

# Detección molecular de *Cucumber mosaic virus* y *Pepper severe mottle virus* en arvenses asociadas al cultivo de ají (*Capsicum* spp.)

## Molecular detection of *Cucumber mosaic virus* and *Pepper severe mottle virus* in weeds associated with chili pepper cultivation (*Capsicum* spp.)

Karina López-López<sup>1,2\*</sup> ; Andrea Corredor-Rodríguez<sup>1,2</sup> ; Juan Carlos Vaca-Vaca<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Grupo IPMA Interacción Planta Microorganismo Ambiente. Palmira - Valle del Cauca, Colombia; e-mail: klopezl@unal.edu.co; acorredor@unal.edu.co; jcvacava@unal.edu.co

<sup>2</sup>Universidad del Valle, Centro de Investigación e Innovación en Bioinformática y Fotónica – CIBioFi. Cali - Valle del Cauca, Colombia.

\*autor de correspondencia: klopezl@unal.edu.co

**Cómo citar:** López-López, K.; Corredor-Rodríguez, A.; Vaca-Vaca, J.C. 2022. Detección molecular de *Cucumber mosaic virus* y *Pepper severe mottle virus* en arvenses asociadas al cultivo de ají (*Capsicum* spp.). Rev. U.D.C.A Act. & Div. Cient. 25(2):e2277. <http://doi.org/10.31910/rudca.v25.n2.2022.2277>

Artículo de acceso abierto publicado por Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica, bajo una Licencia Creative Commons CC BY-NC 4.0

Publicación oficial de la Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales U.D.C.A, Institución de Educación Superior Acreditada de Alta Calidad por el Ministerio de Educación Nacional.

**Recibido:** mayo 4 de 2022

**Aceptado:** noviembre 10 de 2022

**Editado por:** Helber Adrián Arévalo Maldonado

### RESUMEN

En los últimos años, el ají (*Capsicum chinense*, *Capsicum frutescens* y *Capsicum annuum* var. *Acuminatum*), cultivado en el Valle del Cauca, se ha visto afectado por enfermedades virales causadas por *Cucumber mosaic virus* (CMV-ají) y *Pepper severe mottle virus* (PepSMoV). Pese a que estos dos virus son limitantes para producción del cultivo de ají, en la actualidad, pocos estudios han identificado los hospederos alternos de CMV-ají y PepSMoV. En este trabajo, se evaluó la presencia de CMV-ají y PepSMoV, mediante RT-PCR, en muestras de tejido foliar, de 121 plantas arvenses, asociadas al cultivo de ají, en el Valle del Cauca, Colombia. El análisis molecular indicó la presencia de CMV-ají, en el 21,4 % de las plantas recolectadas y de PepSMoV, en el 20,6 %. Se identificaron las especies arvenses *Amaranthus viridis*, *Parthenium hysterophorus*, *Hippobroma longiflora*, *Commelina diffusa*, *Clitoria ternatea*, *Crotalaria incana*, *Desmodium tortuosum*, *Desmodium intortum*, *Macroptilium lathyroides*, *Anoda acerifolia*, *Boerhavia erecta*, *Bougainvillea glabra*, *Rivina humilis*, *Browallia americana*,

*Capsicum rhomboideum*, *Solanum americanum* y *Lantana camara*, como hospederas de CMV-ají o PepSMoV. Se presentó infección mixta de CMV-ají y PepSMoV, en 57 % de las arvenses positivas a virus, las cuales, están distribuidas en zonas productoras de ají, localizadas en seis municipios del Valle del Cauca. Estos resultados brindan información sobre la distribución de estos virus en el Valle del Cauca, contribuyen al conocimiento de la epidemiología viral y servirán para diseñar medidas de manejo, orientadas a prevenir las infecciones virales en los cultivos de ají.

Palabras clave: Ají; Arvenses; Cucumovirus; Potyvirus; RT-PCR.

### ABSTRACT

In recent years, chili pepper (*Capsicum chinense*, *Capsicum frutescens* y *Capsicum annuum* var. *Acuminatum*) grown in Valle del Cauca has been affected by viral diseases caused by *Cucumber mosaic virus* (CMV-chili pepper) and *Pepper severe mottle virus* (PepSMoV). Although these two viruses are limiting to the production of

the chili pepper crop, at present, few studies have identified the alternate hosts of CMV-chili pepper and PepSMoV. In this work, the presence of CMV-chili pepper and PepSMoV were evaluated by RT-PCR in leaf tissue samples from 121 weed plants associated with chili pepper cultivation in Valle del Cauca, Colombia. Molecular analysis indicated the presence of CMV-chili pepper in 21.4 % of the collected plants and PepSMoV in 20.6 %. Weed species *Amaranthus viridis*, *Parthenium hysterophorus*, *Hippobroma longiflora*, *Commelina diffusa*, *Clitoria ternatea*, *Crotalaria incana*, *Desmodium tortuosum*, *Desmodium intortum*, *Macroptilium lathyroides*, *Anoda acerifolia*, *Boerhavia erecta*, *Bougainvillea glabra*, *Rivina humilis*, *Brouallia americana*, *Capsicum rhomboideum*, *Solanum americanum* and *Lantana camara*, as hosts of CMV-chili pepper or PepSMoV. Mixed infection of CMV-chili pepper and PepSMoV was present in 57 % of the weeds positive for viruses, which are distributed in chili pepper producing areas located in six municipalities of Valle del Cauca. These results provide information on the distribution of these viruses in Valle del Cauca. Contribute to the knowledge of viral epidemiology and will serve to design management measures aimed to prevent viral infections in chili pepper crops.

Keywords: Chili pepper; Weeds; Cucumovirus; Potyvirus; RT-PCR.

## INTRODUCCIÓN

El género *Capsicum* pertenece a la familia Solanaceae, nativo de Centro y Sur América, comprende más de 30 especies, cinco de ellas cultivadas y utilizadas por el hombre para su consumo: *Capsicum annuum*, *Capsicum frutescens*, *Capsicum chinense*, *Capsicum pubescens* y *Capsicum baccatum* (Kenyon *et al.* 2014; Parisi *et al.* 2020). Las diferentes características y propiedades del ají (*Capsicum* spp.) hacen de esta hortaliza un producto atractivo en los mercados internacionales, puesto que, además de usarse como condimento en la cocina tradicional, el ají, es fuente de colorantes y de principios activos, empleados en la industria cosmética y farmacéutica (Kenyon *et al.* 2014; Parisi *et al.* 2020).

En la actualidad, la calidad del fruto y la productividad agrícola se ven afectados por el cambio climático y las enfermedades de origen bacteriano, fúngico y viral (Kenyon *et al.* 2014; Pinto *et al.* 2016; Parisi *et al.* 2020), incluso, se documenta que la incidencia viral en zonas productoras de ají ha aumentado en los últimos años, en las regiones tropicales y subtropicales (Kenyon *et al.* 2014).

En Colombia, esta problemática se evidencia en cultivares de ají, sembrados en el departamento del Valle del Cauca, en donde, recientemente, se aislaron y se caracterizaron, molecularmente, tres virus que afectan la producción de esta solanácea: el begomovirus (familia *Geminiviridae*), virus del mosaico rugoso del ají (*Pepper rugose mosaic virus*, PRMV), el cucumovirus (familia *Bromoviridae*) *Cucumber mosaic virus* (CMV-ají) y el potyvirus (familia *Potyviridae*), virus del moteado severo del ají (*Pepper severe mottle virus*, PepSMoV) (Vaca-Vaca *et al.* 2019; Rivera-Toro *et al.* 2020; Rivera-Toro *et al.* 2021). Investigaciones recientes demostraron que CMV-ají y PepSMoV son agentes infecciosos para las plantas de ají, ya que pueden inducir síntomas, como deformación y mosaicos

dorados en sus hojas, ocasionar retraso en el crecimiento de las plantas y afectar su desarrollo (Rivera-Toro *et al.* 2020; Rivera-Toro *et al.* 2021).

