

## Nuevas arvenses hospederas de Begomovirus colectadas en cultivos de tomate (*Solanum Lycopersicum L.*) en Cundinamarca



### New weeds hosts of begomoviruses collected in tomato crops (*Solanum lycopersicum L.*) in Cundinamarca

Vaca-Vaca, Juan Carlos; Rivera-Toro, Diana Marcela; Morales-Euse, Jonathan; Jara-Tejada, Frenyiline; López-López, Karina

 Juan Carlos Vaca-Vaca

jcvacava@unal.edu.co

Grupo IPMA Interacción Planta Microorganismo Ambiente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, Colombia

 Diana Marcela Rivera-Toro

dmlriverat@unal.edu.co

Grupo IPMA Interacción Planta Microorganismo Ambiente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, Colombia

 Jonathan Morales-Euse

jmoralese@unal.edu.co

Grupo IPMA Interacción Planta Microorganismo Ambiente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, Colombia

 Frenyiline Jara-Tejada

fjarat@unal.edu.co

Grupo IPMA Interacción Planta Microorganismo Ambiente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, Colombia

 Karina López-López

klopezl@unal.edu.co

Grupo IPMA Interacción Planta Microorganismo Ambiente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, México

**Resumen:** Los begomovirus forman parte del grupo de virus emergentes que afectan cultivos de interés agrícola a nivel mundial. Las arvenses podrían constituirse en hospederos alternos de estos virus y constituir fuentes de inóculo. El objetivo de este trabajo fue detectar begomovirus bipartitas en arvenses recolectadas en cultivos de tomate en Cundinamarca, Colombia. Se recolectaron arvenses con y sin síntomas virales en cultivos de tomate localizados en los municipios de Pasca y Fusagasugá, Cundinamarca. Se purificó el ADN genómico total de cada arvense y, para evidenciar la presencia de begomovirus, se realizó una reacción en cadena de la polimerasa con oligos específicos para detectar el componente genómico A viral. Se recolectaron 36 arvenses, de las cuales 22 especies fueron identificadas taxonómicamente. *Stellaria media* (L.) Vill., *Veronica persica* Poir., *Galinsoga ciliata* (Raf.) S.F. Blake, *Malva sylvestris* L. y una especie de la familia Asteraceae resultaron positivas para begomovirus. Para las especies *Stellaria media* (L.) Vill. y *Galinsoga ciliata* (Raf.) S.F. Blake, constituyen el primer reporte a nivel mundial como hospederos de begomovirus. La especie *Veronica persica* Poir. se identifica como reservorio de begomovirus por primera vez en América Latina. Finalmente, la especie *Malva sylvestris* L. y una especie de la familia Asteraceae se reportan por primera vez como hospederos de begomovirus para Colombia. El control efectivo de las arvenses identificadas como hospederos para begomovirus es una estrategia efectiva para disminuir el impacto de esta familia de virus en los cultivos de tomate.

**Palabras clave:** Asteraceae, *Galinsoga ciliata* (Raf.) S.F. Blake., geminivirus, malezas, *Malva sylvestris* L., *Stellaria media* (L.) Vill., *Veronica persica* Poir..

**Abstract:** Begomoviruses are part of the group of emerging viruses that affect crops of agricultural interest worldwide. Weeds can easily become alternate hosts of these viruses and be a source of inoculum for them. The objective of this work was to detect bipartite begomoviruses present in weeds collected in tomato crop in Cundinamarca, Colombia. Weeds were collected with and without viral symptoms in tomato crops located in the municipalities of Pasca and Fusagasugá, Cundinamarca.

Periodicidad: Semestral  
vol. 11, núm. 1, 2020  
riaa@unad.edu.co

Recepción: 02 Febrero 2018  
Aprobación: 11 Julio 2019  
Publicación: 11 Diciembre 2019

URL: <http://portal.amelica.org/ameli/journal/130/1301258005/>

DOI: <https://doi.org/10.22490/21456453.3019>

#### Financiamiento

Fuente: Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación (COLCIENCIAS)

Beneficiario: Nuevas arvenses hospederas de begomovirus colectadas en cultivos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) en Cundinamarca

<https://hemeroteca.unad.edu.co/index.php/riaa/about>



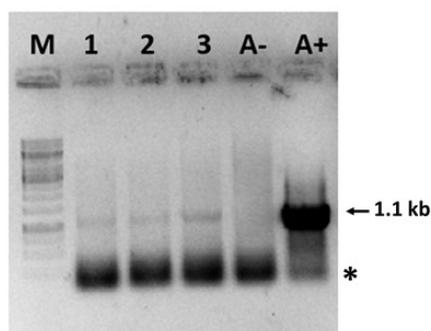
Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-  
NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional.

