

Detección de potato yellow mosaic Panama virus (PYMPV) en hospederos naturales asociados al cultivo de tomate

Detection of potato yellow mosaic Panama virus (PYMPV) in natural hosts associated with tomato cultivation

Maira Díaz Vergara ^{1,3}, Alma Garrido ^{1,4}, Yorkelys González ^{2,5}, Yatzari Ortiz Sánchez ^{2,6}.

¹Universidad Especializada de las Américas. Provincia de Panamá, Panamá. ²Universidad de Panamá. Provincia de Panamá, Panamá.

³ ✉ maira.diaz.852@udelas.ac.pa; ⁴ ✉ alma.garrido.4@udelas.ac.pa; ⁵ ✉ gonzalezorkelys0308@gmail.com; ⁶ ✉ yatzari.ortiz@up.ac.pa



<https://doi.org/10.15446/acag.v74n1.120048>

2025 | 74-1 p 71-79 | ISSN 0120-2812 | e-ISSN 2323-0118 | Rec.: 2025-04-28 Acep.: 2026-03-25

Resumen

El begomovirus potato yellow mosaic Panama virus (PYMPV) (especie *Begomovirus tuberosumpanamaense*, familia *Geminiviridae*) infecta cultivos de tomate y arvenses en Panamá. Por tal motivo, el objetivo de este estudio fue detectar la infección por PYMPV en hospederos naturales asociados al cultivo de tomate, durante las etapas vegetativa y de maduración. Se recolectaron 104 plantas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) y 344 arvenses mediante muestreo aleatorio en 5 fincas, ubicadas en el distrito de Los Santos, provincia de Los Santos, Panamá, durante el año 2022. Se extrajo el ADN total y se realizó la detección de begomovirus mediante la técnica de reacción en la cadena polimerasa (PCR) con cebadores universales. Resultaron positivas 56 plantas de tomate y 15 arvenses de 7 especies. Las muestras positivas fueron amplificadas con cebadores específicos para el gen que codifica la proteína de la cápside viral de PYMPV. Además, resultaron positivas el 100 % de las muestras analizadas. Por otro lado, se registraron por primera vez como hospederas naturales de PYMPV en Panamá, las especies *Jacquemontia evolvuloides*, *Momordica charantia*, *Aeschynomene americana*, *Malachra alceifolia* y *Alysicarpus vaginalis*. En el total de muestras positivas para begomovirus se detectó la presencia de PYMPV, por lo que se estimó una alta ocurrencia de este patógeno en los cultivos de tomate y en las arvenses asociadas en el área de estudio. Finalmente, esta información es relevante para el diseño de estrategias de manejo fitosanitario y la vigilancia y manejo de arvenses, con el fin de reducir la presión de inóculo viral en el cultivo de tomate.

Palabras clave: arvenses, begomovirus, geminivirus, ocurrencia, PCR.

Abstract

The begomovirus potato yellow mosaic Panama virus (PYMPV), (species *Begomovirus tuberosumpanamaense*, family *Geminiviridae*), infects tomato and weed species in Panama. The objective of this study was to detect PYMPV infection in natural hosts associated with tomato crops during the vegetative and ripening stages. A total of 104 tomato plants (*Solanum lycopersicum* L.) and 344 weed samples were collected through random sampling on five farms located in the district of Los Santos, province of Los Santos, in 2022. Total DNA was extracted, and begomovirus detection was performed using the polymerase chain reaction (PCR) technique with universal primers. Fifty-six tomato plants and fifteen weed samples, representing seven species, tested positive. Positive samples were further amplified using primers specific to the gene encoding the PYMPV capsid protein, confirming the presence of PYMPV in 100 % of the analyzed samples. The species *Jacquemontia evolvuloides*, *Momordica charantia*, *Aeschynomene americana*, *Malachra alceifolia* and *Alysicarpus vaginalis* are reported for the first time as natural hosts of PYMPV in Panama. Among all begomovirus-positive samples, PYMPV was consistently detected, indicating a high occurrence of this pathogen in tomato crops and associated weeds in the study area. This information is relevant for the development of phytosanitary management strategies, as well as for weed surveillance and control, in order to reduce viral inoculum pressure in tomato production systems.

Keywords: Begomovirus, geminivirus, occurrence, PCR, weeds.

Introducción

Begomovirus es un género de virus de la familia *Geminiviridae* que incluye más de 440 especies, las cuales infectan plantas dicotiledóneas y son transmitidos por la mosca blanca *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) (Brown *et al.*, 2015; Fiallo-Olivé *et al.*, 2021). Los begomovirus son de interés global debido a su impacto negativo en la productividad de cultivos agrícolas (Pandey *et al.*, 2021; Barboza y Martínez-Zubiaur, 2022). En América, los begomovirus afectan cultivos hortícolas y de leguminosas de importancia económica, lo cual compromete la seguridad alimentaria. Igualmente, se han reportado infecciones en pimiento (*Capsicum* spp.) (Vaca-Vaca *et al.*, 2019); melón (*Cucumis melo*); pepinos (*Cucumis sativus*); sandía (*Citrullus lanatus*); zapallo (*Cucurbita pepo*) (Vargas-Salinas *et al.*, 2024); soja (*Glycine max*); frijol (*Phaseolus vulgaris*) (Agarwal *et al.*, 2021); y tomate (*Solanum lycopersicum*) (Souza *et al.*, 2022; Valverde-Méndez *et al.*, 2023; Castro-Estrada, 2024).

Las plantas no cultivadas (es decir, las arvenses asociadas) pueden actuar como hospederos alternativos de virus que afectan a los cultivos agrícolas (Díaz Vergara *et al.*, 2019; Vaca Vaca *et al.*, 2020a). Así mismo, pueden funcionar como reservorios de nuevos virus con potencial de infección para plantas cultivadas (Maliano *et al.*, 2021; De Nazaré *et al.*, 2025). En casos de infecciones mixtas, estas especies pueden convertirse en nichos de recombinación y evolución viral (Jain *et al.*, 2024).

