

Primer reporte de *Sweet potato leaf curl virus* en las provincias de Córdoba y Santiago del Estero de Argentina

Julia A. Martino^{1,2}, Liliana Di Feo² y Patricia E. Rodríguez Pardina²

¹Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

²Instituto de Patología Vegetal, Centro de Investigaciones Agropecuarias, INTA, Camino 60 cuadradas km 5,5 Córdoba, Argentina

Fecha de recepción del manuscrito: 13/10/2015

Fecha de aceptación del manuscrito: 28/10/2015

Fecha de publicación: 15/03/2016

Resumen— La superficie con batata en Argentina experimentó notable reducción, causada por virosis que ocasionan daños en todas las regiones productoras, debido al intercambio indiscriminado de material de propagación y consiguiente ingreso de virus antes no citados, tales como los begomovirus de batata (sweepovirus), recientemente caracterizados en Bella Vista, Corrientes.

En este trabajo, se analizaron secuencias parciales del genoma de dos aislamientos del Centro de Argentina, con las de uno previamente caracterizado en nuestro país (Bella Vista) y con las de otros begomovirus citados globalmente. Ambos aislamientos mostraron 97-99% de identidad de nucleótidos con *Sweet potato leaf curl virus*, de Bella Vista (JQ349087.1), por lo que según lo establecido por el *International Committee on Virus Taxonomy* (ICTV), ambos pertenecen a la misma raza. Sin embargo, es la primera vez que se caracteriza a este patógeno en la provincia de Córdoba y Santiago del Estero, Argentina; por lo que este trabajo es un aporte al esclarecimiento del complejo panorama de virosis en cultivo de batata en nuestro país.

Palabras clave—*Ipomoea batatas*, begomovirus, PCR, clonado, secuenciación.

Abstract— The surface with sweet potato in Argentina experienced a significant reduction produced by an important loss of yield due to virus diseases. The introduction of virus, such as sweepoviruses (sweet potato begomoviruses), is generally caused by the indiscriminate exchange of propagation material between different regions.

In this paper we analyzed partial sequences of the genome of two begomovirus isolates collected in the Central región of Argentina. These sequences were compared with those of one previously characterized in our country (Bella Vista) (JQ349087.1), and with other begomoviruses cited globally. Both isolates showed 97-99% homology with *Sweet potato leaf curl virus*, Bella Vista, so that according to what is established by the *International Committee on Virus Taxonomy* (ICTV), both isolates belong to the same strain. However, this is the first time that this pathogen is characterized in Cordoba and Santiago del Estero, Argentina; so this work is a contribution to the elucidation of the complex panorama of viruses in of sweet potatoes crops in our country.

Keywords—*Ipomoea batatas*, begomovirus, PCR, cloning sequencing.

INTRODUCCIÓN

La batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) es una convolvulácea originaria de Centro y Sudamérica que se cultiva en todas las regiones tropicales y subtropicales y en varias zonas templadas del mundo. Globalmente, es el décimo cultivo destinado a alimentación, pero en los países en desarrollo ocupa el quinto lugar luego del arroz, trigo, maíz y mandioca (USDA, 2011).

Es un alohexaploide, $2n=6x=90$ (Clark et al., 2011) y, a causa de su gran diversidad genética (Zhang et al., 2000, Zhang et al., 1998) y la consiguiente variabilidad en sus características fenotípicas y morfológicas (Woolfe, 1992), presenta amplia adaptabilidad y versatilidad de usos. En la

actualidad, está recibiendo atención especial como cultivo alimenticio para “salvar vidas” en países en desarrollo (Fuglie y Keith, 2007).

Se prevé un incremento en el procesamiento de la batata para alimentación humana, animal y para la extracción de almidón, debido a sus múltiples posibilidades de uso industrial, entre ellas la producción de biocombustible y, además, por ser fuente de compuestos antioxidantes, fibras minerales, vitaminas y otros, que la ubican como uno de los diez alimentos que el ser humano no debería dejar de consumir (Martí, 2007).

