

Passo Fundo, RS / Março, 2024

OBJETIVOS DE DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL



## Resistência a *Phytophthora sojae* em genótipos de soja da Embrapa em 2023

Leila Maria Costamilan<sup>(1)</sup>, Paulo Fernando Bertagnolli<sup>(1)</sup>, Carlos Lásaro Pereira de Melo<sup>(2)</sup>, Ana Claudia Barneche de Oliveira<sup>(3)</sup> e Cláudia Cristina Clebsch<sup>(4)</sup>

<sup>(1)</sup> Pesquisadores, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. <sup>(2)</sup> Pesquisador, Embrapa Soja, Londrina, PR.

<sup>(3)</sup> Pesquisadora, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. <sup>(4)</sup> Analista, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

**Resumo** – A podridão-radicular de *Phytophthora* em soja, causada por *Phytophthora sojae*, ocorre principalmente no Sul do Brasil, levando à morte de plantas. O controle da doença é baseado em resistência genética. Os objetivos deste trabalho foram identificar genótipos de soja resistentes à doença, e determinar genes de resistência completa *Rps* e níveis de resistência parcial. Os testes foram realizados em casa de vegetação na Embrapa Trigo, em Passo Fundo, RS, em 2023. Linhagens em pré-seleção (total de 333) foram testadas pelo método do palito de dente colonizado, enquanto linhagens avançadas e genótipos (total de 56) foram avaliados para resistência completa pela injeção de micélio no hipocótilo, e para resistência parcial, pela camada de micélio abaixo das sementes. Na pré-seleção, 56,7% das linhagens foram resistentes e 38,0%, suscetíveis. Da Embrapa Trigo, dez linhagens apresentaram o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*; seis, o gene *Rps1k*; e, em um genótipo, não foi possível a identificação do gene *Rps*. Da Embrapa Soja, em 13 genótipos não foi possível a identificação de *Rps*; em 13, foram postulados *Rps1a* e/ou *Rps1c*; e, em quatro, *Rps1k*. Da Embrapa Clima Temperado, um genótipo foi postulado com *Rps1a* e/ou *Rps1c*; um com *Rps1k* ou *Rps3b*, e em quatro, não foi possível a identificação. Em relação à resistência parcial, 13 genótipos da Embrapa Trigo, 23 da Embrapa Soja e 5 da Embrapa Clima Temperado se destacaram pela ocorrência de alto nível de resistência parcial. Há genótipos de soja do programa da Embrapa com resistência genética completa à *P. sojae* (devida aos genes *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k*) e com resistência genética parcial.

**Termos para indexação:** *Glycine max*, podridão-radicular de *Phytophthora*, genes *Rps*, resistência parcial.

## Resistance to *Phytophthora sojae* in Embrapa soybean genotypes in 2023

**Abstract** – *Phytophthora* root rot in soybeans, caused by *Phytophthora sojae*, occurs mainly in Southern Brazil, leading to the death of plants. Disease control is based on genetic resistance. The objectives of this work were to identify soybean genotypes resistant to the disease, and determine *Rps* complete resistance genes and partial resistance levels. The tests were carried out in a greenhouse at Embrapa Trigo, in Passo Fundo, RS, in 2023.

**Embrapa Trigo**  
Rodovia BR-285, km 294  
Caixa Postal 78  
99050-970 Passo Fundo, RS  
www.embrapa.br/trigo  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

Leila Maria Costamilan

Secretária

Marialba Osorski dos Santos

Membros

Alberto Luiz Marsaro Júnior,  
Eliana Maria Guarienti (vice-presidente), João Leodato Nunes Maciel, João Leonardo Fernandes Pires, Joaquim Soares Sobrinho, Jorge Alberto de Gouvêa, Martha Zavariz de Miranda e Sirio Wiethölter

Normalização bibliográfica

Graciela Olivella Oliveira  
(CRB-10/1434)

Projeto gráfico

Leandro Sousa Fazio

Diagramação

Márcia Barrocas Moreira Pimentel

Publicação digital: PDF

Todos os direitos reservados à Embrapa.