En Panamá, se ha detectado la infección por begomovirus durante el periodo del cultivo y de barbecho en diversas especies arvenses. En este sentido, han sido registradas como hospederas naturales de begomovirus plantas sintomáticas y asintomáticas de *Amaranthus dubius*, *Amaranthus spinosus*, *Calopogonium mucunoides*, *Cleome viscosa*, *Corchorus orinocensis*, *Eleutheranthera ruderalis*, *Eleutheranthera heterophylla*, *Herissantia crispa*, *Hybanthus attenuatus*, *Malachra alceifolia*, *Malvastrum americanum*, *Mimosa* spp., *Momordica charantia*, *Physalis angulata*, *R. minima*, *Sida acuta* y *Sida rhombifolia* (Fernández *et al.*, 1998; Ortiz Sánchez *et al.*, 2019).

Desde 1983 se han observado síntomas similares a los inducidos por geminivirus en plantas de tomate en las provincias centrales de Panamá. No obstante, el virus *tomato leaf curl virus Panamá* (ToLCV-Pan) adquirió relevancia fitosanitaria en 1991, lo que coincidió con un incremento en las poblaciones de mosca blanca (*B. tabaci*). ToLCV-Pan fue renombrado virus del mosaico amarillo de la papa de Panamá (*potato yellow mosaic Panama virus-PYMPV*) tras la caracterización del genoma completo realizada por Engel *et al.* (1988). Desde entonces y a la fecha ha sido reconocido como el principal begomovirus que infecta el cultivo de tomate en Panamá, el cual causa pérdidas significativas en la producción agrícola (Herrera-Vásquez *et al.*, 2016).

El interés en el área de estudio reside en que el distrito de Los Santos es la principal zona de siembra de tomate en Panamá. En el distrito se produce aproximadamente el 60 % del total del tomate de uso industrial del país (MIDA, 2022). Por otra parte, entre las arvenses infectadas con begomovirus, se ha detectado la presencia de PYMPV en *Calopogonium mucunoides*, *Physalis angulata*, *Rhynchosia minima* y *Stemodia jorullensis* (Díaz *et al.*, 2019). Los síntomas observados en las plantas de tomate corresponden a los descritos previamente por Engel *et al.* (1988), sin embargo, las arvenses pueden mostrar síntomas de mosaico dorado o ser asintomáticas (Ortiz Sánchez *et al.*, 2019).

Aunque en estudios previos se ha reportado la presencia de begomovirus, incluido el PYMPV, en plantas de tomate y en arvenses asociadas, dichas investigaciones no coinciden en tiempo y espacio. Este trabajo tiene como objetivo identificar los hospederos naturales de PYMPV en el cultivo de tomate en el corregimiento de Tres Quebradas, distrito de Los Santos, provincia de Los Santos, Panamá. La hipótesis de investigación plantea que el begomovirus PYMPV en el cultivo de tomate en el corregimiento de Tres Quebradas se encuentra infectando tanto a las plantas cultivadas como a las especies arvenses asociadas, que actúan como sus hospederos naturales.

Los resultados permiten conocer el papel de las arvenses como hospederas alternativas de un begomovirus de gran impacto económico negativo. Además, esta información puede contribuir al fortalecimiento de los programas de manejo de enfermedades virales en el cultivo de tomate.

Materiales y métodos

Ubicación y descripción del área de estudio

La localización se obtuvo mediante un equipo de posicionamiento global (GPS) (Garmin®) de 5 fincas productoras de tomate, ubicadas en el corregimiento de Tres Quebradas, distrito de Los Santos, provincia de Los Santos, Panamá, las cuales están localizadas entre las coordenadas: 07°50.869 N, 80°23.620' W y 07°50.554 N 80°24.041' W. El mapa fue confeccionado usando la plataforma Simplmapr (Shorthouse, 2010.) (Figura 1).

Recolección de muestras vegetales

Se recolectaron hojas jóvenes de plantas arvenses y de tomate, tanto dentro como en los bordes exteriores del cultivo. Las arvenses que no presentaban estructuras reproductivas fueron codificadas y agrupadas bajo la categoría "sin identificar". Aquellas arvenses con estructuras reproductivas, que no pudieron ser identificadas en campo, fueron

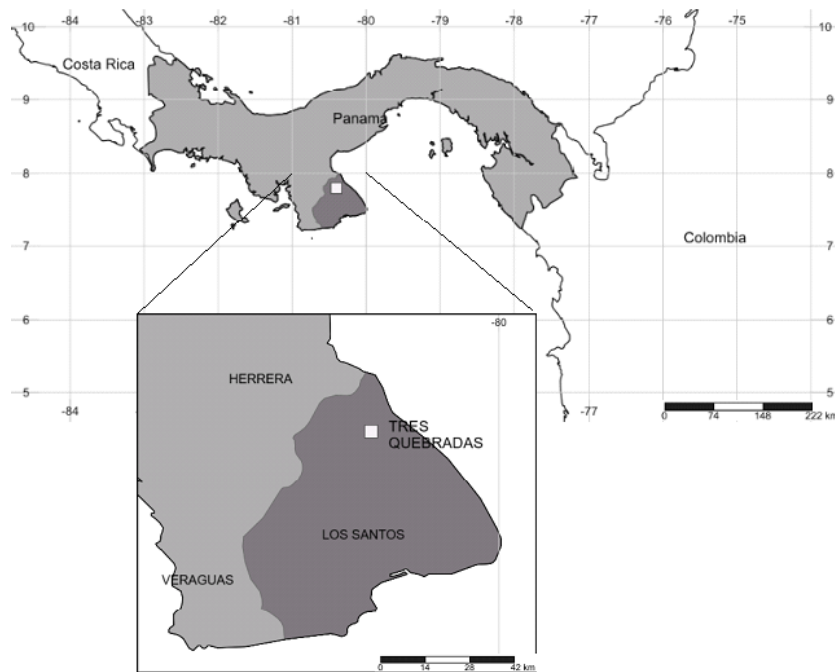


Figura 1. Localización del área de estudio en el corregimiento de Tres Quebradas.

herborizadas y enviadas al Herbario Mireya Correa de la Universidad de Panamá para su identificación. La recolección de hojas apicales en plantas sintomáticas y asintomáticas se realizó mediante un recorrido en zigzag, iniciando desde el extremo proximal hasta el extremo distal de cada parcela.

