

Identificación de fuentes genéticas con bajo nivel de síntomas inducidos por *Tomato chlorosis virus* (ToCV) en germoplasma *Solanum* sección *Lycopersicon*

González-Arcos M¹, Fonseca MEN¹¹, Arruabarrena A^{1,3}, Lima MF¹¹, Michereff Filho M¹¹, Moriones E¹⁵, Fernández-Muñoz R¹⁵, Boiteux LS¹¹

matgon@inia.org.uy

El virus de la clorosis del tomate o *Tomato chlorosis virus* (ToCV) pertenece al género Crinivirus, es transmitido por moscas blancas y está asociado a pérdidas de rendimiento y calidad en cultivos de tomate de Sudamérica. La búsqueda de fuentes de resistencia/tolerancia es un objetivo importante dentro de los programas de mejoramiento genético de la región. Una colección de germoplasma de 33 accesiones integrada por especies cultivadas y salvajes del género *Solanum* (sección *Lycopersicon*), fue evaluada por su comportamiento ante ToCV en una serie de tres ensayos conducidos en Uruguay y Brasil bajo condiciones de infección natural y experimental. La reacción ante la presencia de ToCV fue medida a partir de una escala de severidad de síntomas y la infección sistémica fue evaluada por RT-PCR y/o hibridación molecular. Un subgrupo de accesiones fue también evaluado por su comportamiento ante mosca blanca en dos ensayos con “libertad de elección” conducidos en Uruguay (con *Trialeurodes vaporariorum*) y Brasil (con *Bemisia tabaci* Middle-East-Asia-Minor1 – MEAM1 = biotipo B). La fuente más estable de tolerancia a ToCV fue identificada en *S. habrochaites* PI 127827 (síntomas leves y bajo título viral) y *S. lycopersicum* ‘LT05’ (síntomas leves pero alto título viral). Las dos accesiones fueron colonizadas por ambas especies de mosca blanca, por lo que se descarta la potencial intervención de algún mecanismo de resistencia al vector. Otras fuentes promisorias para el mejoramiento fueron *S. peruvianum* (sensu lato) ‘CGO 6711’ (síntomas leves y bajo título viral), *S. chilense* LA1967 (síntomas leves pero alto nivel de oviposición de *B. tabaci* MEAM1) y *S. pennellii* LA0716 (síntomas medios y bajo nivel de oviposición de *B. tabaci* MEAM1). Serían necesarios estudios adicionales para conocer aspectos de la base genética de las fuentes de tolerancia/resistencia identificadas en este grupo de accesiones.