



GIOVANA DOS SANTOS

**CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE
SOJA A PATÓTIPOS *Phytophthora sojae***

LAVRAS – MG

2026

GIOVANA DOS SANTOS

CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE SOJA A PATÓTIPOS
Phytophthora sojae

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Welison Andrade Pereira
Orientador

LAVRAS – MG

2026

**Ficha Catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração
de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com
dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Santos, Giovana dos.

Caracterização da resistência de genótipos de soja a patótipos *Phytophthora sojae* /
Giovana dos Santos. - 2026.

50 p. : il.

Orientador: Welison Andrade Pereira

Dissertação (Mestrado Profissional) - Universidade Federal de Lavras, 2026.
Bibliografia.

1. *Phytophthora sojae*. 2. Genes Rps. 3. Resistência genética. 4. Variabilidade de
patótipos. I. Pereira, Welison Andrade. II. Universidade Federal de Lavras. III. Título.

GIOVANA DOS SANTOS

CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE SOJA A PATÓTIPOS
Phytophthora sojae

CHARACTERIZATION OF THE RESISTANCE OF SOYBEAN GENOTYPES TO
Phytophthora sojae PATHOTYPES

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 31 de março de 2026.

Dr. Welison Andrade Pereira	UFLA
Dr. Carlos Eduardo Pulcinelli	UFLA
Dra. Viviane Yumi Baba	GDM Brasil

Prof. Dr. Welison Andrade Pereira
Orientador

LAVRAS - MG
2026

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por me conceder força, sabedoria e saúde ao longo desta trajetória, conduzindo e iluminando cada etapa até a conclusão deste trabalho.

Aos meus pais, Fátima e Raimundo, e à minha irmã, Juliana, pelo amor, apoio incondicional e incentivo constante em todos os momentos.

À GDM Seeds e ao meu gestor, Gaspar Malone, pela oportunidade de desenvolvimento profissional e acadêmico, bem como pela confiança no potencial da pesquisa aplicada ao melhoramento genético de plantas.

Ao Programa de Pós-Graduação Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Lavras, assim como aos professores e colegas, pelas contribuições para minha formação ao longo do curso.

À equipe do Programa de Melhoramento Genético de Soja da GDM, em especial a Neucimara Rodrigues Ribeiro e Itamar Ferreira da Silva, pela coorientação e pelas valiosas contribuições para o desenvolvimento deste trabalho, bem como a toda a equipe de Sanidade de Plantas, pelo suporte técnico e colaboração durante a condução dos experimentos.

Ao professor Welison Andrade Pereira, pela orientação e pelos ensinamentos ao longo de todo o processo.

Por fim, agradeço a todas as pessoas que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

RESUMO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) constitui uma das principais culturas agrícolas do Brasil e do mundo, apresentando elevada importância econômica, social e ambiental. Entre os fatores que limitam sua produtividade, destaca-se a podridão radicular de fitóftora, causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae*, responsável por severas perdas nas lavouras. O uso de cultivares com resistência genética, conferida principalmente por genes específicos *Rps*, representa a estratégia mais eficiente e sustentável de controle da doença. Contudo, a elevada variabilidade genética do patógeno e a emergência de novos patótipos têm comprometido a durabilidade dessa resistência ao longo do tempo. Diante desse cenário, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a reação de genótipos de soja quanto à resistência à podridão radicular de fitóftora frente a diferentes raças de *P. sojae* e inferir possíveis genes *Rps* associados à resistência. Para isso, foram avaliados 144 materiais, utilizando patótipos correspondentes às raças 1, 3, 4, 17 e 25 do patógeno. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação na GDM Seeds, em Cambé/PR, nos anos de 2024 e 2025. Os genótipos foram distribuídos em blocos experimentais para cada raça de *P. sojae* avaliada, utilizando duas repetições. A inoculação ocorreu pelo método de inserção de macerado de micélio no hipocótilo, e a classificação da reação baseou-se na porcentagem de plântulas mortas, considerando resistentes os genótipos com até 30% de mortalidade. Os resultados evidenciaram variação na frequência de resistência entre as raças avaliadas, com maior percentual de resistência para a Raça 1 (75,69%) e menor para a Raça 25 (54,86%). Observou-se predominância de genótipos com combinações gênicas envolvendo *Rps1a + Rps3a*, *Rps1k + Rps3a* e *Rps1c + Rps3a*, indicando estratégia de piramidação de genes em programas de melhoramento. Genes isolados apresentaram menor frequência, enquanto parte dos genótipos não apresentou identificação clara de genes específicos de resistência. Os resultados reforçam a elevada variabilidade da população de *P. sojae* e destacam a importância do monitoramento contínuo dos patótipos presentes nas regiões produtoras. A utilização combinada de genes *Rps* e resistência quantitativa surge como estratégia promissora para ampliar a durabilidade da resistência e contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às condições da região Sul do Brasil.

Palavras-chaves: *Phytophthora sojae*; genes *Rps*; resistência genética; variabilidade de patótipos.

ABSTRACT

Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) is one of the most important agricultural crops in Brazil and worldwide, with substantial economic, social, and environmental relevance. Among the factors limiting soybean productivity, Phytophthora root and stem rot, caused by the oomycete *Phytophthora sojae*, is one of the most destructive diseases, leading to severe yield losses. The use of genetically resistant cultivars, mainly through the deployment of specific *Rps* genes, is considered the most effective and sustainable strategy for disease management. However, the high genetic variability of the pathogen and the emergence of new pathotypes have reduced the durability of resistance over time. Therefore, this study aimed to evaluate the reaction of soybean genotypes to Phytophthora root and stem rot against different *P. sojae* races and to infer the possible *Rps* genes associated with resistance. A total of 144 soybean genotypes were evaluated using pathotypes corresponding to races 1, 3, 4, 17, and 25 of *P. sojae*. The experiments were conducted under greenhouse conditions at GDM Seeds, Cambé, Paraná, Brazil, during 2024 and 2025. Genotypes were arranged in experimental blocks for each *P. sojae* race, with two replications. Inoculation was performed by inserting macerated mycelium into the hypocotyl, and disease reaction was classified based on the percentage of dead seedlings, with genotypes showing up to 30% mortality considered resistant. The results revealed variation in the frequency of resistance among the evaluated races, with the highest proportion of resistant genotypes observed for race 1 (75.69%) and the lowest for race 25 (54.86%). Gene combinations involving *Rps1a* + *Rps3a*, *Rps1k* + *Rps3a*, and *Rps1c* + *Rps3a* predominated, indicating the use of gene pyramiding strategies in soybean breeding programs. Single resistance genes occurred less frequently, while a proportion of the genotypes showed no clear identification of specific resistance genes. These findings highlight the high variability of *P. sojae* populations and reinforce the importance of continuous monitoring of pathotypes in soybean-producing regions. The combined use of *Rps* genes and quantitative resistance represents a promising strategy to enhance resistance durability and support the development of soybean cultivars better adapted to the conditions of southern Brazil.

Keywords: *Phytophthora sojae*; *Rps* genes; genetic resistance; pathotype variability.

INDICADORES DE IMPACTO

Os resultados deste estudo contribuem para ampliar o conhecimento sobre a interação entre a soja e *P. sojae*, agente causal da podridão radicular de fitóftora, uma das principais doenças que afetam a cultura da soja. A análise da reação dos genótipos frente às diferentes raças de *P. sojae* possibilitou uma melhor compreensão da variabilidade e da amplitude da resistência genética observada nos materiais avaliados. As informações obtidas são relevantes para o entendimento da variabilidade do patógeno e da eficácia dos genes de resistência presentes nas cultivares de soja. A identificação de genótipos resistentes e a análise da distribuição de genes *Rps* fornecem subsídios importantes para o desenvolvimento de estratégias de manejo baseadas no uso de resistência genética. Do ponto de vista científico, o trabalho contribui para o avanço do conhecimento sobre a relação hospedeiro-patógeno e sobre a diversidade de respostas da soja frente às diferentes raças de *P. sojae*. Esses resultados podem auxiliar em estudos futuros voltados à caracterização da variabilidade do patógeno e ao monitoramento de sua ocorrência em regiões produtoras. No âmbito tecnológico, os dados gerados podem apoiar programas de melhoramento genético na seleção de genitores e no desenvolvimento de cultivares com maior nível de resistência. A presença de combinações gênicas em parte dos genótipos avaliados indica o uso de estratégias de piramidação de genes de resistência, visando ampliar o espectro de proteção das plantas. Além disso, a adoção de cultivares resistentes representa uma alternativa eficiente para o manejo da doença, podendo reduzir perdas produtivas e diminuir a necessidade de aplicações químicas para controle do patógeno. Dessa forma, os resultados obtidos apresentam potencial para gerar impactos científicos, tecnológicos e produtivos, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às condições de cultivo e para o fortalecimento da cadeia produtiva da soja.

IMPACT INDICATORS

The results of this study contribute to expanding the knowledge about the interaction between soybean and *P. sojae*, the causal agent of Phytophthora root rot, one of the main diseases affecting soybean crops. The analysis of genotype responses to different races of *P. sojae* provided a better understanding of the variability and breadth of genetic resistance observed among the evaluated materials. The information obtained is relevant for understanding the variability of the pathogen and the effectiveness of resistance genes present in soybean cultivars. The identification of resistant genotypes and the analysis of the distribution of *Rps* genes provide important support for the development of management strategies based on genetic resistance. From a scientific perspective, this study contributes to advancing knowledge about the host–pathogen interaction and the diversity of soybean responses to different races of *P. sojae*. These results may support future studies aimed at characterizing pathogen variability and monitoring its occurrence in soybean-producing regions. From a technological standpoint, the generated data can support breeding programs in the selection of parental lines and in the development of cultivars with higher levels of resistance. The presence of gene combinations in part of the evaluated genotypes indicates the use of gene pyramiding strategies to broaden the spectrum of plant protection. Furthermore, the adoption of resistant cultivars represents an efficient strategy for disease management, potentially reducing yield losses and decreasing the need for chemical applications to control the pathogen. Thus, the results obtained have the potential to generate scientific, technological, and productive impacts, contributing to the development of cultivars better adapted to production conditions and to strengthening the soybean production chain.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Processo de preparação de inóculo	24
Figura 2	Ensaio instalado em casa de vegetação	25
Figura 3	Avaliação das plântulas quanto à reação à inoculação com <i>P. soja</i>	27
Figura 4	Distribuição dos genótipos de soja de acordo com o possível gene <i>Rps</i> associado à resistência à <i>P. sojae</i>	35

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Genótipos de soja diferenciadores portadores de genes <i>Rps</i> , utilizados na caracterização da virulência de isolados de <i>P. sojae</i>	21
Tabela 2	Fórmulas de virulência identificadas nos patótipos de <i>P. sojae</i>	22
Tabela 3	Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por <i>P. sojae</i>	29
Tabela 4	Frequência de resistência de genótipos de soja inoculados com diferentes raças de <i>P. sojae</i>	35

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	Importância da soja no contexto global e no Sul do Brasil	13
2.2	Podridão radicular de fitóftora	15
2.3	Melhoramento genético da soja para resistência à <i>Phytophthora sojae</i>	17
3	MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1	Local e genótipos avaliados	21
3.2	Preparo de inóculo	23
3.3	Condução do ensaio	24
3.4	Levantamento e análise dos dados fenotípicos	26
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
5	CONCLUSÃO	39
	REFERÊNCIAS	40
	ANEXO A – PRODUTO TÉCNICO ATRELADO	45

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas agrícolas de maior relevância no cenário mundial, destacando-se por sua expressiva importância econômica, social e ambiental. A cadeia produtiva da cultura exerce papel estratégico no desenvolvimento do setor agropecuário, impulsionando a adoção de tecnologias inovadoras, práticas de manejo sustentável e aprimoramento dos sistemas de produção (Vieira Filho, 2024).

