

## **PODRIDÃO RADICULAR E DO COLO DA SOJA CAUSADA POR *Phytophthora sojae*: AVANÇOS NO DIAGNÓSTICO E MANEJO**

<sup>1</sup>Alieze Nascimento da Silva, <sup>2</sup>Daniela da Silva Oliveira, <sup>2</sup>Bruna Holdefer, <sup>4</sup>Ionara Cristina Hermes Dickel, <sup>3</sup>Mariza Tereza Souza do Prado

<sup>1</sup> Professora da Universidade de Cruz Alta, UNICRUZ, *Campus* Cruz Alta, Brazil  
e-mail: alisilva@unicruz.edu.br

<sup>2</sup>Discente de Bacharelado em Agronomia pela Universidade de Cruz Alta, UNICRUZ, *Campus* Cruz Alta, Brazil

<sup>3</sup>Discente de Bacharelado em Agronomia pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Farroupilha, *Campus* Panambi, Brazil

<sup>4</sup> Mestranda em Agronomia - Agricultura e Ambiente pelo PPGA em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, *Campus* Frederico Westphalen, Brazil

**Recebido em: 15/11/2025 – Aprovado em: 15/12/2025 – Publicado em: 30/12/2025**  
**DOI: 10.18677/EnciBio\_2025D8**

### **RESUMO**

A podridão radicular e do colo da soja, causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae* Kaufmann e Gerdemann, constitui uma das doenças mais destrutivas da cultura em regiões com solos mal drenados, ocasionando perdas expressivas de produtividade e impactos econômicos superiores a dois bilhões de dólares anuais. O presente artigo de revisão sintetiza os avanços recentes sobre a biologia, epidemiologia, diversidade genética e estratégias de manejo de *P. sojae*, integrando informações de estudos nacionais e internacionais. A revisão destaca a alta plasticidade genética do patógeno, que resulta em frequente surgimento de novos patótipos capazes de superar genes de resistência (Rps), comprometendo a durabilidade do controle genético. São abordados os progressos em genômica e transcriptômica, que têm permitido identificar genes de resistência e efetores de virulência, bem como novas ferramentas moleculares de diagnóstico, incluindo PCR, qPCR e LAMP. Discute-se também o papel do tratamento de sementes com fungicidas sistêmicos (metalaxil-M, ethaboxam, oxatiapirolina), o uso de agentes biológicos (*Trichoderma spp.*, *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas fluorescens*), e práticas culturais como drenagem e rotação de culturas. Conclui-se que o manejo integrado, associando resistência genética, controle biológico, drenagem eficiente e vigilância molecular, representa o caminho mais sustentável para reduzir as perdas e garantir a resiliência da produção de soja frente à crescente complexidade populacional de *P. sojae*.

**PALAVRAS-CHAVE:** Biotecnologia. Diagnóstico molecular. Resistência genética.

### **ROOT AND STEM ROT OF SOYBEAN CAUSED BY *Phytophthora sojae*: ADVANCES IN DIAGNOSIS AND MANAGEMENT**

#### **ABSTRACT**

The soybean root and stem rot, caused by the oomycete *Phytophthora sojae* (Kaufmann and Gerdemann), is one of the most destructive diseases affecting the crop, particularly in poorly drained soils, leading to significant yield losses and economic impacts exceeding two billion dollars annually. This review article

synthesizes recent advances on the biology, epidemiology, genetic diversity, and management strategies of *P. sojae*, integrating data from national and international studies. The review emphasizes the pathogen's high genetic plasticity, which enables the emergence of new pathotypes capable of overcoming resistance genes (*Rps*), compromising the durability of genetic control. Advances in genomics and transcriptomics have facilitated the identification of resistance genes and virulence effectors, as well as the development of molecular diagnostic tools such as PCR, qPCR, and LAMP. The study also highlights the use of systemic seed treatments (metalaxyl-M, ethaboxam, oxathiapiprolin), biological control agents (*Trichoderma spp.*, *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas fluorescens*), and cultural practices including drainage improvement and crop rotation. It is concluded that integrated management—combining genetic resistance, biocontrol, efficient drainage, and molecular surveillance—constitutes the most sustainable approach to reducing yield losses and ensuring the resilience of soybean production against the increasing pathotype complexity of *P. sojae*.

**KEYWORDS:** Biotechnology. Genetic resistance. Molecular diagnosis.

## INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merr.) é uma das culturas agrícolas de maior relevância econômica mundial, constituindo base essencial da alimentação humana e animal e insumo estratégico para a indústria de biocombustíveis (SCHMITTHENNER; DORRANCE, 2015; SHEA *et al.*, 2020; USDA, 2025).

O Brasil consolidou-se como o maior produtor e exportador mundial de soja, respondendo por mais de 160 milhões de toneladas produzidas e cerca de 57% das exportações globais do grão, superando os Estados Unidos em volume e valor comercial (ABIOVE, 2024; OECD/FAO, 2025). Contudo, a produtividade da cultura é frequentemente limitada por uma ampla gama de doenças de origem biótica, entre as quais a podridão radicular e do colo da soja, causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae* (Kaufmann e Gerdemann, 1958), figura entre as mais destrutivas da cultura da soja (TYLER, 2007; HALE *et al.*, 2023).

A *P. Sojae* é um patógeno habitante do solo, responsável pela *Phytophthora Root and Stem Rot* (PRR), doença que causa apodrecimento de sementes, necrose do colo e murcha generalizada, culminando na morte de plantas e perdas significativas de rendimento, principalmente em áreas com drenagem deficiente ou sujeitas a encharcamento (DORRANCE *et al.*, 2003a; DORRANCE, 2018; BATISTA *et al.*, 2023). O impacto econômico global da PRR é expressivo, com estimativas de perdas anuais superiores a dois bilhões de dólares (BATISTA *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023). O patógeno tem sido amplamente estudado como modelo biológico em fitopatologia, devido à sua complexa interação com o hospedeiro e à notável capacidade de gerar novos patótipos capazes de superar genes de resistência específicos (*Rps*) (CHANDRA *et al.*, 2022; HALE *et al.*, 2023).

A doença pode ocorrer em diferentes estádios fenológicos da soja, desde a germinação, com o apodrecimento de sementes e plântulas, até fases reprodutivas, nas quais o patógeno provoca podridão no colo e colapso vascular, reduzindo drasticamente a produtividade (TYLER, 2007; SUGIMOTO *et al.*, 2012; GIACHERO *et al.*, 2022). Condições de alta umidade e temperatura entre 20 e 30 °C favorecem o ciclo do patógeno, cuja reprodução ocorre por esporângios, zoósporos biflagelados e oósporos de longa sobrevivência (ERWIN; RIBEIRO, 1996; DORRANCE; GRÜNWALD, 2009; SLAMINKO *et al.*, 2010; CHEN; WANG, 2017).

A podridão radicular e da haste causada pelo oomiceto *P. sojae* é uma doença de importância econômica em diversas regiões produtoras de soja (DORRANCE, 2018; GIACHERO *et al.*, 2022). Nos últimos anos, perdas foram registradas nas safras 2005/2006 e 2018/2019 e em 2019/2020, em várias lavouras do Rio Grande do Sul e do Paraná (DEUNER *et al.*, 2019; COSTAMILAN *et al.*, 2024).

A expansão da sojicultura em solos hidromórficos, aliada ao uso repetitivo de cultivares geneticamente semelhantes, tem contribuído para o aumento da incidência e da diversidade patotípica de *P. sojae* (NELSON, 2020; HALE *et al.*, 2023).

Além dos fatores edáficos, as mudanças climáticas globais exercem influência direta sobre a epidemiologia da doença. O aumento da frequência de eventos extremos de precipitação e a maior recorrência de períodos de saturação do solo têm criado condições ideais para a disseminação do patógeno e a infecção das plantas (McCOY *et al.*, 2023). Embora tendências globais indiquem redução dos intervalos secos entre eventos chuvosos, no Brasil, especialmente em regiões como o Mato Grosso, observa-se o alongamento dos períodos secos devido ao aumento da irregularidade das chuvas (MARENGO *et al.*, 2020). Ainda assim, episódios de chuva intensa e concentrada continuam suficientes para gerar encharcamento do solo, favorecendo o ciclo de *Phytophthora sojae*.

Essa conjuntura reforça a necessidade de estratégias de manejo integradas que combinem melhoramento genético, práticas culturais conservacionistas, uso racional de fungicidas e incorporação de biotecnologias avançadas, como marcadores moleculares e agentes de biocontrole (CHANDRA *et al.*, 2022).

Nos últimos anos, o avanço da genômica e da transcriptômica permitiu elucidar aspectos essenciais da patogenicidade de *P. sojae*, incluindo o papel dos efetores tipo RxLR, os mecanismos de evasão da imunidade vegetal e a coevolução entre os genes de virulência do patógeno e os genes *Rps* da soja (VAN *et al.*, 2021; WANG *et al.*, 2021; WANG *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023). Paralelamente, estudos multilocacionais têm identificado novas fontes de resistência parcial e quantitativa, ampliando o potencial de programas de melhoramento resistentes e sustentáveis (COSTAMILAN *et al.*, 2024).

Diante desse cenário, torna-se imprescindível atualizar e integrar os conhecimentos acumulados sobre a biologia, epidemiologia, diversidade genética e estratégias de manejo de *P. sojae*. Assim, o presente artigo de revisão reúne e discute a literatura recente e clássica sobre o patógeno, abordando: (i) epidemiologia e sintomatologia da podridão radicular e do colo; (ii) diversidade de isolados e patótipos; (iii) mecanismos genéticos de resistência e estratégias de melhoramento; (iv) métodos modernos de diagnóstico; e (v) abordagens integradas de controle, com ênfase no uso de sementes tratadas, manejo de drenagem, resistência varietal e biocontrole. Busca-se, portanto, oferecer uma síntese crítica e atualizada dos avanços científicos e das tendências emergentes que contribuam para o manejo sustentável e o aumento da resiliência da cultura da soja frente a *P. sojae*.

### **Epidemiologia e sintomatologia de *Phytophthora sojae***

A podridão radicular e de colo da soja, causada por *P. sojae* é uma das doenças mais destrutivas da cultura, responsável por expressivas perdas de produtividade em diversas regiões produtoras do mundo (BATISTA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023). O patógeno, pertencente ao grupo dos oomicetos, apresenta

elevada capacidade de sobrevivência no solo por meio da formação de esporângios e oósporos, estruturas de resistência espessas e persistentes, que permanecem viáveis por vários anos, tornando o manejo da doença particularmente desafiador (DORRANCE *et al.*, 2003b; EMBRAPA, 2021; HALE *et al.*, 2023).

A epidemiologia de *P. sojae* está fortemente associada às condições de umidade e à estrutura física do solo, fatores determinantes para o estabelecimento da infecção e a progressão da doença. Como oomiceto, o patógeno produz zoósporos biflagelados que se deslocam ativamente na água, favorecendo sua disseminação em áreas de drenagem deficiente e durante períodos de saturação hídrica (TYLER, 2007). Essa característica explica a maior incidência da doença em regiões de clima úmido, solos compactados e sistemas agrícolas com manejo inadequado de irrigação (DORRANCE *et al.*, 2008; MATTHIESEN *et al.*, 2021; GAO *et al.*, 2022). Estudos recentes indicam que a intensidade e a duração do alagamento estão diretamente correlacionadas com a taxa de infecção e a severidade da podridão radicular e do colo (HALE *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023).

O ciclo da doença inicia-se com a germinação dos oósporos sob condições de alta umidade (Quadro 1) (TYLER, 2007), liberando zoósporos móveis que nadam em direção às raízes e colos de plantas suscetíveis. Esses propágulos infectam tecidos jovens, principalmente por meio de ferimentos ou regiões de crescimento ativo, como radículas e hipocótilo (TYLER, 2007; BATISTA *et al.*, 2023). Após a penetração, o patógeno coloniza rapidamente o córtex e os vasos condutores, comprometendo a absorção de água e nutrientes e levando à murcha e à morte da planta. O encharcamento do solo é, portanto, o principal fator epidemiológico associado à ocorrência e severidade da doença, pois favorece a movimentação dos zoósporos e o estabelecimento das infecções (HALE *et al.*, 2023; ZHU *et al.*, 2023).

