

Passo Fundo, RS / Fevereiro, 2026



## Resistência a *Phytophthora sojae* em genótipos de soja da Embrapa, em 2025

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

<sup>(1)</sup> Pesquisadores, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. <sup>(2)</sup> Pesquisador, Embrapa Soja, Londrina, PR. <sup>(3)</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 da Embrapa resistentes à doença pela ação de genes *Rps* (resistência completa) e níveis de resistência parcial. Os testes foram realizados em casa de vegetação na Embrapa Trigo, em Passo Fundo, RS, em 2025. Linhagens em pré-seleção (total de 2.046) e linhagens avançadas e cultivares (total de 57) foram testadas pelo método do palito de dente colonizado pelo micélio do patógeno, para resistência completa, e pela camada de micélio, para resistência parcial. Na pré-seleção, 78% das linhagens foram resistentes. Na caracterização de linhagens avançadas e cultivares da Embrapa Trigo, 19 apresentaram o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*; 19 genótipos apresentaram o gene *Rps1k*, e cinco genótipos não apresentaram resistência completa. Entre os genótipos da Embrapa Soja, em três foram postulados *Rps1a* e/ou *Rps1c*, em oito, o *Rps1k*, em dois, o *Rps3a*, e em um, o *Rps3b*. Vinte e três genótipos destacaram-se pela ocorrência de resistência completa, conferida pelos genes *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k*, *Rps3a* ou *Rps3b*, associada a elevados níveis de resistência parcial.

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

## Resistance to *Phytophthora sojae* in Embrapa soybean genotypes, in 2025

**Abstract** — *Phytophthora* root rot of soybean, caused by *Phytophthora sojae*, occurs mainly in southern Brazil and leads to plant death. Disease management relies primarily on genetic resistance. This study aimed to identify Embrapa soybean genotypes carrying *Rps* genes that confer complete resistance, as well as differing levels of partial resistance. Experiments were conducted in a greenhouse at Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brazil, in 2025. Pre-breeding lines (2,046 total) and advanced lines and cultivars (57 total) were evaluated using the toothpick assay colonized by the pathogen mycelium for complete resistance, and the mycelial layer test for partial resistance. In the pre-breeding set, 78% of the lines were resistant. Among advanced lines

**Embrapa Trigo**  
Rodovia BR-285, km 294  
Caixa Postal 78  
99022-100 Passo Fundo, RS  
www.embrapa.br/trigo  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

Daniel Augusto Schurt

Membros

Alaerto Luiz Marcolan, Alexandre  
Ferreira do Nascimento, Alvadi  
Antonio Balbinot Junior, Gilberto  
Rocca da Cunha, João Leonardo  
Fernandes Pires, Jorge Alberto  
de Gouvêa, Joseani Mesquita  
Antunes e Sandra Maria Mansur  
Scagliusi

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.

and cultivars from Embrapa Trigo, 19 carried *Rps1a* and/or *Rps1c*; 19 genotypes carried *Rps1k*; and five genotypes lacked complete resistance. Among Embrapa Soja genotypes, *Rps1a* and/or *Rps1c* were postulated in three, *Rps1k* in eight, *Rps3a* in two, and *Rps3b* in one genotype. Twenty-three genotypes stood out for the occurrence of complete resistance, due to the *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k*, *Rps3a*, or *Rps3b* genes, combined with high levels of partial resistance.

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

## Introdução

A podridão radicular de *Phytophthora* em soja (*Glycine max*), causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae*, pode afetar as plantas desde a pré-emergência até a fase adulta, levando ao apodrecimento de raízes e à seca e morte das plantas. O sintoma característico é a coloração marrom-escura da haste, desde o solo, que progride para hastes laterais e para o topo da planta. Chuvas após a semeadura favorecem o desenvolvimento da doença, levando à ressemeadura ou a falhas de estande final. A doença ocorre, principalmente, na Região Sul do Brasil.

A melhor forma de controle é através do uso de cultivares resistentes (pela ação de genes *Rps* efetivos) e com média a alta tolerância parcial (pela ação de genes menores, ou QTLs), além da aplicação nas sementes de fungicidas específicos para oomicetos (Dorrance et al., 2003).

O controle da doença através da resistência genética pode ocorrer de três formas: pela ação da resistência completa ou raça-específica (genes *Rps* no hospedeiro), pela resistência completa que só se manifesta em raízes (mediada pelo gene *Rps2*) e pela resistência parcial ou de campo (Schmitthenner; Dorrance, 2015).