Atualmente, o Brasil é o maior produtor e exportador de soja do mundo, tendo influência significativa no mercado global devido ao volume de produção e potencial para exportação (Carvalho *et al.*, 2023). Na safra de 2024/2025, a produção da cultura atingiu aproximadamente 171,47 milhões de toneladas, o que representa um aumento de 13,3% em relação à safra de 2023/2024. A área cultivada atingiu cerca de 47 milhões de hectares, com produtividade média de 3.621 kg/ha no período avaliado (CONAB, 2025).

Diversos fatores têm contribuído para o aumento da produtividade de soja no Brasil ao longo dos anos, entretanto, a presença de agentes biológicos tem exercido impacto negativo no desempenho da cultura. A podridão radicular de fitóftora, provocada pelo oomiceto *Phytophthora sojae* Kaufmann & Gerdemann, é um exemplo de doença responsável por causar grandes prejuízos (Henning, 2009).

No sul do Brasil, a intensidade dos danos observada é ainda maior. No período de emergência das plântulas, a presença da doença leva a falhas no estande inicial, sendo necessário que o local seja semeado novamente. Tais perdas estão associadas à podridão de sementes, à morte de plântulas e à podridão radicular nas plantas remanescentes (DeuneR *et al.*, 2019).

Os programas de melhoramento genético de soja representam um pilar fundamental para o avanço da agricultura, promovendo o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resistentes a estresses bióticos e abióticos. São essenciais para a expansão do cultivo em diferentes regiões do Brasil, permitindo o desenvolvimento de genótipos mais adaptados a variações climáticas, com maior rendimento e resistência a pragas e doenças (Oliveira, 2024).

Por conseguinte, o incremento de cultivares de soja com resistência genética à podridão radicular de fitóftora é uma estratégia eficiente para o controle da doença. Quando aliado a boas práticas de manejo, esse método reduz perdas e preserva o potencial produtivo da cultura. Ademais, a resistência genética representa uma ferramenta de controle durável, especialmente em áreas com histórico da doença. Essa estratégia possibilita maior estabilidade produtiva entre

safras, mesmo sob condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento do patógeno (He *et al.*, 2023).

A resistência genética do hospedeiro pode ser completa ou raça-específica, resistência radicular e resistência parcial ou de campo. Os genes *Rps* são responsáveis pela resistência completa da planta, atuando de forma específica contra determinados patótipos de *P. sojae*. A identificação de patótipos com base nas reações de suscetibilidade ou resistência de plantas portadoras de genes *Rps* é empregada em estudos sobre a variabilidade do patógeno (Yang *et al.*, 2020).

Diante do exposto, objetivou-se com o presente trabalho avaliar a reação de cultivares de soja de uso comercial para resistência à podridão radicular de fitóftora, recomendadas para a região Sul do Brasil. A obtenção dessas informações contribui para subsidiar a introdução de genes de resistência em genótipos dos programas de melhoramento genético de soja, visando o alcance de cultivares resistentes a esse patógeno no Sul do país.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância da soja no contexto global e no Sul do Brasil

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma leguminosa pertencente à família *Fabaceae*, originária da Ásia. No Brasil, foi introduzida em 1882, tornando-se um dos principais pilares da agricultura nacional a partir da década de 1970 (EMBRAPA SOJA, 2011). A produção de oleaginosas é direcionada principalmente pela elevada demanda por insumos industriais, com destaque para farelos utilizados na formulação de rações animais e óleos vegetais destinados ao consumo humano, além de atender diferentes segmentos do mercado (Bezerra; Sediya; Borém; Soares, 2022).

Na safra 2025/2026, a área destinada ao cultivo da soja é estimada em aproximadamente 48,9 milhões de hectares, o que representa um aumento de 3,4% em relação à safra anterior. A produção projetada é de cerca de 177,1 milhões de toneladas, valor 3,3% superior ao obtido em 2024/2025, correspondendo a um acréscimo de 5,6 milhões de toneladas. As estimativas iniciais indicam a possibilidade de estabelecimento de um novo recorde produtivo para a cultura, reforçando a relevância da soja no cenário agrícola nacional (CONAB, 2025).

A importância da soja transcende o âmbito produtivo, pois influencia diretamente a balança comercial brasileira, representando parcela significativa das exportações do agronegócio, consolidando o país como um dos maiores produtores e exportadores de grãos e seus derivados no mundo. A crescente demanda internacional, sobretudo de países asiáticos como a China, reforça o caráter estratégico da soja para a segurança alimentar global e para a geopolítica do comércio agrícola (Brasil, 2023).

Outro ponto de destaque é o papel da soja na inovação tecnológica e na sustentabilidade. O cultivo dessa oleaginosa impulsionou avanços em biotecnologia, no manejo do solo e da cultura, bem como no desenvolvimento de estratégias de resistência genética, possibilitando ganhos expressivos de produtividade sem a necessidade de ampliação da fronteira agrícola. Assim, a soja não apenas se configura como uma *commodity* de alto valor agregado, mas também como protagonista de desenvolvimento científico, econômico e social (Ramalho; Marques; Lemos, 2021).

A Região Sul do Brasil desempenhou papel fundamental na estabilização e expansão da cultura da soja no país, uma vez que foi nessa região que a oleaginosa foi inicialmente introduzida e adaptada às condições edafoclimáticas locais. Especialmente nos estados do Rio Grande do Sul, Paraná e Santa Catarina, a soja se estruturou como atividade econômica

relevante e passou a ser difundida para as demais regiões do país. Dessa forma, o Sul consolidou-se como referência histórica e técnica da sojicultura nacional, contribuindo decisivamente para a modernização da agricultura brasileira e para a integração produtiva entre as regiões do país (Zanin; Bacha, 2017).

Além do clima favorável, outros fatores impulsionaram a expansão do cultivo da soja no Sul do país. Somado às características do ambiente semelhantes ao local de origem da cultura, a expansão da soja esteve atrelada a demanda crescente do mercado internacional e nacional e ao desenvolvimento de métodos e tecnologias para cultivo em baixas latitudes. Os componentes genéticos e manejo de fertilidade do solo, assim como o índice pluviométrico, foram fundamentais para estabelecimento da cultura (EMBRAPA Soja, 2004).

O desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resistentes a pragas e doenças, além de avanços em práticas de manejo, como adubação, densidade e época de semeadura, foram resultados de investimentos de instituições públicas e privadas situadas principalmente no Rio Grande do Sul, que possibilitaram o incentivo ao cultivo da soja. A Embrapa e o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) contribuíram grandemente em programas de melhoramento genético, disponibilizando diversas cultivares, como materiais com período juvenil longo, que foram muito relevantes para ampliação da sojicultura no Cerrado e no Centro-Oeste do país (Medina *et al.*, 1981).

As áreas de soja de semeadura precoce nos estados do sul do Brasil, que corresponderam a aproximadamente 28% da produção nacional na safra 2023/2024 (Conab, 2025), apresentaram crescimento médio anual de produtividade em torno de 40 kg ha⁻¹ por ano entre 1974 e 2023, desempenho inferior ao observado no conjunto do país. Esses resultados estão relacionados principalmente à instabilidade das condições climáticas observadas atualmente, especialmente no sul do Rio Grande do Sul, onde os menores índices históricos de chuva diferem significativamente das áreas mais úmidas ao norte do estado.

Além disso, verifica-se elevada variabilidade espacial dentro da própria região, com taxas de incremento produtivo bastante distintas (Monaco; Colussi; Schnitkey, 2025). Paralelamente, a incidência recorrente de doenças e outros fatores fitossanitários também exerce influência negativa sobre a produtividade, contribuindo para restringir o avanço dos rendimentos ao longo dos anos (Lemes; Castro; Assis, 2015).

2.2 Podridão radicular de fitóftora

Com o avanço da cultura da soja em nível global, também se intensificam os problemas fitossanitários que comprometem a produção e qualidade dos grãos, exigindo estratégias de manejo cada vez mais eficientes. As doenças constituem um dos principais fatores limitantes no desenvolvimento da cultura, podendo causar uma redução significativa na produtividade. Entre essas doenças, destaca-se a podridão radicular de fitóftora, causada pelo patógeno *Phytophthora sojae* Kaufmann e Gerdemann, sendo um dos patógenos mais prejudiciais à cultura em âmbito mundial (Henning, 2009).

Phytophthora sojae é um oomiceto homotático, com micélio cenocítico em colônias jovens. Apresenta crescimento ótimo entre 25 e 28 °C, anterídios díclinos predominantemente paráginos e oogônios esféricos a subesféricos, de paredes finas. A germinação dos esporos pode ocorrer de forma direta ou indireta, com produção de zoósporos biflagelados, favorecida por temperaturas mais baixas, sendo a formação de zoósporos otimizada em torno de 20 °C (Schmitthenner, 1999). A persistência do patógeno no solo está relacionada à formação de esporângios e oósporos resistentes, capazes de sobreviver por vários anos, o que compromete a eficácia das estratégias de manejo (Hale *et al.*, 2023).

A gravidade ocasionada pela podridão radicular de fitóftora depende principalmente da resistência das variedades de soja cultivadas. Em lavouras com cultivares suscetíveis, a perda de produtividade pode ser total. A doença se propaga mais facilmente em solos compactados e com alta umidade, sobretudo em regiões com histórico de incidência da doença. Tais condições favorecem seu desenvolvimento e podem causar uma queda significativa na produtividade dos grãos (Schmitthenner, 2015).

Os sintomas da podridão radicular de fitóftora podem manifestar-se em plantas de soja em diferentes estádios fenológicos. Em sementes infectadas, é comum ocorrer deterioração ou atraso na germinação, o que pode levar à morte das plântulas. Nessas condições, o hipocótilo apresenta-se encharcado e com coloração marrom. Em plantas já estabelecidas, a doença manifesta-se inicialmente por amarelecimento das folhas e perda de turgidez, evoluindo para o secamento da parte aérea, sendo que as folhas secas permanecem aderidas à haste. O patógeno provoca ainda lesões escuras na haste e nos ramos laterais, que se iniciam na região do colo e se estendem gradualmente no sentido ascendente. Nos tecidos internos, o córtex e o sistema vascular tornam-se escurecidos, evidenciando o avanço da infecção (Henning *et al.*, 2014).

Em condições de campo, lavouras de soja afetadas por podridão radicular de fitóftora podem apresentar sintomas de forma localizada, com plantas doentes distribuídas entre

indivíduos aparentemente saudáveis, ou de maneira mais intensa em áreas com maior retenção de água no solo, onde ocorre infecção simultânea de várias plantas. Em sistemas de plantio direto associados à baixa rotação de culturas, o acúmulo de inóculo tende a ser favorecido, elevando a pressão de infecção na área (Costamilan *et al.*, 2024).

A deterioração do sistema radicular em plantas infectadas por podridão radicular de fitóftora, resulta no tombamento de plântulas, consequência do desenvolvimento de podridão nas raízes, o que compromete tanto a sustentação quanto a absorção e o transporte de nutrientes. A ocorrência de tombamento tende a ser mais severa sob condições de temperaturas entre 25 e 30 °C. Plantas já estabelecidas também são suscetíveis à infecção quando o solo permanece saturado por períodos prolongados, especialmente em ambientes com drenagem deficiente. Nesses casos, o patógeno coloniza o córtex e os tecidos vasculares, podendo se disseminar rapidamente ao longo do sistema vascular em cultivares suscetíveis (Tyler, 2007).

Em observações microscópicas, evidencia-se uma colonização acentuada dos tecidos radiculares, abrangendo tanto o córtex quanto os vasos condutores (Tyler, 2007). À medida que a infecção progride, observa-se danos no sistema vascular, afetando os elementos condutores e consequentemente na interrupção do transporte de água e solutos. Essa obstrução do fluxo de seiva acarreta a murcha das plantas, evidenciando a natureza sistêmica da infecção e o impacto direto do patógeno sobre a fisiologia e o desenvolvimento do hospedeiro (Silva *et al.*, 2025).