Mudanças climáticas recentes, com o aumento da frequência de chuvas intensas e períodos prolongados de saturação hídrica, ampliam o risco de epidemias em áreas anteriormente consideradas de baixa incidência de *P. sojae* (McCOY *et al.*, 2022; McCOY *et al.*, 2023; NGUYEN *et al.*, 2024). A disseminação do patógeno ocorre principalmente pela água de escoamento superficial, pela movimentação de solo contaminado e pelo uso de maquinários e sementes infectadas (HALE *et al.*, 2023). Em sistemas de plantio direto com baixa rotação de culturas, o acúmulo de inóculo é intensificado, aumentando a pressão de infecção (EMBRAPA, 2021; ZHANG *et al.*, 2021a; McCOY *et al.*, 2023).

O desenvolvimento da doença (Quadro 1) é favorecido por solos encharcados, temperaturas moderadas e alta densidade de inóculo no perfil superficial e subsuperficial do solo (EMBRAPA, 2021). Nessas condições, ocorre intensa produção de esporângios e zoósporos, o que possibilita a dispersão local pela água, infectando sementes e plântulas jovens (TYLER, 2007). Em lavouras com histórico da doença e manejo inadequado, as perdas podem ser severas, especialmente em anos de alta pluviosidade no início da safra (EMBRAPA, 2021). Estima-se que as perdas globais causadas por *P. sojae* variem entre um e dois bilhões de dólares por safra, considerando tanto a redução de produtividade quanto os custos de controle e drenagem (McCOY *et al.*, 2023).

**QUADRO 1.** Ciclo da doença causada por *Phytophthora sojae* em soja.

| Fase do ciclo                            | Estrutura do patógeno                                 | Processo biológico                                                            | Condições favoráveis                                   | Impactos na cultura                                      | Referências reais                                         |
|------------------------------------------|-------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|
| <b>Sobrevivência no solo</b>             | Oósporos (estrutura de resistência; viáveis por anos) | Permanecem dormentes no solo; germinam quando há umidade e presença de raízes | Solos encharcados, frios, 15–25 °C                     | Fonte primária de inóculo; sobrevivência por 5–10 anos   | Dorrance e Grunwald (2009); Tyler (2007)                  |
| <b>Germinação do oósporo</b>             | Oósporo germinante                                    | Formação de esporângios ou germinação direta (tubo germinativo)               | Alta umidade; 20–25 °C                                 | Início da infecção primária                              | Tyler (2007); Dorrance (2018)                             |
| <b>Produção e liberação de zoósporos</b> | Esporângios                                           | Produzem e liberam zoósporos biflagelados na água                             | Água livre no solo; drenagem deficiente                | Zoósporos migram em direção às raízes por quimiotaxia    | Dorrance e Grunwald (2009); Dorrance (2018)               |
| <b>Infecção primária</b>                 | Zoósporos / tubos germinativos                        | Encistamento, germinação e penetração direta ou via ferimentos                | Solo saturado; baixa oxigenação; exsudatos radiculares | Falhas de estande; podridão inicial de sementes e raízes | Dorrance (2018); Sugimoto <i>et al.</i> (2012)            |
| <b>Colonização e necrose</b>             | Micélio cenocítico                                    | Crescimento inter e intracelular; necrose do córtex e sistema vascular        | Alta umidade; 20–28 °C                                 | Escurecimento do colo, morte de plântulas                | Tyler (2007); Dorrance e Grunwald (2009)                  |
| <b>Esporulação secundária</b>            | Esporângios secundários                               | Produção contínua de esporângios em tecidos infectados                        | Chuvas frequentes; encharcamento prolongado            | Doença policíclica; aumento rápido da severidade         | Dorrance (2018); Dai <i>et al.</i> , 2012                 |
| <b>Disseminação</b>                      | Zoósporos; fragmentos de micélio                      | Movimentação na água, enxurradas, maquinário                                  | Irrigação superficial; áreas mal drenadas              | Disseminação local e regional; epidemias                 | Giachero <i>et al.</i> (2022); Dorrance e Grunwald (2009) |
| <b>Sobrevivência e reinício do ciclo</b> | Oósporos formados sexualmente (oogônio + anterídio)   | Formação de novos oósporos após infecção                                      | Umidade contínua; clima moderado                       | Retorno à dormência; persistência até a próxima safra    | Dorrance e Grunwald (2009); Tyler (2007)                  |

**Fonte:** autores (2025)

No Brasil, a doença é mais severa em solos mal drenados, mas sua importância vem crescendo devido à intensificação agrícola e à expansão da soja em áreas suscetíveis (COSTAMILAN *et al.* 2013; COSTAMILAN *et al.*, 2024). A podridão radicular e do colo da soja causada por *P. sojae* ocorre com maior severidade na Região Sul, especialmente nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, onde predominam solos mal drenados e áreas com histórico de encharcamento.

Entretanto, registros recentes indicam a expansão da doença para o Centro-Oeste, abrangendo estados como Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, favorecida pela intensificação agrícola e pelo cultivo contínuo da soja em áreas suscetíveis (COSTAMILAN *et al.*, 2013; GIACHERO *et al.*, 2022).

Análises temporais recentes indicam o aumento da complexidade dos patótipos de *P. sojae* em diversas regiões produtoras, com o surgimento de genótipos capazes de superar genes de resistência *Rps* anteriormente eficazes (BATISTA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023).

Essa variabilidade genética reduz a durabilidade da resistência e reforça a necessidade de estratégias de manejo integradas e regionais, aliando melhoramento genético, monitoramento fitossanitário e práticas culturais sustentáveis (COSTAMILAN *et al.*, 2024; YOU *et al.*, 2024).

Os sintomas típicos da podridão radicular e de colo da soja incluem escurecimento e necrose do colmo na região próxima ao solo (Figura 1), apodrecimento das raízes e murcha de plantas isoladas ou em reboleiras, principalmente sob condições de alta umidade (SUGIMOTO *et al.*, 2012; CHANG *et al.*, 2017; LIU *et al.*, 2018). Em estágios iniciais, sementes infectadas podem não emergir ou originar plântulas acamadas, com colo escurecido e raízes finas necrosadas (BATISTA *et al.*, 2023). Em infecções mais avançadas, o sistema radicular torna-se severamente degradado, comprometendo a absorção de água e nutrientes e levando à morte progressiva das plantas (HALE *et al.*, 2023).

**FIGURA 1.** Sintomas da podridão radicular por *Phytophthora sojae* em plântulas de soja: (A) descoloração leve da raiz principal e das radículas, com lesão encharcada no caule; (B) Coloração marrom a marrom-escura da raiz principal e das radículas, com lesão de coloração semelhante a chocolate no caule; (C1–C3) danos no hipocótilo e nos cotilédones; e (D) apodrecimento das sementes.



**Fonte:** Traduzido de Chang *et al.*, (2017).

Como observado na figura 1 e de acordo com Costamilan *et al.*, (2024) - pesquisadora do patógeno na Embrapa Trigo, os sintomas da podridão-radicular de *Phytophthora* em soja ocorrem desde a pré-emergência até a fase adulta da planta,

sendo característica a coloração marrom-escura da haste, desde o solo, que progride para hastes laterais e para o topo da planta. Em planta adulta, os tecidos apodrecidos da raiz e da haste permanecem firmes.

A distribuição dos sintomas no campo constitui aspecto diagnóstico importante: A doença tende a ocorrer em reboleiras ou faixas associadas a depressões do terreno, onde há acúmulo de água e menor aeração do solo (COSTAMILAN *et al.*, 2024). Nessas áreas, a intensidade dos sintomas varia conforme o nível de resistência da cultivar e a carga de inóculo presente. A morte de plantas em reboleiras, seguida por falhas de estande, é frequentemente o primeiro indicativo da presença de *P. sojae* em campo, especialmente em anos com elevado índice pluviométrico (BATISTA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023).

Microscopicamente, observa-se intensa colonização do córtex radicular e dos vasos condutores, com formação de hifas cenocíticas e esporângios típicos de oomicetos. Essa colonização vascular resulta em colapso dos tecidos condutores e interrupção do fluxo de seiva, explicando o sintoma de murcha irreversível, mesmo em solos úmidos (TYLER, 2007; McCOY *et al.*, 2023).

**Diagnóstico de *Phytophthora sojae***

Tradicionalmente, o isolamento do patógeno é feito em meio seletivo à base de suco de V8, onde o crescimento micelial apresenta aspecto branco-algodão característico (DORRANCE *et al.*, 2008; COSTAMILAN *et al.*, 2024) (Quadro 2). O meio de cultura V8 agar, preparado a partir de suco vegetal comercial, é amplamente empregado no isolamento e cultivo de oomicetos como *P. sojae*, por suportar tanto o crescimento micelial quanto a esporulação (SCHMITTHENNER, 2000; MIDEROS *et al.*, 2007; COSTAMILAN; CLEBSCH 2016). A formulação clássica compreende 200 mL de suco V8, 2,5 g de CaCO<sub>3</sub>, 18 g de ágar e água destilada até completar um litro, autoclavado a 121 °C por aproximadamente 15 min (SCHMITTHENNER, 2000). Subsequentemente, testes de patogenicidade e inoculação diferencial com cultivares portadoras de genes *Rps* específicos permitem confirmar a identidade do patógeno e determinar o patótipo envolvido (HALE *et al.*, 2023).

**QUADRO 2.** Métodos clássicos, morfológicos, fenotípicos e biológicos aplicados à identificação de *Phytophthora sojae*, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, 2016.

| Método                                        | Princípio                                                           | Aplicação                           | Vantagens                                    | Limitações                                                                   |
|-----------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------|-------------------------------------|----------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------|
| Isolamento em meio V8 agar                    | Crescimento micelial e morfologia (esporângios papilados, oósporos) | Isolamento e caracterização inicial | Custo baixo; identificação fenotípica direta | Tempo elevado; risco de contaminação; baixa precisão entre espécies próximas |
| Testes diferenciais com cultivares <i>Rps</i> | Reação de hipersensibilidade (incompatível) ou suscetível           | Identificação de patótipos          | Permite classificação funcional de isolados  | Laborioso; depende de plantas vivas; não detecta variação molecular          |

**Fonte:** autores (2025)

Nos últimos anos, técnicas moleculares (Quadro 3) têm revolucionado o diagnóstico e o monitoramento de *P. sojae*. Métodos baseados em PCR e qPCR com *primers* específicos permitem detecção rápida e sensível do patógeno em solo, sementes e tecidos vegetais (GAO *et al.*, 2021; WANG *et al.*, 2021; FAN *et al.*, 2022; HEBB *et al.*, 2022; ZHANG *et al.*, 2022a; FREITAS-ALVES *et al.*, 2025).

Além disso, ferramentas de biologia molecular avançada, como o sequenciamento de nova geração (NGS) e marcadores baseados em SNPs, vêm sendo utilizadas para caracterizar populações locais e compreender a variabilidade genética e a distribuição geográfica dos patótipos (ZHANG *et al.*, 2022b; McCOY *et al.*, 2023).

Essas metodologias têm importância estratégica para a fitossanidade e o manejo regionalizado da doença, pois permitem a identificação precoce de isolados virulentos, o rastreamento de fontes de inóculo e a atualização das recomendações de cultivares resistentes (COSTAMILAN *et al.*, 2024). Em programas de melhoramento genético, o uso de marcadores moleculares associados a genes *Rps* tem acelerado a piramidação de genes de resistência e a validação de novas linhagens (McCOY *et al.*, 2023).

De forma integrada, o diagnóstico preciso e o monitoramento constante de *P. sojae* constituem etapas essenciais para reduzir o impacto econômico da doença, orientar práticas de manejo e sustentar a durabilidade da resistência varietal em ambientes tropicais e subtropicais de cultivo de soja (HALE *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023).

Complementarmente, o avanço das tecnologias ômicas e da bioinformática tem ampliado a compreensão da interação entre *P. sojae* e a soja, fornecendo subsídios para o desenvolvimento de estratégias de manejo mais precisas e sustentáveis. Estudos de transcriptômica e genômica funcional vêm revelando genes de virulência e mecanismos de evasão do patógeno frente à imunidade da planta, bem como vias metabólicas envolvidas na patogenicidade (YOU *et al.*, 2024; FREITAS-ALVES *et al.*, 2025).