Aunque las investigaciones sobre las enfermedades de origen viral se realizan mayoritariamente en los cultivos es cierto que las plantas silvestres son fundamentales en la generación de variación genética viral y parte clave de la epidemiología viral en los agroecosistemas (Duffus, 1971; Prajapat *et al.* 2014; Rodríguez-Negrete *et al.* 2019). Las arvenses pueden ser fuentes de virus aun no conocidos, ser reservorios de virus importantes para la agricultura u hospederas de vectores biológicos (Apablaza *et al.* 2003; Wisler & Norris, 2005; Prajapat *et al.* 2014; Rodríguez-Negrete *et al.* 2019).

En este contexto, en el Valle del Cauca, se reporta la presencia de begomovirus en arvenses asociadas a los cultivos de tomate y ají (López-López *et al.* 2019; Vaca-Vaca *et al.* 2020). En el caso de PRMV, este se detecta en las especies arvenses *Eclipta prostrata*, *Desmodium tortuosum*, *Rhynchosia minima*, *Panicum polygonatum*, *Capsicum rhomboideum* y *Solanum americanum* (López-López *et al.* 2022); no obstante, hasta el momento, el conocimiento sobre los hospederos alternos de CMV-ají y PepSMoV en los ecosistemas agrícolas de Colombia es limitado.

Al considerar la diversidad de especies arvenses en las zonas productoras de ají y su papel como posibles reservorios de virus, que pueden ser transmitidos a nuevos hospederos, se justifica la realización del presente estudio, el cual, tuvo como objetivo identificar hospederos alternos de los virus CMV-ají y PepSMoV, en arvenses asociadas al cultivo de ají, en el departamento del Valle del Cauca (Colombia). Esta información es importante para conocer cuál es la distribución de estos virus, sus hospederos alternos y su papel en los ecosistemas agrícolas del departamento. Lo anterior, es de gran utilidad para implementar un manejo eficiente en el control de PepSMoV y CMV-ají, que permitan disminuir su incidencia en las plantas susceptibles y reducir el daño causado por las enfermedades virales.

## MATERIALES Y MÉTODOS

**Recolección de material vegetal.** Durante el 2018, se recolectaron plantas arvenses en el departamento del Valle del Cauca, provenientes de nueve fincas productoras de ají, ubicadas en los municipios de Bolívar, Candelaria, La Unión, Roldanillo, Tuluá, Vijes y Yumbo (Figura 1). Las plantas, se seleccionaron de manera aleatoria dentro y alrededor de las parcelas. Las hojas de cada una de las plantas, se almacenaron en tubos cónicos de plástico con tapa de rosca Falcon™, de 50 mL, con sílica gel, a temperatura ambiente; adicionalmente, parte del tejido foliar de cada arvense, se molió con nitrógeno líquido (N<sub>2</sub>) y se transfirió a tubos de plástico Eppendorf™ de 2 mL, para su almacenamiento final, a -20 °C, hasta su posterior análisis.

**Determinación taxonómica de las arvenses.** La determinación taxonómica de las arvenses, se llevó a cabo en el Herbario “José Cuatrecasas Arumí” de la Universidad Nacional de Colombia,

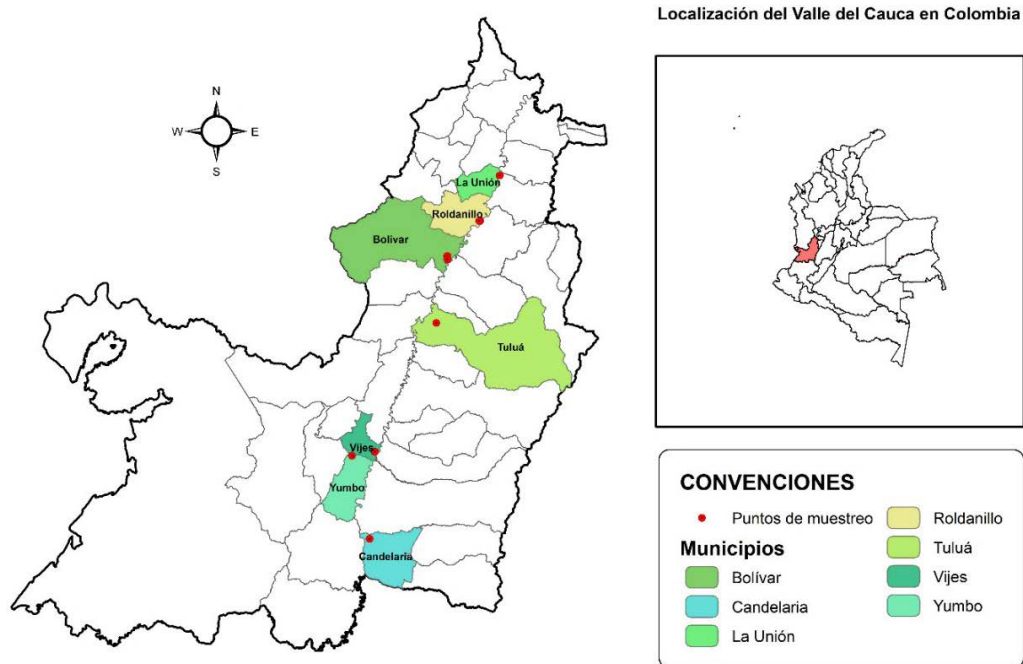


Figura 1. Localización geográfica de los puntos de muestreo de arvenses asociadas al cultivo de ají, con el fin de identificar hospederos alternos de los virus CMV-ají y PepSMoV, realizados en el Valle del Cauca, Colombia.

sede Palmira. Se utilizaron claves taxonómicas, se realizaron comparaciones con ejemplares del herbario y se corroboró la nomenclatura de cada especie, en la base de datos TROPICOS del Missouri Botanical Garden (<http://www.tropicos.org>).

**Extracción de ARN total.** El ARN total, se obtuvo empleando el reactivo TRIsure™ (Bioline), de acuerdo con las instrucciones del fabricante, a partir de 100 mg de tejido foliar deshidratado en sílica gel y molido, con N<sub>2</sub> líquido. La integridad del ácido nucleico, se verificó por electroforesis en geles de agarosa al 0,7 % (p/v), teñidos con bromuro de etidio (10 mg/mL), utilizando, como tampón, TAE 1X (tris-ácido acético-EDTA). En la electroforesis, se usó el marcador de peso molecular 1 kb DNA Ladder (New England Biolabs INC) y se visualizó 1 µL del ARN total. Los geles de agarosa, se revelaron en el transiluminador ChemiDoc™ XRS (BioRad™) y se fotografiaron con el Software Quantity One - 4.6.5.

**Síntesis de ADNc.** Una vez aislado el ARN total, se realizó la síntesis de ADN complementario (ADNc), mediante la reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (*Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction*, RT-PCR, por sus siglas en inglés). Para la reacción de RT-PCR, se empleó el Kit *RevertAid RT Reverse Transcription* (Thermo Scientific™), utilizando hexámeros al azar, en un volumen final de 20 µL, de acuerdo con el protocolo descrito por el fabricante. Cada reacción contenía: 0,5 µg de ARN, hexámeros al azar, buffer 5X, inhibidor de ARNasas RiboLock, 10mM de los cuatro dNTPs y 200 U de la enzima transcriptasa inversa RevertAid.