Uno de los factores limitantes en el cultivo de batata es la infección por virus. Comercialmente, esta hortícola se propaga vegetativamente, lo que conduce a un incremento en la concentración de partículas virales en los tejidos vegetales (Karyeija et al., 1998, Onwueme y Charles, 1994), que varía inversamente con la producción. Esta forma de propagación favorece la ocurrencia de infecciones mixtas que, con frecuencia, conllevan interacciones

Dirección de contacto:

Julia A. Martino, Luis Agote 2743, Los Naranjos, Córdoba Capital, CP: 5010 Tel: 0351 153452729, martino.julia@inta.gob.ar,

sinérgicas (incremento de la severidad de síntomas, de la acumulación y movimiento de partículas virales y marcada disminución de rendimiento de raíces reservantes).

Para el control de virosis, el paso inicial es la identificación de su/s agente/s etiológicos, la cual resulta más dificultosa que la de la mayor parte de los fitovirus. Es por ello que éstos son los patógenos de batata menos conocidos, a pesar de tener la mayor diseminación en cultivos comerciales. La compleja identificación de virus hace que el panorama mundial de las patologías por ellos provocadas en la hortícola sea confuso.

Al menos 30 especies virales han sido determinadas en batata, (Fauquet y Stanley, 2005; Kreuze, 2002; Loebenstein y Thottappilly, 2009). En la actualidad, los sweepovirus (begomovirus de batata) son los más difundidos en el cultivo.

Los Begomovirus

Begomovirus es un género perteneciente a la familia *Geminiviridae*, el cual es transmitido por *Bemisia tabaci* a dicotiledóneas; estos patógenos son los causantes de grandes pérdidas económicas en cultivos de todo el mundo (Anderson y Morales, 2005, Anderson, 2005, Valverde et al., 2007).

Su genoma está compuesto de ADN circular simple cadena (ADNCs), el cual puede contener uno (monopartito) como es el caso de los begomovirus que afectan a batata; o dos (bipartito) componentes encapsidados en una partícula isoédrica geminada (Nawaz-ul-Rehman y Fauquet, 2009, Stanley et al., 2005).

En los begomovirus bipartitos, los componentes A y B comparten una secuencia de aproximadamente 200 pb, dentro de la región intergénica que contiene diversos elementos regulatorios, incluyendo dos motivos "TATA": uno en el extremo 3' y otro en la mitad del 5', los cuales están posiblemente relacionados con la iniciación de la transcripción.

Los genes están presentes tanto en la cadena viral (V) como en la complementaria (C), poseen además una región intergénica (RI) que incluye un segmento de 180 a 200 nt, llamada región común (RC), que es la única altamente conservada en ambos componentes (Laufs et al., 1995, Ha et al., 2008). Los genes situados a la derecha de la estructura genómica, (en el sentido de las agujas del reloj), son llamados sentido virión, porque son transcritos por cadenas de ADN con la misma polaridad que el ADN viral encapsidado. Similarmente, los genes de la izquierda del genoma (en sentido opuesto a las agujas del reloj) se denominan sentido complementario porque son transcritos por la cadena que es complementaria al ADN encapsidado y se presenta sólo en ADNcs intermedio.

El ADN genómico de begomovirus monopartite y el ADN-A de begomovirus bipartitos son homólogas y tienen una organización del genoma similar que incluye el V1/AV1, C1/AC1, C2/AC2, C3/AC3, y genes AC4/C4, que codifican la proteína de la cápside (CP), proteína asociada a la replicación (Rep), proteína transactivadora (TRAP), proteína potenciador de la replicación (REN), respectivamente (Gutierrez, 1999, Ha et al., 2008). Sin embargo, también hay diferencias entre estos ADN virales. El ADN genómico de begomovirus monopartito es más

grande (aproximadamente 2,9 kb) que los componentes de ADN-A begomovirus bipartitos (aproximadamente 2,6 kb), y tiene un sentido virion-gen adicional (V2) (Noueiry et al., 1994).