A integração de dados de NGS, GWAS e ferramentas de edição gênica, como CRISPR/Cas9, permite validar genes de resistência e acelerar programas de melhoramento (ZHANG *et al.*, 2023). Ademais, o uso de bancos de dados globais e redes colaborativas de vigilância genotípica tem possibilitado o mapeamento dinâmico dos patótipos emergentes e o intercâmbio de informações entre instituições de pesquisa, fortalecendo o manejo integrado da doença em escala regional e internacional (EMBRAPA, 2021; BATISTA *et al.*, 2023).

**QUADRO 3.** Métodos moleculares e de diagnóstico aplicados à detecção de *Phytophthora sojae*. O quadro apresenta uma síntese dos principais métodos moleculares empregados na detecção, quantificação e caracterização funcional de *Phytophthora sojae*, agente causal da podridão radicular da soja (*soybean root rot*).

| Método / Técnica | Princípio / Marcadores                      | Aplicação                      | Vantagens                                     | Limitações                                 |
|------------------|---------------------------------------------|--------------------------------|-----------------------------------------------|--------------------------------------------|
| PCR convencional | Amplificação de ITS, CoxII, Avh6, Ras, Ypt1 | Confirmação espécie-específica | Alta especificidade; confirma <i>P. sojae</i> | Requer laboratório e reagentes específicos |

|                                                         |                                                                     |                                            |                                                                 |                                                   |
|---------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------|
| qPCR<br>(quantitativo)                                  | Primers<br>específicos +<br>sonda<br>fluorescente<br>(TaqMan, SYBR) | Quantificação do<br>DNA do<br>patógeno     | Sensível e<br>quantitativo;<br>detecta baixo<br>inóculo         | Custo moderado;<br>requer<br>termociclador        |
| LAMP (Loop-<br>mediated<br>Isothermal<br>Amplification) | Amplificação<br>isotérmica com<br>primers múltiplos                 | Diagnóstico<br>rápido em<br>campo          | Portátil, rápido<br>(≤30 min), não<br>requer PCR<br>tradicional | Menor<br>padronização<br>entre laboratórios       |
| Multiplex PCR                                           | Amplificação<br>simultânea de<br>múltiplas espécies                 | Diferenciação<br>em amostras<br>mistas     | Permite detectar<br>múltiplos<br>patógenos em uma<br>reação     | Maior<br>complexidade no<br>desenho de<br>primers |
| RT-PCR / RNA-<br>seq                                    | Expressão de<br>genes de<br>virulência ou<br>resposta de<br>defesa  | Estudos<br>funcionais e<br>transcricionais | Detecta genes<br>ativos durante<br>infecção                     | Custo elevado;<br>demanda<br>bioinformática       |

**Fonte:** autores (2025)

O diagnóstico preciso de *P. sojae* requer diferenciação de outros oomicetos morfológicamente semelhantes que também ocorrem na rizosfera da soja, como *Phytophthora sansomeana* e *Phytophthora megasperma* (SUGIMOTO *et al.*, 2012; GIACHERO *et al.*, 2022). Embora todas as espécies possam causar sintomas radiculares semelhantes, como a murcha, necrose do colo e falhas de estande, diferenças fisiológicas e moleculares permitem distingui-las com precisão (ERWIN; RIBEIRO, 1996; WANG *et al.*, 2021).

A *P. sojae* é estritamente especializado à soja, apresenta crescimento micelial tipicamente mais rápido e esporângios papilados não caducos, de formato oval a elipsoidal, enquanto *P. sansomeana* possui hospedeiros múltiplos (milho, trigo, beterraba, leguminosas forrageiras), esporângios caducos e maior termotolerância, com ótimo de crescimento entre 28 °C e 32 °C (COSTAMILAN *et al.*, 2013; EMBRAPA, 2021).

Já *P. megasperma*, frequentemente confundido em isolamentos históricos, distingue-se pela menor agressividade à soja, formação abundante de clamidósporos e perfil molecular distinto em marcadores ITS e coxII, empregados em PCR diagnóstico (ERWIN; RIBEIRO, 1996; DORRANCE *et al.*, 2004; COSTAMILAN *et al.*, 2013).

Testes moleculares com *primers* espécie-específicos (Quadro 4), por exemplo, Avh6-F/R e ITS6/ITS7, são aliados ao sequenciamento da região ITS1-5.8S-ITS2, permitem confirmar a identidade de *P. sojae* com alta confiabilidade (ZHANG *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2021; McCOY *et al.*, 2023; ZHU *et al.*, 2023). Essas distinções são essenciais para evitar falsos diagnósticos em amostras de solo e sementes, especialmente porque *P. sansomeana* tem aumentado em áreas de rotação soja-milho no Brasil e no Meio-Oeste dos Estados Unidos (NGUYEN *et al.*, 2024).

Além das técnicas clássicas de isolamento em V8-agar e dos testes diferenciais com cultivares portadoras de genes Rps, o avanço das tecnologias moleculares revolucionou a identificação e a caracterização de isolados (CHENG *et*

*al.*, 2018; ZHANG *et al.*, 2019; ADIGUN *et al.*, 2020; LU *et al.*, 2023; ZHU *et al.*, 2023). A detecção baseada em PCR e qPCR com *primers* específicos permite identificar o patógeno em solo, sementes e tecidos vegetais com alta sensibilidade e rapidez, possibilitando inclusive a quantificação do DNA do patógeno para estimar carga de inóculo e monitorar áreas com histórico da doença (McCOY *et al.*, 2023).

Metodologias de sequenciamento de nova geração (NGS) e análise de marcadores SNPs e SSRs têm sido empregadas em estudos populacionais para mapear a variabilidade genética entre isolados de diferentes regiões, além de apoiar a inferência de rotas de dispersão e a dinâmica de patótipos (MATTHIESEN *et al.*, 2021; CHANDRA *et al.*, 2022; HALE *et al.*, 2023). A integração de dados genômicos e fenotípicos tem permitido o desenvolvimento de bancos de dados globais de patótipos e a identificação de genes Avr que interagem com genes Rps, aprimorando o entendimento molecular da patogênese e subsidiando recomendações regionais de resistência (ZHANG *et al.*, 2019; LU *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023; ZHU *et al.*, 2023).

Uma tendência atual é o uso de plataformas de diagnóstico rápidas e portáteis, como LAMP (*Loop-mediated Isothermal Amplification*) (DAI *et al.*, 2012), que possibilita detecção em campo sem equipamentos sofisticados, sendo esse um recurso valioso para vigilância fitossanitária e tomada de decisão em tempo hábil. Em paralelo, abordagens *metabarcoding* e *shotgun metagenomics* vêm sendo incorporadas ao monitoramento de *Phytophthora* em microbiomas do solo, permitindo detectar múltiplos oomicetos simultaneamente e reduzir o viés de cultivo (CHI *et al.*, 2021; WANG *et al.*, 2021).

O avanço das ferramentas moleculares transformou significativamente o manejo e o monitoramento de *P. sojae*. Métodos como PCR específica, qPCR e NGS aceleraram a identificação e a vigilância populacional, permitindo o acompanhamento da prevalência de patótipos e a detecção precoce de novas variantes virulentas (McCOY *et al.*, 2023). Dados provenientes de programas de vigilância regional e internacional, que incluem levantamentos de patótipos e diversidade genética são essenciais para orientar a escolha de cultivares e decisões de manejo em nível de campo e de paisagem (SUGIMOTO *et al.*, 2006; GRIJALBA *et al.*, 2020; MATTHIESEN *et al.*, 2021; McCOY *et al.*, 2023).

**Quadro 4.** Principais métodos genômicos e populacionais utilizados em pesquisas voltadas à caracterização molecular, diversidade genética e estrutura populacional de *Phytophthora sojae*, agente causal da podridão radicular da soja.

| Marcadores                         | Princípio                                      | Aplicação                             | Vantagens                                    | Limitações                              | Referências                                              |
|------------------------------------|------------------------------------------------|---------------------------------------|----------------------------------------------|-----------------------------------------|----------------------------------------------------------|
| Sequenciamento Sanger (ITS, CoxII) | Sequência de regiões conservadas               | Identificação e filogenia de isolados | Alta precisão; confirma identidade           | Custo e tempo; requer purificação       | Dorrance <i>et al.</i> (2004);                           |
| NGS (Next Generation Sequencing)   | Sequenciamento completo ou metagenômico        | Diversidade genética e vigilância     | Detecta SNPs, Avr, resistência, virulência   | Alto custo; requer bioinformática       | Hale <i>et al.</i> (2023); You <i>et al.</i> (2024)      |
| SNP/SSR genotyping                 | Marcadores polimórficos (microsatélites, SNPs) | Estudos de estrutura populacional     | Alta resolução para diversidade intraespécie | Exige equipamentos e análises avançadas | Chandra <i>et al.</i> (2022); McCOY <i>et al.</i> (2023) |

|                    |                              |                                              |                                     |                                     |                                                              |
|--------------------|------------------------------|----------------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|--------------------------------------------------------------|
| GWAS / QTL mapping | Associação genótipo-fenótipo | Identificação de loci de resistência em soja | Direciona programas de melhoramento | Necessita grande número de amostras | You <i>et al.</i> (2024); Freitas-Alves <i>et al.</i> (2025) |
|--------------------|------------------------------|----------------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|--------------------------------------------------------------|

**Fonte:** autores (2025)

A aplicação de genômica e transcriptômica tem avançado rapidamente, permitindo identificar regiões genômicas associadas à resistência de soja por GWAS e mapeamento de QTL, caracterizar a estrutura populacional de *P. sojae* e descobrir efetores e genes de virulência, esses que são alvos potenciais para seleção assistida por marcadores ou edição gênica (CHANDRA *et al.*, 2022; YOU *et al.*, 2024). Os efetores desempenham papel central na supressão da imunidade da soja, e estudos recentes destacam avanços na caracterização funcional desses determinantes moleculares de virulência (MADINA *et al.*, 2023).

Estudos RNA-seq comparativos têm revelado respostas transcricionais distintas entre cultivares resistentes e suscetíveis, contribuindo para seleção de QTLs e genes candidatos de resistência quantitativa; estratégias como RenSeq (*Resistance Gene Enrichment Sequencing*) aceleram a descoberta de NLRs e de *loci* raros em germoplasma (WANG *et al.*, 2021; YOU *et al.*, 2024). Estudos de mapeamento fino revelaram novos QTLs associados à resistência parcial, como demonstrado em cultivares asiáticas, incluindo Daewon (JANG *et al.*, 2020), reforçando a relevância de mecanismos poligênicos.

As ferramentas de edição gênica, como por exemplo especialmente CRISPR/Cas., permitem explorar a resistência em soja e os mecanismos de virulência em *P. sojae* com maior precisão. Essas abordagens viabilizam desde *knockout* de genes de suscetibilidade (*S-genes*) até otimização de NLRs e manipulação de vias de defesa, ampliando o potencial de desenvolvimento de cultivares resistentes (CHANDRA *et al.*, 2022; FREITAS-ALVES *et al.*, 2025). Revisões recentes destacam avanços nas plataformas CRISPR, desafios de eficiência de edição, regeneração e entrega em tecidos de soja, e perspectivas para resistência a patógenos (FREITAS-ALVES *et al.*, 2025). Em paralelo, edição e transformação direta em *Phytophthora* têm avançado, permitindo investigar efetores e validar alvos moleculares (CHANDRA *et al.*, 2022).

Por fim, observa-se a convergência entre genômica, edição gênica e biocontrole: A genômica identifica efetores e genes de resistência; a edição válida e cria novas combinações alélicas; e o biocontrole se beneficia ao selecionar microrganismos que interferem em vias do patógeno ou induzem resistência sistêmica (HEO, 2024). Ademais, painéis genômicos populacionais de *P. sojae* já são empregados para prever quebras de resistência e orientar rotação de genes Rps e o uso de bioinsumos em escala regional (McCOY *et al.*, 2023; YOU *et al.*, 2024).

### **Diversidade de isolados e patótipos de *Phytophthora sojae***

A diversidade genética de *P. sojae* constitui um dos principais fatores que dificultam o manejo efetivo da podridão radicular e do colo da soja (Quadro 5). O patógeno apresenta ampla variabilidade intraespecífica, expressa por diferentes patótipos, ou seja, populações com distintas combinações de genes de virulência capazes de superar genes de resistência específicos (Rps) presentes nas cultivares de soja (ADIGUN *et al.*, 2023; BATISTA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023). Essa plasticidade genética decorre de mecanismos como mutações pontuais,

recombinação somática, aneuploidia e rearranjos genômicos, resultando em rápida adaptação populacional (McCOY *et al.*, 2023).