**Amplificación de secuencias virales empleando RT-PCR.** Para la amplificación de la secuencia de CMV, se utilizaron dos pares de cebadores: i) CMV-F (5'-CCT-CCG-CGG-ATG-CTA-ACT-T-3') y

CMV-R (5'-CGG-AAT-CAG-ACT-GGG-AGC-A-3'), descritos por Herrera-Vásquez *et al.* (2009), que amplifican un fragmento de 586 pb del gen CP (*Coat Protein*, CP); ii) CMV-Ají-F (5'-CTT-TAC-GAA-CTG-TCA-CCC-3') y CMV-Ají-R (5'-AAC-TAT-TAA-CCA-CCC-AAC-C-3'), cebadores específicos, diseñados por Rivera-Toro *et al.* (2020), para detectar la cuasiespecie CMV-ají aislado en plantas de ají y que amplifican un fragmento de 229 pb del gen CP.

Para determinar la presencia de potyvirus en las plantas arvenses, se empleó el par de cebadores Nib2F (5'-GTI-TGY-GTI-GAY-GAY-TTY-AAI-AA-3') y Nib3R (5'-TCI-ACI-ACI-GTI-GAI-GGY-TGN-CC-3'), descritos por Zheng *et al.* (2010), que amplifican una secuencia conservada de 350 pb de la región Nib (*Nuclear inclusion B*), del genoma potyviral. La detección específica de PepSMoV, se llevó a cabo con el par de cebadores Pep-F (5'-GTT-GGA-AAG-AAG-GTA-GTG-3') y Pep-R (5'-TGA-AGG-TAG-GTT-TCG-AGT-3'), descritos por Rivera-Toro *et al.* (2021) y que amplifican una secuencia de 289 pb de la región CP.

Las amplificaciones, se llevaron a cabo con el ADNc de las 121 plantas arvenses, utilizando la enzima ADN polimerasa OneTaq® (New England Biolabs), en los termocicladores T100 y C1000 (BioRad) y en un volumen final de 25 µL (1 µL de ADNc, buffer 1X, 200 µM de dNTPs, 0,2 µM de cada cebador, 1,25 U de ADN polimerasa OneTaq y agua Mili-Q).

Las condiciones de las PCR, se establecieron según lo descrito por los autores para cada par de cebadores (Herrera-Vásquez *et al.* 2009; Zheng *et al.* 2010; Rivera-Toro *et al.* 2020 y Rivera-Toro *et al.* 2021). Los fragmentos amplificados, se visualizaron por electroforesis en geles de agarosa al 0,8 % y 1 % (p/v); como marcador de peso molecular, se usó 1 kb DNA Ladder (New England Biolabs INC).

Los geles, se visualizaron en el transiluminador BioRad y el Software Quantity One - 4.6.5.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

121 arvenses fueron colectadas en nueve lotes de cultivo de ají (*Capsicum* spp.), localizados en siete municipios del Departamento del Valle del Cauca, Colombia: Bolívar (19 plantas), Candelaria (17),

La Unión (7), Roldanillo (25), Tuluá (38), Vijes (10) y Yumbo (5) (Figura 1). La mayoría de las muestras (113) fueron asintomáticas y solo 21 presentaron síntomas de infección viral: deformación en hojas, epinastia, clorosis o mosaicos dorados (Tabla 1; Figura 2c, 2j, 2i).

La presencia de virus CMV, CMV-ají, potyvirus y PepSMoV en las arvenses colectadas fue evaluada mediante RT-PCR. Los resultados de los ensayos moleculares en las 121 muestras de tejido

Tabla 1. Arvenses identificadas como reservorios de CMV-ají y PepSMoV en el Valle del Cauca.

Información de las arvenses				Cucumovirus		Potyvirus	
Especie	Familia	Municipio	Código	CMV <sup>1</sup> 586 pb	CMV-ají <sup>2</sup> 229 pb	Potyvirus <sup>3</sup> 350 pb	PepSMoV <sup>4</sup> 289 pb
<i>Desmodium tortuosum</i>	Fabaceae	Roldanillo	AC1				+
<i>Macroptilium lathyroides</i>	Fabaceae	Roldanillo	AC5			+	+
<i>Partbenium hysterophorus</i>	Asteraceae	Roldanillo	AC6	+	+		+
<i>Desmodium tortuosum</i>	Fabaceae	Roldanillo	AC8			+	+
<i>Desmodium tortuosum</i>	Fabaceae	Roldanillo	AC9		+	+	+
<i>Macroptilium lathyroides</i>	Fabaceae	Roldanillo	AC10		+		
<i>Desmodium tortuosum</i>	Fabaceae	Bolívar	AC15		+		+
<i>Bougainvillea glabra*</i>	Nyctaginaceae	Vijes	AC29	+	+		+
<i>Boerhavia erecta</i>	Nyctaginaceae	Vijes	AC31		+		+
<i>Capsicum rhomboideum</i>	Solanaceae	Yumbo	AC37	+	+		+
<i>Rivina humilis</i>	Phytolaccaceae	Roldanillo	AC57		+		+
<i>Amaranthus viridis</i>	Amaranthaceae	Roldanillo	AC65				+
<i>Rivina humilis</i>	Phytolaccaceae	Candelaria	AC72	+	+	+	+
<i>Desmodium intortum</i>	Fabaceae	Candelaria	AC73	+	+		
<i>Lantana cámara</i>	Verbenaceae	Candelaria	AC74	+	+	+	+
<i>Clitoria ternatea</i>	Fabaceae	Candelaria	AC78	+	+		+
<i>Desmodium intortum</i>	Fabaceae	Candelaria	AC79		+		+
<i>Commelina diffusa**</i>	Commelinaceae	Candelaria	AC80		+		
<i>Anoda acerifolia**</i>	Malvaceae	Candelaria	AC82		+		
<i>Anoda acerifolia**</i>	Malvaceae	Candelaria	AC83		+		
<i>Lantana cámara</i>	Verbenaceae	Candelaria	AC84				+
<i>Macroptilium lathyroides</i>	Fabaceae	Tuluá	AC87	+	+	+	+
<i>Rivina humilis</i>	Phytolaccaceae	Tuluá	AC88	+	+	+	+
<i>Solanum americanum***</i>	Solanaceae	Tuluá	AC95	+	+		
<i>Crotalaria incana</i>	Fabaceae	Tuluá	AC99				+
<i>Browallia americana</i>	Solanaceae	Tuluá	AC111	+	+	+	+
<i>Browallia americana</i>	Solanaceae	Tuluá	AC112	+	+	+	+
<i>Rivina humilis</i>	Phytolaccaceae	Tuluá	AC113		+		+
<i>Hippobroma longiflora</i>	Campanulaceae	Tuluá	AC116	+	+		
<i>Rivina humilis</i>	Phytolaccaceae	Tuluá	AC119	+	+	+	+
<i>Desmodium tortuosum</i>	Fabaceae	Tuluá	AC121		+	+	+
<i>Desmodium tortuosum</i>	Fabaceae	Tuluá	AC122		+	+	+

<sup>1</sup>Herrera-Vásquez *et al.* (2009); <sup>2</sup>Rivera-Toro *et al.* (2020); <sup>3</sup>Zheng *et al.* (2010); <sup>4</sup>Rivera-Toro *et al.* (2021). Síntomas: \*Deformación en hojas \*\*Mosaicos dorados en hojas \*\*\*Epinastia.

