

Passo Fundo, RS / Fevereiro, 2025



Resistência a *Phytophthora sojae* em genótipos de soja da Embrapa, em 2024

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

⁽¹⁾ Pesquisadores, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. ⁽²⁾ Pesquisador, Embrapa Soja, Londrina, PR. ⁽³⁾ Analista, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

Resumo — A podridão-radicular de *Phytophthora* em soja (*Glycine max*), 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, 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 2024. Linhagens em pré-seleção (total de 861) foram testadas pelo método do palito de dente colonizado, enquanto que linhagens avançadas e genótipos (total de 45) 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, 69,5% das linhagens foram resistentes. Na caracterização de linhagens avançadas e cultivares da Embrapa Trigo, 12 apresentaram o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*; em quatro, o gene *Rps1k*; e, em três genótipos, não foi possível a identificação do gene *Rps*. Entre os genótipos da Embrapa Soja, em 10 não foi possível a identificação de *Rps*; em dois, foram postulados *Rps1a* e/ou *Rps1c*; e, em 14 genótipos, *Rps1k*. Com relação à resistência parcial, 11 genótipos da Embrapa Trigo e 23 da Embrapa Soja destacaram-se pela ocorrência de alta 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 moderada a alta 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 2024

Abstract — *Phytophthora* root rot in soybean (*Glycine max*), 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, 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 2024. Pre-selection lines (total of 861) were tested using the colonized toothpick method, while advanced lines and genotypes (total of 45) were evaluated for

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

Leila Maria Costamilan

Membros

Alberto Luiz Marsaro Júnior,
Eliana Maria Guarenti, 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.

complete resistance by injecting mycelium into the hypocotyl, and for partial resistance, by the mycelium layer below the seeds. In the pre-selection, 69.5% of the lines were resistant. In the characterization of advanced lines and cultivars from Embrapa Trigo, 12 presented the *Rps1a* and/or *Rps1c* gene; in four, the *Rps1k* gene; and, in three genotypes, it was not possible to identify the *Rps* gene. Among the Embrapa Soja genotypes, it was not possible to identify *Rps* in 10; in two, *Rps1a* and/or *Rps1c* were postulated; and, in 14 genotypes, *Rps1k*. Regarding partial resistance, 11 genotypes from Embrapa Trigo and 23 from Embrapa Soja stood out for the occurrence of high 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) and with moderately to high partial genetic resistance.

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

Introdução

A podridão-radicular de *Phytophthora* em soja (*Glycine max*), causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae*, ocasiona a morte desde a pré-emergência até a fase adulta de plantas, sendo sintoma característico a coloração marrom-escuro da haste, desde o solo, que progride para hastes laterais e para o topo da planta. As perdas econômicas ocorrem, principalmente, pela necessidade de ressemeaduras durante o período de emergência. A melhor forma de controle é pela resistência ou tolerância genética de cultivares de soja, associando genes maiores de resistência completa (genes *Rps*) com resistência parcial, mediada por loci de característica quantitativa (QTLs) (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 apenas pelo gene *Rps2*) e pela resistência parcial ou de campo (Schmitthenner; Dorrance, 2015).

Foram descritos 27 genes maiores em soja conferindo resistência completa a *P. sojae*: *Rps1a*, *Rps1b*, *Rps1c*, *Rps1d*, *Rps1k*, *Rps2*, *Rps3a*, *Rps3b*, *Rps3c*, *Rps4*, *Rps5*, *Rps6*, *Rps7*, *Rps8*, *Rps9*, *Rps10*, *Rps11*, *RpsYB30*, *RpsYD25*, *RpsSu*, *RpsZS18*, *RpsSN10*, *RpsYD29*, *RpsUN1*, *RpsUN2*, *RpsJS*, e o gene *Rps* da cultivar Waseshiroge.

Estes genes estão localizados em 21 loci e em oito cromossomos da soja (Yang et al., 2020).

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); nos anos 2020 e 2021, constatou-se mudança neste perfil de virulência, com maior efetividade de *Rps3b*, decréscimo de efetividade de *Rps1b*, *1k*, *3a* e *8*, e manutenção de *Rps1a* e *1c* 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).