Lineages in pre-selection (333 in total) were tested using the colonized toothpick method. Advanced lineages and genotypes (56 in total) were evaluated for complete resistance by injecting mycelium into the hypocotyl, and for partial resistance, by the mycelium layer beneath the seeds. In the pre-selection, 56.7% of the lineages were resistant and 38.0% were susceptible. From Embrapa Trigo, ten lineages presented the *Rps1a* and/or *Rps1c* gene; six, the *Rps1k* gene; and, in one genotype, it was not possible to identify the *Rps* gene. From Embrapa Soja, it was not possible to identify *Rps* genes in 13 genotypes; in 13, *Rps1a* and/or *Rps1c* were postulated; and, in four, *Rps1k*. From Embrapa Clima Temperado, a genotype was postulated with *Rps1a* and/or *Rps1c*; one with *Rps1k* or *Rps3b*, and in four, identification was not possible. In relation to partial resistance, 13 genotypes from Embrapa Trigo, 23 from Embrapa Soja and 5 from Embrapa Clima Temperado stood out for the occurrence of a high level of partial resistance. There are soybean genotypes from the Embrapa program with complete genetic resistance to *P. sojae* (due to the *Rps1a*, *Rps1c* and *Rps1k* genes), as well as partial genetic resistance.

**Index terms:** *Glycine max*, *Phytophthora* root and stem rot, *Rps* genes, partial resistance.

## Introdução

A podridão-radicar 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. As perdas econômicas ocorrem, principalmente, pela necessidade de ressemeaduras durante o período de emergência. Os sintomas da podridão-radicar de *Phytophthora* 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 (Figura 1).

O controle da doença através da resistência genética pode ser de três formas: resistência completa ou raça-específica (genes *Rps* no hospedeiro), resistência completa que só se manifesta em raízes (apenas mediada pelo gene *Rps2*) e resistência parcial ou de campo.

Todos os genes *Rps* 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). Atualmente, 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); entretanto, nos anos 2020 e 2021, constatou-se mudança neste perfil de virulência, com a maior efetividade de *Rps3b*, o decréscimo de efetividade de *Rps1b*, *1k*, *3a* e *8*, e a manutenção de *Rps1a* e *1c* como os mais efetivos. Especialmente a população brasileira do patógeno parece ser muito variável, com maior complexidade e com maior velocidade em mudanças na avirulência do *pool* gênico (Batista et al., 2022).

Foto: Leila Maria Costamilan



**Figura 1.** Planta de soja com sintoma de podridão-radicar de *Phytophthora*, causada por *Phytophthora sojae*.

A resistência parcial, por sua vez, 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 oósporos 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, e mais suscetível a alterações e acarretando, consequentemente, na perda de resistência de cultivares (Mideros et al., 2007; Schmitthenner; Dorrance, 2015).

Populações do patógeno coletadas em 2018 e em 2019 em municípios do Rio Grande do Sul causaram morte de plântulas de cultivares comerciais de soja lançadas com resistência completa, 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 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 Objetivo de Desenvolvimento Sustentável 2 (ODS 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.

## Material e métodos

### Rotina de pré-seleção dos patotipos

Inicialmente, todos os patotipos a serem utilizados (Tabela 1) foram recuperados do armazenamento em nitrogênio líquido no Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Trigo e individualmente inoculados (pelo método da injeção de micélio no hipocótilo) em linhagens de soja da série diferencial de genes *Rps*. Os patotipos Ps26.3 e Ps45 foram inoculados na série diferencial completa: *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *3a*, *3b*, *3c*, *4*, *5*, *6*, *7* e *8*; e os patotipos R4, Ps14.4 e Ps36.1 nas linhagens com os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k* e *3b*. A cultivar BRS 268 foi utilizada como testemunha suscetível (Tabela 2).

Todos os testes foram realizados em casa de vegetação na Embrapa Trigo, em Passo Fundo, RS, em 2023.

**Tabela 1.** Patotipos de *Phytophthora sojae* utilizados na Embrapa Trigo em 2023 para seleção de resistência em genótipos de soja à podridão-radicular de *Phytophthora*.