**CÓMO CITAR:** Vaca-Vaca, J. C., Rivera-Toro, D. M., Morales-Euse, J., Jara-Tejada, F. y Lopez-Lopez, K. (2019). Nuevas arvenses hospederas de Begomovirus colectadas en cultivos de tomate (*Solanum Lycopersicum* L.) en Cundinamarca. *Revista de Investigación Agraria y Ambiental*, 11(1), 29–39. <https://doi.org/10.22490/21456453.3019>

The total genomic DNA of each weed was purified and to demonstrate the presence of begomovirus a polymerase chain reaction was performed with specific oligos for detected the genomic component A viral. 36 weeds were collected, of which 22 species were identified taxonomically. *Stellaria media* (L.) Vill., *Veronica persica* Poir., *Galinsoga ciliate* (Raf.) S.F. Blake, *Malva sylvestris* L. and one species of the family Asteraceae were positive for bipartite begomoviruses. For the species *Stellaria media* (L.) Vill. and *Galinsoga ciliate* (Raf.) S.F. Blake, they constitute the first report worldwide as begomovirus hosts. The species *Veronica persica* Poir. is identified as a reservoir of begomovirus for the first time in Latin America. Finally, the species *Malva sylvestris* L. and a species of the family Asteraceae are reported for the first time as hosts of begomoviruses for Colombia. Effective control of weeds identified as hosts for begomoviruses is an effective strategy to reduce the impact of this virus family on tomato crops.

**Keywords:** Asteraceae, *Galinsoga ciliata*(Raf.) S.F. Blake., geminivirus, *Malva sylvestris* L., *Stellaria media* (L.) Vill., *Veronica persica* Poir., weeds.

## RESUMEN GRÁFICO



La arvense *Stellaria media* (L.) Vill. constituye el primer reporte a nivel mundial como hospederos de begomovirus. Detección de begomovirus por PCR.

Autores

## INTRODUCCIÓN

El tomate es la hortaliza más cultivada y de mayor valor económico a nivel mundial (Meza et al., 2013). Bajo ciertas condiciones de humedad y temperatura, este cultivo suele verse afectado por patologías causadas por hongos, bacterias y virus, lo que disminuye la producción y la calidad, teniendo que recurrir a estrategias de control químico, biológico, cultural o genético para poder reducir las pérdidas que estos fitopatógenos puedan ocasionar (Tamayo y Jaramillo, 2013).

En cuanto a las enfermedades virales, la infección por virus en plantas es altamente diversa, la mayoría involucra patosistemas de tres componentes (virus, vector y hospedero), donde cada componente interactúa

con el ambiente (Jones, 2014). Los begomovirus (Familia *Geminiviridae*) se caracterizan por tener uno o dos componentes genómicos de ADN circular de cadena sencilla, denominados ADN-A y ADN-B, cada uno con un tamaño entre 2.5 kb – 2.6 kb (Zerbini et al., 2017). Los begomovirus son transmitidos por mosca blanca: *Bemisia tabaci* (Gennadius), de manera circulativa no propagativa, e incluye un grupo de virus que afectan plantas dicotiledóneas de importancia económica (Thompson, 2011).

Latinoamérica tiene la incidencia más alta y diversidad de virus del género *Begomovirus* en el mundo; por esto, estas regiones sufren las mayores pérdidas en cultivos de importancia económica (Fargette et al., 2006). Estudios previos han demostrado que, en Colombia, los virus pertenecientes a este género presentan un gran potencial patogénico. Por ejemplo, el virus del mosaico amarillo de la papa (*Potato Yellow Mosaic Virus - PYMV*) que afecta tomate y el virus de la distorsión de la hoja del maracuyá (*Passionfruit Leaf Distortion Virus - PLDV*) que afecta la maracuyá, ambos pertenecientes a este género y caracterizados en varias investigaciones (Vaca-Vaca, Betancur-Perez y López-López, 2012; Vaca-Vaca, Carrasco-Lozano y López-López, 2018). Estos virus limitan severamente la producción de los cultivos hospederos, lo que comprueba la importancia su estudio para el desarrollo de alternativas efectivas de control.

Las arvenses compiten con el cultivo por espacio, luminosidad, nutrientes, y agua; y además sirven como hospederos alternos de begomovirus y de los vectores biológicos de estos insectos. Además, constituyen fuentes potenciales de inoculo primario de begomovirus y desempeñan un papel importante como hospedero alternativo, permitiendo la propagación a otros cultivos de importancia económica, conduciendo a altas pérdidas en la producción (Prajapat, Marwal, y Gaur, 2014).