Além dos danos estruturais e fisiológicos causados pela infecção, a interação entre a podridão radicular de fitóftora e a planta hospedeira desencadeia respostas bioquímicas e de defesa que, em muitos casos, são insuficientes para conter a progressão do patógeno em cultivares suscetíveis. A infecção ativa mecanismos de defesa na soja, porém, em cultivares suscetíveis, essas respostas não conseguem conter o patógeno, resultando em menor crescimento, redução da área foliar e perdas produtivas, o que reforça a necessidade de manejo integrado da doença (McCoy *et al.*, 2023).

O controle da podridão radicular de fitóftora deve ser baseado em um conjunto de estratégias complementares, envolvendo manejo do solo, escolha adequada de cultivares e proteção química inicial das sementes. A adoção de rotação com culturas que não são hospedeiras do patógeno, como milho e trigo, contribui para diminuir gradualmente a quantidade de inóculo presente no solo (Costamilan, 2001; Costamilan *et al.*, 2010).

Em regiões tropicais, como o Brasil, o cenário é ainda mais crítico, pois as condições climáticas permitem o crescimento contínuo das plantas ao longo do ano, possibilitando a manutenção e ampliação do ciclo dos patógenos. Como resultado, após serem introduzidos em uma área, esses organismos tendem a se estabelecer facilmente no solo, mantendo-se viáveis

por longos períodos mesmo quando o hospedeiro principal não está presente (Giachero *et al.*, 2022).

O avanço nas técnicas de diagnóstico de doenças radiculares é essencial, uma vez que a identificação dessas doenças costuma ocorrer tardiamente, quando os sintomas já se manifestam na parte aérea ou quando sinais do patógeno são observados no solo. Como os primeiros estágios da infecção acontecem abaixo da superfície, o reconhecimento do problema geralmente se dá após a multiplicação do patógeno e o aumento do inóculo na área. Assim, torna-se fundamental o desenvolvimento de métodos de detecção mais ágeis, sensíveis e confiáveis, capazes de identificar precocemente os agentes causais no solo e em materiais de propagação, contribuindo para evitar a introdução e disseminação de patógenos em áreas ainda livres de doenças (Lopes; Michereff, 2018).

Algumas práticas que favoreçam melhor aeração e drenagem, bem como a redução da compactação, são fundamentais para tornar o ambiente menos propício ao desenvolvimento da doença. O uso de fungicidas no tratamento de sementes pode auxiliar na proteção das plântulas nos estágios iniciais de crescimento, mas essa medida deve ser associada ao uso de variedades geneticamente resistentes para garantir maior eficiência no controle em longo prazo (Costamilan, 2001).

Além das estratégias tradicionais de manejo, o monitoramento da variabilidade de patótipos de *P. sojae* nas regiões produtoras tem se tornado uma ferramenta essencial para orientar a recomendação de cultivares resistentes. Esse monitoramento é realizado por meio da coleta de isolados de *P. sojae* em diferentes regiões produtoras, seguida da caracterização de sua virulência utilizando um conjunto de genótipos diferenciais de soja, cada um contendo genes *Rps* específicos.

Dessa forma, levantamentos periódicos da virulência das populações locais permitem ajustes mais precisos na escolha de cultivares e na combinação de genes de resistência, contribuindo para aumentar a durabilidade do controle genético e reduzir o risco de quebras abruptas de resistência no campo (Batista *et al.*, 2023).

2.3 Melhoramento genético da soja para resistência à *Phytophthora sojae*

O melhoramento genético é uma ferramenta indispensável na gestão de desafios que afetam o cultivo de diferentes culturas, possibilitando o desenvolvimento de plantas com características superiores. A combinação de atributos desejáveis, como maior rendimento, adaptação a diferentes ambientes, resistência a pragas e maior tolerância a estresses abióticos e

bióticos, contribui com a eficiência e estabilidade dos sistemas agrícolas. Dessa forma, atinge-se melhor desempenho e maior previsibilidade produtiva das cultivares em diferentes condições de cultivo (Silva *et al.*, 2024).

O uso de cultivares de soja resistentes é a maneira mais eficiente de controlar a podridão radicular de fitóftora. Essa estratégia apresenta vantagens significativas em relação a métodos químicos e culturais, por ser economicamente viável, ambientalmente segura e de fácil adoção pelos produtores. No entanto, a complexidade da interação entre a cultura da soja e podridão radicular de fitóftora impõe desafios constantes aos programas de melhoramento (Ashkani *et al.*, 2015). Mesmo cultivares adaptadas podem apresentar desempenho variável conforme o ambiente, o que reforça a busca contínua por materiais resistentes (Rosa; Oliveira, 2024).

A ocorrência simultânea de diferentes patótipos de *P. sojae* em um mesmo local tem sido frequente, exigindo monitoramento contínuo das populações de campo por meio de ferramentas moleculares e testes diferenciais com genes *Rps*. Pesquisas atuais indicam que a diversidade do patógeno é moldada por fluxo gênico, recombinação e pela persistência de oósporos no solo, fatores que favorecem a emergência de novos perfis de virulência (Zhang *et al.*, 2023). Avanços em genômica têm evidenciado variações estruturais em genes efetores (RXLR e CRN), associados à capacidade de adaptação e à superação das defesas da planta (Arsenault-Labrecque *et al.*, 2022; Yang *et al.*, 2024).

O manejo da podridão radicular de fitóftora na soja por meio da resistência genética pode se dar por três mecanismos principais: a resistência completa ou raça-específica, conferida por genes *Rps* presentes na planta hospedeira; a resistência completa restrita ao sistema radicular, associada exclusivamente ao gene *Rps2*; e a resistência parcial ou de campo, que proporciona proteção mais ampla, porém não total, contra o patógeno (Schmitthenner; Dorrance, 2015).

Até o momento, foram identificados 27 genes de grande efeito na soja associados à resistência completa a *P. sojae* (Yang *et al.*, 2020). Os genes *Rps1a*, *1b*, *1c*, *1d*, *1k*, *2*, *3a*, *3b*, *3c*, *4*, *5*, *6*, *7* e *8* são amplamente empregados para caracterização de patótipos ou fórmulas de virulência (vir), por meio de reações em plantas suscetíveis ou resistentes com diferentes genes *Rps* (Dorrance *et al.*, 2004).

O perfil de virulência de *P. sojae* no Brasil se alterou ao longo dos anos, reduzindo a eficácia de alguns genes *Rps* e levando à mortalidade de plântulas mesmo em cultivares com resistência completa. Atualmente observa-se o aumento da eficiência do gene *Rps3b*, redução do desempenho dos genes *Rps1b*, *1k*, *3a* e *8*, enquanto *Rps1a* e *Rps1c* permaneceram entre os mais eficazes (Batista *et al.*, 2023).

Na última década, houve ampliação do número de cultivares recomendadas para a Região Sul do país, resultando em um verdadeiro mosaico varietal, sendo comum o cultivo simultâneo de duas ou mais cultivares em uma mesma propriedade. Essa diversidade de materiais, portadores de diferentes genes *Rps*, contribui para mudanças na frequência de patótipos e influencia a dinâmica da doença na região (Batista *et al.*, 2023).

Apesar da eficiência inicial dos genes *Rps*, sua durabilidade é frequentemente limitada devido à elevada variabilidade genética de *P. sojae*. O uso extensivo de cultivares contendo um mesmo gene de resistência exerce pressão de seleção sobre as populações do patógeno, favorecendo o surgimento de patótipos virulentos capazes de superar essa resistência. Como consequência, genes *Rps* anteriormente eficazes podem tornar-se obsoletos em poucas safras, exigindo constante identificação de novos genes e a substituição ou combinação das fontes de resistência nos programas de melhoramento (Dorrance; Schmitthenner, 2000).

Diferentemente da resistência baseada em genes específicos, a resistência parcial apresenta natureza quantitativa, sendo influenciada por múltiplos genes distribuídos em diferentes regiões do genoma. Cada um desses loci pode contribuir com efeitos pequenos, ou alguns podem ter impacto moderado no nível de resistência. Estudos têm demonstrado que esse tipo de resistência é eficaz contra uma ampla diversidade de patótipos de *P. sojae*. No entanto, ao contrário da resistência conferida por *Rps*, a resistência parcial não impede completamente o desenvolvimento do patógeno, permitindo certo grau de infecção e reprodução (Schneider *et al.*, 2016).

Genótipos com resistência parcial tendem a apresentar lesões radiculares menos severas, maior taxa de sobrevivência e menor redução de rendimento, mesmo quando expostos a patótipos agressivos de *P. sojae* (Dorrance, 2015). Atualmente, estratégias de melhoramento têm priorizado a combinação dessa resistência quantitativa com genes *Rps*, processo chamado de piramidização, que busca unir eficácia e maior estabilidade ao longo do tempo. Contudo, identificar materiais com resistência parcial é desafiador, pois requer testes detalhados em ambiente controlado ou em campos com alta presença do patógeno (McCoy *et al.*, 2023).

Com o avanço das ferramentas moleculares, novas abordagens têm sido incorporadas aos programas de melhoramento, como a seleção assistida por marcadores e o mapeamento de QTLs associados à resistência parcial. Essas estratégias permitem maior precisão na introgressão de alelos favoráveis e aceleram o desenvolvimento de cultivares mais duráveis. Estudos recentes destacam que a combinação de resistência qualitativa (genes *Rps*) com resistência quantitativa, aliada ao monitoramento populacional do patógeno, representa a

estratégia mais promissora para o manejo da podridão radicular de fitoftora na soja (Qin, J. *et al*, 2017).

A exploração da diversidade genética presente em bancos de germoplasma tem sido fundamental para a descoberta de novas fontes de resistência. Genótipos exóticos, linhagens experimentais e espécies aparentadas à soja cultivada representam importantes reservatórios de alelos de resistência, que podem ser incorporados aos programas de melhoramento por meio de cruzamentos dirigidos e retrocruzamentos. Essa estratégia amplia a base genética das cultivares comerciais, reduzindo a vulnerabilidade a epidemias causadas por patótipos emergentes (Li *et al.*, 2022).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local e genótipos avaliados

Os experimentos foram conduzidos entre dezembro de 2024 e janeiro de 2025, na empresa GDM Genética do Brasil, situada no município de Cambé, PR. As atividades laboratoriais foram realizadas no Laboratório de Fitopatologia, onde se procedeu ao preparo e à padronização dos inóculos de *P. sojae*. Posteriormente, os ensaios foram instalados em casa de vegetação, incluindo a semeadura, a inoculação das plantas e as avaliações fitossanitárias para determinação da reação dos materiais ao patógeno.

Foram avaliados 144 genótipos de soja visando à caracterização da resistência à podridão radicular de fitoftóra. Dentre esses, 11 genótipos diferenciadores, portadores de genes *Rps*, foram utilizados para determinação do perfil de virulência dos isolados do patógeno. Esses genótipos encontram-se descritos na Tabela 1, sendo 5 linhagens, 5 cultivares comerciais e um acesso de germoplasma.

Tabela 1 – Genótipos de soja diferenciadores portadores de genes *Rps*, utilizados na caracterização da virulência de isolados de *P. sojae*.

Genótipos diferenciadores	PI	Gene <i>Rps</i>
UNION	548622	<i>Rps1a</i>
L77-1863	547842	<i>Rps1b</i>
BS2606 IPRO	-	<i>Rps1c</i>
PI103091	103091	<i>Rps1d</i>
WILLIAMS82	548631	<i>Rps1k</i>
N3226BROWN	171442	<i>Rps3a</i>
L91-8347	591509	<i>Rps3b</i>
L92-7857	591510	<i>Rps3c</i>
L85-3059	547876	<i>Rps5</i>
L89-1581	591511	<i>Rps6</i>
HAROSOY	548573	<i>Rps7</i>

PI: *Plant Introduction*.