Patotipo	Gene <i>Rps</i> efetivo (reação de resistência)	Gene <i>Rps</i> inefetivo (reação de suscetibilidade)
Ps26.3 <sup>(1)</sup>	<i>1a</i> , <i>1b</i> , <i>1c</i> , <i>1k</i> , <i>3b</i>	<i>1d</i> , <i>3a</i> , <i>3c</i> , <i>4</i> , <i>5</i> , <i>6</i> , <i>7</i> , <i>8</i>
R4 <sup>(2)</sup>	<i>1b</i> , <i>1k</i> , <i>3a</i> , <i>8</i>	<i>1a</i> , <i>1c</i>
Ps14.4 <sup>(2)</sup>	<i>1a</i> , <i>1b</i> , <i>1c</i> , <i>1k</i>	<i>3a</i> , <i>8</i>
Ps36.1 <sup>(2)</sup>	<i>1a</i> , <i>1c</i> , <i>1k</i>	<i>1b</i> , <i>3a</i> , <i>8</i>
Ps45 <sup>(1)</sup>	<i>3b</i> , <i>3c</i> , <i>6</i> , <i>8</i>	<i>1a</i> , <i>1b</i> , <i>1c</i> , <i>1d</i> , <i>1k</i> , <i>3a</i> , <i>4</i> , <i>5</i> , <i>7</i>

<sup>(1)</sup> Patotipo testado na série diferencial completa (conforme Tabela 2).

<sup>(2)</sup> Patotipo testado nas linhagens da série diferencial com os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k*, *3b* e *8*.

**Tabela 2.** Série diferencial de cultivares ou linhagens de soja contendo genes *Rps* de resistência à *Phytophthora sojae*, usada na Embrapa Trigo para confirmação de virulência de patotipos.

Gene	Genótipo de soja	Fonte do gene <i>Rps</i>
<i>rps</i> (suscetível)	BRS 268	-
<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: Dorrance et al. (2004).

## Identificação de genes

Para a avaliação da reação de linhagens em fase inicial de seleção pela Embrapa Trigo, doze sementes de cada genótipo foram semeadas em substrato agrícola (terra vegetal) em potes plásticos de 500 mL, preparando-se um pote por genótipo. Utilizou-se o patotipo Ps26.3 (vir. *Rps1d*, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), que auxilia na identificação de linhagens resistentes aos genes *Rps1a*, 1b, 1c, 1k e 3b, efetivos à maioria dos isolados de *P. sojae* identificados no Brasil (Batista et al., 2022). No mesmo dia da semeadura, colônias de Ps26.3 foram repicadas para meio de cultura de manutenção contendo pontas de palitos de dentes montadas, na vertical, sobre base de papel (Costamilan; Clebsch, 2016). As placas foram mantidas em sala de incubação, em temperatura de 25 °C ± 3 °C durante 14 dias. A inoculação ocorreu 14 dias após a semeadura, inserindo-se uma ponta de palito no hipocótilo de cada plântula (Figura 2), mantendo-se dez plantas por vaso. A cultivar BRS 268 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 de 5 a 7 dias após a inoculação, calculando-se a porcentagem de plantas mortas, por linhagem, adotando-se a seguinte escala de reação: resistente (R, até 30% de plantas mortas), intermediário (I, entre 31% e 69% de plantas mortas), ou suscetível (S, igual ou superior a 70% de plantas mortas).

Foto: Leila Maria Costamilan



**Figura 2.** Plântula de soja inoculada com micélio de *Phytophthora sojae* pela técnica do palito de dente, apresentando reação de suscetibilidade.

## Identificação de genes *Rps* (resistência completa)

Este ensaio foi realizado com 17 genótipos da Embrapa Trigo, 30 da Embrapa Soja e 6 da Embrapa Clima Temperado. Foram preparados dez potes plásticos de 500 mL com substrato vegetal para

cada genótipo de soja, sendo dois potes para cada patotipo de *P. sojae* (Ps26.3, R4, Ps14.4, Ps36.1 e Ps45), 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 e 3b, além da testemunha suscetível, para fins de comparação de reação e consequente postulação da presença dos genes indicados, que seguiu o 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 em 2023.

Gene <i>Rps</i> postulado	Patotipo de <i>Phytophthora sojae</i> <sup>(1)</sup> e reação				
	Ps26.3	R4	Ps14.4	Ps36.1	Ps45
1a e/ou 1c	R <sup>(2)</sup>	S <sup>(3)</sup>	R	R	S
1b	R	R	R	S	S
1k	R	R	R	R	S
3b	R	R	R	R	R

<sup>(1)</sup> Ps26.3 (vir *Rps1d*, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), R4 (vir *Rps1a*, 1c), Ps14.4 (vir *Rps3a*, 8), Ps36.1 (vir *Rps1b*, 3a, 8) e Ps45 (vir *Rps1a*, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 4, 5, 7).