Los arvenses, en su papel como hospederos alternos, representan la fuente más importante de virus. La diversidad de estas plantas ofrece a los diferentes virus mayores oportunidades para que se disperse de manera generalizada y así como su presencia continua a través del tiempo, sea mayor (Duffus, 1971). La diversidad de malezas como hospederos alternos de begomovirus es alta y esto ha sido demostrado ampliamente por los estudios sobre virus transmitidos por mosca blanca, en los que se han reportado las arvenses *Hybanthus attenuatus*, *Verbena* sp., *Croton hirtus*, *Lantana camara*, *Amaranthus dubius*, *Rhynchosia minima*, *Rivina humulis*, *Desmodium* sp., *Caesalpinia* sp y *Plumbago* sp., como hospederas alternas de *begomovirus* (López-López, Jara-Tejada y Vaca-Vaca, 2014; Vaca-Vaca, Otavo y López-López, 2011). Recientemente, se reportó la presencia de nuevas arvenses hospederas de begomovirus asociadas al cultivo de ají en Valle del Cauca: *Sida acuta*, *Malvastrum* sp, *Acalypha* sp, *Parthenium hysterophorus* y *Euphorbia hirta* (Vaca-Vaca, Corredor-Saenz, Jara-Tejada, Betancourt-Andrade y Lopez-Lopez 2019).

Lo anterior justifica la importancia de la realización de estudios que permitan tanto la identificación de los diferentes virus que pueden afectar al cultivo de tomate, así como identificar las arvenses asociadas al cultivo de tomate en Cundinamarca que son hospederas de begomovirus, con el fin de conocer su diversidad y aportar información que podría ser de utilidad para su control para evitar así su posible emergencia y posterior transmisión y adaptación a cultivos de importancia agrícola.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Recolección de arvenses en campo.

En septiembre del 2014 se recolectaron hojas, flores y brotes de arvenses asociadas a cultivos de tomate bajo invernadero localizados en la finca San Luis (N 04°19' 444" – W074°19'898"), la vereda Buenas tardes (N 04°19' 186" – W074°20'361") ubicados en el municipio de Pasca, Cundinamarca y la finca Brisas de Xochimilco (N 04°20' 611" – W074°23'495") en el municipio Fusagasugá, Cundinamarca. Estas muestras se mantuvieron en bolsas de papel. Posteriormente, ya en el Laboratorio de Sanidad y Microbiología agrícola de la Universidad Nacional de Colombia de la sede Palmira se almacenaron en tubos Falcon® con silica con el fin de desecar los tejidos. Se colectaron las arvenses que convivían con el cultivo de tomate o estaban en los alrededores de este, siendo este el principal criterio de selección de las muestras.

### **Identificación taxonómica.**

Las muestras colectadas en campo se identificaron en el herbario “Josep Cuatrecasas Arumi” de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira por medio de comparación con literatura y empleando material especializado en taxonomía vegetal.

### **Extracción de ADN total de arvenses.**

La extracción del ADN total de las muestras vegetales se realizó mediante Invisorb Spin Plant Mini Kit (Stratec®), que es un método en el que se emplean columnas que permiten la purificación de ADN de alta calidad y cantidad, sin contaminación de otras moléculas como proteínas y ARN. A continuación, el ADN vegetal total obtenido se almacenó a -20°C para su posterior visualización.

### **Visualización de ADN en geles de agarosa.**

Las muestras de ADN fueron analizadas en geles de agarosa al 1% teñidos con bromuro de etidio y aplicando 70 Voltios durante 45 minutos. El ADN en el gel fue visualizado empleando un fotodocumentador Bio-Rad® con el software Quantity-One®.

### **Detección de begomovirus mediante PCR.**

Se realizó reacción en cadena de la polimerasa empleando oligos degenerados para la detección específica del género begomovirus grupo bipartita, que permiten la amplificación de fragmentos de 1.1 kb del componente genómico A (Rojas, 1993). También se emplearon los oligos MP16 y MP18, los cuales amplifican una región entre 0,4 – 0,5 kb del componente genómico A de los begomovirus (Umaharan, Padidam, Phelps, Beachy y Fauquet, 1998). Las condiciones utilizadas de PCR fueron las reportadas por cada uno de los autores de éstos oligos. Como control positivo se utilizó un plásmido que porta el PYMV previamente clonado por nuestro grupo. Los fragmentos amplificados fueron teñidos con bromuro de Etidio y después visualizados en un gel de agarosa al 1%.

## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

### **Recolección de arvenses e identificación taxonómica**

Se colectaron 36 arvenses, distribuidas así: 23 en las fincas San Luis y vereda Buenas tardes en Pasca; y 13 en la finca Brisas de Xochimilco, ubicadas en Fusagasugá, Cundinamarca. Adicionalmente, se colectaron 6 muestras de tomate (*Solanum lycopersicum*) con síntomas virales; esto con el fin de determinar la presencia de begomovirus en estas muestras y así hacer la correlación de los resultados con lo encontrado en las arvenses. De las arvenses colectadas, 22 fueron identificadas taxonómicamente, quedando pendiente de identificar 14 de ellas (Tabla 1).