A resistência completa, embora altamente eficaz, é específica à população de *P. sojae* presente no solo, sendo mais suscetível a alterações e acarretando, consequentemente, na perda de resistência de cultivares (Mideros et al., 2007; Schmitthenner; Dorrance, 2015).

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).

No Brasil, em 2013, os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1k*, *3a* e *8* eram eficientes para a maioria das populações de *P. sojae* (Costamilan et al., 2013). Entretanto, nos anos 2020 e 2021, constatou-se mudança neste perfil de virulência, com maior efetividade de *Rps3b*, decréscimo de efetividade de *Rps1b*, *Rps1k*, *Rps3a* e *Rps8* e manutenção de *Rps1a* e *Rps1c* como os mais efetivos (Batista et al., 2023). Populações do patógeno coletadas em 2018 e 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). Recentemente, McCoy et al. (2023), analisando populações de *P. sojae* nos Estados Unidos, na Argentina e no Canadá, relataram perda de efetividade de *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k* (os genes mais utilizados no Brasil), alertando para a alta pressão de seleção exercida por cultivares resistentes e para a necessidade de introdução de genes mais efetivos, como *Rps3a*, *Rps6* e *Rps11*.

A resistência parcial apresenta a vantagem de ser efetiva a todos os patótipos de *P. sojae*. 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. Porém, só é funcional a partir da formação do primeiro trifólio; até este estágio, o tratamento de sementes com produtos específicos, como metalaxil/mefenoxam, etaboxam, oxatiapiprolina ou picarbutrazox, controla a infecção das plântulas (McCoy et al., 2023).

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.

Os objetivos deste trabalho foram identificar genótipos de soja, do programa de melhoramento genético da Embrapa em 2025, 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.

Material e métodos

1. Rotina de pré-seleção dos patotipos

Todos os testes foram realizados em casa de vegetação na Embrapa Trigo, em Passo Fundo, RS, entre maio e novembro de 2025.

Os patotipos de *P. sojae* utilizados (Tabela 1) foram recuperados do armazenamento em nitrogênio líquido no Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Trigo, e individualmente inoculados (pelo método da ponta de palito colonizada) em linhagens de soja da série diferencial de genes *Rps*: 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7 e 8. A cultivar BRS 244RR foi utilizada como testemunha suscetível (Tabela 2).

**Tabela 1.** Patotipos de *Phytophthora sojae* utilizados na Embrapa Trigo em 2025 para seleção de resistência em genótipos de soja à podridão radicular de *Phytophthora*.

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

<sup>(1)</sup> Testado na série diferencial padrão (conforme Tabela 2).

**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 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: Dorrance et al. (2004).

2. Identificação de genes

Para a avaliação da reação de linhagens em fase inicial de seleção pela Embrapa Trigo, 12 sementes de cada genótipo foram semeadas em substrato agrícola (terra vegetal) em potes plásticos com capacidade para 500 mL, preparando-se um pote por genótipo. Utilizou-se o patotipo Ps26.3 (vir. *Rps1d*, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8) para identificar linhagens resistentes aos genes *Rps1a*, 1b, 1c, 1k e 3b, efetivos à maioria dos isolados de *P. sojae* identificados no Brasil (Batista et al., 2023). 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 ± 3 °C durante 14 dias. A inoculação ocorreu 14 dias após a semeadura, inserindo-se uma ponta de palito no hipocótilo de cada plântula, mantendo-se dez plantas por vaso. Os vasos foram mantidos por 48 horas em alta umidade relativa, com nebulização de água por 30 segundos a cada 3 minutos. A leitura da reação ocorreu de cinco a sete dias após a inoculação (Figura 1), 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 1.** Teste de resistência completa de genótipos de soja à podridão radicular de *Phytophthora*, através de inserção de ponta de palito colonizada por *Phytophthora sojae* no hipocótilo das plantas.

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

Este ensaio foi realizado em 43 genótipos da Embrapa Trigo e em 14 genótipos da Embrapa Soja. Foram preparados dez potes plásticos, com capacidade para 500 mL com substrato vegetal, para cada genótipo de soja, com dez 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 *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 2025.

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

<sup>(1)</sup> Ps26.3 (vir. *Rps1d*, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), R4 (vir. *Rps1a*, 1c, 1d, 7), Ps36.1 (vir. *Rps1b*, 1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8) e Ps45 (vir. 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 4, 5, 7).

<sup>(2)</sup> R = Reação de resistência (até 30% de plântulas mortas); 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 ponta de palito colonizada pelo micélio de *P. sojae*, 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 de cinco a sete 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).