Se realizaron 2 muestreos durante el ciclo agrícola de 2022: el primero en la etapa vegetativa (enero) y el segundo en la etapa de maduración (marzo). Aproximadamente 2 g de muestras foliares procedentes de los ápices de cada planta fueron codificadas, conservadas con 5 g de gel de sílice y transportadas al laboratorio para su posterior análisis.

Extracción de ácidos nucleicos totales

Se extrajo aproximadamente 7 µg de ADN total a partir de 5 mg de tejido foliar deshidratado, siguiendo el protocolo de Dellaporta *et al.*, (1983). El producto de la extracción se diluyó en 100 µL de agua destilada estéril y se almacenó a -20 °C hasta su análisis.

Detección molecular de begomovirus

Se emplearon los cebadores universales AVCORE 494 y ACCORE 1048 que amplificaron un fragmento de aproximadamente 550 pares de bases (pb) correspondiente al gen que codifica la proteína de la cápside viral (CP) del componente ADN-A de los begomovirus (Wyatt y Brown, 1996). La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se preparó en un volumen final de 25 µL, utilizando 12.5 µL de GoTaq® Green PCR Master Mix (Promega), 2 µL de cada

cebador (10 µM), 5 µL de ADN total de cada muestra y el volumen restante de agua libre de nucleasas. La amplificación se llevó a cabo en un termociclador (Labnet International) bajo las siguientes condiciones: desnaturalización inicial a 94 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos de desnaturalización a 94 °C por 45 segundos, alineamiento a 58 °C por 45 segundos, y extensión a 72 °C por 45 segundos, con una extensión final de 7 minutos a 72 °C. Los productos de la PCR fueron analizados mediante electroforesis en gel de agarosa al 1 % (p/v), en tampón TAE 1X (Tris-ácido acético-EDTA), y teñidos con el colorante fluorescente SybrSafe (Promega). Para la estimación del tamaño de los amplicones se utilizó el marcador de tamaño molecular 1 kb DNA Ladder (Promega). Como control positivo se incluyó la muestra 408 infectada con PYMPV (secuenciado y con código registrado en GenBank: MK524210.1). Se empleó agua destilada estéril como control negativo de la reacción.

Detección molecular de PYMPV

Se analizó la presencia de PYMPV en las muestras positivas a begomovirus. Para ello, se emplearon los cebadores específicos PPYMPVA-151vb y PPYMPVA-894cc (Herrera-Vásquez *et al.*, 2016) que amplificaron un fragmento de aproximadamente 743 pares de bases (pb) del gen de la proteína de la cápside viral (CP), ubicado en el ADN-A del virus. Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un volumen final de 25 µL, que incluyó 12.5 µL de GoTaq® Green PCR Master Mix (Promega®) y 5 µL de ADN total extraído de muestras previamente identificadas como positivas,

2 µL de cebadores (10 µM) y agua destilada estéril libre de nucleasas. La amplificación se realizó en un termociclador (Labnet International), programado con las siguientes condiciones de temperatura y tiempo: desnaturalización inicial a 94 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos de desnaturalización a 94 °C por 1 minuto, alineamiento a 54 °C por 30 segundos y extensión a 72 °C por 45 segundos, con una extensión final a 72 °C durante 5 minutos. Los productos amplificados se analizaron como se indica en el apartado previo y se emplearon como control positivo la muestra 408 y control negativo de reacción agua destilada estéril.

Determinación de la prevalencia de begomovirus en las plantas de tomate y arvenses

La prevalencia de infección se estimó con la Ecuación 1.

$$I = (n/Y) \times 100 \quad (\text{Ec. 1})$$

Donde:

I = prevalencia (%)

n = número de individuos infectados

Y = total de individuos analizados

Resultados

Se analizaron un total de 104 plantas de tomate y 344 plantas arvenses, procedentes de cinco fincas productoras de tomate industrial ubicadas en el corregimiento de Tres Quebradas. De estas, 56 plantas de tomate y 223 arvenses fueron colectadas durante la etapa vegetativa del cultivo, mientras que 48 plantas de tomate y 121 arvenses se recolectaron en la etapa de maduración.

Se identificaron un total de 33 especies arvenses en el área de estudio, de las cuales, 32 (96.96 %) eran conocidas como arvenses asociadas al cultivo de tomate, conforme con Osorio y Díaz (2018). La especie *Passiflora foetida* L. (Passifloraceae) fue registrada por primera vez en el presente estudio creciendo en parcelas de tomate. Esta es una planta de hábito trepador con zarcillos, hojas palmeadas, tricomas glandulares y frutos envueltos en una estructura filamentososa característica (Figura 2). Su distribución habitual incluye áreas alteradas, plantaciones agrícolas y márgenes de caminos (Patil, 2013). La muestra fue colectada en el borde de la parcela de tomate en la finca 2.

Plantas de tomate y arvenses infectadas por begomovirus

Las muestras que presentaron productos de PCR con el tamaño esperado para begomovirus (500 pb) fueron consideradas positivas, lo que indica la presencia del genoma viral en esas muestras (Figura 3).