TABLA 1.  
Identificación taxonómica de arvenses colectadas en cultivos de tomate localizados en los municipios de Pasca y Fusagasugá, Cundinamarca

Clave	Localidad	Nombre Vulgar	Nombre Científico	Observaciones
PS1		Trébol	<i>Oxalis latifolia</i>	Presencia de mosca blanca.
PS4		Papunga	<i>Bidens pilosa</i>	Presencia de mosca blanca
PS6		Mostacilla	<i>Brassica campestris</i>	Asintomática
PS7		Pepino de monte	<i>Melothria</i> sp.	Presencia de mosca blanca
PS8		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
PS9		Lengua de vaca	<i>Rumex</i> cf. <i>crispus</i>	Presencia de mosca blanca
PS10		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
PS11		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
PS12		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
PS13		Batatilla	<i>Ipomoea</i> sp.	Presencia de mosca blanca
PS14	Pasca	PD*	Asteraceae	Asintomática
PS15		Matagano	<i>Persicaria nepalensis</i>	Presencia de mosca blanca
PS16		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
PS18		Pamplina	<i>Stellaria media</i>	Presencia de mosca blanca
PS19		Chachalaca	<i>Veronica persica</i>	Presencia de mosca blanca
PS20		PD*	<i>Rubus</i> sp.	Asintomática
PS21		Batatilla	<i>Ipomoea</i> sp.	Asintomática
PS22		Batatilla	<i>Ipomoea</i> sp.	Asintomática
PS24		PD*	<i>Rytidostylis</i> sp.	Asintomática
PS25		Botonera	<i>Malva sylvestris</i>	Asintomática
PS26		PD*	PD*	Asintomática
PS27		Escoba	<i>Sida rhombifolia</i>	Asintomática
FS28		PD*	PD*	Asintomática
FS29		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
FS31		Botón negro	<i>Hyptis capitata</i>	Asintomática
FS32		Chiba	<i>Ageratum conyzoides</i>	Asintomática
FS34		Yuyo - Guasca	<i>Galinsoga ciliata</i>	Asintomática
FS35		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
FS36	Fusagasugá	Botón negro	<i>Hyptis capitata</i>	Asintomática
FS37		Bledo	<i>Amaranthus</i> sp.	Asintomática
FS38		Melón de monte	<i>Melonthria</i> sp.	Asintomática
FS39		PD*	PD*	Asintomática
FS40		PD*	PD*	Presencia de mosca blanca
FS41		PD*	PD*	Asintomática
FS42		PD*	PD*	Asintomática
FS43		PD*	PD*	Asintomática

\*PD, Por determinar.

Autores

\*PD, Por determinar.

### Detección de begomovirus mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

Se realizó la extracción de ADN genómico total de todas las arvenses colectadas. Se obtuvo un ADN de buena calidad y concentración en casi todas las muestras evaluadas. Con la excepción de algunas muestras que presentaron dificultades en su molienda y/o extracción debido a su alto contenido de compuestos fenólicos así como de carbohidratos. Adicionalmente con el fin de verificar la calidad de los ADN purificados, se llevó a cabo una amplificación del gen ribosomal 18S (datos no mostrados).

La detección viral por PCR con oligos degenerados específicos para begomovirus bipartitas dio positivo para 5 arvenses: *Stellaria media* (L.) Vill. (PS18), *Veronica pérsica* Poir. (PS19), *Malva sylvestris* L. (PS25) y una planta de la familia Asteraceae (PS14) en las que se evidenció la amplificación del fragmento de 1.1 kb correspondiente al componente genómico A begomoviral (Figura 1).

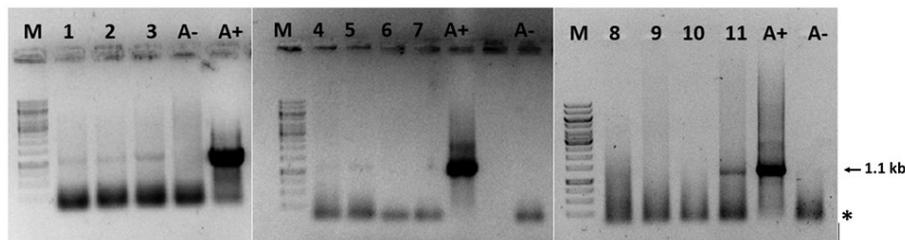


FIGURA 1.

DetECCIÓN DE BEGOMOVIRUS EN ARVENSES COLECTADOS EN LA FINCA SAN LUIS Y LA VEREDA BUENAS TARDDES EN PASCA, CUNDINAMARCA, EN CULTIVOS DE TOMATE.