No Brasil, levantamentos recentes identificaram isolados com virulência ampliada sobre cultivares anteriormente resistentes, indicando uma evolução populacional acelerada e adaptação local (COSTAMILAN *et al.*, 2024). Recentemente, populações do patógeno coletadas pela Embrapa Trigo em 2018 e em 2019 no Rio Grande do Sul, nos municípios de Carazinho, Gentil, Passo Fundo, Ibirubá e Getúlio Vargas, causaram morte de plântulas em cultivares comerciais de soja com resistência completa (genes Rps), levando à preocupação sobre a efetividade desses genes maiores e à necessidade de liberação de genótipos contendo, conjuntamente, altos níveis de resistência parcial, (DORRANCE *et al.* 2003a; COSTAMILAN *et al.*, 2024).

Estudos realizados em diferentes regiões produtoras, como América do Sul, Estados Unidos e Ásia, têm demonstrado o surgimento contínuo de novos patótipos, frequentemente relacionados ao uso prolongado de cultivares portadoras dos mesmos genes Rps (CHANDRA *et al.*, 2022).

A diversidade de isolados é intensificada por fatores ambientais, como o regime hídrico, a temperatura do solo e a movimentação de inóculo via água, solo e maquinário agrícola (McCOY *et al.*, 2023). A presença simultânea de múltiplos patótipos em uma mesma área tem sido frequentemente relatada, tornando o controle genético mais complexo (BATISTA *et al.*, 2023). Essa heterogeneidade impõe a necessidade de monitoramento constante das populações de campo, utilizando métodos moleculares e testes diferenciais com cultivares portadoras de diferentes genes Rps, a fim de orientar programas de melhoramento e estratégias regionais de manejo (HALE *et al.*, 2023; COSTAMILAN *et al.*, 2024).

Além da variabilidade genética intrínseca de *P. sojae*, estudos recentes têm evidenciado a importância da estrutura populacional e das interações genótipo-ambiente na dinâmica evolutiva do patógeno (McCOY *et al.*, 2023). Análises genômicas de isolados de diferentes regiões indicam a ocorrência de fluxos gênicos entre populações e eventos de recombinação que contribuem para o surgimento de novas combinações de virulência (ZHANG *et al.*, 2023). Esses processos evolutivos são potencializados pela alta taxa de reprodução sexuada e pela persistência dos oósporos no solo, os quais atuam como reservatórios genéticos, garantindo a sobrevivência e o reinício de epidemias em safras subsequentes (HALE *et al.*, 2023). O sequenciamento de genomas completos tem permitido identificar regiões de variação estrutural associadas a genes efetores do tipo RXLR e CRN, fundamentais para a supressão da resposta imune da planta e para a diferenciação patogênica entre isolados (YOU *et al.*, 2024; FREITAS-ALVES *et al.*, 2025).

Paralelamente, o monitoramento da diversidade de *P. sojae* vem sendo aprimorado por meio de abordagens integradas que combinam ferramentas moleculares de alta resolução com análises epidemiológicas e geoestatísticas. Programas de vigilância baseados em marcadores SNP e painéis diferenciais universais têm possibilitado a caracterização regional dos patótipos e a identificação de *hotspots* de variabilidade, orientando políticas fitossanitárias e a seleção de cultivares mais adaptadas (BATISTA *et al.*, 2023) (Quadro 5).

**QUADRO 5.** Diversidade geográfica e evolução de patótipos de *Phytophthora sojae* em diferentes regiões produtoras de soja.

| País/Região                                  | Principais patótipos ou isolados identificados                                                           | Genes Rps superados   | Fatores associados à variabilidade                                                       | Métodos de detecção e monitoramento                            | Autores / Ano                                                                       |
|----------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|
| Brasil                                       | Isolados com virulência ampliada sobre cultivares com Rps1k, Rps1c e Rps3a                               | Rps1k, Rps1c, Rps3a   | Uso prolongado de cultivares com mesmos genes Rps; alta umidade; solos mal drenados      | Testes diferenciais com cultivares e PCR-RFLP; marcadores SSR  | Batista <i>et al.</i> (2023)<br>Yang <i>et al.</i> , 2020)                          |
| Estados Unidos                               | Mais de 50 patótipos documentados; prevalência de isolados complexos com múltiplos genes de virulência   | Diversos (Rps1a–Rps8) | Recombinação somática e mutações pontuais; pressão de seleção por cultivares resistentes | Painéis diferenciais universais; sequenciamento genômico (NGS) | Hale <i>et al.</i> (2023); McCOY <i>et al.</i> (2023)                               |
| China/Ásia                                   | Elevada diversidade intraespecífica; novos patótipos emergentes (por ex., virulentos sobre Rps1k e Rps6) | Rps1k, Rps6           | Condições favoráveis de temperatura e alagamento; disseminação por irrigação             | Análises multilocus e qPCR para detecção de virulência         | Chandra <i>et al.</i> , (2022)                                                      |
| América do Sul (Argentina, Brasil, Paraguai) | Isolados com virulência cruzada em várias cultivares                                                     | Rps1a, Rps1c, Rps3a   | Introdução de material vegetal; fluxo gênico entre áreas                                 | Avaliação fenotípica e molecular de populações regionais       | Batista <i>et al.</i> (2023)                                                        |
| Síntese Global                               | Alta plasticidade genética e surgimento constante de novos patótipos                                     | -                     | Mutações, recombinação somática, aneuploidia, rearranjos genômicos                       | Integração de testes diferenciais e ferramentas ômicas         | McCOY <i>et al.</i> (2023); Hale <i>et al.</i> (2023)<br>Yang <i>et al.</i> , 2020) |

**Fonte:** autores (2025)

A aplicação de metodologias como GWAS e genotipagem por sequenciamento (GBS) tem contribuído para o mapeamento fino de *loci* de virulência e resistência, favorecendo a piramidação de genes Rps em programas de melhoramento (McCCOY *et al.*, 2023). Esses avanços reforçam a necessidade de integração entre pesquisa, extensão e monitoramento contínuo, de modo a antecipar mudanças na estrutura populacional e mitigar a perda de eficiência das cultivares resistentes em regiões produtoras de soja sob condições tropicais e subtropicais (GIACHERO *et al.*, 2022).

### **Mecanismos genéticos de resistência e estratégias de melhoramento**

A resistência genética permanece como o principal alicerce no manejo de *Phytophthora sojae* e envolve dois componentes complementares. A resistência qualitativa é controlada por genes maiores, conhecidos como Rps, enquanto a resistência quantitativa ou parcial resulta da ação conjunta de vários genes de pequeno efeito (DORRANCE, 2018; CHANDRA *et al.*, 2022; ADIGUN *et al.*, 2023).

No Brasil, especialmente na região Sul, programas públicos e privados de melhoramento têm buscado intensificar a identificação e a incorporação de cultivares resistentes (COSTAMILAN *et al.*, 2024). Entre os genes já descritos, destaca-se o Rps2, associado especificamente à resistência radicular, sendo atualmente conhecidos mais de 27 genes desse tipo na espécie (YANG *et al.*, 2020).

Nos Estados Unidos, alguns trabalhos tem relatado que o uso de cultivares com genes de resistência únicos a *P. sojae* ( Rps ) tem sido o principal método de manejo, mas o patógeno se adaptou aos vários genes implantados ( Rps 1a, Rps 1c, Rps 1k, Rps 3a e Rps 6), tornando-os ineficazes em algumas regiões do Meio-Oeste dos EUA (DORRANCE, 2018; MATTHIESEN *et al.* 2021; HEBB *et al.* 2022; McCOY *et al.* 2022).

A dinâmica de eficiência desses genes reflete a constante evolução do patógeno. Em 2013, os genes Rps1a, 1b, 1c, 1k, 3a e 8 ofereciam proteção contra a maior parte das populações brasileiras, mas avaliações realizadas entre 2020 e 2021 revelaram mudanças expressivas no perfil de virulência, mantendo Rps1a e Rps1c como os mais eficazes, introduzindo Rps3b como alternativa promissora e reduzindo a efetividade de Rps1b, 1k, 3a e 8 (COSTAMILAN *et al.*, 2013; BATISTA *et al.*, 2023). Esse comportamento reforça o elevado potencial adaptativo de *P. sojae* e já foi observado também em outros países, como Estados Unidos, Argentina e Canadá, onde populações apresentam variação constante e capacidade de superar genes previamente considerados duráveis (GRIJALBA *et al.*, 2020; TREMBLAY *et al.*, 2021; McCOY *et al.*, 2022).

A resistência parcial complementa esse cenário ao reduzir a colonização dos tecidos e a produção de oósporos, embora não impeça completamente a infecção (DORRANCE *et al.*, 2003b). Esse tipo de resposta, herdada de forma quantitativa, manifesta-se a partir do primeiro trifólio e atua contra todos os patótipos conhecidos, o que a torna essencial para aumentar a longevidade do controle genético (MIDEROS *et al.*, 2007; SCHMITTHENNER; DORRANCE, 2015). A variabilidade populacional do patógeno influencia diretamente a estabilidade dessas estratégias, e estudos demonstram que o uso repetitivo de determinados genes pode favorecer o surgimento de isolados virulentos, fenômeno documentado em diferentes continentes (MATTHIESEN *et al.*, 2021; McCOY *et al.*, 2023).

Os genes Rps seguem o modelo gene-a-gene, no qual a planta reconhece efetores ou genes de avirulência (Avr) do patógeno e desencadeia respostas de hipersensibilidade (TYLER, 2007). Mais de 30 genes Rps foram identificados em *Glycine max* e *G. soja*, muitos amplamente utilizados no melhoramento atual (HALE *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023). No entanto, a eficácia desses genes tende a diminuir conforme surgem patótipos mais complexos, o que tem motivado esforços para desenvolver estratégias que combinem diferentes mecanismos de resistência (BATISTA *et al.*, 2023).

A resistência quantitativa, embora não elimine a doença, reduz a severidade e contribui para maior durabilidade, especialmente quando integrada à resistência qualitativa (DORRANCE, 2015; CHANDRA *et al.*, 2022). Pesquisas recentes indicam

que o monitoramento de populações locais é determinante para evitar a seleção de isolados altamente virulentos e orientar a escolha de genes apropriados para cada região (MATTHIESEN *et al.*, 2021). Estudos de abrangência global confirmam que a diversidade de patótipos muda com o tempo, influenciando diretamente decisões de melhoramento e a adoção de cultivares (McCOY *et al.*, 2023).

Os avanços em genômica, transcriptômica e biologia molecular têm acelerado a descoberta de genes candidatos e elucidado as interações entre plantas e patógeno. A identificação de receptores NLR e de *loci* associados à resistência, somada às análises de efetores, tem permitido caracterizar mecanismos de avirulência e aprimorar estratégias de seleção (CHANDRA *et al.*, 2022). Ferramentas modernas de melhoramento, como piramidação de genes Rps, integração entre resistência qualitativa e quantitativa, estudos de associação ampla (GWAS) e validação funcional por CRISPR/Cas, vêm sendo incorporadas aos programas de desenvolvimento de cultivares (McCOY *et al.*, 2023). Em nível experimental, a edição gênica já contribui para a identificação de genes promissores, embora a adoção comercial dependa de regulamentações específicas. O conceito de 'pathogen-informed breeding' tem sido incorporado ao desenvolvimento de cultivares modernas, integrando informações genômicas do patógeno e da planta para escolhas mais precisas de genes-alvo (LI *et al.*, 2021).

Os impactos de *P. sojae* sobre o rendimento da soja são amplamente influenciados pelo tipo de solo, pelas condições de drenagem e pelo patótipo predominante. Ensaios realizados no Brasil e no exterior mostram que cultivares suscetíveis podem apresentar reduções superiores a 60% em ambientes com saturação hídrica prolongada (HALE *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023). No Brasil, a Embrapa Soja estima perdas de oito a 35% por safra (COSTAMILAN *et al.*, 2024). Resultados de estudos em casa de vegetação mostram que cultivares com piramidação de dois genes Rps podem reduzir a severidade em até 68%, enquanto práticas de drenagem superficial contribuem com reduções próximas de 42% (BATISTA *et al.*, 2023).