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

A avaliação da resistência de genótipos de soja a *P. sojae* baseia-se na interação gene a gene entre os genes de resistência da planta (*Rps*) e os genes de avirulência do patógeno. Para isso, utilizam-se genótipos diferenciadores, que possuem genes *Rps* previamente conhecidos, permitindo caracterizar o perfil de virulência dos isolados e identificar os genes de resistência superados por cada patótipo. Essa abordagem é amplamente empregada em estudos de caracterização de populações de *P. sojae* e no monitoramento da eficácia dos genes de resistência utilizados em programas de melhoramento genético (Dorrance; McClure; de Silva, 2003; Sugimoto *et al.*, 2012).

Os patótipos correspondentes às raças 1, 3, 4, 17 e 25 de *P. sojae* foram utilizados para avaliar a resistência dos genótipos de soja e caracterizar seu perfil de reação frente a diferentes padrões de virulência do patógeno. As fórmulas de virulência desses patótipos, apresentadas na Tabela 2, indicam os genes de resistência (*Rps*) que cada raça é capaz de superar. A seleção desses patótipos contemplou diferentes níveis de complexidade de virulência, permitindo avaliar o comportamento dos genótipos frente a isolados com diferentes capacidades de infectar cultivares resistentes.

Observa-se um aumento gradual da complexidade de virulência entre as raças avaliadas, desde a raça 1, virulenta apenas ao gene *Rps7*, até a raça 25, capaz de superar cinco genes de resistência (*Rps1a*, *Rps1b*, *Rps1c*, *Rps1k* e *Rps7*). Essa diversidade no espectro de virulência permitiu uma avaliação mais abrangente da reação dos genótipos, possibilitando a identificação de materiais com resistência específica e daqueles capazes de manter resistência frente a patótipos de maior complexidade.

Tabela 2 – Fórmulas de virulência identificadas nos patótipos de *P. sojae*.

Patótipos	Fórmula de virulência (gene <i>Rps</i>)
Raça1	<i>Rps7</i>
Raça3	<i>Rps1a/Rps7</i>
Raça4	<i>Rps1a/Rps1c/Rps7</i>
Raça17	<i>Rps1b/Rps1d/Rps3a/Rps6/Rps7</i>
Raça25	<i>Rps1a/Rps1b/Rps1c/Rps1k/Rps7</i>

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

3.2 Preparo de inóculo

Os inóculos utilizados nos experimentos foram obtidos a partir de culturas puras de *P. sojae*, provenientes de coleção de isolados mantida no Laboratório de Fitopatologia da empresa GDM Genética do Brasil. Os isolados são preservados por diferentes métodos de conservação, incluindo armazenamento em sílica gel e pelo método de Castellani (Castellani, 1939, 1967), ambos destinados à manutenção a longo prazo.

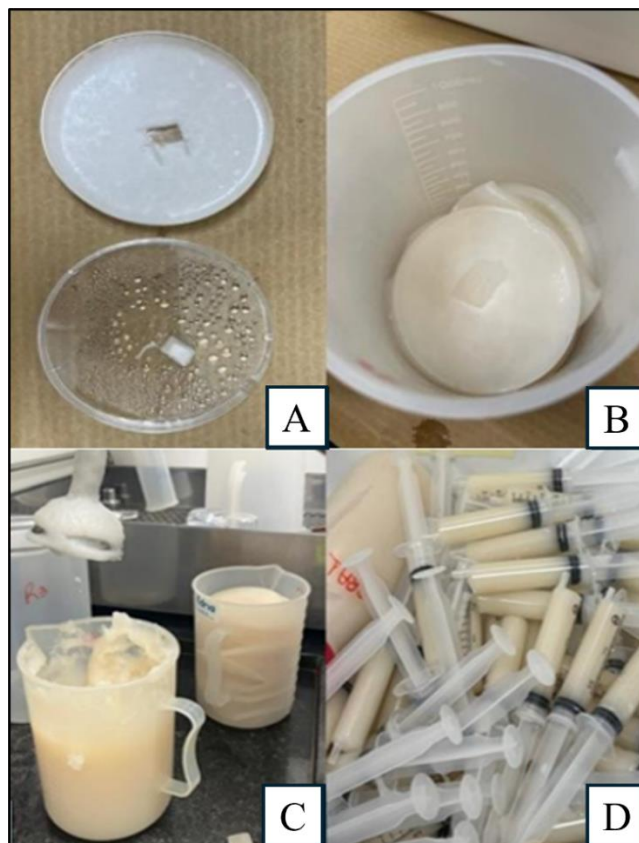
Na conservação de curto prazo, os isolados são mantidos em tubos de ensaio contendo meio de cultura à base de V8 (suco de tomate) e em placas de *Petri*, utilizadas como matrizes para repicagens e preparo dos inóculos. Para o preparo do meio de cultura V8, utilizou-se suco de tomate, água destilada, carbonato de cálcio, ágar e acetona. Após o preparo, o meio foi esterilizado em autoclave a 121 °C por 30 minutos, mantendo pH final entre 4,5 e 7,0. Posteriormente, verteu-se o meio em placas de *Petri* previamente esterilizadas, sob fluxo laminar.

A *P. sojae* foi repicada em meio de cultura de soja para obtenção do inóculo. Para o preparo do meio de soja, foram utilizados 32 gramas de grãos de soja, 10 gramas de ágar e 1 litro de água destilada. Os grãos foram inicialmente fervidos em 500 mL de água até completa hidratação. Em seguida, foram triturados em liquidificador e o extrato obtido foi filtrado com auxílio de gaze. O volume foi ajustado para 1 litro com água destilada, adicionando-se o ágar e obtendo uma mistura homogênea. O meio foi distribuído em frascos Erlenmeyer e esterilizado em autoclave a 121 °C por 30 minutos.

Após a esterilização, o meio foi vertido em placas de *Petri* estéreis sob condições assépticas. O meio de cultura à base de soja foi utilizado por fornecer nutrientes que favorecem o crescimento micelial de espécies de *Phytophthora*, sendo descrito como uma alternativa ao meio V8 para o cultivo e manutenção desses oomicetos (Guo; Ko, 1993).

Para a produção do inóculo destinado à inoculação, discos de micélio foram transferidos das placas matrizes contendo meio V8 para placas com meio de soja, na quantidade necessária para cada ensaio experimental. As placas foram incubadas em câmara de crescimento tipo BOD (*Biochemical Oxygen Demand* – Demanda Bioquímica de Oxigênio), sob temperatura controlada entre 22 e 24 °C e fotoperíodo de 12 horas luz/12 horas escuro. A repicagem foi realizada aproximadamente sete dias antes da semeadura, assegurando o crescimento micelial ativo no momento da inoculação (Figura 1).

Figura 1 – Processo de preparação de inóculo.



Legenda: (A) Inóculo repicado da placa matriz em meio de soja; (B) Agrupamento dos inóculos e meio de cultura; (C) Trituração do inóculo com mixer; (D) Seringas preenchidas com o inóculo para inoculação.

Fonte: Elaborada pela autora (2025)

3.3 Condução do ensaio

Para montagem do ensaio e semeadura, foram utilizadas 15 sementes sadias dos genótipos a serem testados, contendo os padrões de resistência e de suscetibilidade. Os pacotes com as sementes e vasos foram devidamente identificados com etiquetas, contendo informações das raças, código de amostra e repetição. O experimento foi conduzido com duas repetições, sendo os genótipos distribuídos em blocos experimentais correspondentes a cada raça de *P. sojae* avaliada. Cada bloco foi composto por todos os tratamentos (genótipos), os quais foram alocados de forma aleatória dentro das unidades experimentais, visando minimizar possíveis efeitos associados à disposição dos vasos durante a condução do ensaio. A semeadura foi realizada em duas épocas distintas, devido à necessidade de repetição parcial do experimento para alguns genótipos que não apresentaram estabelecimento adequado na

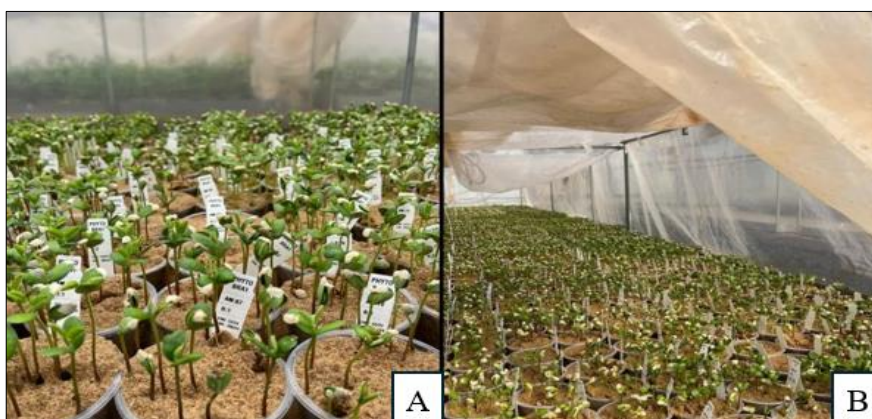
primeira condução. Para as análises, foram considerados os resultados obtidos sob condições experimentais mais consistentes.

Realizou-se o preparo dos vasos plásticos de 305 mL, os quais foram preenchidos com areia peneirada e autoclavada. Para a deposição das sementes, utilizou-se um furador manual, com o objetivo de padronizar a profundidade de semeadura e evitar variações na emergência, prevenindo assim a germinação em tempos distintos. Foram semeadas 15 sementes por vaso, almejando-se a germinação de 10 sementes por unidade experimental para posterior inoculação.

Para inoculação de *P. sojae*, utilizou-se o método de inserção de macerado de micélio e meio de cultura no hipocótilo (Schmitthenner; Bhat, 1994). Para a inoculação, utilizou-se uma agulha posicionada lateralmente, com o bisel voltado para o lado, perfurando o tecido vegetal com leve movimento ascendente e descendente, fazendo um corte central. Em seguida, o inóculo foi injetado no interior do tecido lesionado, assegurando sua deposição interna nas plântulas com 7 dias de emergência. Foram utilizadas agulhas descartáveis, fazendo a troca a cada raça diferente inoculada.

Após a inoculação, as bandejas que comportavam os vasos foram mantidas em câmara úmida, mantendo-se uma lâmina de aproximadamente 2 cm de água na base dos vasos e vedação com plástico transparente para assegurar alta umidade relativa. Os ensaios permaneceram em casa de vegetação, sob temperatura controlada entre 24 e 26 °C, durante sete dias (Figura 2).

Figura 2 – Ensaio instalado em casa de vegetação.



Legenda: (A) Ensaio instalado com plântulas em emergência com 7 dias, antes da inoculação de *P. sojae*. (B) Manutenção das bandejas em câmara úmida após a inoculação, com vedação plástica para assegurar elevada umidade relativa.

Fonte: Elaborado pelo autor (2025).

Decorrido esse período, procedeu-se à avaliação do experimento por meio da observação da manifestação.

3.4 Levantamento e análise dos dados fenotípicos

A avaliação dos genótipos inoculados com *P. sojae* foi realizada com o objetivo de determinar o nível de resistência à podridão radicular de fitoftóra, bem como caracterizar a reação diferencial dos materiais frente aos distintos perfis de virulência do patógeno. As análises foram conduzidas com base na manifestação de sintomas nas plântulas, considerando-se a severidade da infecção e a mortalidade observada. Para isso, foram adotados os seguintes critérios de classificação (Figura 3):

- Plântula sadia: apresenta pouca ou nenhuma necrose acima e abaixo do ponto de inoculação, sem sinais de murcha ou clorose na folha unifoliolada.
- Plântula infectada: apresenta necrose que se estende até cerca de 1 cm acima e abaixo do ponto de inoculação, com sinais de amarelecimento, murcha ou necrose na folha unifoliolada, mas com desenvolvimento aparentemente normal da parte superior.
- Plântula morta: exhibe necrose extensa acima e abaixo do ponto de inoculação, acompanhada por seca, murcha ou amarelecimento da folha unifoliolada, clorose e/ou necrose entre as nervuras das folhas superiores, com crescimento reduzido ou morte completa da plântula.