PCR para el componente A que amplifica un fragmento de 1,1 kb correspondiente al componente genómico A begomoviral usando los primers PAL1v1978 / PARc496. M, Marcador de peso molecular Gene ruler 1kb ADN Ladder Fermentas; 1, PS18\_ *Stellaria media*; 2, PS18\_ *Stellaria media*; 3, PS19\_ *Veronica pérsica*; A-, Control negativo; A+, Control positivo. 4, PS14\_ Asteraceae; 5, PS17\_ *Solanum lycopersicum*; 6, PS18\_ *Stellaria media*; 7, PS19\_ *Veronica pérsica*; A+, Control positivo de A; A-, Control negativo de A. 8, PS21\_ *Ipomoea* sp.; 9, PS22\_ *Ipomoea* sp.; 10, PS23\_ *Solanum lycopersicum*; 11, PS25\_ *Malva sylvestris*; A+, Control positivo de A; A-, Control negativo de A. La flecha indica la banda esperada de 1,1 kb. El asterisco (\*) indica exceso de primer.

Autores

En la Figura 2 se observa la detección de begomovirus en la arvense *Galinsoga ciliata* (Raf.) S.F. Blake (FS34) empleando los primers MP16 y MP82, que amplifican un fragmento de 0.5 kb correspondiente a la región 5' del gen que codifica para la proteína de la cápside (CP) del componente genómico A. Adicionalmente muestras de tomate colectadas en los lotes de Pasca (Figura 1, muestra 5) y Fusagasugá (Figura 2, muestra 33) resultaron positivas para begomovirus, indicando la presencia de este virus en los cultivos donde se colectaron las arvenses positivas.

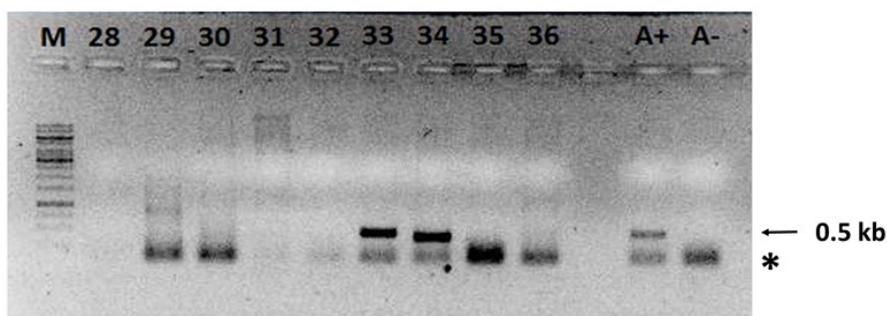


FIGURA 2.

DetECCIÓN DE BEGOMOVIRUS BIPARTITAS EN ARVENSES COLECTADOS EN LA FINCA BRISAS DE XOCHIMILCO, FUSAGASUGÁ, CUNDINAMARCA, EN CULTIVOS DE TOMATE.

PCR para el componente A amplifica un fragmento de 0,5 kb. M, Marcador de peso molecular Gene ruler 1kb ADN Ladder Fermentas; 28, FS28\_ Arvense no identificada; 29, FS29\_ Arvense no identificada; 30, FS30\_ *Cucurbita* sp.; 31, FS31\_ *Hyptis capitata*; 32, FS32\_ *Ageratum conyzoides*; 33, SF33\_ *Solanum lycopersicum*; 34, FS34\_ *Galinsoga ciliata*; 35, FS35\_ Arvense no identificada; 36, FS36\_ *Hyptis capitata*; A+, control positivo; A-, control negativo. La flecha indica la banda esperada de ~0,4 - 0,5 kb. El asterisco (\*) indica exceso de primer.

Autores

Arvenses identificadas como reservorio de begomovirus bipartitos en cultivos de tomate de Cundinamarca.

Con base en los resultados obtenidos mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa, se determinó que las arvenses *Stellaria media* (L.) Vill., *Veronica persica* Poir., que tenían presencia de mosca blanca, *Malva sylvestris* L., *Galinsogaciliata* (Raf.) S.F. Blake, y la especie perteneciente a la familia Asteraceae, que fenotípicamente eran asintomáticas y que fueron colectadas en cultivos de tomate en Cundinamarca, eran hospederos alternos de begomovirus (Figura 3).

Para el género *Stellaria*, solo existe un reporte realizado por Kil et al. (2015), quienes encontraron que la especie *Stellariaaquatica* (L.) Scop. resultó ser reservorio del virus del rizado amarillo de la hoja del tomate (Tomato Yellow Leaf Curl Virus - TYLCV), un begomovirus que afecta severamente los cultivos de tomate no solo en Corea del Sur sino alrededor del mundo. A la fecha TYLCV no ha sido detectado afectando esta solanácea en Colombia. En el caso de la arvense *Stellaria media* (L.) Vill. este es el primer reporte a nivel mundial como reservorio potencial de begomovirus.

Aunque la especie *Veronica persica* Poir. se ha reportado como hospedero alternativo de TYLCV en Corea del sur (Kil et al. 2014), este estudio constituiría el primer reporte de esta especie como reservorio de begomovirus en América.