O uso de tecnologias ômicas aliadas a abordagens integrativas têm ampliado significativamente o entendimento sobre a resistência e sobre a diversidade populacional do patógeno. A genômica associativa permite identificar alelos específicos e relacioná-los ao desempenho em diferentes ambientes, mostrando-se ferramenta promissora para acelerar o melhoramento (CHANDRA *et al.*, 2022; YOU *et al.*, 2024). A combinação desses dados com análises transcriptômicas e proteômicas tem revelado vias bioquímicas envolvidas na resposta de defesa da planta.

No manejo integrado, a resistência genética se associa a fungicidas sistêmicos como metalaxil-M, ethaboxam e oxatiapiprolina, que protegem as plântulas e reduzem a mortalidade inicial (YOU *et al.*, 2024). Aliado a isso, o aprimoramento da drenagem, o uso de solos bem estruturados, a correção da compactação e a rotação de culturas não hospedeiras reduzem o potencial de inóculo e desfavorecem o patógeno (GIACHERO *et al.*, 2022; HALE *et al.*, 2023).

Ambientes adequadamente manejados apresentam menor severidade da doença e maior estabilidade produtiva, especialmente quando associados ao plantio direto bem conduzido e à higiene agrícola, que restringe a disseminação de inóculo entre áreas (GIACHERO *et al.*, 2022; BATISTA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023;). Essa integração garante maior durabilidade da resistência e preserva a eficácia dos fungicidas (BATISTA *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023; YOU *et al.*, 2024).

O uso de cultivares com genes de resistência ajustados ao perfil regional do patógeno permanece entre as estratégias mais eficientes para o manejo de *P. sojae* (BATISTA *et al.*, 2023; McCOY *et al.*, 2023). A piramidação e alternância de genes Rps, associadas à resistência quantitativa, aumentam a durabilidade do controle e reduzem a pressão de seleção (DORRANCE, 2018; McCOY *et al.*, 2023). A integração entre resistência genética, tratamento de sementes e práticas culturais adequadas forma a base mais sólida para a resiliência do sistema produtivo.

### **Tratamento de sementes com controle químico e biológico**

O tratamento de sementes se destaca como a segunda linha de defesa contra a doença, pois constitui uma das principais estratégias preventivas no manejo de *P. sojae*, sendo amplamente adotado para reduzir perdas iniciais e proteger as plântulas durante a germinação e emergência (KATAN, 2017; LEITE; LOPES, 2021).

O patógeno não é transmitido via semente, mas infecta rapidamente após a germinação, além disso a resistência genética isolada pode ser superada pela variabilidade de raças do patógeno (DORRANCE; MCCLURE, 2001; COSTAMILAN *et al.*, 2013, COSTAMILAN *et al.*, 2024).

Moléculas como mefenoxam, metalaxil e etaboxam, aplicadas de forma isolada ou em combinações comerciais, demonstram elevada eficácia na proteção inicial das plantas e na melhoria do estande em áreas com histórico da doença (BATISTA *et al.*, 2023; CERRITOS-GARCIA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023).

De modo geral, atualmente os principais ingredientes ativos são: Metalaxil (Grupo 4 - FRAC), Mefenoxam (Grupo 4 - FRAC), Etaboxam (Grupo 22- FRAC) (GIESLER; MILLER, 2017).

Fungicidas do grupo químico das Acilalaninas (Grupo 4) que possuem excelente eficácia no controle químico de *P. sojae* são (nome comercial/ingrediente ativo e eficácia no controle): Acceleron® DX-309 – Metalaxil (Grupo 4) – Excelente; Adquira® – Metalaxil (Grupo 4) – Excelente ; Allegiance® Seco – Metalaxil (Grupo 4) – Excelente; Allegiance® FL – Metalaxil (Grupo 4) – Excelente; Allegiance® LS – Metalaxil (Grupo 4) – Excelente; Avental® XL – Mefenoxam (Grupo 4) – Excelente (GIESLER; MILLER, 2017).

Os mesmos autores relatam misturas e combinações de fungicidas que possuem excelente eficácia nos trabalhos conduzidos pelos pesquisadores no Nebraska Extension, que são as seguintes misturas:

- (A) (3+4), Inovar® / Inovate® Pro, Ipconazol (Grupo 3) + Metalaxil (Grupo 4);
- (B) Misturas (4+M3) Protector™-L-Allegiance®, Metalaxil (Grupo 4) + Thiram (Grupo M3);
- (C) Misturas (4+11); Trilex® 2000, Metalaxil (Grupo 4) + Trifloxistrobina (Grupo 11);
- (D) Misturas (4+12), ApronMaxx® / CruiserMaxx® / Warden® RTA / UpShot™; Fludioxonil (Grupo 12) + Mefenoxam (Grupo 4);
- (E) Misturas (3+4+7), EverGol® Energy SB, Metalaxil (Grupo 4) + Penflufen (Grupo 7) + Protiocanazol (Grupo 3);
- (F) Misturas (3+4+22); Intego™ Suite Soja; Etaboxam (Grupo 22) + Ipconazol (Grupo 3) + Metalaxil (Grupo 4), Excelente (pelo Etaboxam e pelo Metalaxil);
- (G) Misturas (4+7+M4) Bean Guard® / Allegiance®, Captan (Grupo M4) + Carboxina (Grupo 7) + Metalaxil (Grupo 4) – Excelente (pelo Metalaxil);
- (H) Misturas (4+7+12) CruiserMaxx® Vibrance®, Fludioxonil (Grupo 12) + Mefenoxam (Grupo 4) + Sedaxano (Grupo 7) + Tiametoxam (Inseticida – 4A);

- (I) Misturas (4+7+14); Prevalecer® Carboxina (Grupo 7) + PCNB (Grupo 14) + Metalaxil (Grupo 4).

Entretanto, é importante ressaltar que esses trabalhos foram desenvolvidos nos EUA, no Brasil existem registro apenas para os seguintes produtos comerciais; ApronMaxx® / CruiserMaxx®: (Grupo 4) com outros fungicidas e, frequentemente, com o inseticida Tiametoxam; Vibrance®: (Mefenoxam, Fludioxonil, Sedaxano e Tiametoxam); EverGol® Energy: mistura de Protiocanazol, Penflufen e Metalaxil; Inovar®: contém Ipconazol e Metalaxil-M, Allegiance®: produtos à base de Metalaxil (AGROFIT, 2025).

Estudos recentes indicam que a maioria dos isolados de *P. sojae* permanece sensível a esses fungicidas, incluindo a oxatiapiprolina, um oomicida de nova geração que atua sobre a proteína de ligação de oxisterol (OSBP), apresentando resultados promissores *in vitro* e em condições controladas (MIAO *et al.*, 2020; CERRITOS-GARCIA *et al.*, 2023; HALE *et al.*, 2023). Ensaios de casa de vegetação e campo confirmam que o ethaboxam reduz de forma significativa a incidência de podridões em sementes e plântulas, aumentando a uniformidade de emergência e o vigor inicial da cultura.

Entretanto, há registros de redução de sensibilidade ao mefenoxam em determinadas populações do patógeno (CHILVERS *et al.*, 2015a, 2015b), o que reforça a necessidade de monitoramento contínuo da eficácia dos fungicidas e da rotação entre ingredientes ativos com diferentes mecanismos de ação, conforme as recomendações do FRAC (2023). O uso repetido e isolado desses compostos pode favorecer a seleção de isolados menos sensíveis, comprometendo o controle a médio prazo (MIAO *et al.*, 2020).

O tratamento de sementes (Quadro 6) deve ser integrado a outras medidas de manejo, como o uso de cultivares resistentes (genes Rps e resistência parcial), o melhoramento da drenagem do solo, e práticas culturais que reduzam o encharcamento, condição que favorece a liberação e mobilidade dos zoósporos e, consequentemente, a infecção radicular.

Os principais benefícios do tratamento de sementes incluem: Proteção efetiva das plântulas nas fases críticas de germinação e emergência; Redução da necessidade de replantio em áreas infestadas; Maior uniformidade de estande e melhor estabelecimento inicial da lavoura.

Por outro lado, a eficácia é limitada em condições de saturação hídrica, nas quais a movimentação dos propágulos do patógeno é intensificada (HALE *et al.*, 2023). O uso de fungicidas pós-emergentes não é recomendado como tática principal, uma vez que apresenta eficácia variável, custo elevado e restrições ambientais (DORRANCE, 2018; LEITE; LOPES, 2021).

Assim, o manejo químico de *P. sojae* deve ser entendido como uma ferramenta complementar, integrada ao manejo genético, biológico e cultural, visando sustentabilidade, redução de perdas e preservação da eficácia dos fungicidas sistêmicos (LEITE; LOPES, 2021).

**QUADRO 6.** Fungicidas utilizados no tratamento de sementes de soja contra *Phytophthora sojae*. O quadro apresenta os principais ingredientes ativos (IA) empregados no tratamento de sementes (TS) de soja visando o controle de *Phytophthora sojae*, oomiceto responsável pela podridão radicular da soja.

| Ingrediente Ativo (IA)  | Mecanismo de Ação (FRAC / Grupo Químico)                           | Modo de Aplicação                          | Autores Reais (Referências Confirmadas)                                                      |
|-------------------------|--------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|
| Metalaxil-M / Mefenoxam | Inibidor da síntese de RNA (Fenilamidas). FRAC 4                   | Tratamento de Sementes (TS)                | Dorrance (2018);<br>Dorrance <i>et al.</i> , (2003a);<br>Nguyen <i>et al.</i> , (2024)       |
| Ethaboxam               | Inibidor da mobilidade dos zoósporos (Tiazolcarboxamidas). FRAC 22 | TS                                         | Noel <i>et al.</i> (2019);<br>McCOY <i>et al.</i> (2022);<br>Wang <i>et al.</i> , (2023)     |
| Oxatiapirolina          | Inibidor da OSBP (proteína de ligação de oxisterol). FRAC 49       | TS / Tratamentos emergentes                | Miao <i>et al.</i> , (2020);<br>Wang <i>et al.</i> , (2023);<br>McCOY <i>et al.</i> , (2022) |
| Cyazofamid              | Inibidor do complexo bc1 – sítio Qo (QoI). FRAC 21                 | TS / Pulverização                          | Wang <i>et al.</i> , (2023);                                                                 |
| Zoxamide                | Inibidor da formação dos microtúbulos (Benzamidas). FRAC 22        | TS                                         | Zhu <i>et al.</i> , (2023);                                                                  |
| Fluopicolide            | Afeta o citoesqueleto e o transporte vesicular. FRAC 43            | TS                                         | Zhu <i>et al.</i> , (2023);<br>McCOY <i>et al.</i> , (2023)                                  |
| Mandipropamid           | Inibidor da OSBP (Carboxamidas). FRAC 40                           | TS / Foliar                                | Wang <i>et al.</i> , (2023)                                                                  |
| Fludioxonil             | Inibidor da transdução osmótica – Proteína Quinase. FRAC 12        | TS (geralmente em mistura com metalaxil-M) | Dorrance (2018);<br>Nguyen <i>et al.</i> , (2024)                                            |

**Fonte:** autores (2025)

Os fungicidas Maxim Advanced® e Apron RFC® são amplamente utilizados no tratamento de sementes de soja e possuem formulações específicas que combinam princípios ativos com distintos modos de ação. O Maxim Advanced® é composto por Metalaxil-M (20 g/L), Tiabendazol (150 g/L) e Fludioxonil (25 g/L), enquanto o Apron RFC® reúne Fludioxonil (25 g/L) e Metalaxil-M (37 g/L). Embora esses produtos não possuam registro específico para o controle de *Phytophthora sojae* no Brasil, eles são recomendados para o tratamento de sementes e apresentam eficácia comprovada na proteção inicial contra patógenos de solo, atuando na germinação e nos estádios iniciais de desenvolvimento das plântulas. Ambas as formulações e concentrações dos ingredientes ativos constam no sistema AGROFIT, plataforma oficial do Ministério da Agricultura e Pecuária para consulta de agrotóxicos registrados no País (AGROFIT, 2025).