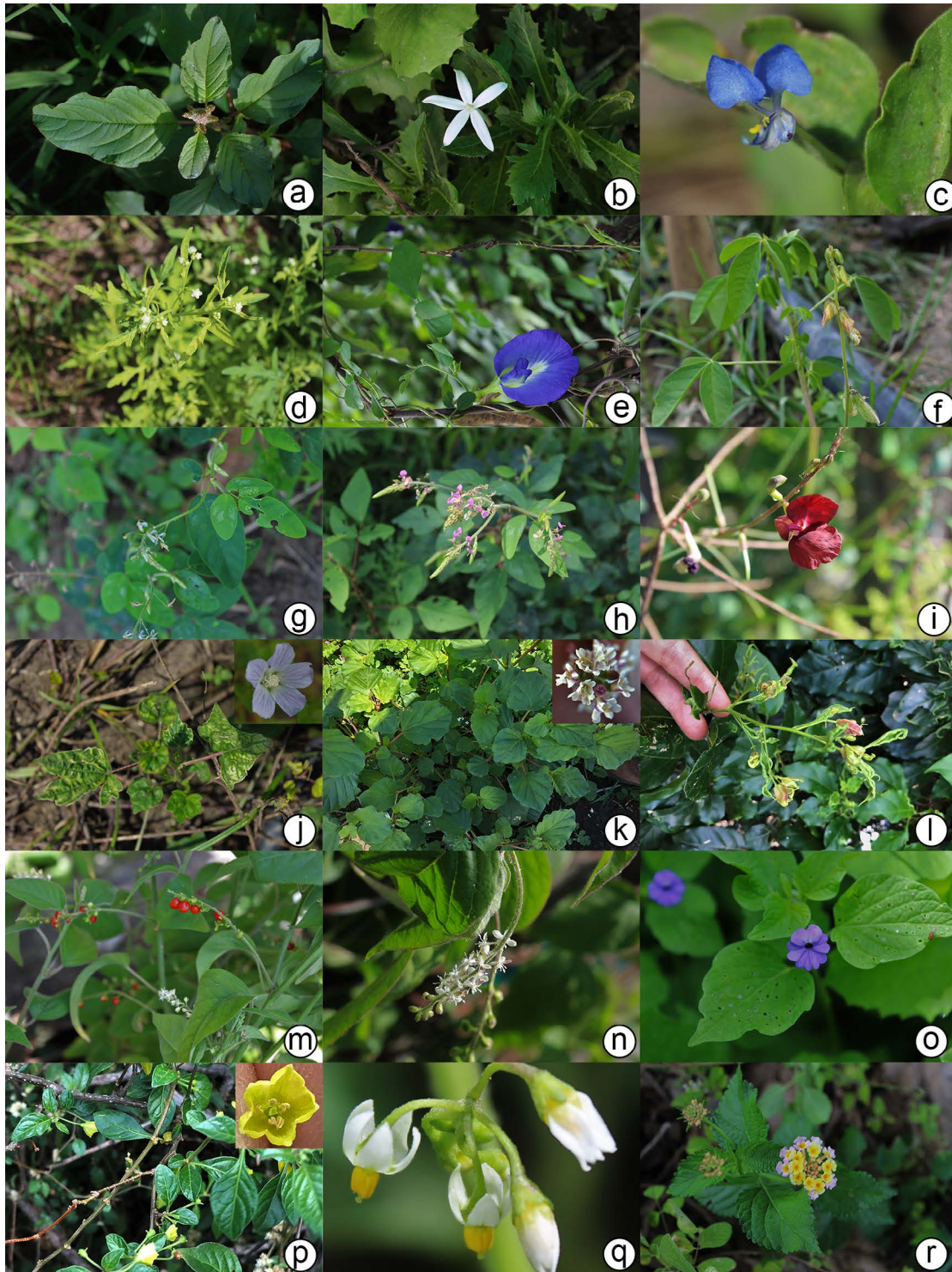


Figura 2. Arvenses asociadas al cultivo de ají, identificadas como reservorios de CMV-ají y PepSMoV, en el Valle del Cauca. a) *Amaranthus viridis* L.; b) *Hippobroma longiflora* (L.) G. Don; c) *Commelina diffusa* Burm. f.; d) *Parthenium hysterophorus* L.; e) *Clitoria ternatea* L.; f) *Crotalaria incana* L.; g) *Desmodium tortuosum* (Sw.) DC.; h) *Desmodium intortum* (Mill.) Urb.; i) *Macroptilium lathyroides* (L.) Urb.; j) *Anoda acerifolia* Cav.; k) *Boerhavia erecta* L.; l) *Bougainvillea glabra* Choisy; m-n) *Rivina humilis* L.; o) *Browallia americana* L.; p) *Capsicum rhomboideum* (Dunal) Kuntze; q) *Solanum americanum* Mill.; r) *Lantana camara* L.

foliar analizadas revelaron una incidencia del 21,5 %, para la cepa CMV-ají; del 20,6 %, para PepSMoV; del 11,6 %, para CMV y del 10,7 %, para potyvirus (Tabla 1, Figura 3, Figura 4). CMV-ají, se detectó en 26 plantas provenientes de los municipios de Bolívar (1/19), Candelaria (8/17), Roldanillo (4/25), Tuluá (10/38), Vijes

(2/10) y Yumbo (1/5), pero no se detectó en las muestras originarias del municipio de La Unión (0/7) (Tabla 1, Figura 1, Figura 5). Dentro de este grupo de plantas están especies de las familias Amaranthaceae, Campanulaceae, Commelinaceae, Compositae, Leguminosae, Malvaceae, Nyctaginaceae, Phytolaccaceae,

Solanaceae y Verbenaceae, destacándose, entre ellas, la familia Leguminosae, con 13 individuos y cinco especies. Asimismo, sobresalen las especies *D. tortuosum* y *R. humilis* por presentar el mayor número de individuos con virus (Tabla 1). Scholthof *et al.* (2011) y Lim *et al.* (2022) estiman que en el mundo hay más de 1.200 especies hospederas de CMV, pertenecientes a más de 100 familias botánicas monocotiledóneas y dicotiledóneas. Dentro de este grupo de plantas, *P. hysterophorus*, *S. americanum* (sinonimia *Solanum ptycanthum*) y *C. diffusa* han sido reportados previamente como hospederos de CMV (Hobbs *et al.* 2000; Ormeño N. & Sepúlveda R., 2005; Sacristán *et al.* 2004; Farreyrol *et al.* 2010; Jalender *et al.* 2017). De acuerdo con la bibliografía, *H. longiflora*, *C. ternatea*, *D. tortuosum*, *D. intortum*, *M. lathyroides*, *A. acerifolia*, *B. erecta*, *B. glabra*, *R. humilis*, *B. americana*, *C. rhomboideum* y *L.*

*camara* representarían nuevos reportes como hospederas de CMV (Tabla 1, Figura 2).

