**DESARROLLO Y VALIDACIÓN DE UN ENSAYO DE QPCR MULTIPLEX PARA LA DETECCIÓN Y CUANTIFICACIÓN RELATIVA DE *Diaporthe aspalathi*, *D. caulivora*, *D. miriciae* Y *D. longicolla* EN SOJA.**

Mena E.1\*, Gurmendez J.1, Jorajuría M.1, Larzábal J.2, Grijalba P.3, Ponce de León I.1,

1 Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

2 INIA Estación Experimental La Estanzuela, Sección de Protección Vegetal.

3 Departamento de Producción de Plantas, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

[\*emena@iibce.edu.uy](mailto:*emena@iibce.edu.uy)

La soja (Glycine max L.) es uno de los cultivos de mayor importancia económica en Uruguay. La soja se ve afectada por varios patógenos fúngicos, incluidas las especies del género *Diaporthe* que causan el cancro del tallo de la soja (CTS), enfermedad que reduce el rendimiento a nivel mundial. Los principales patógenos que causan el CTS son *Diaporthe aspalathi, D. caulivora, D. masirevicii, D. miriciae* y *D. longicolla* (Mena et al. 2020; Mena et al. 2024). Los síntomas de la enfermedad son similares entre las especies de *Diaporthe* y consisten en lesiones necróticas de color rojizo-marrón en los tallos. La similitud entre las características morfológicas y los síntomas de la enfermedad entre las especies constituyen un desafío para el diagnóstico convencional de enfermedades. El presente estudio se llevó a cabo para detectar y cuantificar especies de *Diaporthe* asociadas a la CTS en Uruguay mediante qPCR multiplex. Se diseñaron cuatro conjuntos de cebadores y sondas TaqMan específicos de cada especie basándose en las secuencias del gen del factor de elongación de la traducción 1-alfa (tEF1a) para las especies: *D. aspalathi, D. caulivora, D. miriciae* y *D. longicolla*. La especificidad y eficiencia de los conjuntos cebador-sonda se probaron utilizando productos de PCR y ADN genómico de cultivos puros de especies de *Diaporthe*. Además, se evaluó el ensayo de qPCR múltiplex en plantas de soja inoculadas con una o más especies de *Diaporthe*. Nuestros resultados indican que estas especies de *Diaporthe* se pueden detectar y cuantificar de forma independiente y en paralelo con un ensayo de qPCR múltiple. Por lo tanto, nuestro ensayo qPCR podría ser una herramienta útil para el diagnóstico de *D. aspalathi, D. caulivora, D. miriciae* y *D. longicolla*, así como para diseñar estrategias para controlar la enfermedad del CTS.

**Palabras claves:** diagnóstico molecular de *Diaporthe*, PCR en tiempo real y cancro del tallo de la soja

**Financiamiento:** ANII Proyecto Fondo Clemente Estable FCE\_3\_2022\_172688, PEDECIBA Biología.