O controle biológico de *P. sojae* tem avançado de forma expressiva como uma alternativa complementar promissora dentro do manejo integrado de doenças da soja (XIONG *et al.*, 2022) (Quadro 7). Estudos recentes evidenciam que microrganismos como *Trichoderma spp.*, *Bacillus subtilis*, *B. amyloliquefaciens*, *Pseudomonas fluorescens* e *Streptomyces spp.* apresentam ação supressora significativa sobre o patógeno, reduzindo a germinação de oósporos, a mobilidade de zoósporos e a infecção inicial das plântulas (ZHANG *et al.*, 2021b; BATISTA *et al.*, 2023; HEO *et al.*, 2024).

Esses agentes atuam de maneira multifatorial e sinérgica, combinando competição por espaço e nutrientes, antibiose por metabólitos secundários (iturina, fengicina, surfactina, fenazinas e sideróforos), micoparasitismo e degradação enzimática de estruturas do patógeno, além da indução de resistência sistêmica (ISR), que ativa vias de defesa mediadas por ácido jasmônico, etileno e ácido salicílico (HEO *et al.*, 2024; YOU *et al.*, 2024). Alguns biocontroladores, como *Trichoderma virens*, produzem metabólitos bioativos, entre estes a gliotoxina, envolvidos tanto na competição quanto na supressão de patógenos de solo (VARGAS *et al.*, 2014).

No Canadá, Arfaoui *et al.*, (2020) demonstraram que bactérias reduziram significativamente os efeitos de *P. sojae*, causadora de podridão radicular, dessa forma corroborando, Sallam *et al.*, (2021), no Egito, observaram que fungos entomopatogênicos reduziram a podridão radicular e promoveram o crescimento em plantas de soja. Ensaio conduzidos em diferentes ambientes demonstram que consórcios microbianos multiespécies, principalmente as combinações de *Bacillus spp.* + *Trichoderma spp.*, resultam em reduções expressivas (50–70%) na severidade da podridão radicular da soja, com ganhos em vigor vegetativo, biomassa de raízes e produtividade (BANDEIRA, 2024; SANTOYO *et al.*, 2024). A associação de biocontroladores com fungicidas de baixo impacto ambiental, como ethaboxam e oxatiapiprolina, também tem mostrado efeitos complementares e compatibilidade parcial, ampliando o espectro de controle e reduzindo a pressão de seleção por resistência (WANG *et al.*, 2023; HEO *et al.*, 2024).

**QUADRO 7.** Tratamentos biológicos de sementes e rizosfera da soja para o manejo de *Phytophthora sojae*. O quadro apresenta uma síntese abrangente dos principais agentes biológicos e bioinsumos utilizados ou em desenvolvimento para o tratamento de sementes e o manejo biológico de *Phytophthora sojae*, patógeno responsável pela podridão radicular da soja (*soybean root rot*).

| <b>Ingrediente Ativo (IA) / Microrganismo</b>           | <b>Mecanismo de Ação (Grupo Funcional)</b>                                 | <b>Modo de Aplicação</b> | <b>Autores / Ano</b>                                            |
|---------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------|--------------------------|-----------------------------------------------------------------|
| <i>Bacillus subtilis</i> / <i>B. amyloliquefaciens</i>  | Produção de antibióticos (iturina, surfactina, fengicina); competição; ISR | TS ou sulco              | Arfaoui <i>et al.</i> (2020); Maslennikova <i>et al.</i> (2023) |
| <i>Streptomyces spp.</i>                                | Produção de enzimas hidrolíticas, sideróforos e antibióticos naturais      | TS ou sulco              | Arfaoui <i>et al.</i> (2020)                                    |
| <i>Trichoderma harzianum</i> / <i>T. asperellum</i>     | Micoparasitismo; produção de quitinases e glucanases; ISR                  | TS, solo ou substrato    | Harman <i>et al.</i> (2004); Singh <i>et al.</i> (2023);        |
| <i>Bacillus velezensis</i>                              | Lipopeptídeos antifúngicos; colonização rizosférica                        | TS ou solo               | Xiong <i>et al.</i> (2022)                                      |
| <i>Pseudomonas fluorescens</i> / <i>P. putida</i>       | Produção de sideróforos, antibióticos e HCN; ISR                           | TS ou foliar             | Raio <i>et al.</i> (2024)                                       |
| <i>Clonostachys rosea</i>                               | Micoparasitismo; degradação de parede celular; competição                  | Sulco ou substrato       | Sun <i>et al.</i> (2020); Mascarin <i>et al.</i> (2022)         |
| <i>Gliocladium virens</i> ( <i>Trichoderma virens</i> ) | Produção de gliotoxina e enzimas hidrolíticas                              | Solo / substrato         | Vargas <i>et al.</i> (2014)                                     |
| <i>Paenibacillus polymyxa</i>                           | Fixação biológica de N <sub>2</sub> ; ISR; antibiose                       | TS / foliar              | Langendries; Goormachtig (2021)                                 |

|                                                   |                                                           |                               |                                                        |
|---------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|-------------------------------|--------------------------------------------------------|
| <i>Burkholderia cepacia</i> complex               | Produção de sideróforos, fenazinas e enzimas degradantes  | TS / solo                     | Wang <i>et al.</i> (2023);                             |
| <i>Serendipita indica</i> (endófito micorrízico)  | Colonização radicular; modulação hormonal; ISR            | TS ou inoculação no substrato | Verma <i>et al.</i> (1998); Yadav <i>et al.</i> (2022) |
| <i>Rhizobium japonicum</i> (estirpes simbióticas) | Competição e indução de resistência associada à nodulação | TS                            | Sugawara <i>et al.</i> (2018); Embrapa Soja (2024)     |
| <i>Bacillus subtilis</i> QST 713 (Serenade®)      | Lipopeptídeos antifúngicos; ISR                           | TS ou pulverização            | US-EPA (2019); FRAC (2023)                             |
| <i>Trichoderma harzianum</i> (Trichodermil®)      | Micoparasitismo e antibiose                               | TS ou solo                    | Embrapa (2021); Brasil Brasil (2024)                   |

**Fonte:** autores (2025)

Apesar dos avanços, persistem desafios práticos relacionados à variabilidade ambiental, à estabilidade das formulações, à compatibilidade com fungicidas químicos e à falta de validação multiambiental padronizada, fatores que ainda limitam a consolidação do controle biológico em larga escala (HEO *et al.*, 2024). Meta-análises recentes reforçam que a eficácia dos agentes biológicos depende da adaptação às condições edafoclimáticas locais e da validação em múltiplos ambientes e sistemas de cultivo antes de recomendações comerciais (GODEBO *et al.*, 2021).

Nesse contexto, a integração entre controle biológico, resistência genética e práticas culturais (como o uso de cultivares portadoras de genes Rps, a rotação de culturas não hospedeiras e o manejo da drenagem do solo) constitui um caminho estratégico para sistemas produtivos mais sustentáveis, reduzindo a dependência de fungicidas sintéticos e contribuindo para a resiliência fitossanitária e ambiental da cultura da soja (GODEBO *et al.*, 2021; YOU *et al.*, 2024).

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A podridão radicular e do colo da soja, causada pelo oomiceto *Phytophthora sojae*, permanece entre as doenças mais destrutivas e economicamente relevantes para a sojicultura mundial. Esta revisão sintetiza os avanços recentes no entendimento da biologia, epidemiologia e manejo do patógeno, evidenciando a natureza altamente dinâmica do sistema patógeno-hospedeiro e os desafios que emergem diante de sua rápida adaptabilidade. A principal barreira ao controle sustentável de *P. sojae* é sua elevada plasticidade genética, que favorece o surgimento recorrente de novos patótipos capazes de suprimir genes de resistência específicos Rps. Essa variabilidade compromete a durabilidade do controle genético vertical e reforça a urgência de ampliar a busca por resistência parcial e quantitativa, cuja incorporação em programas de melhoramento constitui uma necessidade crítica para aumentar a resiliência das cultivares.

Simultaneamente, os avanços em genômica, biotecnologia e biologia molecular têm revolucionado a compreensão da interação soja – *P. sojae*. A identificação de efetores de virulência, aliada ao uso de ferramentas de diagnóstico molecular rápido, como PCR em tempo real, qPCR e LAMP, representa um marco para a vigilância fitossanitária. A incorporação de metodologias moleculares sensíveis permite detectar o patógeno mesmo em baixos níveis de inóculo, identificar variantes emergentes e monitorar a diversidade patotípica com maior

precisão. Esses métodos ampliam a capacidade de diagnóstico precoce, favorecem a caracterização de patótipos prevalentes e possibilitam recomendações mais acuradas quanto ao uso de cultivares, ao monitoramento de áreas suscetíveis e à tomada de decisão em nível regional.

No manejo químico, o tratamento de sementes continua sendo uma estratégia indispensável para proteger plântulas em estádios vulneráveis. Ingredientes ativos como metalaxil-M e ethaboxam seguem apresentando eficácia consistente, embora a evolução de populações menos sensíveis exija monitoramento contínuo e ajustes na recomendação desses produtos para evitar a seleção de estirpes resistentes e garantir a longevidade das moléculas disponíveis. Paralelamente, observa-se a consolidação do controle biológico como uma alternativa robusta e complementar dentro do Manejo Integrado da Doença, com destaque para agentes como *Trichoderma spp.*, *Bacillus spp.* e outras bactérias e fungos benéficos capazes de atuar via micoparasitismo, antibiose, indução de resistência e colonização competitiva na rizosfera. O avanço tecnológico na produção, formulação e estabilidade desses agentes tem ampliado a viabilidade no campo, fortalecendo a integração aos sistemas produtivos. Além de fungicidas específicos, compostos como fosfito também demonstram capacidade de reduzir a agressividade do patógeno e induzir respostas de defesa (GUO *et al.*, 2021).

Diante desse panorama, torna-se evidente que a sustentabilidade da sojicultura frente a *P. sojae* depende da adoção plena do Manejo Integrado da Doença. A mitigação dos impactos do patógeno requer a integração entre conhecimento molecular, melhoramento genético, práticas culturais e estratégias racionais de controle químico e biológico. A piramidação de genes Rps, o fortalecimento da resistência quantitativa, o monitoramento sistemático da diversidade patotípica, a atenção às condições edáficas, o uso estratégico de fungicidas no tratamento de sementes e a incorporação crescente e estruturada de agentes de biocontrole constituem pilares complementares que, quando aplicados de forma sinérgica, elevam a robustez do sistema produtivo.

Conclui-se que o enfrentamento de *P. sojae* exige a união consistente entre o laboratório e o campo. A consolidação de ferramentas de diagnóstico molecular sensível, o avanço do melhoramento genético, a adoção de práticas culturais adequadas, a racionalização das estratégias químicas e a expansão do controle biológico como componente efetivo do manejo representam caminhos indispensáveis para assegurar produtividade, estabilidade e sustentabilidade da sojicultura em um cenário marcado pela intensificação agrícola e pelas mudanças climáticas.

## REFERÊNCIAS

ABIOVE. **Números fechados confirmam recordes na soja em 2023**. São Paulo: ABIOVE, 2024. Disponível em: <https://abiove.org.br/numeros-fechados-pela-abiove-confirmam-recordes-na-soja-em-2023/>. Acesso em: 25 nov. 2025.

ADIGUN, O. A.; NADEEM, M.; PHAM, T. H.; JEWELL, L. E.; CHEEMA, M.; THOMAS, R. Recent advances in bio-chemical, molecular and physiological aspects of membrane lipid derivatives in plant pathology. *Plant, Cell and Environment*, v. 44, p. 1–16, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/pce.13904>.

ADIGUN, O. A.; PHAM, T. H.; GRAPOV, D.; NADEEM, M.; JEWELL, L. E.; CHEEMA, M.; et al.; R. Phyto-oxylipin mediated plant immune response to colonization and infection in the soybean–*Phytophthora sojae* pathosystem. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1141823>.

AGROFIT – Sistema de agrotóxicos fitossanitários. Ministério da Agricultura e Pecuária. **Consulta de produtos formulados para tratamento de sementes, incluindo Maxim Advanced® e Apron RFC®**. Disponível em: [http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit\\_cons/principal\\_agrofit\\_cons](http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons).

ARFAOUI, A.; EL HADRAMI, A.; ADAM, L. R.; DAAYF, F. Combining *Streptomyces hygroscopicus* and phosphite boosts soybean's defense responses to *Phytophthora sojae*. **Biocontrol**, v. 65, p. 363–375, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10526-020-10000-7>.