<sup>(2)</sup> R = Reação de resistência (até 30% de plântulas mortas);

<sup>(3)</sup> S = reação de suscetibilidade (igual ou superior a 70% de plântulas mortas).

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 (Figura 3). 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 de 5 a 7 dias após a inoculação, considerando-se resistente o genótipo com reação de até 30% de plântulas mortas, e suscetível, com número de plântulas mortas igual ou superior a 70% (Costamilan; Clebsch, 2016).

Foto: Leila Maria Costamilan



**Figura 3.** Inoculação de plântula de soja com macerado de micélio de *Phytophthora sojae* pela técnica da injeção no hipocótilo.

### Identificação de resistência parcial

Este teste foi realizado utilizando-se o patotipo Ps45 (vir. *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *3a*, *4*, *5*, *7*), 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, também com cinco sementes, não foi colocada a camada de inóculo, para servir como padrão de sanidade de raízes (testemunha). 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 as 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).

### Resultados e discussão

Entre as 333 linhagens em fase inicial de seleção na Embrapa Trigo, avaliadas pelo método do palito de dente inserido no hipocótilo com o patotipo Ps26.3, 56,7% foram consideradas resistentes, 5,0% tiveram reação intermediária e 38,0% foram

classificadas como suscetíveis. Foram mantidos, no programa de melhoramento genético, os materiais que apresentaram até 30% de plantas mortas.

Como foram testados com o patotipo Ps26.3, postula-se que os genótipos resistentes poderiam conter os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k* ou *3b* atuando para a resistência completa. Assim, das 17 linhagens de soja da Embrapa Trigo (Tabela 4), dez foram caracterizadas como contendo o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*, seis com o gene *Rps1k* e, em um genótipo, não foi possível determinar a origem da resistência completa. Dos 30 genótipos da Embrapa Soja, 13 apresentaram reação suscetível ao patotipo Ps26.3 (o que impediu a identificação do gene *Rps* com a sequência de patotipos utilizada neste ensaio), 13 foram postulados com *Rps1a* e/ou *Rps1c*, e quatro com *Rps1k*. Dos seis genótipos da Embrapa Clima Temperado, um foi postulado com o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*, um com possível *Rps1k* ou *Rps3b* (a falta de sementes impediu a identificação final entre estes genes), e os quatro restantes apresentaram reação suscetível ao patotipo Ps26.3 (novamente impedindo a identificação do gene *Rps*).

Em relação à resistência parcial, entre os genótipos apresentados na Tabela 4, observou-se que 13 genótipos da Embrapa Trigo, 23 da Embrapa Soja e 5 da Embrapa Clima Temperado se destacaram pela ocorrência de alto nível de resistência parcial.

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 (principalmente 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.

**Tabela 4.** Reação de genótipos de soja da Embrapa para resistência à podridão-radicular de *Phytophthora*, em 2023.

Genótipo	Origem	Resistência completa (possível gene <i>Rps</i> ) <sup>(1)</sup>	Nota	Resistência parcial
				Classificação <sup>(2)</sup>
BRR18-87870	Embrapa Trigo	1k	2,7	ARP
BRR18-91903	Embrapa Trigo	1a/1c	3,0	ARP
BRR18-92402	Embrapa Trigo	1a/1c	3,3	MRP
BRR18-93455	Embrapa Trigo	1k	2,0	ARP
PFR191383	Embrapa Trigo	1k	3,3	MRP
PFR191395	Embrapa Trigo	1k	2,7	ARP
PFR191433	Embrapa Trigo	1a/1c	2,7	ARP
PFR191464	Embrapa Trigo	1k	3,0	ARP
PFR191508	Embrapa Trigo	1a/1c	3,0	ARP
BRB19-221211	Embrapa Trigo	1k	3,3	MRP
BRB19-223991	Embrapa Trigo	1a/1c	2,7	ARP

Continua...

Tabela 4. Continuação.