A porcentagem de plântulas mortas (PM %) é utilizada para classificação das reações de cada genótipo, sendo calculada pela seguinte fórmula:

$$PM \% = (PM + PI/2) 100/TP$$

Onde:

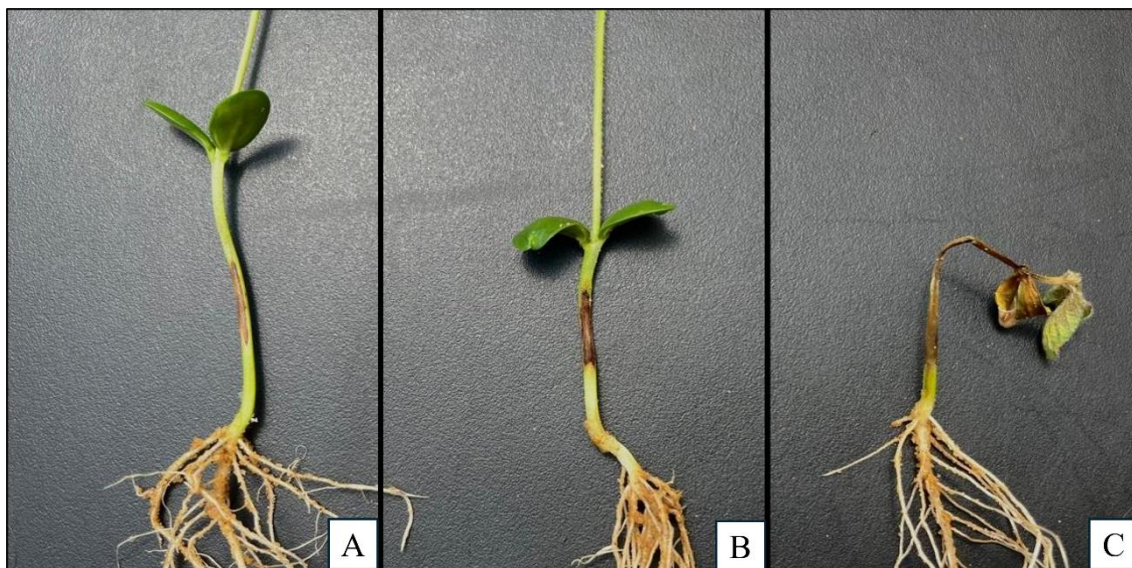
- PM % = porcentagem de plântulas mortas;
- PM = número de plântulas mortas/vaso;
- PI = número de plântulas infectadas; cada plântula infectada é considerada equivalente à meia plântula morta;
- TP = total de plântulas avaliadas (10).

Embora todas as plântulas dentro do vaso pertençam ao mesmo genótipo e representem o mesmo tratamento, elas são unidades biológicas individuais e podem apresentar diferentes níveis de interação com o patógeno após a inoculação. Algumas podem apresentar morte, outras, infecção sem morte e outras permanecerem sem sintomas. Dessa forma, a avaliação foi

realizada considerando o conjunto de plântulas do vaso, sendo calculada a porcentagem de mortalidade como uma medida da resposta do genótipo.

Reação da cultivar: a reação final na cultivar é baseada na porcentagem de plântulas mortas, obedecendo o seguinte critério: R = Resistente: de 0 a 30% e S = Suscetível: >30% (Costamilan; Clebsch, 2016).

Figura 3 – Avaliação das plântulas quanto à reação à inoculação com *P. sojae*.



Legenda: Plântulas classificadas como sadia (A), infectada (B) ou morta (C).

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

Os resultados de reação de resistência de cada genótipo foram organizados e agrupados conforme o gene *Rps* compartilhado, considerando a resposta frente a cada patótipo de *P. sojae*. Para fins de análise, a frequência de resistência foi calculada para cada raça com base na proporção de genótipos classificados como resistentes em relação ao total avaliado ($n = 144$).

A classificação das reações foi realizada com base nos padrões fenotípicos observados após a inoculação, permitindo distinguir genótipos resistentes e suscetíveis. A partir desses dados, foram obtidas medidas descritivas da frequência de resistência e suscetibilidade para cada raça avaliada. Adicionalmente, os genótipos foram comparados quanto ao padrão de reação apresentado, buscando identificar possíveis associações entre a presença de determinados genes *Rps* e o nível de resistência observado.

O índice de resistência (IR) foi utilizado para estimar a amplitude de resistência dos genótipos frente às diferentes raças de *P. sojae*. Esse índice foi calculado com base na proporção de raças às quais cada genótipo apresentou reação de resistência em relação ao número total de

raças avaliadas, sendo expresso em porcentagem. Dessa forma, valores mais elevados de IR indicam maior espectro de resistência do genótipo ao patógeno.

I. Índice de resistência (IR) de cada genótipo:

$$IR = \frac{100 \times RC}{TR}$$

Onde:

- RC (*Resistant Count*) corresponde ao número total de raças às quais o genótipo foi resistente e TR (*Total de Races*) refere-se o número total de raças de *P. sojae* avaliadas.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Historicamente, a resistência à podridão radicular de fitóftora esteve fortemente associada ao uso do gene *Rps1a* (McCoy *et al.*, 2023). Entretanto, os dados atuais indicam deslocamento no perfil de adaptação do patógeno, com maior complexidade de virulência e aumento da frequência de suscetibilidade em genótipos portadores de alelos do complexo *Rps1*, especialmente *Rps1c* e *Rps1k* (Chandra *et al.*, 2022).

A variabilidade observada entre cultivares comerciais, linhagens e acessos de germoplasma reforça a elevada diversidade genética tanto do hospedeiro quanto do patógeno na região. Tal padrão é consistente com estudos internacionais que relatam aumento progressivo da complexidade de patótipos em áreas de cultivo intensivo (Hebb *et al.*, 2021; You *et al.*, 2024).

A predominância de combinações gênicas sugere estratégia de empilhamento gênico adotada pelos programas de melhoramento. Esses materiais apresentaram maior estabilidade de reação frente às raças avaliadas, indicando que a piramidação de genes pode contribuir para ampliar o espectro de resistência (Batista *et al.*, 2023; McCoy *et al.*, 2023).

A avaliação do painel de genótipos de soja utilizados na Região Sul do Brasil apresentou variação significativa na frequência de resistência às diferentes raças de *P. sojae*. Os resultados obtidos para cada material encontram-se apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 – Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por *P. sojae*.

(Continua)

Genótipo	Raça 1	Raça 3	Raça 4	Raça 17	Raça 25	RC	IR (%)	Possível gene <i>Rps</i> para resistência
G001	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G002	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G003	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G004	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G005	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G006	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G007	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G008	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G009	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>

Tabela 3 – Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por *P. sojae*.

(Continua)

Genótipo	Raça 1	Raça 3	Raça 4	Raça 17	Raça 25	RC	IR (%)	Possível gene <i>Rps</i> para resistência
G010	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G011	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G012	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G013	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G014	R	S	S	R	R	3	60	<i>Rps1a+4</i>
G015	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G016	R	R	R	R	S	4	80	<i>Rps1k</i>
G017	R	R	S	R	R	4	80	Sem identificação*
G018	R	S	S	R	R	3	60	<i>Rps1a+4</i>
G019	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G020	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G021	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G022	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G023	R	R	R	R	S	4	80	<i>Rps1k</i>
G024	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G025	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G026	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G027	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G028	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G029	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G030	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G031	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G032	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G033	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G034	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G035	R	R	R	R	S	4	80	<i>Rps1k</i>
G036	R	S	S	R	R	3	60	<i>Rps1a+4</i>

Tabela 3 – Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por *P. sojae*.

(Continua)

Genótipo	Raça 1	Raça 3	Raça 4	Raça 17	Raça 25	RC	IR (%)	Possível gene <i>Rps</i> para resistência
G037	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G038	R	S	R	S	R	3	60	Sem identificação*
G039	S	R	R	S	S	2	40	Sem identificação*
G040	R	S	S	R	S	2	40	<i>Rps1a</i>
G041	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G042	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G043	R	S	R	S	S	2	40	Sem identificação*
G044	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G045	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G046	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G047	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação
G048	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G049	R	S	R	R	S	3	60	Sem identificação
G050	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G051	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G052	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G053	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G054	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G055	R	S	S	R	R	3	60	<i>Rps1a+4</i>
G056	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G057	S	R	R	S	R	3	60	Sem identificação*
G058	S	R	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G059	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G060	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G061	S	S	R	S	R	2	40	Sem identificação*
G062	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G063	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G064	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>

Tabela 3 – Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por *P. sojae*.

(Continua)

Genótipo	Raça 1	Raça 3	Raça 4	Raça 17	Raça 25	RC	IR (%)	Possível gene <i>Rps</i> para resistência
G065	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G066	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G067	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G068	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G069	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G070	R	S	S	R	S	2	40	<i>Rps1a</i>
G071	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G072	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G073	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G074	S	R	R	S	S	2	40	Sem identificação*
G075	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G076	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G077	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G078	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G079	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G080	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G081	R	S	R	S	S	2	40	Sem identificação*
G082	R	S	R	S	S	2	40	Sem identificação*
G083	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
BS2606 IPRO	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G085	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G086	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G087	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G088	R	S	S	R	S	2	40	<i>Rps1a</i>
G089	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G090	R	R	R	R	S	4	80	<i>Rps1k</i>
G091	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G092	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G093	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G094	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>

Tabela 3 – Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por *P. sojae*.

(Continua)

Genótipo	Raça 1	Raça 3	Raça 4	Raça 17	Raça 25	RC	IR (%)	Possível gene <i>Rps</i> para resistência
G095	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G096	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G097	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G098	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G099	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G100	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G101	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G102	R	R	R	S	R	4	80	<i>Rps1d</i>
G103	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G104	R	R	R	S	R	4	80	<i>Rps1d</i>
G105	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G106	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
G107	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G108	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G109	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G110	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G111	R	S	R	S	S	2	40	Sem identificação*
G112	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G113	S	S	R	S	S	1	20	<i>Rps8</i>
G114	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G115	R	R	R	S	S	3	60	<i>Rps1b</i>
G116	R	R	R	S	R	4	80	<i>Rps1d</i>
UNION	R	S	S	R	S	2	40	<i>Rps1a</i>
G118	R	R	S	R	S	3	60	<i>Rps1c</i>
L77-1863	R	R	S	S	S	2	40	Sem identificação*
G120	R	R	R	S	R	4	80	<i>Rps1d</i>
G121	R	R	S	S	S	2	40	Sem identificação*
G122	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>

Tabela 3 – Reação de genótipos de soja avaliados quanto à resistência à podridão radicular causada por *P. sojae*.

Genótipo						RC	IR (%)	(Conclusão) Possível gene <i>Rps</i> para resistência
	Raça 1	Raça 3	Raça 4	Raça 17	Raça 25			
PI103091	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
WILLIAMS82	R	S	R	S	R	3	60	Sem identificação*
G125	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>
G126	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
N3226BROWN	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
G128	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
L91-8347	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
L92-7857	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
G131	R	R	R	S	S	3	60	<i>RpsIb</i>
G132	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
L85-3059	R	S	R	S	R	3	60	Sem identificação*
G134	S	S	R	S	R	2	40	Sem identificação*
L89-1581	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
G136	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
HAROSOY	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G138	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G139	S	S	S	S	S	0	0	<i>rps**</i>
G140	R	S	S	R	S	2	40	<i>Rps1a</i>
G141	R	S	R	R	R	4	80	Sem identificação*
G142	R	R	R	S	R	4	80	<i>RpsId</i>
G143	R	R	R	S	S	3	60	<i>RpsIb</i>
G144	R	R	R	R	R	5	100	<i>Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a</i>

*Sem identificação: o genótipo apresentou padrão de reação caracterizado por respostas de resistência e suscetibilidade que não corresponderam aos perfis previamente estabelecidos neste estudo para a postulação de genes *Rps*.