En cuanto se refiere a la arvense perteneciente a la familia Asteraceae, los resultados de este estudio permiten identificar por vez primera esta planta como reservorio de begomovirus en Colombia. Arnaud, Santos, Lima y Feitosa (2007), reportaron a las especies *Bidens pilosa* L. y *Ageratum conyzoides* L. pertenecientes a la familia Asteraceae como reservorio natural de begomovirus en la región de Ibiapaba en Brasil; este resultado es interesante ya que, en la presente investigación, la especie *Bidens pilosa* L. no resulto positiva como hospedero alternativo de begomovirus.

A nivel mundial se ha reportado diferentes especies del género *Galinsoga* como hospederos alternos de diversos virus, como, por ejemplo: el virus de la marchitez manchada del tomate (tomato spotted wilt virus - TSWV) del género Tosopovirus (Cho, 1986; Stobbs, Broadbent, Allen, & Stirling, 1992; Verhoeven & Roenhorst, 1994), el virus del mosaico del pepino (cucumber mosaic virus - CMV) y el virus del mosaico de Galinsoga (Galinsoga mosaic virus - GMV) (Batra, 1979; Behncken, 1970). También se ha reportado que especies del género *Galinsoga* son susceptibles al virus de la mancha necrótica del impatiens (impatiens necrotic spot virus - INSV), un virus del género Orthotospovirus (Okuda, Fuji, Okuda, Sako, & Iwanami, 2010). Específicamente la especie *Galinsoga parviflora* Cav. se ha reportado como hospederera de begomovirus como: el virus del rizado de la hoja amarilla del chile (pepper yellow leaf curl virus - PepYLCV) (Meliansyah, Hendrastuti, y Hamzah, 2011); el virus India de la hoja rizada del tomate (India tomato leaf curl virus - IToLCV) y el virus de la hoja rizada del tomate (tomato leaf curl virus - ToLCV) Marchoux, Gognalons, y Ge#bre#, 2008). Para el caso de la especie *Galinsoga ciliata* (Raf.) S.F. Blake. evaluada en este estudio, se encontró la presencia de begomovirus por PCR. Hasta el momento a nivel mundial no existe ningún registro de la especie *G. ciliata* como hospederera de begomovirus, por lo que se puede afirmar con base en los resultados del presente estudio que este es el primer reporte de esta arvense como hospedero alternativo de este género viral.

Nuestro estudio detectó en la arvense *Malva sylvestris* L. la presencia de begomovirus, siendo este el primer reporte de un begomovirus en esta especie en Colombia. Esta maleza ya ha sido reportada como hospedero alternativo de begomovirus en otras latitudes del planeta, como lo demuestran los trabajos de Jordá et al. (2000) quienes en muestras de *M. sylvestris* L. encontraron presencia de begomovirus tales como el virus Nueva Dehli del rizado de la hoja del tomate (tomato leaf curl New Dehli virus - ToLCNDV), así como el TYLCV en Syria. Además de ser también hospedero de virus de pertenecientes a otros géneros virales tales como el TSWV y CMV presentes en arvenses colectadas en el noreste de España (Jordá et al., 2000; Laviña, Aramburu, & Moriones, 1996).

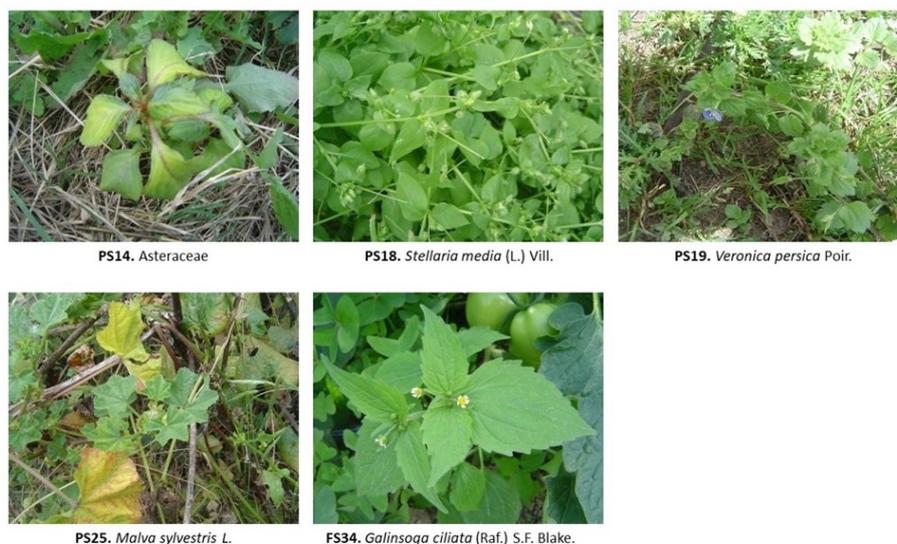


FIGURA 3.

Arvenses hospederas de begomovirus bipartitas colectados en la finca San Luis (PS14, PS18 y PS19), vereda Buenas tardes (PS25) y en Brisas de Xochimilco (FS34) ubicadas en Pasca y Fusagasuga, Cundinamarca, en cultivos de tomate.