Genótipo	Origem	Resistência completa (possível gene <i>Rps</i> ) <sup>(1)</sup>	Nota	Resistência parcial
				Classificação <sup>(2)</sup>
BRB20-211617	Embrapa Trigo	1a/1c	3,0	ARP
BRB20-241627	Embrapa Trigo	Não identificado <sup>(3)</sup>	3,3	MRP
BRDR20-34403	Embrapa Trigo	1a/1c	2,3	ARP
BRDR20-37900	Embrapa Trigo	1a/1c	2,3	ARP
BRDR20-37909	Embrapa Trigo	1a/1c	3,0	ARP
BRDR20-37910	Embrapa Trigo	1a/1c	2,3	ARP
BRDR20-37169	Embrapa Soja	1a/1c	3,0	ARP
BRDB21-40985	Embrapa Soja	1a/1c	3,3	MRP
BRDB21-41815	Embrapa Soja	1a/1c	3,0	ARP
BRDB21-40768	Embrapa Soja	1k	4,3	MRP
BRB20-9097RT	Embrapa Soja	1k	3,0	ARP
BRDB21-40220	Embrapa Soja	Não identificado	4,0	MRP
BRDB21-40005	Embrapa Soja	Nenhum testado <sup>(4)</sup>	3,0	ARP
BRDB21-41844	Embrapa Soja	1a/1c	2,7	ARP
BRDB21-40625	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
BRDB21-40018	Embrapa Soja	1a/1c	3,7	MRP
BRDB21-40956	Embrapa Soja	1a/1c	2,3	ARP
BRDB21-41845	Embrapa Soja	1a/1c	3,0	ARP
BRDB21-41788	Embrapa Soja	Nenhum testado	4,3	MRP
BRB19-218401	Embrapa Soja	1a/1c	2,7	ARP
BRB19-206991	Embrapa Soja	1k	2,7	ARP
BRB19-223132	Embrapa Soja	1a/1c	2,0	ARP
BRB20-901549RT	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,3	ARP
BRB19-219569	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
BR20-24994	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
BR20-20124	Embrapa Soja	Nenhum testado	3,0	ARP
BR20-25634	Embrapa Soja	1a/1c	2,7	ARP
BRI20-11743	Embrapa Soja	1k	3,3	MRP
BR20-24673	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,0	ARP
BR20-25657	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
BR18-8685	Embrapa Soja	Nenhum testado	4,0	MRP
DM 54IX57 RFS I2X	Embrapa Soja	1a/1c	2,0	ARP
AS3606I2X	Embrapa Soja	1a/1c	3,0	ARP
M5939I2X	Embrapa Soja	1a/1c	2,0	ARP
M5997I2X	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,0	ARP
M6404XTD	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
PELBR17-46-HP	Embrapa Clima Temperado	Nenhum testado	2,3	ARP
PELBR-10-6049 HMC	Embrapa Clima Temperado	Nenhum testado	2,7	ARP
PELBR 17-122	Embrapa Clima Temperado	Nenhum testado	1,0	ARP
PELBR 17-41	Embrapa Clima Temperado	1k/3b	2,7	ARP
PELBR 17-156	Embrapa Clima Temperado	Não identificado	1,7	ARP
PELBR 19-23C	Embrapa Clima Temperado	1a/1c	3,7	MRP

<sup>(1)</sup> Avaliação com inoculação na haste dos patótipos de *Phytophthora sojae*: Ps2.4 (vir *Rps1d*, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), Ps14.4 (vir *Rps1d*, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 7, 8), R4 (vir *Rps1a*, 1c, 1d, 7) e Ps36.1 (vir *Rps1b*, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8).

<sup>(2)</sup> 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.

<sup>(3)</sup> Gene *Rps* não identificado: genótipo apresentou resultados de resistência e de suscetibilidade diferentes dos padrões estabelecidos para postulação de gene *Rps*.

<sup>(4)</sup> Nenhum gene *Rps* testado: genótipo apresentou reação suscetível a todos os patótipos de *P. sojae* utilizados no ensaio.

## Conclusão

Constata-se que há linhagens de soja do programa da Embrapa, além de cultivares comerciais, com resistência genética completa à *Phytophthora sojae* (pela contribuição dos genes *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k*), além de alto nível de resistência parcial.

## 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.
- 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/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.
- 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".