***rps*: não apresentam resistência para nenhum gene *Rps* estabelecido no estudo.

Fonte: Elaborada pela autora (2025)

A porcentagem de resistência foi calculada com base na proporção de genótipos classificados como resistentes em relação ao total avaliado (n = 144 por raça). Observa-se variação na frequência de resistência entre as raças, com maior percentual para a Raça 1 (75,69%) e menor para a Raça 25 (54,86%). As raças 3 e 17 apresentaram valores intermediários e bastante próximos entre si, com 59,03% e 59,72% de resistência,

respectivamente, indicando comportamento semelhante quanto à capacidade de causar suscetibilidade nos genótipos avaliados. A Raça 4 apresentou frequência de resistência relativamente elevada (68,06%), sendo superada apenas pela Raça 1 (Tabela 4).

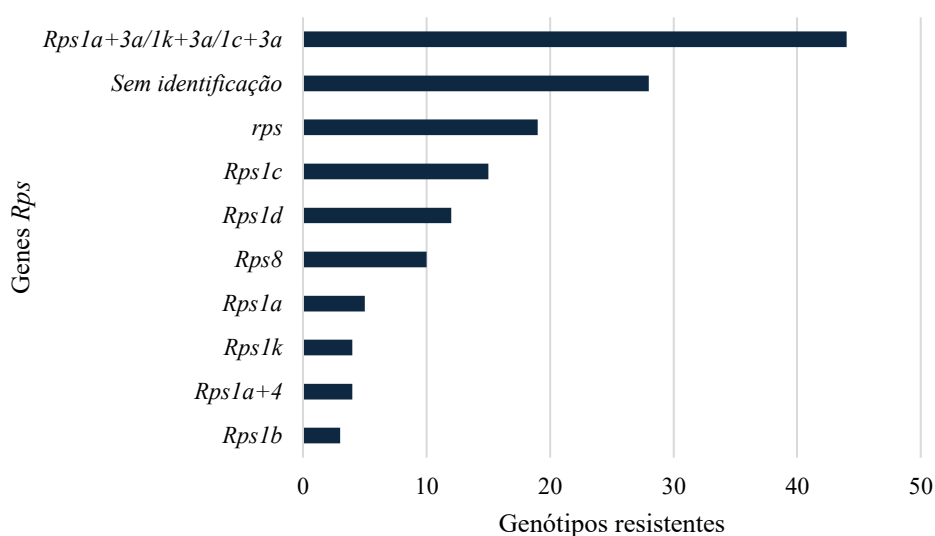
Tabela 4 – Frequência de resistência de genótipos de soja inoculados com diferentes raças de *P. sojae*.

Raça	Resistentes (n)	Suscetíveis (n)	Resistência (%)
Raça 1	109	35	75,69
Raça 3	85	59	59,03
Raça 4	98	46	68,06
Raça 17	86	58	59,72
Raça 25	79	65	54,86

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

A distribuição evidencia predominância de materiais com combinações de genes de resistência, sugerindo a adoção de estratégias de piramidação gênica nos programas de melhoramento, com o objetivo de ampliar o espectro de resistência frente à variabilidade de *P. sojae* (Figura 4).

Figura 4 – Distribuição dos genótipos de soja de acordo com o possível gene *Rps* associado à resistência à *P. sojae*.



Fonte: Elaborada pela autora (2025).

Observa-se predominância de genótipos com combinações gênicas envolvendo *Rps1a+3a/Rps1k+3a/Rps1c+3a* (n = 44), seguida por *Rps1c* (n = 15), *Rps1d* (n = 12) e *Rps8*

(n = 10). Genes isolados como *Rps1a* (n = 5), *Rps1a+4* (n = 4), *Rps1k* (n = 4) e *Rps1b* (n = 3) apresentaram menor frequência no painel avaliado.

Além disso, a presença relativamente frequente de genes como *Rps1c*, *Rps1d* e *Rps8* pode indicar que esses alelos continuam sendo amplamente explorados em programas de melhoramento, possivelmente devido à sua eficácia em determinadas populações do patógeno. Por outro lado, a baixa frequência de alguns genes isolados pode refletir sua menor utilização recente ou possível superação por patótipos virulentos, o que reforça a necessidade de diversificação genética nas cultivares. Isso sugere que o uso contínuo de poucos genes de resistência pode levar à pressão seletiva sobre o patógeno, favorecendo o surgimento de raças capazes de superar essas resistências (Costamilan *et al.*, 2024).

A identificação do possível gene de resistência *Rps* associado a cada genótipo foi realizada com base no padrão de reação apresentado frente às diferentes raças de *P. sojae* avaliadas. A frequência de cada gene foi determinada considerando o número de genótipos que apresentaram padrão de resistência compatível com os diferenciadores correspondentes. Essa análise permitiu estimar a distribuição dos genes *Rps* no painel avaliado, bem como identificar a predominância de determinadas combinações gênicas entre os genótipos estudados.

Em alguns genótipos, incluindo testemunhas com genes de resistência previamente descritos na literatura, o padrão de reação observado diferiu do esperado, resultando em uma classificação distinta da reportada. Essas divergências indicam que o conjunto de raças utilizado apresentou capacidade limitada para discriminar determinados perfis de resistência, de modo que a identificação dos possíveis genes *Rps* deve ser interpretada como uma inferência baseada nas reações fenotípicas obtidas neste estudo.

Observou-se predominância de determinados genes *Rps* entre os genótipos avaliados, com maior frequência de combinações envolvendo *Rps1a* e *Rps3a*. Por outro lado, parte dos genótipos não apresentou identificação clara de genes específicos de resistência, sendo classificados como *rps*. Nesses casos, a notação em minúsculo (*rps*) indica ausência de genes *Rps* identificados no painel de diferenciadores utilizado, o que pode estar associado à inexistência desses genes ou à presença de mecanismos de resistência quantitativa ou ainda de genes não contemplados no conjunto avaliado.

Pesquisas recentes têm demonstrado elevada variabilidade genética de patótipos de *P. sojae* no Brasil. Batista *et al* (2023), observaram que todos os genes de resistência do tipo *Rps* avaliados, foram superados por pelo menos um isolado do patógeno. Nesse estudo, mais de 60% dos isolados apresentaram virulência contra diversos genes *Rps*, incluindo *Rps1b*, *Rps2*,

Rps3a, *Rps3c*, *Rps4*, *Rps5*, *Rps6* e *Rps7*, evidenciando a grande capacidade adaptativa da população do patógeno.

Costamilan *et al.* (2013) observaram alta complexidade dos patótipos, definida como o número de genes de resistência que um isolado de *P. sojae* é capaz de superar. Quanto maior essa complexidade, maior é a capacidade do patógeno de infectar genótipos portadores de diferentes genes *Rps*. Esse padrão indica aumento na virulência da população do patógeno, refletindo elevado grau de variabilidade genética e capacidade adaptativa em comparação a levantamentos anteriores realizados na mesma região do Brasil. Esse cenário sugere maior plasticidade adaptativa do patógeno nas áreas de cultivo nacionais, o que pode reduzir a durabilidade de genes *Rps* amplamente utilizados (Hebb *et al.*, 2021).

O uso estratégico e rotacionado de genes de resistência é essencial para reduzir a pressão de seleção e prolongar a efetividade das fontes genéticas atualmente empregadas pelas empresas de sementes (Giachero *et al.*, 2022). A reciclagem isolada de genes *Rps* pode não ser sustentável a longo prazo, sendo recomendada a diversificação de fontes genéticas e a incorporação de resistência quantitativa nos programas de melhoramento do Sul do Brasil.

Considerando o conjunto das avaliações realizadas, observa-se que a resistência não se distribui de forma uniforme entre os genótipos, sugerindo que diferentes fontes genéticas de resistência estão presentes no painel analisado. Essa diversidade é particularmente relevante para programas de melhoramento, uma vez que amplia as possibilidades de combinação de genes e permite o desenvolvimento de cultivares com maior estabilidade de resistência em diferentes ambientes de cultivo (Dorrance; Schmitthenner, 2000).

A identificação de materiais com resistência ampla representa uma importante fonte genética para programas de melhoramento de soja. Esses genótipos podem ser utilizados como parentais em cruzamentos, contribuindo para a incorporação de resistência a *P. sojae* em novas linhagens e cultivares comerciais (Li *et al.*, 2022).

Adicionalmente, a avaliação simultânea de múltiplas raças permite uma compreensão mais abrangente da interação entre hospedeiro e patógeno, possibilitando identificar padrões de resistência diferencial entre os genótipos. Esse tipo de abordagem é fundamental para detectar possíveis quebras de resistência e antecipar mudanças na composição das populações de *P. sojae* presentes no campo (Costamilan *et al.*, 2021).

A ocorrência de respostas diferenciadas entre os genótipos avaliados também pode estar relacionada à interação específica entre genes de resistência da planta e genes de avirulência presentes nos isolados do patógeno. Na interação entre a soja e *P. sojae*, essa interação segue, em grande parte, o modelo gene-por-gene, no qual a presença de um gene *Rps* na planta confere

resistência apenas quando o patógeno possui o gene de avirulência correspondente. Alterações nesses genes do patógeno podem resultar na perda do reconhecimento pela planta, levando à quebra da resistência anteriormente eficaz. Dessa forma, a diversidade genética observada nas populações do patógeno pode influenciar diretamente a eficácia dos genes *Rps* presentes nos genótipos cultivados Tyler, 2007).

5. CONCLUSÃO

Os resultados demonstraram variação na reação dos genótipos de soja às diferentes raças de *P. sojae*, evidenciando diversidade nas respostas de resistência frente aos distintos perfis de virulência do patógeno. A frequência de resistência diferiu entre as raças avaliadas, com maior proporção de genótipos resistentes à Raça 1 e menor à Raça 25, indicando diferenças na capacidade de virulência entre os patótipos analisados.

Observou-se predominância de genótipos com combinações de genes de resistência, especialmente envolvendo *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k* e *Rps3a*, o que sugere a adoção de estratégias de piramidação gênica em programas de melhoramento de soja. Além disso, a ausência de identificação clara de genes específicos em parte dos genótipos indica a possível contribuição de mecanismos de resistência quantitativa.

Considerando a elevada variabilidade genética e a complexidade de patótipos de *P. sojae*, destaca-se a importância da integração entre resistência qualitativa e quantitativa nos programas de melhoramento, bem como do monitoramento contínuo das populações do patógeno nas regiões produtoras, visando ampliar a durabilidade da resistência genética nas cultivares de soja.