### 4. Identificação de resistência parcial

Utilizou-se o patotipo Ps45 (vir. *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *3a*, 4, 5, 7), inoculado pelo método de camada de micélio do patógeno (Figura 2) 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, as sementes foram semeadas sobre vermiculita, para servir como padrão de sanidade de raízes (testemunha). As sementes foram recobertas por camada de substrato vegetal de, aproximadamente, 2 cm. 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).



**Figura 2.** Teste de resistência parcial de genótipos de soja à podridão radicular de *Phytophthora*, através da inoculação com camada de micélio de *Phytophthora sojae*.

### Resultados e discussão

Entre as 2.046 linhagens em fase inicial de seleção na Embrapa Trigo, avaliadas pelo método do palito de dente inserido no hipocótilo com o patotipo Ps26.3, 78% foram consideradas resistentes, 4% tiveram reação intermediária, e 18% 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 patótipo 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 43 linhagens de soja em ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) da Embrapa Trigo, 19 foram caracterizadas como contendo o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*, 19 com o gene *Rps1k*, e cinco apresentaram suscetibilidade a todos os patótipos testados. Dos 14 genótipos da Embrapa Soja, três foram caracterizados com o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*, oito com o gene *Rps1k*, um com o gene *Rps3b* e dois com o gene *Rps3a* (Tabela 4).

Entre os materiais, observou-se que 23 genótipos (40%) se destacaram pela ocorrência de altos

níveis de resistência parcial, sendo os 34 restantes classificados com moderada resistência parcial.

Em decorrência do aumento da diversidade e da complexidade de isolados de *P. sojae*, torna-se necessária a incorporação de novos genes *Rps* efetivos. A base genética para resistência completa observada nas linhagens da Embrapa, atribuída principalmente à presença dos genes *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k* pode ser considerada estreita. Este cenário indica a necessidade de que programas de melhoramento genético busquem e integrem outras fontes de resistência, como o gene *Rps3b*, visando a sua utilização em futuros cruzamentos.

**Tabela 4.** Reação de genótipos de soja da Embrapa para resistência completa e parcial à podridão radicular de *Phytophthora*, em 2025.

| Genótipo       | Origem        | Resistência completa<br>(possível gene <i>Rps</i> ) <sup>(1)</sup> | Resistência parcial |                              |
|----------------|---------------|--------------------------------------------------------------------|---------------------|------------------------------|
|                |               |                                                                    | Nota                | Classificação <sup>(2)</sup> |
| BRB22-277804   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 4,7                 | MRP                          |
| BRB23-280522   | Embrapa Trigo | sem <i>Rps</i> <sup>(3)</sup>                                      | 4,0                 | MRP                          |
| BRB23-282581   | Embrapa Trigo | sem <i>Rps</i>                                                     | 4,3                 | MRP                          |
| BRB23-282667   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 4,0                 | MRP                          |
| BRB23-280592   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 4,0                 | MRP                          |
| BRB23-285905   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 4,0                 | MRP                          |
| BRB23-287737   | Embrapa Trigo | sem <i>Rps</i>                                                     | 3,3                 | MRP                          |
| BRB23-287740   | Embrapa Trigo | sem <i>Rps</i>                                                     | 4,0                 | MRP                          |
| BRB23-285568   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,7                 | MRP                          |
| BRB23-293078   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,7                 | MRP                          |
| BRB23-293819   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,3                 | MRP                          |
| BRB23-293071   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,7                 | MRP                          |
| BRB23-295000   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,0                 | ARP                          |
| BRB23-293073   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,7                 | MRP                          |
| BRB23-293085   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,3                 | MRP                          |
| BRB22 - 261100 | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 4,7                 | MRP                          |
| BRB22 - 262441 | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,3                 | MRP                          |
| BRB22 - 265261 | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 4,0                 | MRP                          |
| BRB22 - 269433 | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 4,3                 | MRP                          |
| BRB22 - 269798 | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| BRB22 - 271884 | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,0                 | ARP                          |
| BRDB21- 41003  | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,3                 | MRP                          |
| BRDB21- 41822  | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,7                 | MRP                          |
| BRDB23-300239  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,3                 | MRP                          |
| BRDB23-300283  | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,0                 | ARP                          |
| BRDB23-300475  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,3                 | MRP                          |
| BRDB23-300702  | Embrapa Trigo | sem <i>Rps</i>                                                     | 3,3                 | MRP                          |
| BRDB23-301259  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 2,5                 | ARP                          |
| BRDB23-301300  | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,3                 | MRP                          |

Continua...