Los primeros reportes de sweepovirus caracterizados molecularmente en el mundo fueron: *Sweet potato leaf curl virus* (SPLCV) y *Sweet potato leaf curl Georgia virus* (SPLCGoV), aislado en USA (Lotrakul, 2003, Lotrakul y Valverde, 1999). En Argentina, fue reportado recientemente en batata de Bella Vista, Corrientes, el cual se nombró como: *Sweet potato leaf curl virus Argentina* (SPLCV-Ar) (Rodríguez-Pardina et al., 2012a).

Debido a que la batata se propaga vegetativamente, la acumulación de virus en la planta es mayor, lo que conlleva la co-infección de distintos genomas virales en la misma planta. Las infecciones mixtas de especies y razas de sweepovirus en batata ha demostrado ser frecuente (Lozano et al., 2009, Zhang y Ling, 2011, Albuquerque et al., 2011). Este fenómeno es extremadamente importante para la evolución del virus, ya que proporciona oportunidades para la ocurrencia de recombinaciones naturales, acontecimientos que conducen a la extensa diversidad viral (Bridson et al., 1996, Sanz et al., 2000). La recombinación es uno de los mecanismos más importantes para la evolución de los begomovirus (Lefevre et al., 2007, Padidam et al., 1999) y es probablemente responsable de la diversificación genética y de la aparición de nuevas especies (Monci et al., 2002, Owor et al., 2007). Los síntomas que estos patógenos causan dependen del hospedador, pero varían de plantas asintomáticas a hojas enrolladas y venas amarillas (Fig. 1).



Figura 1: planta de batata cv Arapey INIA con síntomas de begomovirus. La flecha indica el curvamiento hacia arriba de la lámina foliar

Este trabajo tuvo como objetivo caracterizar molecularmente aislamientos de begomovirus provenientes de batata de las zonas Centro (Colonia Caroya-Córdoba) y NOA (El Simbol-Santiago del Estero).

MATERIALES Y MÉTODOS

Entre los años 2011 y 2013, se recolectaron muestras de hojas frescas y jóvenes de *I. batatas* de las localidades de Colonia Caroya, Pcia. Córdoba (17 plantas de 5 lotes) y de El Simbol, Pcia. Santiago del Estero (72 plantas de 6 lotes).

La presencia de begomovirus se determinó mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), para lo cual el

ADN total de las plantas se extrajo empleando NaOH y TRIS-HCL (Wang et al., 1993).

La amplificación se realizó utilizando los oligonucleótidos degenerados universales SPG1 y SPG2, que fueron diseñados para hibridar en regiones conservadas de los marcos de lectura abiertos C2 y C1 y amplifican fragmentos de aproximadamente 900 pb (Li et al., 2004). El volumen final de reacción fue de 25 μ l, de los cuales 2 μ l correspondían a ADN viral y 23 a la *mix*, que contenía tampón Taq 5X, iniciador SPG1 0,5 μ M, iniciador SPG2 0,75 μ M, 0,25mM de dNTP's, MgCl₂ 0,3 mM, enzima Taq polimerasa (*Promega Corp. Madison, WI, USA*): una unidad y agua mili Q para llegar al volumen final. Las condiciones de ciclado fueron las siguientes: 11 ciclos ($n = 1$ °C por ciclo) de desnaturalización a 94°C por 40 s., (72- n) °C por 30 s., 72°C por 90 s.; seguidos de 24 ciclos de 94°C por 40 s., 60°C por 40 s., 72°C por 90 s.; seguidas de una extensión a 72°C por 10 min. Los productos amplificados se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa (1% p/v).

