

CIRCULAR TÉCNICA

78

Passo Fundo, RS
Maio, 2023

Resistência a *Phytophthora sojae* em genótipos de soja, em 2022

Leila Maria Costamilan
Paulo Fernando Bertagnoli
Carlos Lásaro Pereira de Melo
Rafael Moreira Soares
Cláudia Cristina Clebsch

OBJETIVOS DE
DESENVOLVIMENTO
SUSTENTÁVEL

2 FOME ZERO
E AGRICULTURA
SUSTENTÁVEL



Resistência a *Phytophthora sojae* em genótipos de soja, em 2022¹

Introdução

A podridão-radicular de *Phytophthora* em soja, causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae*, ocorre principalmente na região Sul do Brasil, levando à morte de plântulas e de plantas adultas, causando perdas econômicas, principalmente, pela necessidade de ressemeaduras durante o período de emergência das plantas. Nos últimos anos, essas 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. Empresas de melhoramento genético de soja estão envolvidas na busca de cultivares e linhagens resistentes à doença. Populações do patógeno coletadas em 2018 e em 2019 em municípios do Rio Grande do Sul (Carazinho, Gentil, Passo Fundo, Ibirubá e Getúlio Vargas) causaram morte de plântulas em cultivares comerciais de soja com resistência completa (genes *Rps*), levando à preocupação sobre a efetividade desses genes maiores e à necessidade de liberação de genótipos contendo, conjuntamente, altos níveis de resistência parcial, como preconizado por Dorrance et al. (2003).

Os sintomas da podridão-radicular de *Phytophthora* em soja ocorrem desde a pré-emergência até a fase adulta da planta, sendo característica a coloração marrom-escura da haste, desde o solo, que progride para hastes laterais e para o 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

¹ Leila Maria Costamilan, engenheira-agrônoma, mestre em Fitotecnia/Fitossanidade, 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.

resistência completa que só se manifesta em raízes 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* por meio da reação de hipersensibilidade no hipocótilo. A identificação de patótipos ou de fórmulas de virulência (*vir*) baseada em reações de suscetibilidade ou resistência de plantas da série diferencial, com diferentes genes *Rps*, é utilizada para estudos sobre a variabilidade do patógeno. A série diferencial mais usada conta com os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *2*, *3a*, *3b*, *3c*, *4*, *5*, *6*, *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, em 2013, os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k*, *3a* e *8* conferiam resistência à maioria das populações de *P. sojae* (Costamilan et al., 2013); nos anos 2020 e 2021, constatou-se mudança no perfil de virulência da população brasileira, mantendo-se *Rps1a* e *Rps1c* como os mais eficientes, surgindo *Rps3b* como efetivo e *Rps1b*, *1k*, *3a* e *8* com perda de eficiência (Batista et al., 2022).

A resistência parcial, também conhecida como de campo ou de planta adulta, é herdada quantitativamente por ação de vários genes menores e expressa-se pela redução de extensão de colonização de tecidos radiculares ou redução de produção de oosporos em tecidos vegetais afetados. A resistência parcial só é funcional a partir da formação do primeiro trifólio, sendo efetiva contra todos os patótipos de *P. sojae*, enquanto a resistência completa, embora altamente eficaz, é específica à população de *P. sojae* presente no solo (Mideros et al., 2007; Schmitthenner; Dorrance, 2015).

O perfil de genes *Rps* que as populações de *P. sojae* são capazes de atingir é muito variável, e pode mudar rapidamente, como recentemente relatado nos Estados Unidos (McCoy et al., 2021), na Argentina (Grijalba et al., 2020), no Canadá (Tremblay et al., 2021) e no Brasil (Batista et al., 2022). Especialmente a população brasileira do patógeno parece ser mais variável, com maior complexidade e com maior velocidade em mudanças na avirulência do *pool* gênico (Batista et al., 2022).

O conhecimento do gene de resistência *Rps* presente nas cultivares pode indicar, também, a perda de resistência a determinado patótipo pela seleção

direcional por meio da utilização intensiva de uma cultivar com gene *Rps* conhecido e que se tornou suscetível. Além disso, a utilização de combinação de resistência completa e parcial em cultivares é importante, pois a complexidade de virulência de isolados individuais de *P. sojae*, juntamente com a mistura de composição de patótipos dentro de uma mesma lavoura, mostram que cultivares carregando somente gene de resistência podem não ser tão efetivas no controle da podridão-radicular de *Phytophthora* (Grijalba et al., 2020). Para áreas onde a doença é predominante, indica-se, também, o 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 e em cultivares de interesse. Este trabalho contribui para o ODS 2 (Objetivos de Desenvolvimento Sustentável 2), “Erradicar a Fome”, por auxiliar na redução de riscos à produção de soja e em assegurar 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, em 2022.