Tabela 4. Continuação.

| Genótipo       | Origem        | Resistência completa<br>(possível gene <i>Rps</i> ) <sup>(1)</sup> | Resistência parcial |                              |
|----------------|---------------|--------------------------------------------------------------------|---------------------|------------------------------|
|                |               |                                                                    | Nota                | Classificação <sup>(2)</sup> |
| BRDB23-301386  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| BRDB23-301774  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,0                 | ARP                          |
| BRDB23-301775  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| BRDB23-301898  | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 2,7                 | ARP                          |
| BRDB23-301973  | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,0                 | ARP                          |
| BRDR22- 6461   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,0                 | ARP                          |
| BRDR22- 8771   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 3,7                 | MRP                          |
| BRDR23-50395   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,0                 | ARP                          |
| BRDR23-51152   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 2,0                 | ARP                          |
| BRDR23-53089   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,0                 | ARP                          |
| BRDR23-53105   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 4,0                 | MRP                          |
| BRDR23-53698   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 4,0                 | MRP                          |
| BRDR23-53713   | Embrapa Trigo | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| BRDR23-55547   | Embrapa Trigo | 1a/1c                                                              | 2,3                 | ARP                          |
| BR23-26139     | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 3,0                 | ARP                          |
| BRDB21-41028   | Embrapa Soja  | 1a/1c                                                              | 2,0                 | ARP                          |
| BRDB21-41827   | Embrapa Soja  | 1a/1c                                                              | 2,0                 | ARP                          |
| BRDB21-41014   | Embrapa Soja  | 1a/1c                                                              | 2,3                 | ARP                          |
| BRB22-260238   | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 2,0                 | ARP                          |
| BRB21-208854   | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 2,0                 | ARP                          |
| BRB21-207230   | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| BRB21-208862   | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| BRB21-207669   | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 3,0                 | ARP                          |
| BRDB23-25098RT | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 3,7                 | MRP                          |
| ST61612X       | Embrapa Soja  | 1k                                                                 | 2,0                 | ARP                          |
| M 7601 I2X     | Embrapa Soja  | 3a                                                                 | 2,3                 | ARP                          |
| NEO 710IPRO    | Embrapa Soja  | 3a                                                                 | 2,3                 | ARP                          |
| DM 73I75IPRO   | Embrapa Soja  | 3b                                                                 | 2,3                 | ARP                          |

<sup>(1)</sup> Avaliação com inoculação na haste dos patótipos de *Phytophthora sojae*: Ps26.3 (vir. *Rps1d*, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), R4 (vir. *Rps1a*, 1c, 1d, 7), Ps36.1 (vir. *Rps1b*, 1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8) e Ps45 (vir. *Rps1a*, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 4, 5, 7).

<sup>(2)</sup> Avaliação de severidade de apodrecimento radicular com o patótipo Ps45 de *P. sojae* (vir. *Rps1a*, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 4, 5, 7). 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> Não foi possível determinar a presença de gene *Rps*, pois o genótipo apresentou reação suscetível a todos os patótipos de *Phytophthora sojae* utilizados no ensaio.

## Conclusões

1. Em 2025, foram detectadas linhagens de soja do programa da Embrapa, além de cultivares comerciais, com resistência genética completa à *Phytophthora sojae*, pela contribuição dos genes *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k*, *Rps3a* ou *Rps3b*.

2. Vinte e três genótipos destacaram-se por apresentarem resistência completa, conferida

pelos genes *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k*, *Rps3a* ou *Rps3b*, associada a elevados níveis de resistência parcial.

3. Apenas um genótipo apresentou gene *Rps3b*, o qual tem demonstrado maior efetividade para patótipos de *P. sojae* de ocorrência recente na Região Sul do Brasil.

## 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**, v. 107, n. 7, p. 1968-2271, July 2023. DOI: <https://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. 31 p. (Embrapa Trigo. Documentos, 163).
- 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.
- 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, 2004. DOI: 10.1094/PHP-2004-0309-01-RS.
- MCCOY, A. G.; BELANGER, R. R.; BRADLEY, C. A.; CERRITOS-GARCIA, D. G.; GARNICA, V. C.; GIESLER, L. J.; GRIJALBA, P. E.; GUILLIN, E.; HENRIQUEZ, M. A.; KIM, Y. M.; MALVICK, D. K.; MATTHIESEN, R. L.; MIDEROS, S. X.; NOEL, Z. A.; ROBERTSON, A. E.; ROTH, M. G.; SCHMIDT, C. L.; SMITH, D. L.; SPARKS, A. H.; TELENKO, D. E. P.; TREMBLAY, V.; WALLY, O.; CHILVERS, M. I. A global-temporal analysis on *Phytophthora sojae* resistance-gene efficacy. **Nature Communications** v. 14, n. 6043, 2023. DOI:10.1038/s41467-023-41321-7.
- 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.