El análisis de electroforesis en gel de agarosa confirmó la presencia de begomovirus en las siguientes especies arvenses: *Aeschynomene americana*, *Alysicarpus vaginalis*, *Jacquemontia evolvuloides*, *Malachra alceifolia*, *Momordica charantia*, *Rhynchosia minima* y *Sida rhombifolia*. La especie *A. vaginalis* fue registrada por primera vez como hospedera de begomovirus en la provincia de Los Santos. En total, 56 plantas de tomate y 15 arvenses resultaron infectadas por begomovirus. Durante la etapa vegetativa del cultivo se detectó la presencia de begomovirus en 21 plantas de tomate y en 7 arvenses. En la etapa de maduración, 35 plantas de tomate y 8 arvenses resultaron infectadas por begomovirus (Tabla 1).

Plantas de tomate y arvenses infectadas por PYMPV

En las 71 muestras de plantas previamente identificadas como positivas a begomovirus, se detectó la presencia de *potato yellow mosaic Panama virus* (PYMPV) (Figura 4). En este estudio se detectó

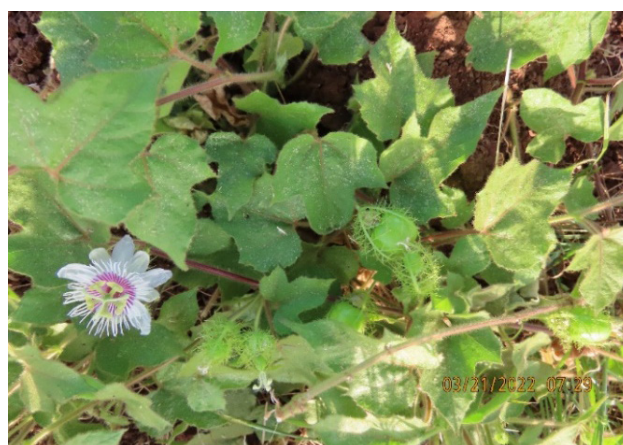


Figura 2. Detalles de hábito de crecimiento, hojas y floración de *Passiflora foetida*.

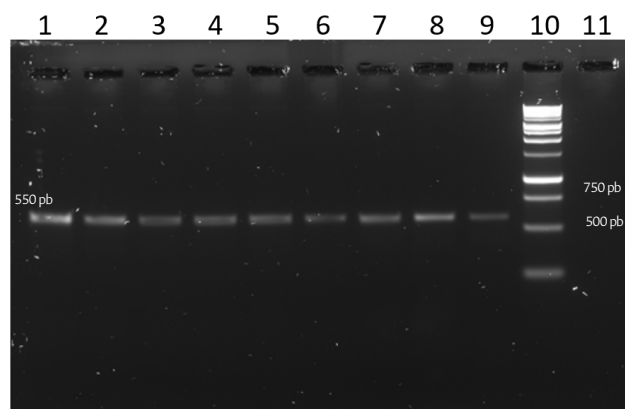


Figura 3. Producto de PCR amplificado con cebadores universales. Nota: 1. *S. lycopersicum*; 2. *C. mucunoides*; 3. *A. vaginalis*; 4. *R. minima*; 5.; 6. *J. evolvuloides*; 7. *M. charantia*; 8. *M. alceifolia*; 9. *P. angulata* (control positivo); 10. Marcador de tamaño molecular 1 Kb Ladder; 11. Control negativo. Gel de agarosa al 1 % (p/v) en tampón TAE 1 %. Tinción SYBRSafe (Invitrogen).

Tabla 1. Ocurrencia de infección por begomovirus en plantas de tomate y especies arvenses durante dos etapas fenológicas del cultivo en Tres Quebradas (2022)

Familia	Nombre científico	Etapa vegetativa		Etapa de maduración		Total
		TV	BV+ [%]	TM	BV+ [%]	
	Cultivo					
Solanaceae	<i>Solanum lycopersicum</i>	56	21(37.5 %)	48	35(72.9 %)	104
	Arvenses					
Amaranthaceae	<i>Amaranthus spinosus</i>	4	NR	4	NR	8
	<i>Amaranthus dubius</i>	NR	NR	1	NR	1
Asteraceae	<i>Tridax procumbens</i>	2	NR	1	NR	3
	<i>Eleutheranthera ruderalis</i>	NR	NR	10	NR	10
Boraginaceae	<i>Heliotropium fruticosum</i>	2	NR	NR	NR	2
	<i>Heliotropium indicum</i>	NR	NR	2	NR	2
Capparidaceae	<i>Cleome viscosa</i>	26	NR	16	NR	52
Convolvulaceae	<i>Jacquemontia tamnifolia</i>	1	NR	NR	NR	1
	<i>Jacquemontia evolvuloides</i>	1	1(100 %)	5	1(20.0 %)	1
	<i>Momordica charantia</i>	6	1(16.7 %)	3	NR	9
Cucurbitaceae	<i>Citrullus lanatus</i>	NR	NR	1	NR	1
	<i>Cucumis melo</i>	1	NR	2	NR	3
	<i>Phyllanthus amarus</i>	2	NR	1	NR	3
	<i>Euphorbia heterophylla</i>	11	NR	7	NR	18
Euphorbiaceae	<i>Chamaesyce hirta</i>	4	NR	4	NR	8
	<i>Chamaesyce hypericifolia</i>	1	NR	NR	NR	1
	<i>Caperonia palustris</i>	2	NR	1	NR	3
	<i>Aeschynomene americana</i>	NR	NR	3	1(33.3 %)	3
	<i>Phaseolus vulgaris</i>	2	NR	1	NR	3
Fabaceae	<i>Guazuma ulmifolia</i>	1	NR	NR	NR	1
	<i>Alysicarpus vaginalis</i>	2	2 (100 %)	NR	NR	1
	<i>Rhynchosia minima</i>	23	1(4.3 %)	17	4(23.5 %)	40
Passifloraceae	<i>Passiflora foetida</i>	NR	NR	1	NR	1
	<i>Sida rhombifolia</i>	15	1(6.7 %)	4	NR	19
Malvaceae	<i>Malachra alceifolia</i>	16	1(6.2 %)	10	2(20.0 %)	26
	<i>Waltheria indica</i>	NR	NR	1	NR	1
Portulacaceae	<i>Portulaca oleracea</i>	2	NR	NR	NR	2
	<i>Spermacoce ovalifolia</i>	3	NR	1	NR	4
	<i>Solanum oxycarpum</i>	NR	NR	1	NR	1
Solanaceae	<i>Physalis angulata</i>	5	NR	3	NR	8
	<i>Capsicum annum</i>	NR	NR	6	NR	6
Verbenaceae	<i>Priva lappulacea</i>	3	NR	1	NR	4
Por identificar	Por identificar	88	NR	14	NR	98
Total de arvenses		167	7 (3.1 %)	73	8 (10.95 %)	240