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

Após a confirmação das fórmulas de virulência, os trabalhos iniciaram com a seleção de linhagens resistentes da Embrapa Trigo. 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 patótipo Ps32.2, de 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 $25\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 3\text{ }^{\circ}\text{C}$ 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 horas de alta umidade relativa, com nebulização de água por 30 segundos a cada 3 minutos. A leitura da reação ocorreu entre 5 e 7 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).

Tabela 1. Patotipos de *Phytophthora sojae* utilizados na Embrapa Trigo em 2022 para seleção de genótipos de soja resistentes à podridão-radicular de *Phytophthora*, postulação de genes *Rps* e avaliação de resistência parcial.

Patotipo	Fórmula de virulência (genes <i>Rps</i>)
Ps2.4	1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7
Ps32.2	1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8
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> (susceptível)	BRS 244RR ou BRS 268	-
Rps1a	L59-731 (PI 547677)	Blackhawk
Rps1b	L77-1863 (PI 547842)	Harrell
Rps1c	L75-3735 (PI 547834)	Lee 68
Rps1d	L99-3312	PI 103091
Rps1k	L77-1794 (PI 547890)	Kingwa

Continua...

Tabela 2. Continuação.

Gene	Genótipo ou cultivar de soja	Fonte do gene <i>Rps</i>
Rps3a	L83-570 (PI 547862)	PI 86972-1
Rps3b	L91-8347 (PI 591509)	PI 172901
Rps3c	L92-7857	PI 340046
Rps4	L85-2352	PI 86050
Rps5	L85-3059 (PI 547876)	PI 91160
Rps6	L89-1581 (PI 591511)	Altona
Rps7	L93-3258 (PI 591512)	Harosoy
Rps8	PI 399073	-

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

Com esse método, foram avaliadas 474 linhagens de soja da Embrapa Trigo na geração F5, sendo que 67% dos genótipos foram considerados resistentes, 10% apresentaram reação intermediária e 23% foram classificados como suscetíveis (dados não apresentados). Foram mantidos, no programa de melhoramento genético, os materiais que apresentaram até 30% de plantas mortas (R). Como foram testados com o patotipo Ps32.2 (vir 1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), postula-se 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): o ensaio foi realizado com 49 genótipos da Embrapa Trigo e 30 genótipos da Embrapa Soja (Tabelas 4 e 5). As linhagens da Embrapa Trigo haviam sido testadas em anos anteriores e consideradas resistentes com o patotipo Ps2.4 (vir 1d, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7). Da Embrapa Soja, os materiais haviam sido testados com o patotipo CMES 526, de outra fórmula de virulência (vir 1d, 2, 4, 5, 7); por essa razão, foram novamente inoculados na Embrapa Trigo, dessa vez com o patotipo Ps32.2 e somente as resistentes seguiram para o ensaio de resistência completa.

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 conseqüente postulação da presença dos genes indicados. A postulação de genes obedeceu ao esquema apresentado na Tabela 3.

Tabela 3. 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	Patotipo de <i>Phytophthora sojae</i> ⁽¹⁾ e reação			
	Ps2.4 ou Ps32.2 ⁽²⁾	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

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

⁽²⁾Ps2.4 foi usado em genótipos da Embrapa Trigo; Ps32.2 foi usado em genótipos 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 horas, pela nebulização de água por 30 segundos a cada 3 minutos. A leitura da reação foi realizada entre 5 e 7 dias após a inoculação, considerando-se resistente o genótipo com reação de até 30% de plantas mortas, e suscetível, com número de plantas mortas igual ou superior a 70% (Costamilan; Clebsch, 2016).

Das 49 linhagens de soja da Embrapa Trigo (Tabela 4), cinco não apresentaram gene *Rps*, 18 foram caracterizadas como contendo o gene *Rps1k*, em 24 postulou-se a presença de *Rps1a* e/ou *Rps1c*, um genótipo apresentou *Rps1b* e um genótipo apresentou *Rps3a* e/ou *Rps8*.

Dos 30 genótipos enviados pela Embrapa Soja (Tabela 5), 19 não apresentaram genes *Rps* (por serem suscetíveis ao patotipo Ps32.2), 1 apresentou reação intermediária e, dos 10 genótipos restantes, 5 foram postulados com *Rps1k*, 3 com *Rps1a* ou *Rps1c*, 1 com *Rps3a* e 1 linhagem (BRB18-227248) restou sem definição de postulação para o gene *Rps*.

Tabela 4. Genótipos de soja da Embrapa Trigo avaliados para resistência à podridão-radicular de *Phytophthora* em 2022.