REFERÊNCIAS

- ALFENAS, A. C.; FERREIRA, F. A.; MAFIA, R. G.; GONÇALVES, R. C. 2016. Isolamento de fungos fitopatogênicos. **Métodos em fitopatologia**. Viçosa: 2ª Ed. UFV.
- ARSENAULT-LABRECQUE, G.; SANTHANAM, P.; ASSELIN, Y.; CINGET, B.; LEBRETON, A.; LABBÉ, C.; BELZILE, F.; GIJZEN, M.; BÉLANGER, R. R. RXLR effector gene *Avr3a* from *Phytophthora sojae* is recognized by *Rps8* in soybean. **Molecular Plant Pathology**, v. 23, n. 5, p. 693-706, 2022.
- ASHKANI, S.; RAFIL, M. Y.; SHABANIMOFRAD, M.; MIAH, G.; SAHEBI, M.; AZIZI, P.; TANWEER, F. A.; AKHTAR, M. S.; NASEHI, A. Laboratory of Food Crops Molecular breeding strategy and challenges towards improvement of blast disease resistance in rice crop. **Frontiers in Plant Science**, v.6, n.886, p.1-14, 2015.
- BANDEIRA, J. L. **A dinâmica geoeconômica do setor de genética vegetal no Brasil: Os casos de milho, soja e trigo**. 2021. Tese (Doutorado em Geografia) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2021.
- 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.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Importância econômica. In: Silva, F.; Borém, A.; Sedyama, T.; Câmara, G. **SOJA: do plantio à colheita**. 2ed. São Paulo: Oficina de textos. p. 15 -16, 2022.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária. Secretaria de Comércio e Relações Internacionais. **Soja em grão: exportações brasileiras**. Brasília, 2023. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/relacoes-internacionais/Sojaemgros.pdf>. Acesso em: 9 ago. 2025.
- CARVALHO, N. S.; RODRIGUES, E. B. S.; SANTANA, T. S. S.; CANTANHEDE, L. A.; SOUSA, G. M.; SOUSA, R. A. SILVA FILHO, F. M. SILVA-MATOS, R. R. S. Revisão: A importância da soja para o agronegócio brasileiro. **Fitotecnia, sistemas agrícolas ambientais e solo**. 2023.
- CASTELLANI, A. Viability of some pathogenic fungi in distilled water. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 42, p. 225-226, 1939.
- CASTELLANI, A. Maintenance and cultivation of common pathogenic fungi of man in sterile distilled water. Further researches. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 70, p. 181-184, 1967.
- CHANDRA, S.; *et al.* Progress and prospectus in genetics and genomics of *Phytophthora* root and stem rot resistance in soybean (*Glycine max* L.). **Frontiers in Genetics**, v. 13, 2022.

COSTAMILAN, L. M.; CLEBSCH, C. C. **Técnicas utilizadas para estudos com *Phytophthora sojae* na Embrapa Trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2016. (Embrapa Trigo. Documentos online, 163). 31 p. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/151335/1/ID43845-2016DO163.pdf>. Acesso em: 11 out. 2024.

CLAPP, J.; MOSELEY, W. G.; BURLINGAME, B.; TERMINE, P. Viewpoint: The case for a six-dimension food security framework. **Food Policy** 106: 1-10, 2022.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Brasília, DF, v. 12, safra 2024/25, n. 12, décimo segundo levantamento, setembro 2025.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos**. Brasília, DF, v. 13, safra 2025/26, n. 3, terceiro levantamento, p. 1–108, dez. 2025.

COSTAMILAN, L. M. A podridão radicular de raiz e haste de soja. In: LUZ, E. D. M. N.; SANTOS, A. F. dos; MATSUOKA, K.; BEZERRA, J. L. (Ed.). **Doenças causadas por *Phytophthora* no Brasil**. Campinas: Rural, p. 678-730, 2001.

COSTAMILAN, L. M.; SOARES, R. M.; BERTAGNOLLI, P. F. **Podridão radicular de fitóftora (*Phytophthora sojae*)**. In: ALMEIDA, A. M. R.; SEIXAS, C. D. S. (Ed.). Soja: Doenças Radiculares e de Hastes e Inter-relações com o Manejo do Solo e da Cultura. Londrina: Embrapa Soja, p. 105-126, 2010.

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**, Dordrecht, v. 135, n. 4, p. 845–853, 2013.

COSTAMILAN, L.M.; BERTAGNOLLI, P.; OLIVEIRA, A.C.B.; MELO, C.L.P.; SOARES, R.M.; CLEBSCH, C.C. **Resistência a *Phytophthora sojae* em linhagens de soja da Embrapa**, em 2020. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2021, 11p. Circular Técnica, 63.

COSTAMILAN, L. M.; BERTAGNOLLI, P. F.; MELO, C. L. P.; OLIVEIRA, A. C. B.; CLEBSCH, C. C. Resistência a *Phytophthora sojae* em genótipos de soja da Embrapa em 2023. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, n. 113, Embrapa Trigo, Passo Fundo, 2024. 31 p. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/trigo>>.

DEUNER, C. C.; NOVAKOWISKI, J. H.; COSTAMILAN, L. M.; KLEIN, V. A.; CARDOSO, C. A. de A. Problema de estabelecimento na cultura da soja, safra 2018/2019: podridão de sementes, morte de plântulas e podridão radicular. **Revista Plantio Direto & Tecnologia Agrícola**, v. 167, n. 28, p. 34-40, jan./fev. 2019.

DORRANCE, A. E. *Phytophthora* root and stem rot. In: HARTMAN, G. L.; RUPE, J. C.; SIKORA, E. J.; DOMIER, L. L.; DAVIS, J. A.; STEFFEY, K. L. (Eds.). **Compendium of Soybean Diseases and Pests**. 5. ed. St. Paul: APS Press, 2015. p. 73–76.

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.

DORRANCE, A. E.; SCHMITTHENNER, A. F. New sources of resistance to *Phytophthora sojae* in the soybean plant introductions. **Plant Disease**, v. 84, n. 12, 2000.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de Produção de Soja – Paraná 2005**, Londrina, 2004. 224p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de Produção de Soja - Região Central do Brasil**, Londrina, 2011. 255p.

FAO, IFAD, UNICEF, WFP, WHO. **The State of Food Security and Nutrition in the World 2024**. Financing to end hunger, food insecurity and malnutrition in all its forms. Roma: FAO, 2024.

GIACHERO, M. L.; DECLERCK, S.; MARQUEZ, N. *Phytophthora* root rot: importance of the disease, current and novel methods of control. **Agronomy**, v. 12, 610, 2022.

GUO, L. Y.; KO, W. H. **Two widely accessible media for growth and reproduction of *Phytophthora* and *Pythium* species**. Applied and Environmental Microbiology, Washington, v. 59, n. 7, p. 2323–2325, 1993. DOI: 10.1128/AEM.59.7.2323-2325.1993.

HALE, B.; BROWN, E.; WIJERATNE, A. An updated assessment of the soybean–*Phytophthora sojae* pathosystem. **Plant Pathology**, v. 72, n. 5, p. 843–860, 2023.

HE, S.; WANG, X.; SUN, X.; ZHAO, Y.; CHEN, S.; ZHAO, M.; WU, J.; CHEN, X.; ZHANG, C.; FANG, X.; *et al.* Evaluation of Short-Season Soybean Genotypes for Resistance and Partial Resistance to *Phytophthora sojae*. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 7, p. 6027, 2023.

HEBB, L. M.; BRADLEY, C. A.; MIDEROS, S. X.; TELENKO, D. E. P.; WISE, K.; DORRANCE, A. E. Pathotype complexity and genetic characterization of *Phytophthora sojae* populations in Illinois, Indiana, Kentucky, and Ohio. **Phytopathology**, St. Paul, v. 111, n. 10, p. 1729–1738, 2021.

HENNING, A.A. **Manejo de doenças da soja (Glycine max L. Merrill)**. Informativo ABRATES - Associação Brasileira de Tecnologia de Sementes, v. 19, n. 3, p. 4, 2009.

HENNING, A. A.; *et al.* **Manual de identificação de doenças de soja**. 5º edição ed. Comitê de Publicações da Embrapa Soja: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2014. v. 1. Henning, 2014, p. 42. E-book. Disponível em: <
<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/105942/1/Doc256-OL.pdf>>. Acesso em: 14 set. 2025.

KAUFMANN, M. J.; GERDEMANN, J.W. Root and stem rot of soybean caused by *Phytophthora sojae* n. sp. **Phytopathology**, Saint Paul, v 48, p.201-208, 1958.

LEMES, E.; CASTRO, L.; ASSIS, R. **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas, São Paulo: Millennium, 2015. 366 p. ISBN 9788576253297.

LI, WEI; *et al.* Genome-wide association study of partial resistance to *P. sojae* in wild soybeans from Heilongjiang Province, China. **Current Issues in Molecular Biology**, v. 44, n. 7, p. 3194–3207, 2022.

LOPES, U. P.; MICHEREFF, S.J. **Desafios do manejo de doenças radiculares causadas por fungos**. 1. ed. Recife: EDUFRPE, 2018. 208 p.

McCOY, A. G.; BELANGER, R. R.; BRADLEY, C. A.; CERRITOS-GARCIA, D. G.; GARNICA, V. C. *et al.* A global-temporal analysis on *Phytophthora sojae* resistance gene efficacy. **Nature Communications**, v. 14, 6043, 2023.

MEDINA, J. C. *et al.* Introdução e evolução da soja no Brasil. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (ed.). **A soja no Brasil**. 1. ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 1–1062.

MONACO, H.; COLUSSI, J.; SCHNITKEY, G. "Brazil's Agricultural Expansion: Where Are Soybean Yields Headed?" **Farmdoc daily** (15):33, Department of Agricultural and Consumer Economics, University of Illinois at Urbana-Champaign, February 20, 2025.

OLIVEIRA, M. B. **Estimativa de parâmetros genéticos, diversidade genética e métodos de seleção em progênies de soja**. 2024. 101 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2024.

QIN, J. *et al.* Genome-wide association mapping of resistance to *Phytophthora sojae* in a soybean germplasm panel from maturity groups IV and V. **PLOS ONE**, v. 12, n. 9, e0184613, 2017.

RAMALHO, M. A. P.; MARQUES, T. L.; LEMOS, R. do C. Plant breeding in Brazil: Retrospective of the past 50 years. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, 2021.

RISTAINO, J. B. *et al.* **The persistent threat of emerging plant disease pandemics to global food security**. PNAS 118: 1-9. 2021.

ROSA, R. B. da.; OLIVEIRA, Z. B. de. Importância da densidade de semeadura e da escolha da cultivar para a produtividade da soja. **Plantio Direto & Tecnologia Agrícola, versão digital**, v. 2024, 2024.

SCHMITTHENNER, A.F.; BHAT, R.G. **Useful methods for studying *Phytophthora* in the laboratory**. Wooster, Ohio Agricultural Research and Development Center, Special Circular 143. 10p. 1994.

SCHMITTHENNER, A.F. *Phytophthora rot*. In: HARTMAN, G.L.; SINCLAIR, J.B.; RUPE, J.C. (Ed). **Compendium of soybean diseases**. 4ed. Saint Paul: American Phytopathological Press, p. 46-47, 1999.

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. (Eds.). **Compendium of soybean diseases and pests**. 5th ed. St. Paul: APS Press, 2015. Part. 1, p. 73-76.

SCHNEIDER, R.; ROLLING, W.; SONG, Q.; CREGAN, P.; DORRANCE, A. E.; McHALE, L. K. Genome-wide association mapping of partial resistance to *Phytophthora sojae* in soybean plant introductions from the Republic of Korea. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, p. 607, 11 ago. 2016.

SILVA, A. N. da; OLIVEIRA, D. da S.; HOLDEFER, B.; DICKEL, I. C. H.; PRADO, M. T. S. do. **Podridão radicular e do colo da soja causada por *Phytophthora sojae*: avanços no diagnóstico e manejo**. Enciclopédia Biosfera, Jandaia-GO: Centro Científico Conhecer, v. 22, n. 54, p. 128, 2025.

SILVA, C. M. da. *et al.* Melhoramento genético de plantas para adaptabilidade às mudanças climáticas. **Revista de Gestão e Secretariado – GeSec**, São José dos Pinhais, v. 15, n. 9, p. 1-19, 2024.

TYLER, B. M. *Phytophthora sojae*: root rot pathogen of soybean and model oomycete. **Molecular Plant Pathology**, v. 8, n. 1, p. 1-8, 2007.

VIEIRA FILHO, J. E. R. A produção de soja e sua importância na economia brasileira. **Revista de Política Agrícola**, v.33, e01962, 2024.

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.

YANG, Z.; AI, G.; LU, X.; LI, Y.; MIAO, J.; SONG, W.; XU, H.; LIU, J.; SHEN, D.; DOU, D. *Phytophthora sojae* effector PsCRN108 targets CAMTA2 to suppress HSP40 expression and ROS burst. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, [s.l.], v. 37, n. 8, 2024.

