontes Moreira Lima, Martha
Zavariz de Miranda, Sirio Wiethölter*

Normalização bibliográfica

Graciela Oliveira (CRB 10/1434)

Tratamento das ilustrações

Márcia Barrocas Moreira Pimentel

Editoração eletrônica

Márcia Barrocas Moreira Pimentel

Projeto gráfico da coleção

Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Foto da capa

Leila Maria Costamilan

