

CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE DA POPULAÇÃO PATOGENICA DE *Phytophthora sojae* DO BRASIL

COSTAMILAN, L.M.¹; CLEBSCH, C.C.¹; SEIXAS, C.D.S.²; SOARES, R.M.²; GODOY, C.V.²

¹Embrapa Trigo, Caixa Postal 451, CEP 99001-970, Passo Fundo-RS, leila.costamilan@embrapa.br | ² Embrapa Soja, Londrina, PR.

A podridão radicular e de haste de fitóftora, causada por *Phytophthora sojae*, foi relatada no Brasil em 1995, e danos foram observados a partir da safra 2005/2006, em lavouras no Rio Grande do Sul e no Paraná. Até a safra 2011/2012, essa doença havia sido constatada nos estados do Rio Grande do Sul, de Santa Catarina, do Paraná, do Mato Grosso do Sul, do Mato Grosso, de Minas Gerais, de Goiás e do Tocantins.

A forma mais efetiva de controle da doença é o uso de cultivares com resistência genética, do tipo completa ou parcial. A completa é baseada em genes de resistência *Rps* do hospedeiro e não permite o aparecimento de sintomas, porém pode ser suplantada com o uso intensivo da cultivar resistente. A resistência parcial é durável, sendo que as cultivares podem apresentar diferentes níveis de desenvolvimento de sintomas, desde muito baixo até alto. Quatorze genes *Rps* estão descritos e localizados no genoma da soja: *Rps1a*, *Rps1b*, *Rps1c*, *Rps1d*, *Rps1k*, *Rps2*, *Rps3a*, *Rps3b*, *Rps3c*, *Rps4*, *Rps5*, *Rps6*, *Rps7*, *Rps8*, além de dois recentemente identificados, próximos ao complexo *Rps1* (um temporariamente designado como *RpsYu25*, e o outro, na cultivar japonesa Waseshiroge) (BURNHAM et al., 2003; DORRANCE et al., 2004; SUGIMOTO et al., 2011; SUN et al., 2011). Desses, *Rps1a*, *Rps1c*, *Rps1k*, *Rps3a* e *Rps6* são amplamente utilizados em cultivares lançadas nos EUA, onde a duração da resistência varia de 8 anos (para *Rps1a*) a 20 anos (para *Rps1k*).

Cultivares de soja com resistência completa vêm sendo desenvolvidas no Brasil a partir de 2006. Assim, é esperado que patótipos brasileiros de *P. sojae* apresentem virulência a poucos genes de resistência do hospedeiro. Os objetivos deste estudo foram caracterizar a diversidade de patótipos de *P. sojae* do Brasil, determinar sua distribuição e prever genes *Rps* efetivos para essas populações, com possibilidade de uso em programas de melhoramento.

Uma coleção de isolados de *P. sojae* foi

obtida entre as safras 2006/2007 e 2009/2010, de 25 locais em seis estados brasileiros: Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e Goiás. As fórmulas de virulência de cada isolado foram determinadas pela inoculação em plantas de soja da série diferencial contendo os genes *Rps1a*, *Rps1b*, *Rps1c*, *Rps1d*, *Rps1k*, *Rps2*, *Rps3a*, *Rps3b*, *Rps3c*, *Rps4*, *Rps5*, *Rps6*, *Rps7* e *Rps8*. A metodologia de inoculação usada foi a de introdução de micélio em hipocótilo de plantas com 10 dias de idade, seguindo-se 48 h de alta umidade relativa do ar. A leitura da reação ocorreu de cinco a sete dias após a inoculação. A cultivar com menos de 30% de plantas mortas foi considerada resistente, ou seja, o respectivo gene *Rps* ainda estava efetivo, e a cultivar com mais de 70% de plantas mortas foi considerada suscetível, sendo inefetivo o respectivo gene *Rps*. Entre 30% e 70%, a reação foi considerada intermediária, repetindo-se mais vezes o teste, nessas condições.

Como resultados, foram identificados 17 patótipos distintos (Tabela 1), com predomínio de quatro: (1d, 2, 3c, 4, 5, 6, 7), (1d, 2, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), (1b, 1d, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7) e (1d, 3a, 5, 7, 8), representando 53% da frequência total de distribuição. Os patótipos (1d, 2, 3c, 4, 5, 6, 7) e (1d, 2, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7), coletados em Passo Fundo, Ipiranga do Sul, Ijuí, Coxilha, Ronda Alta (RS), Uberaba (MG), Montividiu (GO) e Ponta Grossa (PR), foram os mais frequentes (37%) e muito semelhantes entre si, somente diferenciando-se na virulência ao gene *Rps3b* (COSTAMILAN et al., 2013).