BANDEIRA, T. R. **Bacillus amyloliquefaciens, Bacillus velezensis e Trichoderma no tratamento de sementes de soja (*Glycine max*)**. 2024. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia) – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Unidade Universitária Cachoeira do Sul, Cachoeira do Sul, 2024. Disponível em: <https://repositorio.uergs.edu.br/xmlui/handle/123456789/3758>. Acesso em: 1 dez. 2025.

BATISTA, I. C. A.; SILVA, M. P. C.; SILVA JUNIOR, A. L.; GONZALEZ, M. P.; CAMARGO, M. P.; et al. A shift in pathotype diversity and complexity of *Phytophthora sojae* in Brazil. **Plant Disease**, First Look, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-22-2558-SC>.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA). **Consulta de Produtos Biológicos Registrados**. 2024. Disponível em: [https://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit\\_cons/principal\\_agrofit\\_cons](https://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons). Acesso em: 1 dez. 2025.

CERRITOS-GARCÍA, D. G.; HUANG, S. Y.; KLECZEWSKI, N. M.; MIDEROS, S. Virulence, aggressiveness, and fungicide sensitivity of *Phytophthora* spp. associated with soybean in Illinois. **Plant Disease**, v. 107, n. 6, p. 1785–1793, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-22-1551-RE>.

CHANDRA, S.; CHOUDHARY, M.; BAGARIA, P. K.; NATARAJ, V.; KUMAWAT, G.; 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. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.939182>.

CHANG, K. F.; HWANG, S. F.; AHMED, H. U.; ZHOU, Q.; STRELKOV, S. E.; et al. First report of *Phytophthora sojae* causing root rot in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) in Alberta, Canada. **Crop Protection**, v. 91, p. 49–56, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2016.09.010>.

CHEN, X.; WANG, Y. *Phytophthora sojae*. In: WAN, F.; JIANG, M.; ZHAN, A. (Eds.). Biological Invasions and Its Management in China. (Invading Nature – Springer Series in Invasion Ecology, v. 13). **Singapore: Springer**, 2017. p. 199–223. DOI: [https://doi.org/10.1007/978-981-10-3427-5\\_15](https://doi.org/10.1007/978-981-10-3427-5_15).

CHENG, Q.; DONG, L.; GAO, T.; LIU, T.; LI, N.; WANG, L.; et al. The bHLH transcription factor GmPIB1 facilitates resistance to *Phytophthora sojae* in *Glycine max*. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 10, p. 2527–2541, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/ery103>.

CHI, J.; SONG, S.; ZHANG, H.; LIU, Y.; ZHAO, H.; DONG, L. Research on the mechanism of soybean resistance to *Phytophthora* infection using machine learning methods. **Frontiers in Genetics**, v. 12, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.634635>.

CHILVERS, M. I.; DORRANCE, A. E.; LIU, X.; GRUNWALD, N. J.; MAROFOU, F. **Phenotypic and genotypic analyses of *Phytophthora sojae* isolates reveal variability in sensitivity to metalaxyl and mefenoxam**. **Plant Disease**, v. 99, n. 8, p. 601–609, 2015a. DOI: 10.1094/PDIS-07-14-0710-RE.

CHILVERS, M. I.; NOEL, Z. A.; JACOBS, J. L.; CLOUSE, K. M.; McCOY, A. G.; et al. Fungicide sensitivity and diversity of *Phytophthora sojae*. **Plant Disease**, 2015b. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-15-0879-RE>.

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>.

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

COSTAMILAN, L. M.; CLEBSCH, C. C.; SOARES, R. M.; SEIXAS, C. D. S.; GODOY, C. V.; et al.; Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* pathotypes from Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, v. 135, n. 4, p. 845–853, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-012-0128-9>.

DAI, T.-T.; LU, C.-C.; LU, J.; DONG, S.; YE, W.; et al. Development of a loop-mediated isothermal amplification assay for detection of *Phytophthora sojae*. **FEMS Microbiology Letters**, v. 334, n. 1, p. 27–34, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2012.02619.x>.

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**, n. 167, p. 34–40, 2019. Disponível em: <https://www.plantiodireto.com.br/artigos/134>.

DORRANCE, A. E. Management of *Phytophthora sojae* of soybean: a review and future perspectives. **Canadian Journal of Plant Pathology**, v. 40, n. 2, p. 210–219, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1080/07060661.2018.1445127>.

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.; BERRY, S. A.; ANDERSON, T. R.; MEHARG, C. Isolation, storage, pathotype characterization, and evaluation of resistance for *Phytophthora sojae* in soybean. **Plant Health Progress**, v. 9, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHP-2008-0118-01-DG>.

DORRANCE, A. E.; GRÜNWALD, N. J. **Phytophthora sojae: diversity among and within populations**. In: LAMOUR, K.; KAMOUN, S. (Eds.). *Oomycete Genetics and Genomics: Diversity, Interactions, and Research Tools*. Hoboken: John Wiley & Sons, 2009. p. 197–212.

DORRANCE, A. E.; JIA, H.; ABNEY, T. S. Evaluation of soybean differentials for their interaction with *Phytophthora sojae*. **Plant Health Progress**, v. 5, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHP-2004-0309-01-RS>.

DORRANCE, A. E.; MCCLURE, S. A. Beneficial effects of fungicide seed treatments for soybean cultivars with partial resistance to *Phytophthora sojae*. **Plant Disease**, v. 85, p. 1063–1068, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.10.1063>.

DORRANCE, A. E.; MCCLURE, S. A.; SILVA, A. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* in Ohio soybean fields. **Plant Disease**, v. 87, p. 139–146, 2003a. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS.2003.87.2.139>.

DORRANCE, A. E.; MCCLURE, S. A.; SAINT MARTIN, S. K. Effect of partial resistance on *Phytophthora* stem rot incidence and yield of soybean in Ohio. **Plant Disease**, v. 87, n. 3, p. 308–312, 2003b. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS.2003.87.3.308>.

EMBRAPA SOJA. Coinoculação da soja com *Bradyrhizobium* e *Azospirillum* na safra 2023/2024 no Paraná. Londrina: Embrapa Soja, 2024. (**Circular Técnica, 190**). Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1167657>. Acesso em: 1 dez. 2025.

EMBRAPA. **Trichoderma harzianum: O fungo amigo da agricultura**. Brasília: Embrapa, 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1129485>. Acesso em: 1 dez. 2025.

ERWIN, D. C.; RIBEIRO, O. K. **Phytophthora Diseases Worldwide**. St Paul, MN: APS Press, 1996.

FAN, S.; ZHANG, Z.; SONG, Y.; ZHANG, J.; WANG, P. CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of GmTCP19L increasing susceptibility to *Phytophthora sojae* in soybean. **PLOS ONE**, v. 17, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0267502>.

FRAC – FUNGICIDE RESISTANCE ACTION COMMITTEE. FRAC Code List© 2023: Fungal control agents sorted by mode of action. 2023. Disponível em: <https://www.frac.info/docs/default-source/publications/frac-code-list/frac-code-list-2023-final.pdf>.

FREITAS-ALVES, N. S.; MOREIRA-PINTO, C. E.; TÁVORA, F. T. P. K.; PAES-DE-MELO, B.; ARRAES, F. B. M.; et al. CRISPR/Cas genome editing in soybean: challenges and new insights to overcome existing bottlenecks. **Journal of Advanced Research**, v. 73, p. 53–72, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jare.2024.08.024>.

GAO, H.; JIANG, L.; DU, B.; NING, B.; DING, X.; ZHANG, C.; et al. GmMKK4-activated GmMPK6 stimulates GmERF113 to trigger resistance to *Phytophthora sojae* in soybean. **The Plant Journal**, v. 111, p. 473–495, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/tpj.15760>.

GAO, X.; LIU, H.; YU, H.; ZHANG, Z.; BI, X.; ZHAO, Y.; et al. Combination of developmental behaviors and transcriptome reveals differential response mechanisms of *Phytophthora sojae* to aspartic acid and glucose in seed exudates. **Phytopathology**, v. 112, p. 620–629, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-21-0206-R>.

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. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12030610>.

GIESLER, L. J.; MILLER, J. J. **Seed Treatment Fungicides for Soybeans – G1852**. University of Nebraska–Lincoln Extension, Lincoln, 2017. Disponível em: <https://extensionpubs.unl.edu/publication/g1852/na/html/view>.

GODEBO, A. T.; KREBS, S.; KUMAR, S.; HECK, M.; HEERSINK-LIM, N.; SIKORA, R. A. A meta-analysis to determine the state of biological control of *Aphanomyces* root rot. **Frontiers in Molecular Biosciences**, v. 8, art. 777042, 2021. DOI: [10.3389/fmolb.2021.777042](https://doi.org/10.3389/fmolb.2021.777042).

GRIJALBA, P. E.; RIDAO, A. del C.; GUILLIN, E.; STECIOW, M. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* in the southeast of the Province of Buenos Aires. **Tropical Plant Pathology**, v. 45, p. 397–401, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s40858-020-00382-0>.

GUO, M.; LI, B.; XIANG, Q.; WANG, R.; LIU, P.; CHEN, Q. Phosphite translocation in soybean and mechanisms of *Phytophthora sojae* inhibition. **Pesticide Biochemistry and Physiology**, v. 172, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2020.104757>.

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. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppa.13713>.

HARMAN, G. E.; HOWELL, C. R.; VITERBO, A.; CHET, I.; LORITO, M. *Trichoderma* species—opportunistic, avirulent plant symbionts. **Nature Reviews Microbiology**, v. 2, n. 1, p. 43–56, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrmicro797>.

HEBB, L. M.; BRADLEY, C. A.; MIDEROS, S. X.; TELENKO, D. E. P.; WISE, K.; et al. Pathotype complexity and genetic characterization of *Phytophthora sojae* populations in Illinois, Indiana, Kentucky, and Ohio. *Phytopathology*, v. 112, p. 663–681, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-11-21-0514-R>.

HEO, S. V.; PARK, H. R.; JANG, Y. W.; PARK, J.; KANG, B. K.; et al. Identification of new isolates of *Phytophthora sojae* and selection of resistant soybean genotypes. **Plant Pathology Journal**, v. 40, n. 3, p. 329–335, 2024. DOI: <https://doi.org/10.5423/PPJ.NT.12.2023.0181>.

JANG, I. H.; KANG, I. J.; KIM, J. M.; KANG, S. T.; JANG, Y. E.; LEE, S. Genetic mapping of a resistance locus to *Phytophthora sojae* in the Korean soybean cultivar Daewon. **Plant Pathology Journal**, v. 36, n. 6, p. 591–599, 2020. DOI: <https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.09.2020.0173>.

KATAN, J. Soilborne pathogens: biology, management and challenges. **Phytopathology**, v. 107, n. 10, p. 1255–1262, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-02-17-0066-RVW>.

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

LANGENDRIES, S.; GOORMACHTIG, S. *Paenibacillus polymyxa*, a jack of all trades. **Environmental Microbiology**, v. 23, n. 10, p. 5659–5669, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15450>.

LEITE, I. C. H. L.; LOPES, U. P. Controle químico de patógenos radiculares. In: LEITE, I. C. H. L.; LOPES, U. P. (Eds.). **Patologia de sementes de grandes culturas**. 1. ed. Rondonópolis: Universidade Federal de Rondonópolis, 2021. cap. 6, p. 103–124.

LI, Q.; WANG, B.; YU, J.; DOU, D. Pathogen-informed breeding for crop disease resistance. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 63, p. 305–311, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/jipb.13076>.

LIU, D.; LI, P.; HU, J.; LI, K.; ZHAO, Z.; et al. Genetic diversity among isolates of *Phytophthora sojae* in Anhui province of China based on ISSR-PCR markers. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 143, p. 304–309, 2018. DOI: <https://doi.org/10.21273/JASHS04328-18>.

LU, X.; YANG, Z.; SONG, W.; MIAO, J.; ZHAO, H.; JI, P.; et al. The *Phytophthora sojae* effector PsFYVE1 modulates immunity-related gene expression by targeting

host RZ-1A protein. **Plant Physiology**, v. 191, n. 2, p. 925–945, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiac552>.

MADINA, M. H.; SANTHANAM, P.; ASSELIN, Y.; JASWAL, R.; BÉLANGER, R. R. Progress and challenges in elucidating the functional role of effectors in the soybean–Phytophthora sojae interaction. **Journal of Fungi**, v. 9, n. 1, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof9010012>.