Clonado y secuenciación

El ADN total para el clonado y posterior secuenciación, fue extraído siguiendo el método de *Dellaporta (Dellaporta et al., 1983)*, la amplificación del genoma circular se realizó mediante Circulo Rodante (ACR) con Φ 29 ADN polimerasa (*TempliPhi GE Healthcare*). Para la reacción de amplificación, en un tubo de microcentrífuga de 1,5 ml, se colocó 1 μ l de ADN y 10 μ l de tampón muestra (Kit comercial: *TempliPhi DNA Sequencing Template Amplification Kit (Amersham Biosciences, USA)*). Se llevó 3 min. a 95°C en el termociclador, y luego se colocó inmediatamente en un recipiente con hielo. Posteriormente, fueron adicionados 10 μ l de tampón reacción (*Kit TempliPhi*) y 0,4 μ l de enzima *Phi29* polimerasa. La reacción se incubó, a una temperatura de 30°C por 20 h.

Los productos de ACR se sometieron a pruebas de cortes con enzimas de restricción (*EcoR I, EcoR V, Hind III, Kpn I, Sac I, Pst I, Xba I, Xho I, Apa I, Sal I, Nco I, Cla I, BamH I, Sma I, Spe I*) para determinar cuál de las enzimas linealizaba el genoma de begomovirus obtenido.

El ADN viral linealizado se unió al vector (*pBluescript SK+*) para su posterior clonado en células de *Escherichia coli* DH5 α , químicamente competentes con CaCl₂ (Mandel y Higa, 1970); de acuerdo al protocolo de Maniatis (Sambrook et al., 1989). Su secuenciación se llevó a cabo en Unidad de Genómica, Instituto de Biotecnología-INTA (Argentina).

Las secuencias de nucleótidos deducidos fueron comparadas con las de otros begomovirus previamente caracterizados, que se encuentran disponibles en el *National Center of Biotechnology Information (NCBI)*. Para el análisis de las misma se emplearon además los programas *Blastn* (<http://www.ncbi.nlm.nih/BLAST>) (Altschul et al., 1990), *Chromas Lite* (versión 2.1.1), *LASERGENE* (DNASTAR Inc. Madison, WI, USA). Los alineamientos múltiples se realizaron por medio de *Clustal W* (www.ebi.ac.uk/clustalw). Los árboles filogenéticos se generaron con el programa *MEGA* versión 5 (www.megasoftware.net) (Tamura et al., 2011).

RESULTADOS

En la provincia de Córdoba el 29,4% de las plantas de batata analizadas acusaron tener presencia de sweepovirus, mientras que en Santiago del Estero el 23,61%. Siendo la prevalencia del 100%, para ambas zonas; lo cual demuestra que todos los lotes analizados en cada región tuvieron presencia de este patógeno.

Dos muestras de ambas procedencias lograron ser linealizadas con la enzima de restricción *EcoRV*.

Para cada uno de los clones, se secuenció un fragmento de entre 1700 y 2000 pb, para Córdoba y Santiago del Estero, respectivamente que codifica parte de la cápside proteica (CP), los genes *REN* y *TrAP* completos y la región N terminal del Rep. Se compararon con 23 secuencias de begomovirus previamente caracterizadas y publicadas en *Genbank*.

Las cuatro secuencias analizadas presentaron entre 97 y 99% de identidad con *Sweet potato leaf curl virus* aislamiento Bella Vista (número de acceso al *GenBank*: JQ349087.1), por lo que, según lo establecido por el ICTV (Fauquet et al., 2008), las mismas pertenecerían a la mencionada raza del patógeno.

EL análisis filogenético demostró que los distintos aislamientos en estudio agruparon con el de *Sweet potato leaf curl virus*, previamente descrito en Argentina y entre sí, con un nivel de confianza entre 96 y 100% (Figura 2) (Rodríguez-Pardina et al., 2012b).