Nenhum dos 17 patótipos havia sido descrito anteriormente. Até 1990, nos EUA, o patótipo mais comum era (1a, 1c, 1d, 6, 7) e, atualmente, muitas áreas estão registrando virulência para *Rps1b* e *Rps1k*. No Brasil, *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k* estão ainda altamente efetivos, o que pode indicar que as populações americana e brasileira não têm a mesma origem, ou que a população do Brasil sofreu diferente pressão de

seleção induzida por genes *Rps* presentes (mas não intencionalmente inseridos) em cultivares de soja. Esses genes podem ter sido introduzidos através de programas de melhoramento de soja realizados durante a década de 1960, quando foram utilizadas cultivares americanas, como Bienville, Bossier, Bragg, Cobb, Davis, Hale 7, Hardee, Hill, Hood e Majos, que melhor se adaptaram às condições climáticas e de solo do Brasil.

Todos os isolados apresentaram reação compatível com *Rps1d* e *Rps7*, 86% tiveram compatibilidade com *Rps2*, 73% com *Rps3c*, 70% com *Rps4*, 89% com *Rps5* e 59% com *Rps6*. Os genes com maior efetividade foram *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k*, que apresentaram compatibilidade com apenas um isolado, representando 3% das amostras (Figura 1).

Os patótipos de *P. sojae* mais frequentemente encontrados no Brasil têm reação compatível aos genes *Rps1d*, *Rps2*, *Rps3a*, *Rps3c*, *Rps4*, *Rps5*, *Rps6* e *Rps7*, os quais não são úteis para controle dessa doença. Os genes *Rps1a*, *Rps1c* e *Rps1k* são altamente efetivos, e qualquer um deles será eficiente no controle da doença, com exceção de Cachoeira do Sul (RS), onde foi encontrado um patótipo mais agressivo. Para o controle, o ideal seria dispor de cultivares acumulando os genes *Rps1a*, *Rps1b*, *Rps1c* e *Rps1k*, se possível também com *Rps3b* ou *Rps8*, juntamente com alto nível de resistência parcial (para evitar a quebra de resistência).

Referências

BURNHAM, K. D., DORRANCE, A. E., FRANCIS, D. M., FIORITTO, R. J.;ST.

MARTIN, S. K. *Rps8*, a new locus in soybean for resistance to *Phytophthora sojae*. *Crop Science*, v.43, p.101–105, 2003.

COSTAMILAN, L. M.; CLEBSCH, C. C.; SOARES, R. M.; SEIXAS, C. D. S.; GODOY, C. V.; DORRANCE, A. E. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* pathotypes from Brazil. *European Journal of Plant Pathology*, v.135, n.4, p.845-853, 2013. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/openurl.asp?genre=article&id=doi:10.1007/s10658-012-0128-9>>. Acesso em: 29 maio 2013.

DORRANCE, A. E., JIA, H.; ABNEY, T. S. Evaluation of soybean differentials for their interaction with *Phytophthora sojae*. *Plant Health Progress Online*. Disponível em: <<http://www.plantmanagementnetwork.org/pub/php/research/2004/psojae>>. Acesso em: 29 maio 2013.

SUGIMOTO, T., YOSHIDA, S., KAGA, A., HAJIKA, M., WATANABE, K., AINO, M., TATSUDA, K., YAMAMOTO, R., MATOH, T., WALKER, D. R., BIGGS, A. R.; ISHIMOTO, M. Genetic analysis and identification of DNA markers linked to a novel *Phytophthora sojae* resistance gene in the Japanese cultivar Waseshiroge. *Euphytica*, v.182, p.133–145, 2011.

SUN, S., WU, X. L., ZHAO, J. M., WANG, Y. C., TANG, Q. H., YU, D. Y., GAI, J. Y.; XING, H. Characterization and mapping of *RpsYu25*, a novel resistance gene to *Phytophthora sojae*. *Plant Breeding*, v.130, p.139–143, 2011.

Tabela 1. Fórmulas de virulência de patótipos de *Phytophthora sojae* coletados no Brasil. Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, 2013.