A resistência parcial 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, conseqüentemente, na perda de resistência de cultivares (Mideros et al., 2007; 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. 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.

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, em 2024.

Os patotipos de *P. sojae* a serem utilizados em 2024 (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*: 1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7 e 8. A cultivar BRS 268 foi utilizada como testemunha suscetível (Tabela 2).

Tabela 1. Patotipos de *Phytophthora sojae* utilizados na Embrapa Trigo em 2024 para seleção de resistência em genótipos de soja (*Glycine max*), à podridão-radicular de *Phytophthora*.

Patotipo ⁽¹⁾	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, 3a, 3b, 4, 5, 8	1a, 1c, 1d, 2, 3c, 6, 7
Ps14.4	1a, 1b, 1c, 1k	1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8
Ps36.1	1a, 1c, 1k, 8	1b, 1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7
Ps45	3b, 8	1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7

⁽¹⁾ Testado na série diferencial completa (conforme Tabela 2).

Tabela 2. Série diferencial de cultivares ou linhagens de soja (*Glycine max*) 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	Sem fonte
<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 de 500 ml, preparando-se um pote por genótipo. Utilizou-se o patotipo Ps26.3 (vir. 1d, 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 °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, 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 cinco a sete 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).

3 - Identificação de genes *Rps* (resistência completa): este ensaio foi realizado com 19 genótipos da Embrapa Trigo e 26 da Embrapa Soja. 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 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* 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 (*Glycine max*) à podridão-radicular de *Phytophthora*, usado na Embrapa Trigo em 2024.

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

⁽¹⁾ Ps26.3 (vir *Rps1d*, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), Ps14.4 (vir *Rps1b*, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), R4 (vir *Rps1a*, 1c, 1d, 2, 3c, 6, 7) e Ps36.1 (vir *Rps1b*, 1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7).

⁽²⁾ 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 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 s a cada 3 min. A leitura da reação foi realizada de 5 a 7 dias após a inoculação (Figura 1), 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).



Figura 1. Comparação de reações (suscetível, à esquerda, e resistente, à direita) no teste de resistência completa de linhagens de soja à *Phytophthora sojae*, pelo método de injeção de micélio do patógeno no hipocótilo das plantas.

4 - Identificação de resistência parcial: este teste foi realizado utilizando-se o patotipo Ps45 (vir *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 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, foi colocada a camada de meio de cultura sem 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 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 861 linhagens em fase inicial de seleção na Embrapa Trigo, avaliadas pelo método do palito de dente inserido no hipocótilo com o patotipo

Ps26.3, 69,5% foram consideradas resistentes, 10,1% tiveram reação intermediária, e 35,4% 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 19 linhagens de soja da Embrapa Trigo (Tabela 4), 12 foram caracterizadas como contendo o gene *Rps1a* e/ou *Rps1c*, quatro com o gene *Rps1k* e, em três genótipos, não foi possível determinar a origem da resistência completa. Dos 26 genótipos da Embrapa Soja, dez apresentaram reação suscetível ao patotipo Ps26.3 (o que impediu a identificação do gene *Rps* com a sequência de patotipos utilizada

neste ensaio), dois foram postulados com *Rps1a* e/ou *Rps1c*, e 14 com *Rps1k* (Tabela 4).

Em relação à resistência parcial, entre os genótipos apresentados na Tabela 4, observou-se que 11 genótipos da Embrapa Trigo e 23 da Embrapa Soja se destacaram pela ocorrência de alta resistência parcial, sendo o restante da categoria de moderada 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 eficientes, como *Rps3b*, para serem inseridas em futuros cruzamentos.

Tabela 4. Reação de genótipos de soja (*Glycine max*) da Embrapa para resistência à podridão-radicular de *Phytophthora*, em 2024.