Autores

## CONCLUSIONES

Este estudio encontró que las arvenses *Stellaria media* (L.) Vill., *Veronica persica* Poir y una especie de la familia Asteraceae, recolectadas en la finca San Luis; la arvense *Malva sylvestris* L., recolectada en la vereda Buenas tardes, en el municipio de Pasca; y la arvense *Galinsoga ciliata* (Raf.) S.F. Blake recolectada en la finca Brisas de Xochimilco en el municipio de Fusagasuga son nuevos hospederos del begomovirus. Por primera vez a nivel mundial, se reportan como hospederos de begomovirus a las especies *Stellaria media* (L.) Vill. y *Galinsoga ciliata*. Se reporta por primera vez para el continente americano la especie *Veronica persica* Poir como hospedero de begomovirus; mientras que la especie *Malva sylvestris* L. y una especie de la familia Asteraceae se reportan por primera vez en Colombia como reservorios de begomovirus.

El control de las arvenses identificadas como hospederos alternativos para begomovirus, es una estrategia que podría disminuir el impacto de estos virus en los cultivos de tomate.

## AGRADECIMIENTOS

Al Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación (COLCIENCIAS), por el apoyo financiero de la presente propuesta para desarrollar un semillero de investigación.

D. M. Rivera-Toro y J. Morales-Euse agradecen a la Dirección de Investigación y Extensión de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira por el apoyo financiero recibido a través de los proyectos código Hermes 27071 y 32316, respectivamente.

## LITERATURA CITADA

Arnaud, L., Santos, C., Lima, J., Feitosa, F. (2007). *Predominância de Begomovirus em Tomateiros na Região Produtora da Ibiapaba, Ceará e sua Detecção Natural em Plantas Daninhas*. Fitopatologia Brasileira 32:241-246.

- Batra, S. W. T. (1979). *Insects Associated with Weeds of the Northeastern United States: Quickweeds, Galinsoga ciliata and G. parviflora (Compositae) I*. Environmental Entomology, 8(6), 1078–1082. <https://doi.org/10.1093/ee/8.6.1078>
- Behncken, G. (1970). *Some properties of a virus from Galinsoga parviflora*. Australian Journal of Biological Sciences, 8(Behncken 1968), 497–501.
- Cho, J. J. (1986). *Reservoir Weed Hosts of Tomato Spotted Wilt Virus*. Plant Disease, 70(11), 1014. <https://doi.org/10.1094/PD-70-1014>
- Duffus, J. E. (1971). *Role of Weeds in the Incidence of Virus Diseases*. Annual Review of Phytopathology, 9(1), 319–340. <https://doi.org/10.1146/annurev.py.09.090171.001535>
- Fargette, D., Konaté, G., Fauquet, C., Muller, E., Peterschmitt, M., Thresh, J.M. (2006). *Molecular Ecology and Emergence of Tropical Plant Viruses*. Annual review of phytopathology. 44. 235-60. [10.1146/annurev.phyto.44.120705.104644](https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.44.120705.104644).
- Jones, R. A. C. (2014). *Trends in plant virus epidemiology: opportunities from new or improved technologies*. Virus Research, 186, 3–19. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2013.11.003>
- Jordá, C., Font, I., Lázaro, A., Juárez, M., Ortega, A., & Lacasa, A. (2000). *New Natural Hosts of Tomato spotted wilt virus*. Plant Disease, 84(4), 489–489. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.4.489D>
- Kil, E., Byun, H., Kim, S., Cho, S., Cho, S., Roh, K., Lee, K., Choi, H., Kim, C., Lee, S. (2015). *Tomato Yellow leaf curl virus can overwinter in Stellaria aquatica a winter-hardy TYLCV-reservoir weed*. Plant Disease, 99(5):588-592. doi: 10.1094/PDIS-04-14-0352-RE
- Kil, E., Park, J., Lee, H., Kim, J., Choi, H., Lee, K., Kim, C., Lee, S. (2014). *Lamium amplexicaule (Lamiaceae): a weed reservoir for tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) in Korea*. Archives of Virology, 159:1305-1311.
- Laviña, A., Aramburu, J., & Moriones, E. (1996). *Occurrence of tomato spotted wilt and cucumber mosaic viruses in field-grown tomato crops and associated weeds in northeastern Spain*. Plant Pathology, 45(5), 837–842. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1996.tb02893.x>
- Lopez-lopez, K., Jara-Tejada, F., & Vaca-Vaca, J. C. (2014). *Nuevos hospederos alternativos de Begomovirus identificados en el Valle del Cauca*. Fitopatología Colombiana, 38: 19–23.
- Marchoux, G., Gognalons, P., & Ge#bre# Se#lassie#, K. (2008). *Virus des Solanace#es#: du ge#nome viral a# la protection des cultures*. E#d. Quae.
- Meliansyah, R., Hendrastuti Hidayat, S., & Hamzah Mutaqin, K. (2011). *Geminiviruses Associated with the Weed Species Ageratum conyzoides, Centipeda minima, Porophyllum ruderales, and Spilanthes iabadicensis from Java, Indonesia*. Microbiology Indonesia, 5(2), 120–124. <https://doi.org/10.5454/mi.5.3.4>
- Meza, J., Pantoja, A., Galan, P. R., Godoy, N., Gattini, J., Villasanti, C., Díaz, J. (2013). *El Cultivo De Tomate Con Buenas Prácticas Agrícolas En La Agricultura Urbana Y Periurbana*. FAO. E-ISBN 978-92-5-307780-9
- Okuda, M., Fuji, S., Okuda, S., Sako, K., & Iwanami, T. (2010). *Evaluation of the potential of thirty-two weed species as infection sources of Impatiens necrotic spot virus*. Journal of Plant Pathology, 92(2), 357–361.
- Prajapat, R., Marwal, A., & Gaur, R. K. (2014). *Begomovirus associated with alternative host weeds: a critical appraisal*. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 47(2), 157–170. <https://doi.org/10.1080/03235408.2013.805497>
- Rojas, M. R. (1993). *Use of Degenerate Primers in the Polymerase Chain Reaction to Detect Whitefly-Transmitted Geminiviruses*. Plant Disease. <https://doi.org/10.1094/PD-77-0340>
- Stobbs, L. W., Broadbent, A. B., Allen, W. R., & Stirling, A. L. (1992). *Transmission of tomato spotted wilt virus by the western flower thrips to weeds and native plants found in southern Ontario*. Plant Disease (USA), 76, 23–29. Recuperado de <http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=US9439290>
- Tamayo M., P. J., & Jaramillo, J. E. (2013). *Enfermedades del tomate, pimiento#n, aji# y berenjena en Colombia#: gui#a para su diagno#stico y manejo*. Corpoica. Recuperado de <http://biblioteca.humboldt.org.co/cgi-bin/koha/opac-detail.pl?biblionumber=8433>