PepSMoV, se detectó en 25 plantas recolectadas en los municipios de Bolívar (1/19), Candelaria (5/17), Roldanillo (8/25), Tuluá (9/38), Vijes (1/10) y Yumbo (1/5) y, al igual que el virus CMV-ají, PepSMoV no se detectó en muestras provenientes del municipio de La Unión (Tabla 1, Figura 4 y Figura 5). Estas 25 plantas están distribuidas en 7 familias, 12 géneros y 13 especies: *A. viridis*, *P. hysterophorus*, *C. ternatea*, *D. tortuosum*, *D. intortum*, *M. lathyroides*, *C. incana*, *Boerhavia erecta*, *B. glabra*, *R. humilis*, *B. americana*, *C. rhomboideum* y *L. camara* (Figura 2). Estudios previos reportan la presencia de potyvirus en *Abutilon abutilastrum*, *Amaranthus viridis*, *Anoda cristata*, *Clitoria ternatea*, *Crotalaria*

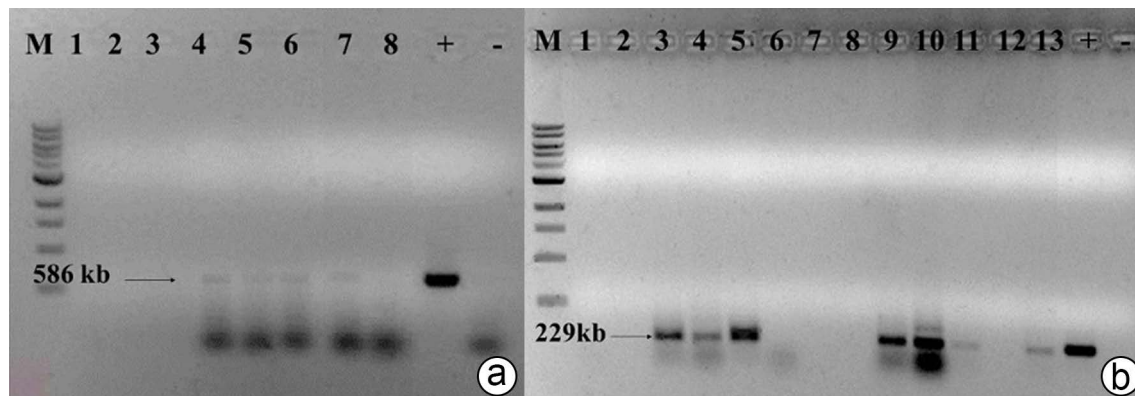


Figura 3. Detección viral del cucumovirus CMV por RT-PCR en arvenses asociadas al cultivo de ají, en el Valle del Cauca. a) Amplificación de un fragmento 586pb del gen de CP del virus CMV. 1) *Parthenium hysterophorus* (AC69), 2) *Lagascea mollis* (AC70), 3) *Ipomoea tiliacea* (AC71), 4) *Rivina humilis* (AC72), 5) *Desmodium intortum* (AC73), 6) *Lantana camara* (AC74.), 7) *Clitoria ternatea* (AC78), 8) *Lantana camara* (AC84). b) Amplificación por PCR de un fragmento de 229pb de la región CP del virus CMV-ají. 1) *Parthenium hysterophorus* (AC69), 2) *Lagascea mollis* (AC70), 3) *Rivina humilis* (AC72), 4) *Desmodium intortum* (AC73), 5) *Lantana camara* (AC74), 6) *Emilia sonchifolia* (AC75), 7) *Lagascea mollis* (AC76), 8) *Bidens pilosa* (AC77), 9) *Clitoria ternatea* (AC78), 10) *Desmodium intortum* (AC79), 11) *Commelina diffusa* (AC80), 12) *Ipomoea tiliacea* (AC81), 13) *Anoda acerifolia* (AC82). Visualizado en el gel de agarosa al 1%. M: Marcador de peso molecular 1kb DNA Ladder, (+) Control positivo ADN plasmídico, que porta un fragmento de CMV-ají; (-) control negativo.

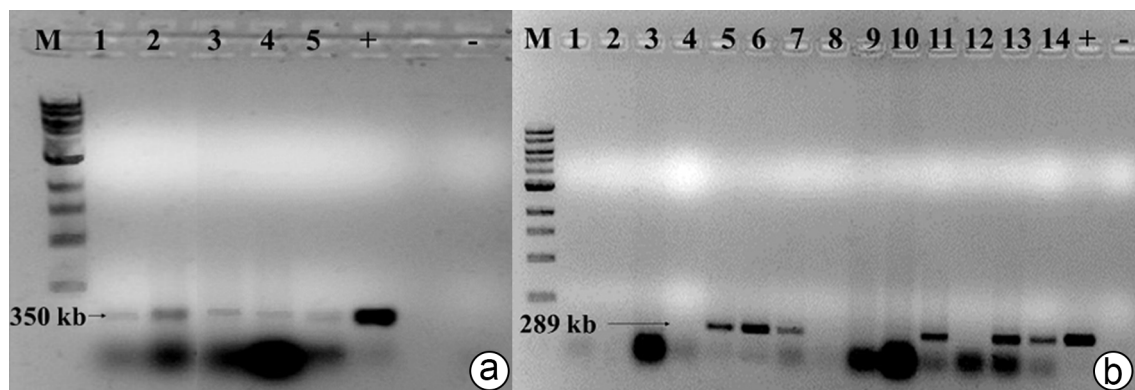


Figura 4. Detección del potyvirus PepSMoV por RT-PCR en arvenses asociadas al cultivo de ají .a) Amplificación de un fragmento de 350pb de la región NIb del genoma de los potyvirus. 1) *Macroptilium lathyroides* (AC87), 2) *Rivina humilis* (AC88), 3) *Browallia americana* (AC111), 4) *Rivina humilis* (AC119), 5) *Desmodium tortuosum* (AC122). b) Amplificación de un fragmento de 289pb de la región CP del virus PepSMoV. 1) *Cyanthillium cinereum* (AC107), 2) *Emilia sonchifolia* (AC108), 3) *Emilia sonchifolia* (AC109), 4) *Solanum americanum* (AC110), 5) *Browallia americana* (AC111), 6) *Browallia americana* (AC112), 7) *Rivina humilis* (AC113), 8) *Galinsoga parviflora* (AC115), 9) *Hippobroma longiflora* (AC116), 10) *Solanum americanum* (AC118), 11) *Rivina humilis* (AC119), 12) *Indigofera lespedezioides* (AC120), 13) *Desmodium tortuosum* (AC121), 14) *Desmodium tortuosum* (AC122). Visualizado en gel de agarosa al 1%. M: Marcador de peso molecular 1kb DNA Ladder. (+) Control positivo, ADN plasmídico que contiene un fragmento de PepSMoV (-) Control negativo.