MASCARIN, G. M.; JACKSON, M. A.; KOBAYASHI, D. Y.; SCHISLER, D. A.; MINARIK, S.; et al. Clonostachys rosea: Production by submerged culture and bioactivity against Sclerotinia sclerotiorum and Bemisia tabaci. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, p. 851000, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.851000>.

MASLENNIKOVA, V. S.; PETROVA, A. N.; KAZAKOVA, E. I.; SMIRNOV, D. V.; IVANOV, A. V.; et al. Bacillus subtilis and Bacillus amyloliquefaciens mix as a biocontrol agent against Rhizoctonia solani on potatoes. **Journal of Fungi**, v. 9, n. 12, p. 1142, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof9121142>.

MATTHIESEN, R. L.; SCHMIDT, C.; GARNICA, V. C.; GIESLER, L. J.; ROBERTSON, A. E. Comparison of Phytophthora sojae populations in Iowa and Nebraska for effective Rps genes. **Plant Health Progress**, v. 22, p. 300–308, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHP-02-21-0016-FI>.

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. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41684-4>.

McCOY, A. G.; NOEL, Z. A.; JACOBS, J. L.; CLOUSE, K. M.; CHILVERS, M. I. Phytophthora sojae pathotype distribution and fungicide sensitivity in Michigan. **Plant Disease**, v. 106, n. 2, p. 425–431, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-21-1163-RE>.

MIAO, J.; LIU, X.; LI, G.; DU, X.; LIU, X. Multiple point mutations in PsORP1 gene conferring different resistance levels to oxathiapiprolin confirmed using CRISPR–Cas9 in Phytophthora sojae. **Pest Management Science**, v. 76, n. 7, p. 2434–2440, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.5784>.

MIDEROS, S.; NITA, M.; DORRANCE, A. E. Characterization of components of partial resistance, Rps2, and root resistance to Phytophthora sojae in soybean. **Phytopathology**, v. 97, n. 5, p. 655–662, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1094/PYTO-97-5-0655>.

MARENGO, J. A.; ALVES, L. M.; ALVALÁ, R. C. dos S.; CUNHA, A. P.; BRITO, S.; MORAES, O. L. L. de. Mudanças climáticas e eventos extremos no Brasil. São José dos Campos: INPE, 2020. 102 p. Disponível em: <http://www.inpe.br>.

NELSON, R. International plant pathology: past and future contributions to global food security. **Phytopathology**, v. 110, p. 245–253, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-19-0300-IA>.

NGUYEN, N. S.; POELSTRA, J. W.; STUPAR, R. M.; MCHALE, L. K.; DORRANCE, A. E. Comparative transcriptomics of soybean genotypes with partial resistance toward *Phytophthora sojae*, Conrad, and M92-220 to moderately susceptible fast neutron mutant soybeans and Sloan. **Phytopathology**, v. 114, n. 8, p. 1851–1868, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-11-23-0436-R>.

NOEL, Z. A.; ROJAS, A. J.; JACOBS, J. L.; CHILVERS, M. I. A high-throughput microplate-based fungicide sensitivity assay for oomycetes using Z'-factor statistics. **Phytopathology**, v. 109, p. 1628–1637, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-19-0018-R>.

OECD –FAO. **Organisation for economic co-operation and development;; Food and agriculture organization of the United nations** . Agricultural Outlook 2025–2034. Julho 2025. Disponível em: [https://www.oecd.org/content/dam/oecd/en/publications/reports/2025/07/oecd-fao-agricultural-outlook-2025-2034\\_3eb15914/full-report/agricultural-and-food-markets-trends-and-prospects\\_d3812d71.html](https://www.oecd.org/content/dam/oecd/en/publications/reports/2025/07/oecd-fao-agricultural-outlook-2025-2034_3eb15914/full-report/agricultural-and-food-markets-trends-and-prospects_d3812d71.html).

RAIO, A.; RUSSO, M.; CIFANI, G.; PAGANO, E.; PINTO, G.; et al. Diverse roles played by “*Pseudomonas fluorescens* complex” volatile compounds in their interaction with phytopathogenic microorganisms, pests and plants. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, p. 1339892, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1339892>.

SALLAM, N. M. A.; ALI, E. F.; SELEIM, M. A. A.; KHALIL BAGY, H. M. Endophytic fungi associated with soybean plants and their antagonistic activity against *Rhizoctonia solani*. **Egyptian Journal of Biological Pest Control**, v. 31, art. 54, p. 1–9, 2021. DOI: 10.1186/s41938-021-00402-9.

SANTOYO, G.; OROZCO-MOSQUEDA, M. del C.; AFRIDI, M. S.; MITRA, D.; VALENCIA-CANTERO, E.; MACÍAS-RODRÍGUEZ, L. Trichoderma and Bacillus multifunctional allies for plant growth and health in saline soils: recent advances and future challenges. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, 1423980, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1423980>.

SCHMITTHENNER, A. F. Phytophthora root rot of soybean. **Plant Health Progress**, v. 1, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHP-2000-0601-01-HM>.

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**. 5. ed. St. Paul: APS Press, 2015. p. 73–76.

SHEA, Z.; SINGER, W. M.; ZHANG, B. **Soybean production, versatility, and improvement**. In: HASANUZZAMAN, M. (Ed.). Legume Crops. London: IntechOpen, 2020. DOI: <https://doi.org/10.5772/intechopen.91778>.

SINGH, U. B.; SINGH, S.; MALIK, V. S.; GUPTA, A. K.; SHARMA, P.; et al. Bio-protective microbial agents from rhizosphere ecosystems trigger plant defense responses and provide protection against *Fusarium oxysporum* in tomato. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, p. 1160551, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1160551>.

SLAMINKO, T. L.; BOWEN, C. R.; HARTMAN, G. L. Multi-year evaluation of commercial soybean cultivars for resistance to *Phytophthora sojae*. **Plant Disease**, v. 94, p. 368–371, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-94-3-0368>.

SUGAWARA, M.; OKAZAKI, S.; MINAMIGUCHI, K.; KINOSHITA, S.; YASUDA, M.; et al. Variation in bradyrhizobial NopP effector determines symbiotic incompatibility with Rj2-soybeans via effector-triggered immunity. **Nature Communications**, v. 9, p. 3019, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05663-x>.

SUGIMOTO, T.; KATO, M.; YOSHIDA, S.; MATSUMOTO, I.; KOBAYASHI, T.; et al. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* and breeding strategies to develop *Phytophthora*-resistant soybeans. **Breeding Science**, v. 61, p. 511–522, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.511>.

SUGIMOTO, T.; YOSHIDA, S.; AINO, M.; WATANABE, K.; SHIWAKU, K.; SUGIMOTO, M. Race distribution of *Phytophthora sojae* on soybean in Hyogo, Japan. **Journal of General Plant Pathology**, v. 72, p. 92–97, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10327-005-0237-1>.

SUN, Z. B.; YU, H. J.; NIU, T. G.; WU, W. H.; DING, J. L.; et al. Biology and applications of *Clonostachys rosea*. **Journal of Applied Microbiology**, v. 129, n. 3, p. 486–500, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/jam.14625>.

TREMBLAY, V.; MCLAREN, D. L.; KIM, Y. M.; STRELKOV, S. E.; CONNER, R. L.; WALLY, O.; BÉLANGER, R. R. Molecular assessment of pathotype diversity of *Phytophthora sojae* in Canada highlights declining sources of resistance in soybean. **Plant Disease**, v. 105, p. 4006–4013, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-21-0762-RE>.

TYLER, B. M. *Phytophthora sojae*: root rot pathogen of soybean and model oomycete. **Molecular Plant Pathology**, v. 8, n. 1, p. 1–8, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2006.00373.x>.

USDA – United states department of agriculture. Soybeans and oil crops. Washington, DC: **Economic Research Service**, 2025. Disponível em: <https://www.ers.usda.gov/topics/crops/soybeans-and-oil-crops/>.

US-EPA – United states environmental protection agency. **Status of Conditional Registrations under FIFRA** sec. 3(c)(7). Washington, D.C.: US-EPA, 2019.

Disponível em: [https://www.epa.gov/sites/default/files/2019-11/documents/conditional\\_reg\\_updates\\_11-19-19\\_final.pdf](https://www.epa.gov/sites/default/files/2019-11/documents/conditional_reg_updates_11-19-19_final.pdf). Acesso em: 1 dez. 2025.

VAN, K.; ROLLING, W.; BIYASHEV, R. M.; MATTHIESEN, R. L.; ABEYSEKARA, N. S.; et al. Mining germplasm panels and phenotypic datasets to identify loci for resistance to *Phytophthora sojae* in soybean. **Plant Genome**, v. 14, n. 1, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1002/tpg2.20063>.

VARGAS, W. A.; MORALES, A.; GARCÍA, A. G.; STEINBERG, C.; PEREZ, L.; et al. Role of gliotoxin in the symbiotic and pathogenic interactions of *Trichoderma virens*. **Microbiology**, v. 160, n. 10, p. 2216–2226, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1099/mic.0.079210-0>.

VERMA, S.; VARMA, A.; SINGH, P.; KUMAR, V.; YADAV, A. *Piriformospora indica*, a cultivable plant-growth-promoting root endophyte. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 64, n. 12, p. 5008–5010, 1998. DOI: <https://doi.org/10.1128/AEM.64.12.5008-5010.1998>.

WANG, W.; CHEN, L.; FENGLER, K.; BOLAR, J.; LLACA, V.; et al. A giant NLR gene confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora sojae* in soybean. **Nature Communications**, v. 12, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-26554-8>.

WANG, Y.; LI, Q.; ZHANG, C.; HUANG, H.; FENG, Y.; et al. Specific biomarker mining and rapid detection of *Burkholderia cepacia* complex. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, p. 1270760, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1270760>.

XIONG, Z. R.; LI, J.; WANG, W.; ZHOU, T. Purification and characterization of antifungal lipopeptide produced by *Bacillus velezensis* against food-isolated fungal strains. **PLoS One**, v. 17, n. 4, p. e0266470, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0266470>.

YADAV, V.; RAI, A.; SINGH, P.; KUMAR, M.; GUPTA, R.; et al. Role of endophytes in abiotic stress tolerance: with special emphasis on *Serendipita indica*. In: *Endophytes: Biology and Biotechnology*. Cham: Springer, 2022. p. 187–208. DOI: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-97268-0\\_8](https://doi.org/10.1007/978-3-030-97268-0_8).

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, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-19-2201-R>.

YOU, H. J.; ZHAO, R.; CHOI, Y.-M.; KANG, I.-J.; LEE, S.; 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. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants13243501>.

ZHANG, J.; DU, X.; ZHOU, X.; JIN, D.; MIAO, J.; LIU, X. An FYVE-domain-containing protein, PsFP1, is involved in vegetative growth, oxidative stress response and

virulence of *Phytophthora sojae*. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, 6601, 2021a. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms22126601>.

ZHANG, Z.; ZHAO, Y.; YU, H.; CHEN, Y.; GU, X.; WEN, J. Pathotypes of *Phytophthora sojae* and their distribution in Jilin, China. **Journal of Plant Pathology**, v. 103, p. 241–248, 2021b. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42161-020-00690-6>.

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. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04046-4>.

ZHANG, X.; LIU, B.; ZOU, F.; SHEN, D.; YIN, Z.; WANG, R.; et al. Whole-genome re-sequencing reveals natural variation and adaptive evolution of *Phytophthora sojae*. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, 2792, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02792>.

ZHANG, Z.; LIN, L.; CHEN, H.; YE, W.; DONG, S.; ZHENG, X.; et al. ATAC-Seq reveals the landscape of open chromatin and cis-regulatory elements in the *Phytophthora sojae* genome. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 35, p. 301–310, 2022a. DOI: <https://doi.org/10.1094/MPMI-11-21-0292-R>.

ZHANG, Z.; ZHAO, Y.; AN, T.; YU, H.; BI, X.; LIU, H.; et al. Maize and common bean seed exudates mediate part of nonhost resistance to *Phytophthora sojae* prior to infection. **Phytopathology**, v. 112, p. 335–344, 2022b. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-21-0094-R>.

ZHU, X.; FANG, D.; LI, D.; et al. *Phytophthora sojae* boosts host trehalose accumulation to acquire carbon and initiate infection. **Nature Microbiology**, v. 8, p. 1561–1573, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41564-023-01420-z>.