Los aislamientos procedentes de Colonia Caroya (cv Arapey INIA y cv Morada INTA) mostraron un 100% de confianza, en tanto que, entre los clones de Santiago del Estero (cv Covington), dicho porcentaje fue del 99%. En todos los casos, la confianza con el aislamiento de Bella Vista previamente caracterizado (Rodríguez Pardina et al., 2012) (cv Okinawa 100) fue cercana al 100% (Figura 2). De acuerdo a estos resultados, los aislamientos en estudio, procedentes de la zona productora de Córdoba y de la Pcia. Santiago del Estero, no exhiben variabilidad entre sí y con respecto al previamente reportado, proveniente del NE argentino.

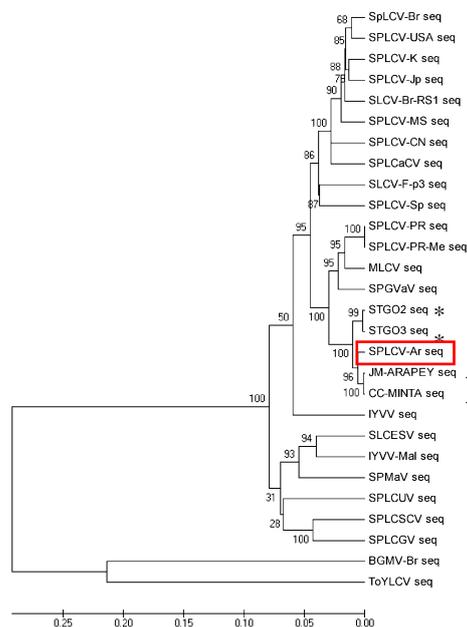


Figura 2: árbol filogenético basado en las secuencias parciales de nucleótidos del *Sweet potato leaf curl virus*-AR (recuadro) y otros begomovirus seleccionados. El árbol fue construido usando el método de agrupamiento de vecinos con MEGA 5. El * representa a los clones de Santiago del Estero y el + clones de Jesús María y Colonia Caroya, Pcia. de Córdoba

CONCLUSIÓN Y DISCUSIÓN

En la actualidad, Latinoamérica ha sido el territorio más afectado por el patosistema begomovirus-mosca blanca, tanto por el número de cultivos infectados como por las pérdidas de cosecha y el área agrícola devastada. Millones de kilómetros cuadrados de tierra apta para la agricultura, en 20 países, sufren el ataque de más de treinta patógenos de este género viral (De Barro *et al.*, 2011).

Los begomovirus son virus de plantas, que están causando enfermedades limitantes de la producción en dicotiledóneas ampliamente usadas como alimento, fibras y ornamentales (Zúñiga-Vega y Ramírez, 2002). Su dispersión posee gran dependencia de la de su vector, ya que, como se expresara anteriormente, su único modo de transmisión en la naturaleza es mediante moscas blancas. Frente al calentamiento global, los patosistemas virales se han ido modificando y una de las razones de esto es el desplazamiento de vectores como el mencionado, desde regiones subtropicales hacia zonas más australes (Leite *et al.*, 2005). Es posible que el cambio climático mundial esté facilitando, de alguna manera, la conquista de nuevos nichos por *B. tabaci*, lo que conllevaría que los begomovirus que ésta transmite logren afectar, a su vez, nuevos cultivos (Vaca-Vaca *et al.*, 2011). Argentina no ha escapado a este fenómeno y, recientemente, fue reportada por primera vez la presencia de begomovirus en cultivos de batata del NE (Rodríguez-Pardina *et al.*, 2012b).

El análisis filogenético de las secuencias parciales de sweepovirus analizadas, arrojó una alta homología con SPLCV-Ar, a su vez muy emparentado con SPLCV-Puerto Rico (Rodríguez-Pardina *et al.*, 2012b). La inexistencia de variabilidad en los aislamientos considerados en este trabajo podría deberse al ingreso reciente del virus en nuestro país, de modo que aún el mismo no alcanza a expresar variación genética notable. Otro de los motivos radicaría en la procedencia de los plantines. La escasez de los mismos, ocasionada principalmente por los altísimos niveles de incidencia viral, conduce a que los productores intercambien material de propagación (Martino *et al.*, 2013), de modo que las distintas zonas productoras comparten el origen de éstos. Esto trae aparejada la presencia de infecciones con los mismos patógenos, favorecida por la propagación agámica de la batata (López Colomba *et al.*, 2012).