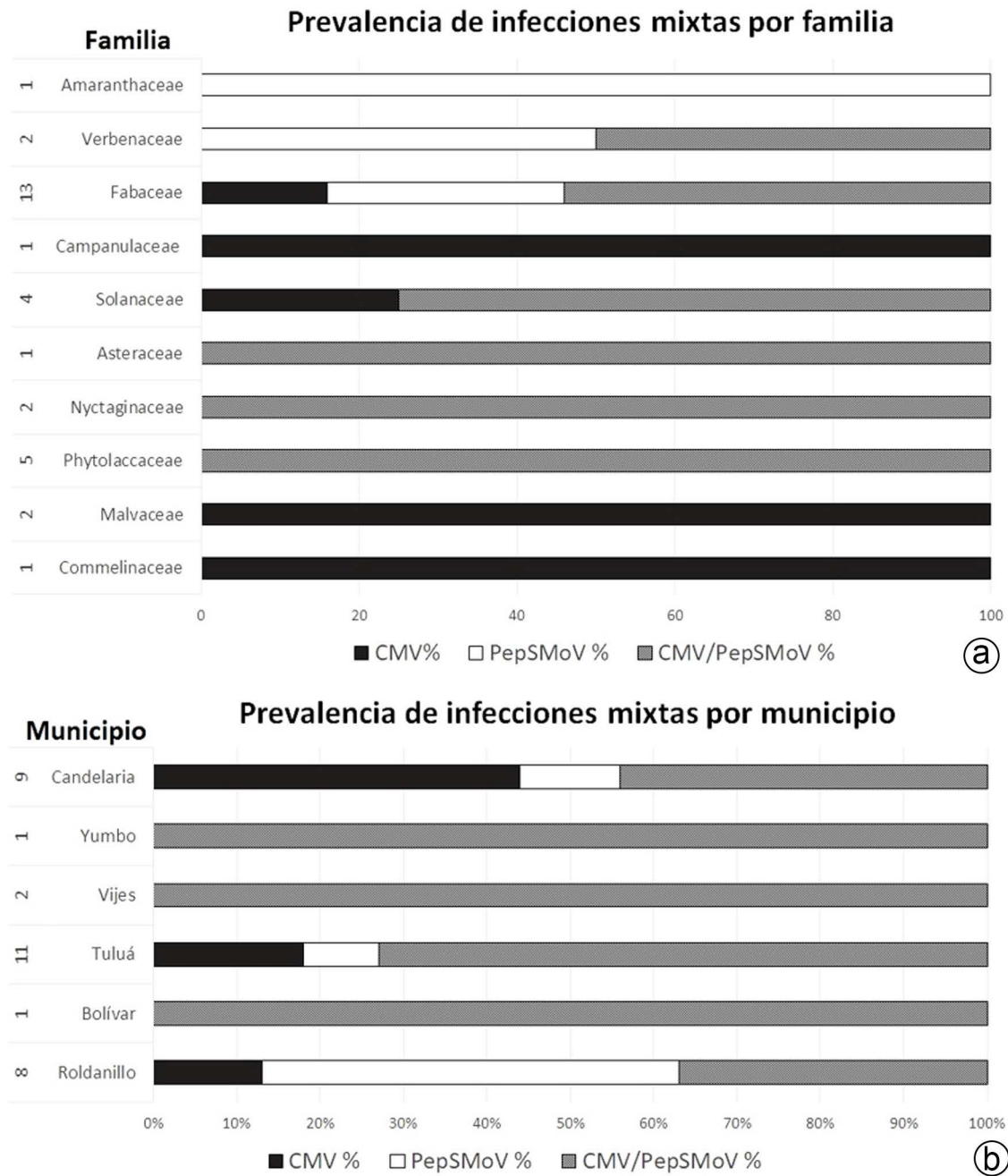


Figura 5. Prevalencia de infecciones mixtas de CMV y PepSMoV en arvenses asociadas al cultivo de ají, en Valle del Cauca. a) Por familia de arvense; b) Por municipio de colecta. En la columna de la izquierda, se muestra el número de muestras positivas para los virus CMV y PepSMoV.

*incana*, *Desmodium tortuosum*, *Solanum americanum* y *Solanum rostratum* (Spence & Walkey, 1995; Davis *et al.* 2002; Ormeño N. & Sepúlveda R., 2005; Segundo *et al.* 2007; Bermúdez-Guzmán *et al.* 2018; Sultana *et al.* 2019). En consecuencia, *P. hysterothorus*, *D. intortum*, *M. lathyroides*, *B. erecta*, *B. glabra*, *R. humilis*, *B. americana*, *C. rhomboideum* y *L. camara* representan nuevos reportes como hospederos de potyvirus (Tabla 1, Figura 2). Estas 13 especies representan los primeros reportes para Colombia y, a nivel mundial, de plantas silvestres hospederas de PepSMoV, un potyvirus reportado recientemente afectando cultivos de ají en Colombia (Rivera-Toro *et al.* 2021).

En cuanto a su distribución, los hallazgos presentados en este estudio comprueban que, tanto CMV-ají como PepSMoV, se encuentran ampliamente distribuidos en el departamento (Tabla 1, Figura 1 y Figura 5b).

Es importante señalar, que los virus PepSMoV (*Potyvirus*, familia *Potyviridae*) y CMV-ají (*Cucumovirus*, familia *Bromoviridae*) fueron aislados y caracterizados molecularmente en plantas de ají (*Capsicum* spp.), cultivadas a cielo abierto, en el departamento del Valle del ají (Rivera-Toro *et al.* 2020; 2021).

Apablaza *et al.* (2003) mencionan que las arvenses portadoras de virus sintomáticas y asintomáticas cumplen un rol importante en la propagación de los virus. En este estudio, los resultados muestran que el 84,4 % de las 32 plantas identificadas como hospederas de CMV-ají y PepSMoV fueron asintomáticas (Tabla 1). Los síntomas de infección viral (mosaicos dorados, deformación y enrollamiento en las hojas fueron observados en las arvenses *B. glabra* (AC29), *Commelina diffusa* (AC80), *Anoda acerifolia* (AC82 y AC83) y *S. americanum* (AC95) (Tabla 1; Figura 2c, 2j y 2i).

Los resultados de los análisis moleculares mostraron la presencia de infecciones mixtas de CMV-ají & PepSMoV, en 57 % (19/33), de las arvenses positivas a virus (Figura 5). El análisis de prevalencia de CMV-ají & PepSMoV por familia de arvense mostró que están distribuidas en 10 Familias, donde Fabaceae presentó la mayor cantidad de muestras positivas (7/13), seguido de Phytolaccaceae (5/5) (Figura 5a). La especie *Bougainvillea glabra* (Familia Nyctaginaceae) resultó positiva para CMV-ají & PepSMoV y mostró enrollamiento en sus hojas en el momento del muestreo (Figura 2i). Cuando se analiza la prevalencia de infecciones mixtas por municipio es preocupante encontrar que, en seis de siete municipios productores de ají, se identificaron arvenses que hospedaban ambos virus, CMV-ají & PepSMoV (Figura 5b).

En las plantas es común encontrar infecciones por uno o más virus y la variedad de síntomas observados en una infección mixta depende del tipo de interacción (sinergia, antagonismo o neutralismo), que se establece entre los virus coinfectantes (Mochizuki *et al.* 2016; Salánki *et al.* 2018). Varios autores, como Wang *et al.* (2002), Murphy & Bowen (2006) y Jaramillo Zapata *et al.* (2011) señalan que CMV tiene una relación sinérgica con los potyvirus. Asimismo, estos últimos, pueden interactuar de forma sinérgica con CMV y otros virus coinfectantes, favoreciendo el movimiento célula a célula, la acumulación de partículas virales, el acrecentamiento de los síntomas y la distribución del virus heterólogo (Mochizuki *et al.* 2016).

Los potyvirus (PepSMoV) y *cucumovirus* (CMV) son virus económicamente importantes en el sector agrícola, que usan como vector biológico de transmisión a los áfidos y su éxito adaptativo se explica por la diversidad genética de sus poblaciones (Adams *et al.* 2005; Revers & García, 2015; Jacquemond, 2012; Salánki *et al.* 2018). Hasta ahora, se han identificado más de 86 especies de áfidos transmisores de CMV, entre los cuales, se destacan *Myzus persicae* y *Aphis gossypii* (Hobbs *et al.* 2000; Jacquemond, 2012). Rivera-Toro *et al.* (2020) plantean que, posiblemente, CMV-ají (subgrupo IA) es transmitido con mayor frecuencia por *A. gossypii*, que por *M. persicae*. En el Valle del Cauca, la presencia de estas dos especies de áfidos, consideradas como vectores, se ha registrado en cultivos de ají en municipios en donde se han detectado los virus CMV-ají y PepSMoV (Gallo-Franco *et al.* 2019; Rivera-Toro *et al.* 2020; 2021); esto podría explicar la prevalencia de infecciones mixtas de CMV-ají & PepSMoV en las arvenses colectadas en los diferentes municipios de departamento del Valle del Cauca (Figura 5b). En *Parthenium hysterophorus* (AC9), un arvense que presentó infección mixta (Tabla 1), se observó la presencia de áfidos en campo durante la colecta, lo cual, indica que estos insectos están jugando un papel

importante en el movimiento de las partículas virales de CMV-ají & PepSMoV, entre el cultivo de ají y las arvenses aquí identificadas.

