

Expresión fenotípica, herencia y localización cromosómica de *mtz*: locus recesivo que aporta altos niveles de tolerancia a metribuzin en tomate

González-Arcos M¹, Fonseca MEN¹¹, Arruabarrena A^{1,3}, Correia NM¹¹, Boiteux LS¹¹

matgon@inia.org.uy

El metribuzin es un herbicida ampliamente usado en cultivos de tomate (*Solanum lycopersicon*) a campo, ya sea para mesa o procesamiento. Los productores generalmente lo utilizan en pre-trasplante o en etapas tempranas del desarrollo del cultivo. Aún a las dosis y momentos recomendados, muchas variedades muestran síntomas típicos de fitotoxicidad luego de su utilización, situación que se puede agravar en condiciones ambientales favorables como radiación insuficiente, suelos arenosos y lavado del producto con absorción por raíces. En este contexto, el desarrollo de cultivares de tomate tolerantes al metribuzin facilitaría las estrategias de manejo de malezas. En este trabajo, utilizamos como fuente de tolerancia la línea de tomate 'UGA1113-MT (= 'CNPH-0498') que puede tolerar sin daños visibles aplicaciones foliares de metribuzin de hasta 2.88 Kg.ha⁻¹ en estado de plántula con tres hojas verdaderas. Para los estudios de herencia fueron generadas diferentes poblaciones por cruzamiento entre dos líneas contrastantes: 'Viradoro' (sensible al metribuzin) y CNPH-0498. Se utilizaron los híbridos recíprocos, la generación F₂ así como familias F₃. Veinte días luego del trasplante, el producto comercial Sencor fue pulverizado a la dosis de 2 L.ha⁻¹ (0.96 kg.ha⁻¹ de metribuzin) en condiciones de invernadero. La generación F₁ fue tan sensible como el parental Viradoro, descartándose efectos maternos. La generación F₂ (n=515 plantas) tuvo un típico patrón de segregación 3:1, con 126 individuos tolerantes y 389 sensibles, indicando la acción de un único locus nuclear recesivo. Lo denominamos tentativamente *mtz*. El marcador molecular OPZ11-930 fue identificado en asociación con *mtz* a través de la estrategia de *Bulked Segregant Analysis*. La secuencia del amplicón polimórfico permitió localizar el locus en el cromosoma 1. Esta información será útil para futuros esfuerzos en identificar candidatos para la identidad genética del locus *mtz*.