Hasta el presente, en Argentina no se habían estudiado las secuencias de sweepovirus presentes en batata en la región productora del centro. Históricamente, Córdoba y Santiago del Estero han sido provincias sustancialmente importantes para el cultivo por sus condiciones agroecológicas ideales. También se destacaron como proveedoras de material de plantación. La presencia de sweepovirus constituye una amenaza para otras zonas de cultivo, dado el ingreso inadvertido de los mismos con los plantines provistos desde ambas provincias.

Sin embargo, la alta tasa de recombinación de los begomovirus amerita que se prosiga con los estudios al respecto.

AGRADECIMIENTOS

A IPAVE-INTA por brindarme un lugar donde llevar a cabo los objetivos y la permanente colaboración de la gente que allí trabaja, así como también el financiamiento.

REFERENCIAS

- Albuquerque, L. C., Inoue-Nagata, A. K., Pinheiro, B., Ribeiro, S. D. G., Resende, R. O., Moriones, E. y Navas-Castillo, J. (2011). "A novel monopartite begomovirus infecting sweet potato in Brazil". *Archives of virology*, 156, (1291-1294).
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W. y Lipman, D. J. (1990). "Basic local alignment search tool". *Journal of Molecular Biology*, 215, (403-410).
- Anderson, P. y Morales, F. (2005). *Whitefly and whitefly-born viruses in the tropics. Building a knowledge base for global action.*, Cali-Colombia, CIAT.
- Anderson, P. K. (2005). "The problem of whiteflies and whitefly-transmitted virus in the tropics.". *Whitefly and whitefly-born viruses in the tropics. Building a knowledge base for global action*, In: Morales., P. a. Y. F. (ed.). Cali-Colombia: CIAT.
- Briddon, R. W., Bedford, I. D., Tsai, J. H. y Markham, P. G. (1996). "Analysis of the nucleotide sequence of the treehopper-transmitted geminivirus, tomato pseudo-curly top virus, suggests a recombinant origin". *Virology*, 219, (387-394).
- Clark, C. A., Davis, J. A., Abad, J. A., Cuellar, W. J., Fuentes, S., Kreuze, J. F., Gibson, R. W., Mukasa, S. B., Tugume, A. K., Tairo, F. D. y Valkonen, J. P. T. (2011). "Sweetpotato Viruses: 15 Years of Progress on Understanding and Managing Complex Diseases". *Plant Disease*, 96, (168-185).
- De Barro, P. J., Liu, S. S., Boykin, L. M. y Dinsdale, A. B. (2011). "Bemisia tabaci: a statement of species status". *Annu Rev Entomol*, 56, (1-19).
- Dellaporta, S. L., Wood, J. y Hicks, J. B. (1983). "A plant DNA miniprep: Version II". *Plant Molecular Biology Reporter*, 1, (19-21).
- Fauquet, C. M., Briddon, R. W., Brown, J. K., Moriones, E., Stanley, J., Zerbini, F. M. y Zhou, X. (2008). "Geminivirus strain demarcation and nomenclature". *Archives of Virology*, 153, (783-821).
- Fuglie y Keith, O. (2007). "Priorities for Sweetpotato Research in Developing Countries: Results of a Survey". *HortScience* 42, (1200-1206).
- Gutierrez, C. (1999). "Geminivirus DNA replication". *Cell. Mol. Life Sci*, 56, (313-329).
- Ha, C., Coombs, S., Revill, P., Harding, R., Vu, M. y Dale, J. (2008). "Molecular characterization of begomoviruses and DNA satellites from Vietnam: additional evidence that the New World geminiviruses were present in the Old World prior to continental separation". *Journal of General Virology*, 89, (312-326).
- Karyeija, R., Gibson, R. y Valkonen, J. (1998). "The significance of *sweet potato feathery mottle virus* in subsistence sweet potato production in Africa". *Plant Disease*, 82, (4-15).
- Laufs, J., Traut, W., Heyraud, F., Matzeit, G., Rogers, S. G., Schell, J. y Gronenborn, B. (1995). "In vitro cleavage and joining at the viral origin of replication by the replication initiator protein of tomato yellow leaf curl virus". *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 92, (3879-3883).
- Lefevre, P., Martin, D., Hoareau, M., Naze, F., Delatte, H., Thierry, M., Varsani, A., Becker, N., Reynaud, B. y Lett, J.-M. (2007). "Begomovirus 'melting pot' in the south-west Indian Ocean islands: molecular diversity and evolution through