Dado que, en la actualidad, las interacciones entre CMV-ají & PepSMoV se desconocen, sería importante evaluar en futuros trabajos qué tipo de interacción - sinergismo, antagonismo o neutralismo - ocurre entre estos virus y qué consecuencias epidemiológicas podrían traer para el cultivo de ají.

**Conflictos de intereses:** El manuscrito fue preparado y revisado con la participación de todos los autores, quienes declaramos que no existe ningún conflicto de intereses que ponga en riesgo la validez de los resultados presentados. Este manuscrito es derivado del trabajo de grado “Detección y caracterización molecular de begomovirus, potyvirus y cucumovirus presentes en arvenses asociadas al cultivo de ají (*Capsicum* spp.) en el Valle del Cauca”. **Financiación:** Este estudio fue financiado con recursos del Sistema General de Regalías de Colombia (BPIN-2013000100007), Minciencias, Gobernación del Valle del Cauca, la Empresa Hugo Restrepo & Cía. S.A. y por la Dirección de Investigación de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira (Proyecto con código Hermes, 41935).

## REFERENCIAS

- ADAMS, M.J.; ANTONIW, J.E.; FAUQUET, C.M. 2005. Molecular criteria for genus and species discrimination within the family *Potyviridae*. *Archives of Virology*. 150:459-479. <https://doi.org/10.1007/s00705-004-0440-6>
- APABLAZA, G.; APABLAZA, J.; REYES, P.; MOYA, E. 2003. Determinación de virosis e insectos vectores en malezas aledañas a cultivos hortícolas. *Ciencia e investigación agraria*. 30(3):175-186.
- BERMÚDEZ-GUZMÁN, M. DE J.; GUZMÁN-GONZÁLEZ, S.; LARA-REYNA, J.; PALMEROS-SUÁREZ, P.A.; LÓPEZ-MURAIRA, I.G.; GÓMEZ-LEYVA, J.F. 2018. Presencia de Papaya ringspot virus (PRSV) en arvenses asociadas a Carica papaya en Colima, México. *Revista mexicana de fitopatología*. 36(1):1-15. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1706-2>
- DAVIS, R.I.; THOMAS, J.E.; MCMICHAEL, L.A.; DIETZGEN, R.G.; CALLAGHAN, B.; JAMES, A.P.; GUMIA, T.G.; RAHAMMA, S. 2002. Plant virus surveys on the island of New Guinea and adjacent regions of northern Australia. *Australasian Plant Pathology*. 31:385-390. <https://doi.org/10.1071/AP02047>
- DUFFUS, J.E. 1971. Role of weeds in the incidence of virus diseases. *Annual Review of Phytopathology*. 9:319-340. <https://doi.org/10.1146/annurev.py.09.090171.001535>
- FARREYROL, K.; GRISONI, M.; PEARSON, M.; RICHARD, A.; COHEN, D.; BECK, D. 2010. Genetic diversity of Cucumber mosaic virus infecting vanilla in French



- Polynesia and Réunion Island. Australasian Plant Pathology. 39:132-140.  
<https://doi.org/10.1071/AP09072>
7. GALLO-FRANCO, J.J.; DUQUE-GAMBOA, D.N.; TORO-PÉREZ, N. 2019. Bacterial communities of *Aphis gossypii* and *Myzus persicae* (Hemiptera: Aphididae) from pepper crops (*Capsicum* sp.). Scientific Reports. 9:5766.  
<https://doi.org/10.1038/s41598-019-42232-8>
  8. HERRERA-VÁSQUEZ, J.A.; ALFARO-FERNÁNDEZ, A.; CÓRDOBA-SELLÉS, M.C.; CEBRIÁN, M.C.; FONT, M.I.; JORDÁ, C. 2009. First Report of Tomato torrado virus Infecting Tomato in Single and Mixed Infections with *Cucumber mosaic virus* in Panama. Plant Disease. 93(2):198.  
<https://doi.org/10.1094/PDIS-93-2-0198A>
  9. HOBBS, H.A.; EASTBURN, D.M.; D'ARCY, C.J.; KINDHART, J.D.; MASIUNAS, J.B.; VOEGTLIN, D.J.; WEINZIERL, R.A.; MCCOPPIN, N.K. 2000. Solanaceous weeds as possible sources of Cucumber mosaic virus in Southern Illinois for aphid transmission to Pepper. Plant Disease. 84(11):1221-1224.  
<https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.11.1221>
  10. JACQUEMOND, M. 2012. Chapter 13-Cucumber Mosaic Virus. En: Loebenstein, G.; Lecoq, H. (eds). Advances in Virus Research. Vol. 84. Academic Press. p.439-504.  
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394314-9.00013-0>
  11. JALENDER, P.; BHAT, B.N.; ANITHA, K.; VIJAYALAKSHMI, K. 2017. Survey for the Incidence of Cucumber Mosaic Virus in Tomato Growing Areas of Telangana and Andhra Pradesh. International Journal of Pure & Applied Bioscience. 5(4):2058-2063.  
<https://doi.org/10.18782/2320-7051.5763>
  12. JARAMILLO ZAPATA, M.; GUTIÉRREZ SÁNCHEZ, P.A.; COTES TORRES, J.M.; GONZÁLEZ JAIMES, E.P.; MARÍN MONTOYA, M. 2011. Detección de los Virus AMV, CMV y PLRV en cultivos de tomate de árbol (*Solanum betaceum* Cav.) en Antioquia, Colombia. Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín. 64(1):5831-5844.
  13. KENYON, L.; KUMAR, S.; TSAI, W.-S.; HUGHES, J. 2014. Chapter Six - Virus diseases of peppers (*Capsicum* spp.) and their control. En: Kielian, M.; Mettenleiter, T.C.; Roossinck, M.J. (eds.). Advances in Virus Research. Vol.90. Academic Press. p.297-354.  
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801246-8.00006-8>
  14. LIM, L.W.K.; HUNG, I.M.; CHUNG, H.H. 2022. Cucumber mosaic virus: Global genome comparison and beyond. Malaysian Journal of Microbiology. 18(1):79-92.  
<http://dx.doi.org/10.21161/mjm.211276>
  15. LÓPEZ-LÓPEZ, K.; CORREDOR-RODRÍGUEZ, A.; CORREA-FORERO, A.M.; ÁLVAREZ-RUBIANO, L.P.; SUAREZ-RODRÍGUEZ, A.; VACA-VACA, J.C. 2022. Detección molecular de begomovirus aislados de arvenses asociadas al cultivo de ají (*Capsicum* spp.) en el Valle del Cauca, Colombia. Acta Biológica Colombiana. 27(3):336-346.  
<https://doi.org/10.15446/abc.v27n3.89802>
  16. LÓPEZ-LÓPEZ, K.; JARA-TEJADA, F.; VACA-VACA, J.C. 2019. Caracterización molecular de un nuevo begomovirus aislado de cinco especies de arvenses colectadas en cultivos de tomate en Valle del Cauca. Acta Biológica Colombiana. 24(3):528-537.  
<http://dx.doi.org/10.15446/abc.v24n3.79366>
  17. MOCHIZUKI, T.; NOBUHARA, S.; NISHIMURA, M.; M.; RYANG, B.-S.; NAOE, M.; MATSUMOTO, T.; KOSAKA, Y.; OHKI, S.T. 2016. The entry of cucumber mosaic virus into cucumber xylem is facilitated by coinfection with zucchini yellow mosaic virus. Archives of Virology. 161:2683-2692.  
<https://doi.org/10.1007/s00705-016-2970-0>
  18. MURPHY, J.F.; BOWEN, K.L. 2006. Synergistic disease in pepper caused by the mixed infection of *Cucumber mosaic virus* and *Pepper mottle virus*. Phytopathology. 96(3):240-247.  
<https://doi.org/10.1094/PHTO-96-0240>
  19. ORMEÑO N., J.; SEPÚLVEDA R., P. 2005. Presencia de diferentes virus de pimiento (*Capsicum annuum* L.) en especies de malezas asociadas al cultivo. Agricultura Técnica. 65(4):343-355.  
<https://doi.org/10.4067/s0365-28072005000400001>
  20. PARISI, M.; ALIOTO, D.; TRIPODI, P. 2020. Overview of biotic stresses in pepper (*Capsicum* spp.): Sources of genetic resistance, molecular breeding and genomics. International Journal of Molecular Sciences. 21(7):2587.  
<https://doi.org/10.3390/ijms21072587>
  21. PINTO, C.M.F.; DOS-SANTOS, I.C.; DE ARAUJO, F.F.; DA-SILVA, T.P. 2016. Pepper Importance and Growth (*Capsicum* spp.). En: Do Rêgo, E.R.; Do Rêgo, M.M.; Finger, F.L. (eds.). Production and breeding of chilli peppers (*Capsicum* spp.). Springer, Cham (Switzerland). p.1-25.  
[https://doi.org/10.1007/978-3-319-06532-8\\_1](https://doi.org/10.1007/978-3-319-06532-8_1)
  22. 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>
  23. REVERS, F.; GARCÍA, J.A. 2015. Chapter three - Molecular biology of potyviruses. En: Maramorosch, K.; Mettenleiter,