Genótipo	Resistência completa	Possível gene <i>Rps</i> ⁽¹⁾	Resistência parcial (nota e tipo) ⁽²⁾	
BRR18-85940	R	1a/1c	3,67	MRP
BRR18-87870	R	1k	2,67	ARP
BRR18-91903	R	1a/1c	2,33	ARP
BRR18-92402	R	1a/1c	3,00	ARP
BRR18-93322	R	1k	2,67	ARP
BRR18-93455	R	1k	3,33	MRP
BRR18-95569	R	1k	3,33	MRP
BRR20-71292	R	1a/1c	2,33	ARP
BRR20-76689	R	1a/1c	3,00	ARP
BRR20-77668	R	1a/1c	4,00	MRP
BRR20-79354	S	-	-	-
PFR191372	R	1k	4,33	MRP
PFR191383	R	1k	3,33	MRP
PFR191395	R	1k	2,67	ARP
PFR191431	R	1a/1c	4,33	MRP
PFR191433	R	1a/1c	3,33	MRP
PFR191464	R	1k	4,00	MRP
PFR191471	R	1k	5,33	MS
PFR191472	R	1k	5,33	MS
PFR191508	R	1a/1c	3,33	MRP
PFR200036	R	1a/1c	5,00	MRP
PFR200037	R	1a/1c	4,67	MRP
PFR200147	R	1b	2,00	ARP
BRB17-240767	R	1a/1c	6,67	AS
BRB19-221211	R	1k	3,67	MRP
BRB19-223359	R	1k	4,00	MRP
BRB19-223990	R	1a/1c	4,00	MRP
BRB19-223991	R	1a/1c	3,67	MRP
BRB19-223995	R	1k	4,67	MRP

Continua...

Tabela 4. Continuação.

Genótipo	Resistência completa	Possível gene <i>Rps</i> ⁽¹⁾	Resistência parcial (nota e tipo) ⁽²⁾	
BRB19-223999	R	1k	3,67	MRP
BRB20-202038	R	1k	1,00	ARP
BRB20-202040	R	1k	3,33	MRP
BRB20-211617	R	1a/1c	3,00	ARP
BRB20-215647	S	-	-	-
BRB20-216033	S	-	-	-
BRB20-241121	S	-	-	-
BRB20-241627	R	3a/8	2,67	ARP
BRB20-244215	R	1k	4,67	MRP
BRDR20-30485	R	1a/1c	3,67	MRP
BRDR20-31506	R	1a/1c	1,67	ARP
BRDR20-31516	R	1a/1c	3,33	MRP
BRDR20-31760	R	1a/1c	3,33	MRP
BRDR20-33746	R	1a/1c	3,00	ARP
BRDR20-34403	R	1a/1c	3,67	MRP
BRDR20-37900	R	1a/1c	4,00	MRP
BRDR20-37909	R	1a/1c	4,00	MRP
BRDR20-37910	R	1a/1c	4,00	MRP
BRDR20-39321	R	1k	2,00	ARP
BRB15-237527	S	-	-	-

⁽¹⁾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).

⁽²⁾Avaliação de severidade de apodrecimento radicular com o patótipo Ps45 de *Phytophthora sojae* (vir *Rps1a*, 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 5. Genótipos de soja enviados pela Embrapa Soja para avaliação da reação à podridão-radicular de *Phytophthora*, em 2022.

Genótipo	Resistência completa	Possível gene <i>Rps</i> ⁽¹⁾	Resistência parcial (nota e tipo) ⁽²⁾	
BR17-7923	S	-	2,00	ARP
BR19-7714	S	-	2,00	ARP
BR20-40413	S	-	2,33	ARP
BR20-40473	S	-	2,33	ARP
BR20-20124	S	-	2,67	ARP
BR20-24657	S	-	3,33	MRP
BR20-25634	R	1a/1c	2,33	ARP
BR20-40400	R	1k	3,33	MRP
BRB17-227212	S	-	2,67	ARP
BRB18-234418	S	-	2,67	ARP
BRB18-227248	R	sem definição	2,33	ARP
BRB18-243877	S	-	4,67	MRP
BRR18-55089	R	1k	2,67	ARP
BRR19-65961	R	1a/1c	2,67	ARP
BRDR20-41474	R	3a	3,67	MRP
BRDR20-42075	I	-	2,00	ARP
BRDR20-42548	S	-	3,00	ARP
BRS 511	S	-	2,67	ARP
BMX FOCO (74I77 RSF IPRO)	S	-	1,00	ARP
DM 73I75IPRO	R	1k	1,00	ARP
AS 3680IPRO	R	1k	2,33	ARP
BMX Cargo (68IX67RSF I2X)	S	-	2,00	ARP
NEO 710IPRO*	S	-	2,00	ARP
BMX Tanque (74IX75RSF I2X)	R	1a/1c	2,67	ARP
AS3599XTD (5902XTD)	S	-	3,00	ARP
M6130 I2X	R	1k	2,33	ARP
BRS 573	S	-	2,00	ARP

Continua...