Fórmula de virulência (14 genes) ^a	Número de isolados (%)	Origem
1d, 2, 3c, 4, 5, 6, 7	9 (24)	Passo Fundo (2), Ipiranga do Sul, Ijuí, Uberaba, Coxilha (3), Ronda Alta
1d, 2, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7	5 (13)	Montividiu, Coxilha, Passo Fundo (2), Ponta Grossa
1b, 1d, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7	3 (8)	Cachoeira do Sul (2), Arroio Grande
1d, 3a, 5, 7, 8	3 (8)	Passo Fundo, Chapada, Não-Me-Toque
1d, 5, 7	2 (5)	Castro, Maracaju
1d, 2, 3a, 5, 7, 8	2 (5)	Carambeí, Sananduva,
1d, 2, 3c, 4, 5, 7	2 (5)	Santo Ângelo, Campos Novos
1d, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8	2 (5)	Cachoeirinha (2)
1a, 1c, 1d, 1k, 2, 3c, 4, 7	1 (3)	Cachoeira do Sul
1b, 1d, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7	1 (3)	Pelotas
1d, 2, 7	1 (3)	Pato Branco
1d, 2, 3a, 3c, 5, 7, 8	1 (3)	Marau
1d, 2, 3b, 3c, 4, 6, 7	1 (3)	Colorado
1d, 2, 3c, 7	1 (3)	Passo Fundo
1d, 2, 3c, 5, 7	1 (3)	Passo Fundo
1d, 2, 4, 5, 7	1 (3)	Camaquã
1d, 2, 4, 5, 6, 7	1 (3)	Lagoa Vermelha

Série diferencial composta pelas cultivares (com respectivos genes *Rps*): PI 547677 (*Rps1a*), PI 547842 (*Rps1b*), PI 547834 (*Rps1c*), PI 103091 (*Rps1d*), Williams 82 (*Rps1k*), PI 547838 (*Rps2*), PI 547862 (*Rps3a*), PI 591509 (*Rps3b*), L92-7857 (*Rps3c*), L85-2352 (*Rps4*), PI 547876 (*Rps5*), PI 591511 (*Rps6*), Harosoy (*Rps7*) e PI 399073 (*Rps8*).

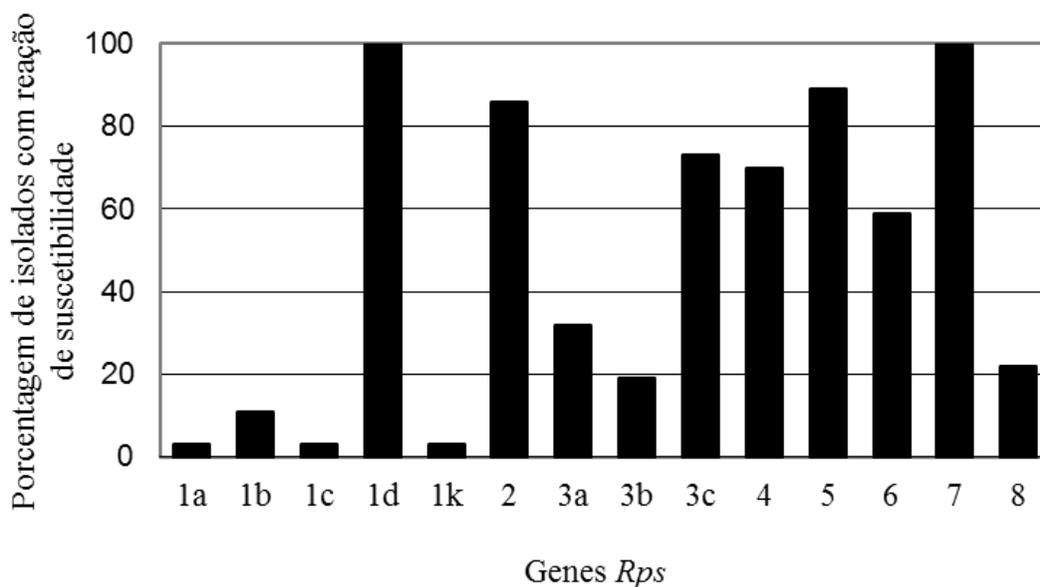


Figura 1. Frequência de virulência a genes *Rps* de isolados de *Phytophthora sojae* coletados no Brasil.