- T.C. (eds.). *Advances in Virus Research*. Vol. 92. Academic Press (United States). p.101-199.  
<http://dx.doi.org/10.1016/bs.aivir.2014.11.006>
24. RIVERA-TORO, D.M.; LÓPEZ-LÓPEZ, K.; VACA-VACA, J.C. 2021. First molecular characterization of pepper severe mottle virus infecting chili pepper crops in Colombia. *Journal of Plant Pathology*. 103:321-325.  
<https://doi.org/10.1007/s42161-020-00735-8>
  25. RIVERA-TORO, D.M.; VACA-VACA, J.C.; LÓPEZ-LÓPEZ, K. 2020. Detection and molecular characterization of the *Cucumber mosaic virus* in chili pepper (*Capsicum* spp. L.) crops. *Agronomía Colombiana*. 38(2):279-286.  
<https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v38n2.82975>
  26. RODRÍGUEZ-NEGRETE, E.A.; MORALES-AGUILAR, J.J.; DOMÍNGUEZ-DURAN, G.; TORRES-DEVORA, G.; CAMACHO-BELTRÁN, E.; LEYVA-LÓPEZ, N.E.; VOLOUDAKIS, A.E.; BEJARANO, E.R.; MÉNDEZ-LOZANO, J. 2019. High-Throughput sequencing reveals differential begomovirus species diversity in non-cultivated plants in Northern-Pacific Mexico. *Viruses (Switzerland)*. 11(7):594.  
<https://doi.org/10.3390/v11070594>
  27. SACRISTÁN, S.; FRAILE, A.; GARCÍA-ARENAL, F. 2004. Population dynamics of Cucumber mosaic virus in melon crops and in weeds in Central Spain. *Phytopathology*. 94(9):992-998.  
<https://doi.org/10.1094/PHYTO.2004.94.9.992>
  28. SALÁNKI, K.; GELLÉRT, Á.; NEMES, K.; DIVÉKI, Z.; BALÁZS, E. 2018. Chapter Three-Molecular modeling for better understanding of cucumovirus pathology. En: Palukaitis, P.; Roossinck, M.J. (eds.). *Advances in Virus Research*. Vol. 102. p.59-88.  
<https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2018.06.002>
  29. SCHOLTHOF, K.B.G.; ADKINS, S.; CZOSNEK, H.; PALUKAITIS, P.; JACQUOT, E.; HOHN, T.; HOHN, B.; SAUNDERS, K.; CANDRESSE, T.; AHLQUIST, P.; HEMENWAY, C.; FOSTER, G.D. 2011. Top 10 plant viruses in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*. 12(9):938-954.  
<https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00752.x>
  30. SEGUNDO, E.; LESEMANN, D.E.; MARTÍN, G.; CARMONA, M.P.; RUIZ, L.; CUADRADO, I.M.; VELASCO, L.; JANSSEN, D. 2007. *Amaranthus leaf mottle virus*: 3'-end RNA sequence proves classification as distinct virus and reveals affinities within the genus *Potyvirus*. *European Journal of Plant Pathology*. 117:81-87.  
<https://doi.org/10.1007/s10658-006-9064-x>
  31. SPENCE, N.J.; WALKEY, D.G.A. 1995. Variation for pathogenicity among isolates of bean common mosaic virus in Africa and a reinterpretation of the genetic relationship between cultivars of *Phaseolus vulgaris* and pathotypes of BCMV. *Plant Pathology*. 44(3):527-546.  
<https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1995.tb01675.x>
  32. SULTANA, S.; ROY, B.; SHERPA, A.R. 2019. Natural occurrence of papaya ringspot virus in *Clitoria ternatea* in India. *Journal of Plant Pathology*. 101:183.  
<https://doi.org/10.1007/s42161-018-0128-5>
  33. VACA-VACA, J.C.; JARA-TEJADA, F.; LÓPEZ-LÓPEZ, K. 2020. Partial molecular characterization of begomoviruses isolated from weeds collected in tomato crops in the southeast of Valle del Cauca, Colombia. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*. 14(1):115-124.  
<https://doi.org/10.17584/rcch.2020v14i1.10434>
  34. VACA-VACA, J.C.; MORALES-EUSE, J.; RIVERA-TORO, D.M.; LÓPEZ-LÓPEZ, K. 2019. Primer reporte de begomovirus infectando cultivos de ají (*Capsicum* spp.) en Colombia. *Acta Biológica Colombiana*. 24(3):452-462.  
<http://dx.doi.org/10.15446/abc.v24n3.79367>
  35. WANG, Y.; GABA, V.; YANG, J.; PALUKAITIS, P.; GALON, A. 2002. Characterization of synergy between Cucumber mosaic virus and potyviruses in cucurbit hosts. *Phytopathology*. 92(1):51-58.  
<https://doi.org/10.1094/PHYTO.2002.92.1.51>
  36. WISLER, G.C.; NORRIS, R.F. 2005. Interactions between weeds and cultivated plants as related to management of plant pathogens. *Weed Science*. 53(6):914-917.  
<https://doi.org/10.1614/ws-04-051r.1>
  37. ZHENG, L.; RODONIN, B.C.; GIBBS, M.J.; GIBBS, A.J. 2010. A novel pair of universal primers for the detection of potyviruses. *Plant Pathology*. 59(2):211-220.  
<https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2009.02201.x>