- Thompson, W. (2011). *The Whitefly, Bemisia tabaci (Homoptera: Aleyrodidae) Interaction with Geminivirus-Infected Host Plants*. 10.1007/978-94-007-1524-0.
- Umaharan, P., Padidam, M., Phelps, R. H., Beachy, R. N., & Fauquet, C. M. (1998). Distribution and Diversity of Geminiviruses in Trinidad and Tobago. *Phytopathology*, 88(12), 1262–1268. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1998.88.12.1262>
- Vaca-Vaca, J. C., Betancur-Pérez, J. F., & López-López, K. (2012). Distribución y diversidad genética de Begomovirus que infectan tomate (*Solanum lycopersicum* L) en Colombia. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 14(1), 60–76. Recuperado de [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0123-34752012000100007&nrm=iso](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0123-34752012000100007&nrm=iso)
- Vaca-Vaca, J. C., Carrasco-Lozano, E. C., & López-López, K. (2018). Molecular identification of a new begomovirus infecting yellow passion fruit (*Passiflora edulis*) in Colombia. *Archives of Virology*, 162(2), 573–576. <https://doi.org/10.1007/s00705-016-3098-y>
- Vaca-Vaca, J. C., Corredor-Saenz, V. C., Jara-Tejada, F., Betancourt-Andrade, D., & Lopez-Lopez, K. (2019). *Nuevos hospederos alternativos de Begomovirus asociados con el cultivo de ají en el Valle del Cauca, Colombia*. *Acta Agronómica*, 68(1), 56-60. <https://dx.doi.org/10.15446/acag.v68n1.77487>
- Vaca-Vaca, J. C., Otavo-Fiscal, D., & López-López, K. (2011). *Identificación de arvenses como hospederos naturales de Begomovirus en el Valle del Cauca, Colombia*. *Fitopatología Colombiana*, 35(2), 69–72.
- Verhoeven, J. T. J., & Roenhorst, J. W. (1994). *Tomato spotted wilt virus: Ecological aspects in ornamental crops in the Netherlands from 1989 up to 1991*. *Acta Horticulturae*, (377), 175–182. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1994.377.18>
- Zerbini F, Briddon R, Idris A, Martin D, Moriones E, Navas-Castillo J, Rivera-Bustamante R, Roumagnac P, Varsani A, ICTV Report Consortium (2017). *ICTV Virus Taxonomy Profile: Geminiviridae*. *J. Gen. Virol.* 98(2):131-133 doi:10.1099/jgv.0.000738

#### ENLACE ALTERNATIVO

<https://hemeroteca.unad.edu.co/index.php/riaa/article/view/3019> (html)

<https://hemeroteca.unad.edu.co/index.php/riaa/article/view/3019/3656> (pdf)