- recombination". *Journal of General Virology*, 88, (3458-3468).
- Leite, G. L. D., Picanço, M., Jham, G. N. y Moreira, M. D. (2005). "Whitefly population dynamics in okra plantations". *Pesq. agropec. bras.*, 40, (19-25).
- Li, R., Salih, S. y Hurr, S. (2004). "Detection of Geminiviruses in Sweetpotato by Polymerase Chain Reaction". *Plant Disease*, 88, (1347-1351).
- Lotrakul, P. y Valverde, R. (1999). "Cloning of a DNA-A-like genomic component of sweet potato leaf curl virus: nucleotide sequence and phylogenetic relationships". *Molecular Plant Pathology Online*.
- Lotrakul, P., Valverde, R.A., Clark, C.A., Fauquet C.M (2003). "Properties of a begomovirus isolated from sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) infected with Sweetpotato leaf curl virus.". *Rev. Mexicana de Fitopatología* 21, (128-136).
- Lozano, G., Trenado, H. P., Valverde, R. A. y Navas-Castillo, J. (2009). "Novel begomovirus species of recombinant nature in sweet potato (*Ipomoea batatas*) and *Ipomoea indica*: taxonomic and phylogenetic implications". *Journal of General Virology*, 90, (2550-2562).
- Mandel y Higa (1970). "Calcium-dependent Bacteriophage DNA Infection". *Mol. Biol.*, 53, (159-162).
- Martí, H. (2007). Nutritiva, saludable, "casi perfecta". *Revista Alimentos Argentinos*. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentos: Noviembre 2007.
- Martino, J., Luque, A., Rodríguez Pardina, P., Suasnabar, R. y Di Feo, L. (2013). "Características epidemiológicas de virosis de batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) en la Pcia. de Santiago del Estero". *XXXVI Congreso Argentino de Horticultura. Tucumán, Argentina 24-26 de septiembre de 2013*, (338).
- Monci, F., Sánchez-Campos, S., Navas-Castillo, J. y Moriones, E. (2002). "A Natural Recombinant between the Geminiviruses< i> Tomato yellow leaf curl Sardinia virus</i> and< i> Tomato yellow leaf curl virus</i> Exhibits a Novel Pathogenic Phenotype and Is Becoming Prevalent in Spanish Populations". *Virology*, 303, (317-326).
- Nawaz-Ul-Rehman, M. S. y Fauquet, C. M. (2009). "Evolution of geminiviruses and their satellites". *Febs Letters*, 583, (1825-1832).
- Noueiry, A. O., Lucas, W. J. y Gilbertson, R. L. (1994). "Two proteins of a plant DNA virus coordinate nuclear and plasmodesmal transport". *Cell*, 76, (925-932).
- Onwueme, I. C. y Charles, W. B. (1994). *Tropical root and tuber crops: production, perspectives and future prospects*, Food & Agriculture Org.
- Owor, B. E., Martin, D. P., Shepherd, D. N., Edema, R., Monjane, A. L., Rybicki, E. P., Thomson, J. A. y Varsani, A. (2007). "Genetic analysis of maize streak virus isolates from Uganda reveals widespread distribution of a recombinant variant". *Journal of general virology*, 88, (3154-3165).
- Padidam, M., Sawyer, S. y Fauquet, C. M. (1999). "Possible emergence of new geminiviruses by frequent recombination". *Virology*, 265, (218-224).
- Rodríguez-Pardina, P., Luque, A., Nome, C., López-Colomba, E., Fuentes-Delgado, S. y Di Feo, L. (2012a). "First report of Sweet potato leaf curl virus infecting sweet potato in Argentina". *Australasian Plant Disease Notes*, 7, (157-160).