YOU, H. J.; *et al.* Genome-wide association study for resistance to *Phytophthora sojae* in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. **Plants**, v. 13, n. 24, p. 3501, 2024.

YU, S. F.; WANG, C. L.; HU, Y. F.; WEN, Y. C.; SUN, Z. B. Biocontrol of three severe diseases in soybean. *Agriculture*, **Basel**, v. 12, n. 9, p. 1391, 2022.

ZANIN, V.; BACHA, C. J. C. A importância dos sojicultores sulistas na nova fronteira agrícola brasileira. **Indicadores Econômicos FEE**, Porto Alegre, v. 45, n. 1, p. 35–52, 2017.

ZHANG, J.; YANG, J.; LV, Y.; ZHANG, X.; XIA, C.; ZHAO, H.; WEN, C. Genetic diversity analysis and variety identification using SSR and SNP markers in melon. **BMC Plant Biology**, v. 23, 39, 2023.

ANEXO A – PRODUTO TÉCNICO ATRELADO

Com base no estudo realizado, foi elaborada uma cartilha técnica, que será disponibilizada aos responsáveis pelas equipes envolvidas no trabalho. Esses, por sua vez, poderão repassar o material aos integrantes diretamente envolvidos nas atividades, bem como a outros colaboradores internos para os quais o tema seja relevante.

A disponibilização da cartilha técnica é importante para disseminar os resultados obtidos no estudo, permitindo que o conhecimento gerado seja compartilhado de forma clara e acessível. Dessa maneira, contribui para a valorização das informações coletadas e amplia seu alcance entre os colaboradores, fortalecendo a base de conhecimento da organização.



CARTILHA TÉCNICA

REAÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA FRENTE A RAÇAS DE *Phytophthora sojae* NO SUL DO BRASIL

Giovana dos Santos

Março, 2026. Cambé/PR.

INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) destaca-se como uma das principais culturas agrícolas no cenário mundial, exercendo papel estratégico na economia brasileira (VIEIRA FILHO, 2024). O país está entre os maiores produtores e exportadores globais, com a cultura tendo grande importância na região Sul (CARVALHO *et al.*, 2023).

Apesar dos avanços tecnológicos e do desenvolvimento de cultivares mais produtivas, a cultura da soja ainda enfrenta limitações impostas por fatores fitossanitários. Dentre estes, a podridão radicular de fitóftora, causada por *Phytophthora sojae*, é considerada uma das doenças mais importantes, podendo causar perdas severas, principalmente em condições de alta umidade e solos mal drenados (HENNING, 2009).

O patógeno apresenta elevada variabilidade genética, o que favorece a ocorrência de diferentes patótipos capazes de superar genes de resistência previamente eficazes. Nesse contexto, o uso de cultivares resistentes constitui a principal estratégia de controle, sendo frequentemente baseado em genes específicos (*Rps*) ou em resistência quantitativa (YANG *et al.*, 2020).

Diante da necessidade de ampliar o conhecimento sobre a interação entre genótipos de soja e diferentes patótipos do patógeno, o presente estudo teve como objetivo avaliar a reação de cultivares comerciais, linhagens e acessos de germoplasma quanto à resistência à podridão radicular de fitóftora, com foco em materiais recomendados para a região Sul do Brasil.

METODOLOGIA

Os experimentos foram conduzidos entre dezembro de 2024 e janeiro de 2025, na empresa GDM

Genética do Brasil, localizada no município de Cambé, Paraná. As atividades laboratoriais foram realizadas no Laboratório de Fitopatologia, enquanto os ensaios foram conduzidos em casa de vegetação sob condições controladas.

Foram avaliados 144 genótipos de soja, incluindo cultivares comerciais, linhagens e acessos de germoplasma. Dentre estes, 11 genótipos diferenciadores portadores de genes *Rps* foram utilizados para a caracterização da virulência dos isolados de *Phytophthora sojae* (Tabela 1).

Tabela 1 – Genótipos de soja diferenciadores portadores de genes *Rps*, utilizados na caracterização da virulência de isolados de *P. sojae*.

Genótipos diferenciadores	PI	Gene <i>Rps</i>
UNION	548622	<i>Rps1a</i>
L77-1863	547842	<i>Rps1b</i>
BS2606 IPRO	-	<i>Rps1c</i>
PI103091	103091	<i>Rps1d</i>
WILLIAMS82	548631	<i>Rps1k</i>
N3226BROWN	171442	<i>Rps3a</i>
L91-8347	591509	<i>Rps3b</i>
L92-7857	591510	<i>Rps3c</i>
L85-3059	547876	<i>Rps5</i>
L89-1581	591511	<i>Rps6</i>
HAROSOY	548573	<i>Rps7</i>

PI: Plant Introduction; *Genótipos sem identificação prévia de gene de resistência.

Fonte: Elaborado pelo autor (2025).

O inóculo foi obtido a partir de culturas puras mantidas em meio de cultura, sendo posteriormente multiplicado em meio de soja sob condições controladas de temperatura e fotoperíodo (CASTELLANI, 1939; 1967). Os patótipos utilizados corresponderam às raças 1, 3, 4, 17 e 25



do patógeno, previamente caracterizadas quanto às suas fórmulas de virulência (Tabela 2).

Tabela 2 – Fórmulas de virulência identificadas nos patótipos de *P. sojae*.

Patótipos	Fórmula de virulência (gene <i>Rps</i>)
Raça1	<i>Rps7</i>
Raça3	<i>Rps1a/Rps7</i>
Raça4	<i>Rps1a/Rps1c/Rps7</i>
Raça17	<i>Rps1b/Rps1d/Rps3a/Rps6/Rps7</i>
Raça25	<i>Rps1a/Rps1b/Rps1c/Rps1k/Rps7</i>

Fonte: Elaborado pelo autor (2025).

A semeadura foi realizada em vasos contendo areia autoclavada, com 15 sementes por unidade experimental, visando a obtenção de 10 plântulas por vaso. Os genótipos foram dispostos em blocos, cada um representando uma raça de *P. sojae* avaliada, com duas repetições por tratamento.

A inoculação foi realizada no estágio inicial de desenvolvimento das plântulas, por meio da inserção de macerado de micélio diretamente no hipocótilo (SCHMITTHENNER; BHAT, 1994). Após a inoculação, os vasos foram mantidos em câmara úmida, com alta umidade relativa e temperatura entre 24 e 26 °C, durante sete dias.

A avaliação foi realizada com base na severidade dos sintomas, classificando as plântulas em saudáveis, infectadas ou mortas. A reação final na cultivar é baseada na percentagem de plântulas mortas, obedecendo o seguinte critério: R = Resistente: de 0 a 30% e S = Suscetível: >30% (COSTAMILAN; CLEBSCH, 2016).

Adicionalmente, foi calculado o índice de resistência (IR) para cada genótipo, com base na proporção de raças às quais apresentou reação de resistência.

RESULTADOS

Os resultados evidenciaram variação significativa na reação dos genótipos de soja às diferentes raças

de *P. sojae*, indicando diversidade genética quanto à resistência.

A frequência de genótipos resistentes variou entre as raças avaliadas, sendo observada maior resistência à raça 1 (75,69%) e menor à raça 25 (54,86%). As raças 3 e 17 apresentaram valores intermediários e semelhantes, enquanto a raça 4 demonstrou comportamento relativamente elevado de resistência (Tabela 3).

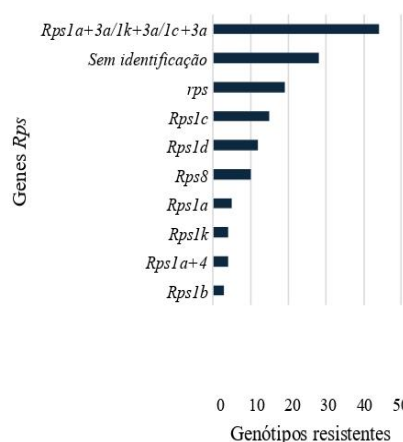
Tabela 3 – Frequência de resistência de genótipos de soja inoculados com diferentes raças de *P. sojae*.

Raça	Resistentes (n)	Suscetíveis (n)	Resistência (%)
Raça 1	109	35	75,69
Raça 3	85	59	59,03
Raça 4	98	46	68,06
Raça 17	86	58	59,72
Raça 25	79	65	54,86

Fonte: Elaborado pelo autor (2025).

Observou-se predominância de genótipos portadores de combinações de genes de resistência, especialmente envolvendo *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k* e *Rps3a*, indicando a adoção de estratégias de pirâmidação gênica nos programas de melhoramento (BATISTA *et al.*, 2023; MCCOY *et al.*, 2023). Esses materiais apresentaram maior estabilidade de reação frente aos diferentes patótipos avaliados (Figura 1).

Figura 1 – Distribuição dos genótipos de soja de acordo com o possível gene *Rps* associado à resistência à *P. sojae*.



Fonte: Elaborado pelo autor (2025).



Por outro lado, genótipos contendo genes isolados apresentaram menor frequência e, em alguns casos, menor eficiência, sugerindo possível superação desses genes por populações do patógeno. Esse comportamento reforça a elevada variabilidade genética de *P. sojae* e sua capacidade adaptativa. Adicionalmente, parte dos genótipos não apresentou identificação clara de genes específicos de resistência, o que indica a possível presença de resistência quantitativa. Esse tipo de resistência, embora não impeça completamente a infecção, contribui para maior estabilidade e durabilidade no campo (COSTAMILAN *et al.*, 2024).

Os resultados obtidos corroboram estudos recentes que indicam aumento da complexidade de patótipos e redução da eficácia de genes *Rps* amplamente utilizados. Esse cenário evidencia a necessidade de diversificação das fontes de resistência e da integração entre resistência qualitativa e quantitativa.

Dessa forma, a utilização de genótipos com resistência ampla, aliada ao monitoramento contínuo das populações do patógeno, constitui estratégia fundamental para o manejo sustentável da podridão radicular de fitófтора na cultura da soja.

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.
- CARVALHO, N. S.; RODRIGUES, E. B. S.; SANTANA, T. S. S.; CANTANHEDE, L. A.; SOUSA, G. M.; SOUSA, R. A. SILVA FILHO, F. M. SILVA-MATOS, R. R. S. Revisão: A importância da soja para o agronegócio brasileiro. **Fitotecnia, sistemas agrícolas ambientais e solo**. 2023.
- CASTELLANI, A. Viability of some pathogenic fungi in distilled water. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 42, p. 225-226, 1939.
- CASTELLANI, A. Maintenance and cultivation of common pathogenic fungi of man in sterile distilled water. Further researches. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 70, p. 181-184, 1967.
- COSTAMILAN, L. M.; CLEBSCH, C. C. **Técnicas utilizadas para estudos com *Phytophthora sojae* na Embrapa Trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2016. (Embrapa Trigo. Documentos online, 163). 31 p. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/151335/1/ID43845-2016DO163.pdf>. Acesso em: 11 out. 2024
- HENNING, A.A. **Manejo de doenças da soja (*Glycine max* L. Merrill)**. Informativo ABRATES - Associação Brasileira de Tecnologia de Sementes, v. 19, n. 3, p. 4, 2009.
- MCCOY, A. G.; BELANGER, R. R.; BRADLEY, C. A.; CERRITOS-GARCIA, D. G.; GARNICA, V. C. et al. A global-temporal analysis on *Phytophthora sojae* resistance gene efficacy. **Nature Communications**, v. 14, 6043, 2023.
- SCHMITTHENNER, A.F.; BHAT, R.G. **Useful methods for studying *Phytophthora* in the laboratory**. Wooster, Ohio Agricultural Research and Development Center, Special Circular 143. 10p. 1994.
- VIEIRA FILHO, J. E. R. A produção de soja e sua importância na economia brasileira. **Revista de Política Agrícola**, v.33, e01962, 2024.
- 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.