

Variabilidade patôgenica de *Phakopsora pachyrhizi* nas principais regiões produtoras de soja no Brasil nas safras 2018-2021

Bianca Trovati¹; Nathalia Ferreira²; Everton Alves dos Santos¹; Fernanda Machado Castanho³; Marcia Kamogae Kuwahara⁴; Mauricio Conrado Meyer⁴; Francismar Corrêa Marcelino-Guimarães⁴

¹Universidade do Norte do Paraná - UNOPAR, Londrina, PR. biancatrovati16@hotmail.com; ²Centro Universitário Filadélfia - UniFil; ³Centro de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Londrina; ⁴Embrapa Soja.

Resumo

A soja (*Glycine max L.*) é a cultura de maior destaque global devido aos teores de óleo e proteínas que apresenta em sua composição. O Brasil é o maior produtor mundial, porém, problemas fitossanitários, em especial a ferrugem-asiática da soja (ASR), impactam negativamente a produção. Este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade patogênica de *Phakopsora pachyrhizi* a partir de amostras populacionais abrangendo as principais regiões produtoras no Brasil, Sul e Centro-Oeste, entre as safras 2018 a 2021. Após a coleta, as amostras foram passadas em um ciclo de purificação na cultivar suscetível BRS 184 e os esporos frescos foram então utilizados na inoculação de 10 acessos de soja, fontes dos genes Rpp (resistência a *P. pachyrhizi*). Para a fenotipagem, foram avaliados os parâmetros nível de esporulação, número de urédias por lesão, número de urédias abertas por lesão e cor da lesão. A partir desses dados, uma escala qualitativa, variando de suscetível a altamente resistente e imune, foi estabelecida. Os genes Rpp1 (PI 200491) e Rpp7 (PI605823) não proveram resistência a nenhuma das amostras avaliadas nas 4 diferentes safras, demonstrando níveis de suscetibilidade similar ao padrão BRS 184. Em contrapartida, as fontes dos genes Rpp5 e Rpp1b (PI587880A) proveram resistência a todos os isolados. Adicionalmente, o genótipo PI594756, contendo gene Rpp mapeado na mesma região de Rpp1, apresentou elevados níveis de resistência nas safras 2018 a 2020, sendo que a partir de 2021, lesões do tipo suscetível foram observadas quando da infecção com a amostra do fungo oriunda da região Sul. Estes resultados demonstram a rápida adaptabilidade e ampla variação patogênica do fungo e ratificam a importância em monitorar a resistência genética, visando identificar fontes de resistência úteis ao desenvolvimento de cultivares para as regiões produtoras brasileiras.

Termos para indexação: Genes Rpp; Virulência; Monitoramento