Nota: TV: total de muestras en etapa vegetativa. TM: total de muestras en etapa de maduración. BV+ [prev]: muestras positivas a begomovirus (prevalencia en %). NR: no recolectado en la etapa correspondiente. La prevalencia se calculó como: (n.º de muestras positivas / n.º de muestras analizadas) × 100. Todas las especies incluidas fueron positivas, al menos, en una de las etapas. Las muestras positivas a begomovirus fueron también positivas a PYMPV, lo que indica la circulación exclusiva de este virus en el área de estudio.⁴

nuevamente que *R. minima* es hospedera alterna de PYMPV (Díaz *et al.*, 2019) (Figura 5). Adicionalmente, se registran por primera vez: *A. americana*, *A. vaginalis*, *J. evolvuloides*, *M. alceifolia*, *M. charantia* y *S. rhombifolia* como hospederas naturales del PYMPV en Panamá (Tabla 2).

Ocurrencia de begomovirus y de PYMPV en arvenses y plantas de tomate

Se analizaron un total de 104 muestras de tomate (*S. lycopersicum*) y 344 muestras correspondientes a especies arvenses asociadas al cultivo. Del total

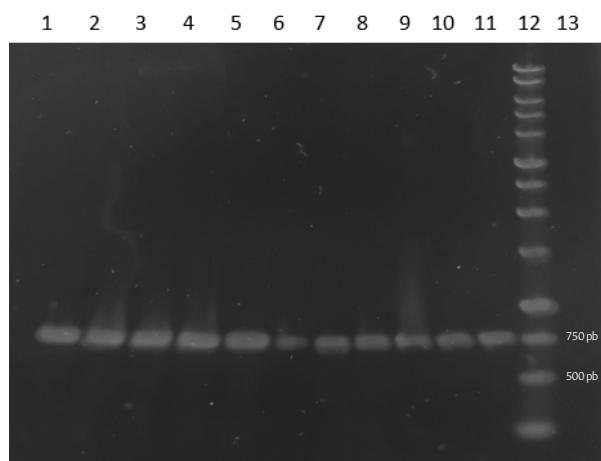


Figura 4. Producto de PCR de aproximadamente 743 pb amplificado con cebadores específicos para el gen que codifica la proteína CP de PYMPV. Nota: Las muestras corresponden a: 1. *Solanum lycopersicum*; 2. *Aeschynomene americana*; 3. *Alysicarpus vaginalis*; 4. *Jacquemontia evolvuloides*; 5. *Malachra alceifolia*; 6. y 7. *Momordica charantia*; 8. *Rhynchosia minima*; 9. *Sida rhombifolia*; 10. *Solanum lycopersicum*; 11. *Physalis angulata* (control positivo); 12. Marcador de tamaño molecular Kb Ladder; 13. Control negativo de reacción. Gel de agarosa al 1 % (p/v) en tampón TAE 1 %. Tinción SYBRSafe (Invitrogen).

Tabla 2. Prevalencia de infección por PYMPV en plantas de tomate y especies arvenses durante dos etapas fenológicas del cultivo en Tres Quebradas (2022)

Nombre científico	Etapa vegetativa		Etapa de maduración	
	BV+ [prev]	PY+ [prev]	BV+ [prev]	PY+ [prev]
Cultivo de tomate				
<i>Solanum lycopersicum</i>	21	21 (100 %)	35	35 (100 %)
Arvenses				
<i>Aeschynomene americana</i>	NR	NR	1	1 (100 %)
<i>Alysicarpus vaginalis</i>	2	2 (100 %)	NR	NR
<i>Jacquemontia evolvuloides</i>	1	1 (100 %)	1	1 (100 %)
<i>Malachra alceifolia</i>	1	1 (100 %)	2	2 (100 %)
<i>Momordica charantia</i>	1	1 (100 %)	NR	NR
<i>Rhynchosia minima</i>	1	1 (100 %)	4	4 (100 %)
<i>Sida rhombifolia</i>	1	1 (100 %)	NR	NR
Total de arvenses	7	7 (100 %)	8	8 (100 %)

Nota: TV: total de muestras en etapa vegetativa. TM: total de muestras en etapa de maduración. BV+ [prev]: muestras positivas a begomovirus (prevalencia en %). PY+ [prev]: muestras positivas a PYMPV (prevalencia en %). NR: no recolectado en la etapa correspondiente. La prevalencia se calculó como: (n° de muestras positivas / n° de muestras analizadas) × 100.

de muestras de tomate, 56 resultaron positivas a begomovirus, lo que corresponde a una ocurrencia del 53.8 %, en esta colecta. En el caso de las arvenses, 15 muestras (4.4 %) fueron positivas al mismo grupo viral.



Figura 5. Planta de tomate (*S. lycopersicum*) y *R. mínima* con síntomas de mosaico dorado.

Al discriminar los datos por etapa fenológica del cultivo, se observó un incremento en la prevalencia de infección en tomate, que pasó de 37.5 % durante la etapa vegetativa a 72.9% en la etapa de maduración. De manera similar, en arvenses se registró un aumento de 3.1 % a 10.9 % entre las etapas vegetativa y de maduración, respectivamente.

Entre las especies de arvenses positivas, *A. vaginalis*, *J. evolvuloides* y *A. americana* presentaron los valores más altos de positividad en, al menos, una de las etapas evaluadas. En particular, la especie *A. vaginalis* mostró una ocurrencia de 100 % en la etapa vegetativa, mientras que *A. americana* alcanzó una ocurrencia del 33.3 % durante la etapa de maduración del cultivo (Tabla 1).

Por otro lado, el análisis realizado en el ADN total de las plantas de *S. lycopersicum* y arvenses infectadas por begomovirus reveló una prevalencia del 100 % de la infección por PYMPV (Tabla 2).

Discusión

En Panamá, el begomovirus PYMPV solo ha sido identificado tanto en el cultivo de tomate como en las arvenses que comparten el área de este cultivo (Engel *et al.*, 1998; Herrera Vásquez *et al.*, 2016; Díaz *et al.*, 2019). Los resultados obtenidos evidencian una alta prevalencia de begomovirus en plantas de tomate (*S. lycopersicum*), tanto en la etapa vegetativa como en la de maduración del cultivo. En este estudio se tenía como objetivo determinar la infección con PYMPV en las plantas infectadas con begomovirus, tanto de arvenses como del cultivo de tomate. Durante la etapa vegetativa del cultivo, el 37.5 % de las plantas de tomate resultó positivas a begomovirus, mientras que en la etapa de maduración la ocurrencia aumentó significativamente a 72.9 %. En ambas etapas, todas las muestras positivas a begomovirus también fueron positivas a PYMPV, lo que indica la circulación

eminente de este virus en las plantas cultivadas; sin embargo, no se descarta la presencia de otros begomovirus circulando en infecciones mixtas, con PYMPV, en las plantas del área estudiada.

En relación con las arvenses, se observó una menor ocurrencia general de begomovirus en comparación con el cultivo de tomate. Sin embargo, su presencia en ambas etapas fenológicas sugiere su potencial papel como reservorios del virus en el agroecosistema. La presencia del virus en el total de las arvenses fue de 3.1 % en la etapa vegetativa y de 10.9 % en la etapa de maduración. Entre las especies arvenses, *A. vaginalis* y *J. evolvoloides* destacaron por presentar una prevalencia de begomovirus del 100 % en las muestras recolectadas en la etapa vegetativa. En contraste, *R. minima* y *M. alceifolia* mostraron prevalencias de infección por begomovirus más bajas, aunque consistentemente positivas en ambas etapas fenológicas. Los resultados de este estudio sugieren que el PYMPV infecta a las arvenses en el distrito de Los Santos, pues ha sido detectado tanto en tomate como en arvenses que crecen dentro y alrededor del cultivo. Sin embargo, no es un fenómeno aislado que las arvenses actúen como hospederas de begomovirus que infectan el tomate. En diversas arvenses se han detectado otros begomovirus que infectan dicho cultivo: es el caso de *potato yellow mosaic virus* (PYMV), *tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV), *tomato yellow mosaic virus* (ToYMV), *tomato Venezuela virus* (ToVEV) y *tomato severe rugose virus* (ToSRV) (Smith *et al.*, 2015; López-López *et al.*, 2019; Vaca Vaca *et al.*, 2020b; Pereira-Silva *et al.*, 2022; Silva Gorayeb *et al.*, 2024).

La detección de PYMPV, tanto en plantas de tomate como en arvenses, y la concordancia del 100 % entre la detección de begomovirus con cebadores universales y de PYMPV con cebadores específicos sugieren que el begomovirus estudiado predomina en el cultivo de tomate y en especies arvenses del área evaluada. Este patrón es consistente con los resultados de estudios que indican que las poblaciones virales en un hospedero están compuestas mayormente por virus bien adaptados y en menor proporción, por virus peor adaptados (Quadros *et al.*, 2023). En este contexto, dado que no se realizó una detección específica de otros begomovirus, y debido a las limitaciones de las técnicas de amplificación dirigidas solo a un fragmento del gen de la proteína de la envoltura viral, no se descarta la presencia de otras especies virales o incluso especies recombinantes como fue observado por Quadros *et al.* (2023). Estos resultados tienen implicaciones importantes para el manejo fitosanitario, ya que las especies arvenses podrían actuar como fuentes de inóculo secundario, facilitando la persistencia y diseminación de virus entre ciclos de cultivo.

En cuanto a la ocurrencia de infección tanto por begomovirus como por PYMPV, se observó un incremento notable en la etapa de producción del cultivo, tanto en tomate como en especies

arvenses. Este aumento puede atribuirse, en parte, al mayor tiempo de exposición de las plantas al agente infeccioso y a su vector, lo cual incrementa la probabilidad de infección conforme avanza el ciclo fenológico (Romay *et al.*, 2010).

Un aspecto aún pendiente de explorar es la presencia de otros begomovirus en las plantas infectadas, además del análisis del genoma completo de PYMPV, y además sería necesaria la detección de posibles eventos de recombinación y pseudorrecombinación con otros begomovirus presentes en las arvenses y el tomate. Este fenómeno ha sido reportado previamente en diferentes especies de begomovirus (Maliano *et al.*, 2021; Batista *et al.*, 2022; García-Torres, 2023) y podría tener implicaciones en la evolución viral, la adaptación a nuevos hospederos y la variabilidad genética del virus.

Conclusiones

La detección de *potato yellow mosaic Panamá virus* (PYMPV) tanto en las plantas de tomate como en las arvenses, indica que PYMPV está presente en las plantas infectadas con begomovirus en el corregimiento de Tres Quebradas, sin embargo, no descarta la presencia de otros begomovirus, lo cual puede constituir infecciones mixtas.

De igual manera, se identificaron nuevos hospederos naturales de begomovirus y de PYMPV en la región. Estos hallazgos enfatizan la necesidad de implementar estrategias de manejo que incluyan el control de hospederos alternos y el monitoreo del virus durante todo el ciclo del cultivo, incluidas las etapas de barbecho.

Finalmente, la información obtenida es valiosa para mejorar las estrategias de manejo y prevención, con el objetivo de reducir el impacto económico y garantizar la seguridad alimentaria en la producción de tomate industrial en Panamá.

Agradecimiento

Este trabajo se realizó con los fondos PFID-FID-73-2021 proporcionados por la Secretaría de Ciencia, Tecnología e Innovación de Panamá. Extendemos nuestro especial agradecimiento a la Cooperativa El Progreso R.L. de Agua Buena de Los Santos y a los productores de tomate por su apoyo al concedernos el permiso de recolectar dentro de sus parcelas de cultivo. Igualmente agradecemos a la Universidad Especializada de las Américas por el acceso a las instalaciones y el equipo para realizar las pruebas necesarias para obtener los resultados de este trabajo.

Referencias

- Agarwal, G.; Kavalappara, S. R.; Gautam, S.; Da Silva, A.; Simmons, A.; Srinivasan, R. y Dutta, B. (2021). Field screen and genotyping of *Phaseolus vulgaris* against two begomoviruses in Georgia, USA. *Insects*, 12(1), 49. <https://doi.org/10.3390/insects12010049>
- Barboza, N. y Martínez-Zubiaur, Y. (2022). Chapter 9 - Begomoviruses in crops with economic interest for North and Central America. En R. K. Gaur, P. Sharma y H. Czosnek (eds.), *Geminivirus: Detection, diagnosis and management* (pp. 125-137). Academic Press. 9780323905879. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90587-9.00039-0>
- Batista, J. G.; Nery, F. M. B.; Melo, F. F. S.; Malheiros, M. F.; Rezende, D. V.; Boiteux, L. S.; Fonseca, M. E. N.; Cardozo de Miranda, B. E. y Pereira-Carvalho, R. C. (2022). Complete genome sequence of a novel bipartite begomovirus infecting the legume weed *Macroptilium erythroloma*. *Archives of Virology*, 167, 1597-1602. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05410-0>
- Brown, J. K.; Zerbini, F. M.; Navas-Castillo, J.; Moriones, E.; Ramos-Sobrinho, R.; Silva, J. C. F.; Fiallo-Olivé, E.; Briddon, R. W.; Hernández-Zepeda, C.; Idris, A.; Malathi, V. G.; Martin, D. P.; Rivera-Bustamante, R.; Ueda, S. y Varsani, A. (2015). Revision of *Begomovirus* taxonomy based on pairwise sequence comparisons. *Archives of Virology*, 160, 1593-1619. <https://doi.org/10.1007/s00705-015-2398-y>
- Castro-Estrada, A.; Chavarría-Jiménez, E.; García-Madrigal, M.; Ramos-Salazar, V.; Gorostiola-Martínez, E. L.; Chacón-Cerdas, R. y Alvarado-Marchena, L. (2024). Reporte de caso: detección y caracterización del virus del acucharamiento del tomate (TYLCV) en plantas de tomate del cantón de Sarchí, Costa Rica. *Tecnología en Marcha*, 37(9), 167-178. <https://doi.org/10.18845/tm.v37i9.7621>
- Dellaporta, S.; Woods, H. y Hicks, J. (1983). A plant DNA miniprep: Version II. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1(4), 19-21.
- De Nazaré Almeida dos Reis, L.; Fonseca, M. E. D. N.; De Oliveira, I. A.; Ribeiro, S. G.; Boiteux, L. S. y Pereira-Carvalho, R. D. C. (2025). Detection via high-throughput sequencing of a rare host jump event of a bipartite weed-infecting begomovirus to tomato. *Journal of Plant Pathology*, 107, 1237-1243. <https://doi.org/10.1007/s42161-025-01864-8>
- Díaz Vergara, M.; Díaz Osorio, N. y Osorio, O. (2019). Hospederos alternativos de potato yellow mosaic Panama virus en el cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum*) en la provincia de Los Santos, Panamá. *Acta Biológica Colombiana*, 24(3).
- Engel, M.; Fernández, O.; Jeske, H. y Frischmuth, T. (1998). Molecular characterization of a new whitefly-transmissible bipartite geminivirus infecting tomato in Panama. *Journal of General Virology*, 79(10), 2313-2317. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-79-10-2313>
- Fernández, O.; Osorio, O. y Frischmuth, T. (1998). Detección de Geminivirus en malezas asociadas al cultivo de tomate en Panamá. Memoria VII Taller Latinoamericano y del Caribe de Mosca Blanca y Geminivirus. Nicaragua.
- Fiallo-Olivé, E.; Lett, J. M.; Martin, D. P.; Roumagnac, P.; Varsani, A.; Zerbini, F. M. y Navas-Castillo, J. (2021). ICTV virus taxonomy profile: *Geminiviridae* 2021. *Journal of General Virology* 102(12), 001696. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001696>
- García-Torres, A.; López-López, K. y Vaca-Vaca, J. C. (2023). Pseudorecombinación del virus del mosaico amarillo de la papa que infecta tomate con begomovirus aislados de arvenses. *Acta Biológica Colombiana*, 28(3) 460-471. <https://doi.org/10.15446/abc.v28n3.98952>
- Herrera-Vásquez, J. A.; Ortega, D.; Romero, A. B.; Davino, S.; Mejía, L. C.; Panno, S. y Davino, M. (2016). Begomoviruses infecting tomato crops in Panama. *Journal of Phytopathology*, 164(2), 102-113. <https://doi.org/10.1111/jph.12436>
- Jain, H.; Singh, I.; Chahal, S.; Kaur, R. y Siwach, P. (2024). Phylogenetic and recombination analysis of begomoviruses associated with cotton leaf curl disease and *in silico* analysis of viral-host protein interactions. *Microbial Pathogenesis*, 186, 106504. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2023.106504>
- López-López, K.; Jara-Tejada, F. y 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. <https://doi.org/10.15446/Abc.V24n3.79366>
- Maliano, M. R.; Macedo, M. A.; Rojas, M. R. y Gilbertson, R. L. (2021). Weed-infecting viruses in a tropical agroecosystem present different threats to crops and evolutionary histories. *Plos One*, 16(4), e0250066. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0250066>
- MIDA (Ministerio de Desarrollo Agropecuario). (2022). Dirección nacional de agricultura cierre agrícola 2021-2022. chrome-extension://efaidnbmnnnibpajccgleclfindmkaj/<https://mida.gob.pa/wp-content/uploads/2021/08/CierreAgricola2019-2020-1.pdf>
- Ortiz Sánchez, Y. L.; Osorio Burgos, O. O. y Díaz-Vergara, M. E. (2019). Detección molecular de *Begomovirus* en arvenses asociadas al cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum*) en Panamá. *Acta Agronómica*, 68(4), 319-325. <https://doi.org/10.15446/acag.v68n4.77945>
- Osorio, O. O. y Díaz, M. (2018). Arvenses asociadas al cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) en el distrito de Los Santos, República de Panamá. *Idesia*, 36(3), 87-94. <https://doi.org/10.4067/S0718-34292018005001401>
- Pandey, V.; Srivastava, A. y Gaur, R. K. (2021). Begomovirus: A curse for the agricultural crops. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 54(15-16), 949-978. <https://doi.org/10.1080/03235408.2020.1868909>
- Patil, A. S.; Paikrao, H. M. y Patil, S. R. (2013). *Passiflora foetida* Linn: A complete morphological and phytopharmacological review. *International Journal of Pharma and Bio Sciences*, 4(1), 285-296.
- Pereira-Silva, J.; Boiteux, L. S.; Fonseca, M. E. N.; Reis, L. N. A.; Souza, A. S.; Nery, F. M. B.; Madeira, N. R. y Pereira-Carvalho, R. C. (2022). Novel natural hosts of tomato severe rugose virus (ToSRV) in the Fabaceae, Solanaceae, and Oxalidaceae families. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 129, 425-431. <https://doi.org/10.1007/s41348-021-00533-z>
- Quadros, A.; Ferro, C. G.; De Rezende, R. R.; Godinho, M. T.; Xavier, C. A. D.; Nogueira, A. M.; Alfenas-Zerbini, P. y Murilo Zerbini, F. (2023). Begomovirus populations in single plants are complex and may include both well-adapted and poorly-adapted viruses. *Virus Research*, 323, 198969. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198969>
- Romay, G.; Geraud-Pouey, F.; Chirinos, D. T.; Morales, F.; Herrera, E.; Fernández, C. y Martínez, A. K. (2010). Transmission of tomato Venezuela virus by *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae), in Maracaibo, Venezuela. *Neotropical Entomology* 39(2), 266-274. <https://doi.org/10.1590/S1519-566X2010000200019>
- Shorthouse, D. (2010). SimpleMappr, an online tool to produce publication-quality point maps. <https://www.simplemappr.net>.
- Smith, H. A.; Seijo, T. E.; Vallad, G. E.; Peres, N. A. y Druffel, K. L. (2015). Evaluating weeds as hosts of tomato yellow leaf curl virus. *Environmental Entomology*, 44(4), 1101-1107. <https://doi.org/10.1093/ee/nvv095>

- Silva Gorayeb, E.; Campos do Nascimento, S.; Nise Mericia, A.; Batalhon, L.; Rodrigues Magalhães, A. M.; Ferreira de Oliveira, V. G.; Borges de Souza, V.; Bogo, A. y Nascimento da Silva, F. (2024). Survey of viruses and vectors in tomato plants, alternative hosts and weeds in the state of Santa Catarina, Brazil. *Plant Pathology*, 73(2) 444-454. <https://doi.org/10.1111/ppa.13823>
- Souza, J. O.; Melgarejo, T. A.; Vu, S.; Nakasu, E. Y. T.; Chen, L. F.; Rojas, M. R.; Zerbini, F. M.; Inoue-Nagata, A. K. y Gilbertson, R. L. (2022). How to be a successful monopartite begomovirus in a bipartite-dominated world: Emergence and spread of tomato mottle leaf curl virus in Brazil. *Journal of Virology*, 96(18), 1-23. <https://doi.org/10.1128/jvi.00725-22>
- Vaca-Vaca, J. C.; Morales-Euse, J.; Rivera-Toro, D. M. y López-López, K. (2019). Primer reporte de begomovirus infectando cultivos de ají (*Capsicum* spp.) en Colombia. *Acta Biológica Colombiana*, 24(3), 452-462. <https://doi.org/10.15446/abc.v24n3.79367>
- Vaca-Vaca, J. C.; Rivera-Toro, D. M.; Morales-Euse, J.; Jara-Tejada, F. y López-López, K. (2020a). 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>
- Vaca-Vaca, J. C.; Jara-Tejada, F. y López-López, K. (2020b). Partial molecular characterization of begomovirus 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>
- Valverde-Méndez, K.; Hernández, E. J.; Matamoros, D. y Barboza, N. (2023). Begomovirus diversity in tomato crops in Costa Rica. *Annals of Applied Biology*, 183(3) 231-243. <https://doi.org/10.1111/aab.12850>
- Vargas-Salinas, M.; Medina-Hernández, D. y Holguín-Peña, R. J. (2024). Increased begomovirus disease incidence and severity in cucurbits associated with the emergence of CuLCrV in mixed infection with SLCuV in Baja California Sur, Mexico. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 46(4), 421-433. <https://doi.org/10.1080/07060661.2024.2329162>
- Wyatt, S. y Brown, J. K. (1996). Detection of subgroup III Geminivirus isolates in leaf extracts by degenerate primers and polymerase chain reaction. *Phytopathology*, 86(12), 1288-1293. <https://doi.org/10.1094/Phyto-86-1288>