- Rodríguez-Pardina, P., Luque, A., Nome, C., López Colomba, E., Fuentes Delgado, S. y Di Feo, L. (2012b). "First report of *Sweet potato leaf curl virus* infecting sweet potato in Argentina". *Australasian Plant Dis*, 7, (157-160).
- Rodríguez Pardina, P., Bejerman, N., Luque, A. y Di Feo, L. (2012). "Complete nucleotide sequence of an Argentinean isolate of sweet potato virus G". *Virus Genes*, 45 (3), (593-595).
- Sambrook, J., Fritsch, E. F. y Maniatis, T. (1989). *Molecular Cloning - A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor, NY, Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Sanz, A. I., Fraile, A., García-Arenal, F., Zhou, X., Robinson, D. J., Khalid, S., Butt, T. y Harrison, B. D. (2000). "Multiple infection, recombination and genome relationships among begomovirus isolates found in cotton and other plants in Pakistan". *Journal of General Virology*, 81, (1839-1849).
- Stanley, J., Bisaro, D. M., Briddon, R., Brown, J., Fauquet, C., Harrison, B. D., Rybicki, E. P. y Stenger, D. C. (2005). "Geminivirus". *Virus Taxonomy: Eighth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*, In: Fauquet, C. M. M., M.A. Maniloff, J. Desselberger, U. Ball, L.A. (ed.). London: Academic Press, Elsevier Publication.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. y Kumar, S. (2011). "MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods". *Molecular Biology and Evolution* 28, (2731-2739).
- Usda (2011). Sweet Potato Statistics. *Economics Statistics Market Information System*. Albert R. Mann Library, Cornell University
- Vaca-Vaca, J. C., Betancurt-Perez, J. F. y Lopez-Lopez, K. (2011). "Detection, identification and geographical localization of tomato-infecting Begomovirus in Colombia". *Revista colombiana biotecnología [online]*, 13, (115-122).
- Valverde, R. A., Clark, C. A. y Valkonen, J. P. (2007). "Viruses and virus disease complexes of sweetpotato". *Plant Viruses*, 1, (116-126).
- Wang, H., Qi, M. y Cutler, A. J. (1993). "A simple method of preparing plant samples for PCR". *Nucleic Acids Research*, 21, (4153-4154).
- Woolfe, J. A. (1992). *Sweetpotato, an untapped food resource*. Cambridge University Press, New York.
- Zhang, D., Cervantes, J., Huamán, Z., Carey, E. y Ghislain, M. (2000). "Assessing genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical America using AFLP". *Genetic Resources and Crop Evolution*, 47, (659-665).
- Zhang, D., Ghislain, M., Huamán, Z., Golmirzaie, A. y Hijmans, R. (1998). "RAPD variation in sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) cultivars from South America and Papua New Guinea". *Genetic Resources and Crop Evolution*, 45, (271-277).
- Zhang, S. y Ling, K.-S. (2011). "Genetic diversity of sweet potato begomoviruses in the United States and identification of a natural recombinant between sweet potato leaf curl virus and sweet potato leaf curl Georgia virus". *Archives of Virology*, 156, (955-968).
- Zúñiga-Vega, C. y Ramírez, P. (2002). "Los geminivirus, patógenos de importancia mundial". *Manejo Integrado de Plagas y Agroecología (Costa Rica)*, 64, (2 5 - 3 3).