Genótipo	Origem	Resistência completa (possível gene <i>Rps</i>) ⁽¹⁾	Resistência parcial	
			Nota	Classificação ⁽²⁾
PFR191464	Embrapa Trigo	<i>1k</i>	1,3	ARP
BRB19-221211	Embrapa Trigo	<i>1k</i>	3,7	MRP
BRB22 - 265266	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	3,0	ARP
BRB22 - 267398	Embrapa Trigo	Nenhum testado ⁽³⁾	2,0	ARP
BRB22 - 270783	Embrapa Trigo	<i>1k</i>	3,7	MRP
BRB22 - 275650	Embrapa Trigo	Nenhum testado	4,0	MRP
BRB22 - 277804	Embrapa Trigo	Sem identificação ⁽⁴⁾	3,7	MRP
BRDR20-37900	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	3,3	MRP
BRDR20-37909	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	3,3	MRP
BRDR20-37910	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	3,3	MRP
BRDR22- 6469	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	3,7	MRP
BRDR22- 10540	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	3,0	ARP
BRDR22- 5524	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	1,7	ARP
BRDR22- 6461	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	1,0	ARP
BRDR22- 8771	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	1,7	ARP
BRDB21- 41003	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	1,3	ARP
BRDB21- 41019	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	2,0	ARP
BRDB21- 41199	Embrapa Trigo	<i>1k</i>	1,3	ARP
BRDB21- 41822	Embrapa Trigo	<i>1a/1c</i>	1,0	ARP
W24-1005	Embrapa Soja	<i>1k</i>	2,0	ARP
W24-1007	Embrapa Soja	<i>1k</i>	1,0	ARP
W24-1008	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,0	ARP
W24-1009	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,3	ARP
W24-1010	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,7	ARP
W24-1012	Embrapa Soja	<i>1k</i>	1,0	ARP
W24-1015	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,3	ARP
W24-1018	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,7	ARP

Continua...

Tabela 4. Continuação.

Genótipo	Origem	Resistência completa (possível gene <i>Rps</i>) ⁽¹⁾	Resistência parcial	
			Nota	Classificação ⁽²⁾
W24-1019	Embrapa Soja	Nenhum testado	1,7	ARP
W24-1070	Embrapa Soja	1k	2,7	ARP
W24-1072	Embrapa Soja	1k	2,7	ARP
W24-1073	Embrapa Soja	1k	2,0	ARP
W24-1074	Embrapa Soja	1k	1,7	ARP
W24-1077	Embrapa Soja	1a/1c	2,7	ARP
W24-1101	Embrapa Soja	1a/1c	2,3	ARP
W24-1102	Embrapa Soja	1k	3,7	MRP
W24-1103	Embrapa Soja	1k	2,0	ARP
W24-1138	Embrapa Soja	1k	2,7	ARP
W24-1139	Embrapa Soja	1k	2,3	ARP
W24-1140	Embrapa Soja	1k	1,7	ARP
NS 5933IPRO	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
BMX Titanium (56IX58RSF I2X)	Embrapa Soja	1k	2,3	ARP
BMX Gueparado IPRO (67I68RFS IPRO)	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,0	ARP
BMX Tormenta	Embrapa Soja	Nenhum testado	2,7	ARP
DM 65I67I2X	Embrapa Soja	1k	3,3	MRP
M 6930 I2X	Embrapa Soja	Nenhum testado	3,3	MRP

⁽¹⁾ Avaliação com inoculação na haste dos patótipos de *Phytophthora sojae*: Ps26.3 (vir *Rps1d*, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), Ps14.4 (vir *Rps1b*, 1d, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7, 8), R4 (vir *Rps1a*, 1c, 1d, 2, 3c, 6, 7) e Ps36.1 (vir *Rps1b*, 1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7).

⁽²⁾ Avaliação de severidade de apodrecimento radicular com o patótipo Ps45 de *P. sojae* (vir *Rps1a*, 1b, 1c, 1d, 1k, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 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.

⁽³⁾ Nenhum gene *Rps* testado: genótipo apresentou reação suscetível a todos os patótipos de *P. sojae* utilizados no ensaio.

⁽⁴⁾ Gene *Rps* não identificado: genótipo apresentou resultados de resistência e de suscetibilidade diferentes dos padrões estabelecidos, neste trabalho, para postulação de gene *Rps*.

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 contarem com 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**, 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.; 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.

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".