Tabela 5. Continuação.

Genótipo	Resistência completa	Possível gene <i>Rps</i> ⁽¹⁾	Resistência parcial (nota e tipo) ⁽²⁾
BRS 546	S	-	2,00 ARP
Result I2X	S	-	4,00 MRP
M6620 I2X 6601I2X	S	-	2,67 ARP

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

⁽²⁾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.

Identificação de resistência parcial: este teste foi realizado em 74 genótipos (todos da Embrapa Soja e os com resistência completa da Embrapa Trigo), utilizando-se o patótipo Ps45 (vir 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8) inoculado pelo método de camada de micélio do patógeno posicionado abaixo das sementes (Dorrance et al., 2003; Costamilan; Clebsch, 2016). Prepararam-se três potes por genótipo, 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 de escala de notas: (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 as plantas mortas. Os genótipos foram classificados como de alta resistência parcial (ARP, nota média até 3,0), de moderada resistência parcial (MRP, nota média entre 3,1 e 5,0), de moderada suscetibilidade (MS, nota média entre 5,1 e 6,0) e de alta suscetibilidade (AS, nota média igual ou superior a 6,1) (Dorrance et al., 2003).

Entre os genótipos (Tabelas 4 e 5), observou-se que 14 genótipos da Embrapa Trigo e 25 genótipos da Embrapa Soja destacaram-se pela alta resistência parcial.

Assim, constata-se que há linhagens de soja do programa da Embrapa, além de cultivares comerciais, com resistência genética tanto completa (pela contribuição dos genes *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1b*, *Rps1k*, *Rps3a* ou *Rps8*) quanto 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, como *Rps3b*, para serem inseridas em futuros cruzamentos.

Referências

- BATISTA, I. C. A.; SILVA, M. P. C.; SILVA JUNIOR, A. L.; GONZALEZ, M. P.; CAMARGO, M. P.; FIGUEIREDO, A.; HORA JUNIOR, B. T.; MIZUBUTI, E. S. G. A shift in pathotype diversity and complexity of *Phytophthora sojae* in Brazil. **Plant Disease**, Dec. 2022. First look. DOI: doi.org/10.1094/PDIS-11-22-2558-SC.
- 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, 163). 31 p. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/151335/1/ID43845-2016DO163.pdf>. Acesso em: 15 fev. 2023.
- 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. Disponível em: <https://www.plantiodireto.com.br/artigos/134>. Acesso em: 15 fev. 2023.
- 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.
- GRIJALBA, P. E.; RIDAO, A. DEL C.; GUILLIN, E.; STECIOW, M. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* in the southeast of the Province of Buenos Aires. **Tropical Plant Pathology**, v. 45, p. 397-401, June 2020. DOI: doi.org/10.1007/s40858-020-00364-7.

MCCOY, A. G.; NOEL, Z. A.; JACOBS, J. L.; CLOUSE, K. M.; CHILVERS, M. I. *Phytophthora sojae* pathotype distribution and fungicide sensitivity in Michigan. **Plant Disease**, v. 106, n. 2, p. 425-431, Feb. 2022. DOI: doi.org/10.1094/PDIS-03-21-0443-RE.

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/PHYTO-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.

TREMBLAY, V.; MCLAREN, D. L.; KIM, Y. M.; STRELKOV, S. E.; CONNER, R. L.; WALLY, O.; BÉLANGER, R. R. Molecular assessment of pathotype diversity of *Phytophthora sojae* in Canada highlights declining sources of resistance in soybean. **Plant Disease**, v. 105, p. 4006-4013, Dec. 2021. DOI: doi/10.1094/PDIS-04-21-0762-RE.

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”.

Embrapa Trigo

Rodovia BR-285, Km 294

Caixa Postal 78

99050-970 Passo Fundo, RS

Telefone: (54) 3316-5800

<http://www.embrapa.br/fale-conosco>**1ª edição**

Publicação digital (2023): PDF

Comitê Local de Publicações

Presidente

Leila Maria Costamilan

Vice-Presidente

Ana Lúcia Variani Bonato

Secretária

Marialba Osorski dos Santos

Membros

Elene Yamazaki Lau, Fabiano Daniel De

Bona, João Leodato Nunes Maciel, Maria

Imaculada Pontes Moreira Lima, Martha

Zavariz de Miranda, Sirio Wiethölter

Normalização bibliográfica

Graciela O. 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

**MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA**