

Caracterización molecular de Aphididae en plantas acompañantes del cultivo de ají (*Capsicum spp.*) Del Valle del Cauca

Bliuver Joel Quijano Mera

Universidad del Valle, Apartado Aereo 25360, Cali, Colombia.
correo electrónico: bliuver.quijano@correounivalle.edu.com

Nelson Toro Perea

Universidad del Valle, Apartado Aereo 25360, Cali, Colombia.
correo electrónico: nelson.toro@correounivalle.edu.co

Diana Nataly Duque Gamboa

Universidad del Valle, Apartado Aereo 25360, Cali, Colombia.
correo electrónico: nanaduque17@gmail.com

RESUMEN

El cultivo de ají (*Capsicum spp.*) es hoy día relevante en la economía hortofrutícola colombiana siendo el Valle del Cauca uno de los mayores departamentos productores. Este cultivo presenta problemas fitosanitarios debidos a virus, que limitan su producción y son transmitidos por insectos fitófagos, principalmente de la familia Aphididae, los cuales pueden emplear plantas de la vegetación acompañante al cultivo como hospederos alternativos. Con el fin de caracterizar las especies de la comunidad de de áfidos en plantas acompañantes del cultivo de ají, se empleó el código de barras del ADN, basado en el gen citocromo oxidasa I (COI). Fue posible establecer que la comunidad de áfidos en plantas acompañantes está conformada por siete especies de los generos *Aphis*, *Myzus*, *Uroleucon* y *Rhopalosiphum*. Las especies *Aphis gossypii* y *Myzus persicae* colonizan tres especies de *Capsicum* y vegetación adyacente al cultivo, mientras que las restantes se restringen a vegetación adyacente. Entre los hospederos vegetales asociados a la comunidad de áfidos, se encuentra en total 23 especies y 14 de estas especies son nativas. Se logró establecer que los áfidos que atacan *Capsicum spp.* emplean plantas acompañantes al cultivo como hospederos. Se discrimino que solo un haplotipo de cada especie compartida era idéntico al encontrado dentro del cultivo del ají, lo que permitió hacer una selección de posibles plantas acompañantes que resulten beneficiosas para realizar planes de manejo integrado de plagas y discriminar aquellas pueden resultar dañinas para el cultivo.

Palabras clave: Áfidos, ají, *A.gossypii*, *M.persicae*, *MIP*, *arvenses*, *COI*.

ABSTRACT

The cultivation of chillies (*Capsicum spp.*) Is nowadays relevant in the Colombian horticultural economy being the Valle del Cauca one of the largest producing departments. This crop presents phytosanitary problems due to viruses, which limit their production and are transmitted by insects phytophagous species, mainly of the family Aphididae, which can use plants of the vegetation companion to the crop as alternative hosts. In order to characterize the species of the community of aphids in plants accompanying the cultivation of pepper, the bar code was used of the DNA, based on the cytochrome oxidase I (COI) gene. It was possible to establish that the community of aphids in accompanying plants is made up of seven species of the genera *Aphis*, *Myzus*, *Uroleucon* and *Rhopalosiphum*. The species *Aphis gossypii* and *Myzus persicae* colonize three species of *Capsicum* and vegetation adjacent to the crop, while the remaining ones are restricted to vegetation. Among the plant hosts associated with the aphid community, total 23 species and 14 of these species are native. It was established that the aphids that attack *Capsicum spp.* use accompanying plants to the crop as hosts. He discriminated alone the cultivation of the pepper, which made possible a selection of possible accompanying plants that would benefit integrated pest management plans and to discriminate which can be harmful to the culture

Key words: Aphids, pepper, *A.gossypii*, *M.persicae*, *IMP*, *arvens*, *COI*.

INTRODUCCIÓN

Las plantas del género *Capsicum* (ají), representan un cultivo de importancia económica a nivel mundial

con China como su mayor productor con cerca de 15'700000 toneladas de producción en 2013 según las estadísticas FAOSTAT, mientras que, en este mismo

periodo de tiempo, Colombia produjo alrededor de 26680 toneladas (The Statistics Division of Food and Agriculture Organization Corporate 2015). Esta hortaliza presenta uno de los mayores índices de exportación del país (Rodríguez Araujo 2009). El tercer mayor productor en el país fue el departamento del Valle del Cauca con un 12,8 % de la producción nacional (Ministerio De Agricultura y Desarrollo Rural et al. 2012) esta producción está representada por 3 variedades de ají conocidas comúnmente como Cayena (*Capsicum annuum* L.), Tabasco (*Capsicum frutescens* L.) y Habanero (*Capsicum chinense* Jacq.), con un rendimiento de $15 t \cdot ha^{-1}$ siendo este el mejor rendimiento por hectárea a nivel nacional (Rodríguez Araujo 2009).

Se conoce que el ají presenta problemas fitosanitarios generados por bacterias, hongos, parásitos y las enfermedades ocasionadas por virus. Estos patógenos pueden generar pérdidas en la producción que van desde un 30 % hasta un 45 % (Zapata Pinto et al. 2005), de entre estas problemas fitosanitarios los que mayor impacto económico presentan sobre el cultivo son los virus del género Potyvirus los cuales generan marchitamiento de las hojas, enanismo, baja productividad, y mosaico en las hojas (Inoue-Nagata et al. 2002), estos virus se transmiten por medio de áfidos vectores (Ceballos & Raimundo 2002).

Para Colombia, asociados al cultivo de ají, se reportan *Aphis gossypii*, *Myzus persicae* y *Aphis spiraecola* (Hemiptera: Aphididae) (Bustillo Alex Enríque 1976, Díaz et al. 2010). En el Valle del Cauca se han reportado a las especies *A. gossypii* y *M. persicae* en plantas de ají tabasco (*C. frutescens*) y ají cayena (*C. annuum*) (Melo et al. 2016). Estas especies son ampliamente reconocidas en la literatura por ser transmisores de diferentes virus, incluyendo Potyvirus, y debido a su amplio rango de plantas hospedadoras, estos áfidos pueden adquirir partículas virales de otras especies vegetales e infectar plantas de ají sanas (Ceballos et al. 2009, Díaz et al. 2010).

En Aphididae, se ha presentado una tendencia evolutiva a la pérdida de caracteres taxonómicamente útiles y a la plasticidad ambiental (Footitt 1997). La identificación por morfología y taxonomía clásica, involucra medidas micrométricas de ciertos caracteres en estadios específicos de desarrollo, usualmente el estadio adulto de la hembra (Holmann 1974), además de montajes de placas de excelente calidad y usualmente el acompañamiento de un experto en la taxonomía del grupo (Favret & Miller 2014). La presencia de diferentes formas morfológicas en una sola especie dificulta su identificación y por ende el establecimiento de relaciones especie-específicas a diferentes niveles, como es el caso de la relación herbívoro-hospedero y

virus-vector (Footitt et al. 2008, Miller & Footitt 2009, Pelletier et al. 2012). La identificación confiable de las especies es esencial para un manejo integrado de plagas (MIP) de áfidos, así como lo es la detección temprana de una especie plaga.

En este sentido diferentes autores han propuesto el uso de la región mitocondrial denominada “código de barras del ADN” que corresponde a un fragmento de alrededor de 700 pares de bases en el extremo 5' del gen citocromo oxidasa I (COI), como complemento útil en la identificación de especies de la familia (Footitt et al. 2008, Miller & Footitt 2009, Chen et al. 2012). Esta técnica propuesta por Hebert et al. (2003), ha permitido en áfidos la identificación de especies de forma rápida teniendo en cuenta umbrales de distancia genética específicos para este grupo y el contraste de las secuencias con las disponibles en bases de referencia públicas (Coeur d'acier et al. 2014). El uso del código de barras del ADN también ha contribuido a la discriminación de especies crípticas en áfidos (Piffaretti et al. 2012), a la asociación de formas morfológicas distintas a diferentes estadios de desarrollo dentro de una misma especie (Miller & Footitt 2009), y a establecer los diferentes morfotipos que puede presentar una especie en diferentes hospederos (Lokeshwari et al. 2014).

En la epidemiología de virus transmitidos por áfidos, se debe considerar aspectos básicos en involucrados en la interacción planta-vector-virus que pueden afectar la interacción. El rango de hospedero para una especie de áfido, por ejemplo, es un factor importante al momento de evaluar la capacidad de propagar una enfermedad dado que existen virus que atacan un amplio rango de plantas como es el caso del Cucumber Mosaic Virus (CMV), mientras que otros tienen un rango más estrecho de plantas que pueden afectar como es el caso del Leek yellow stripe virus (LYSV) (Ferreira & Raccach 2015, Revers & García 2015). La presencia de reservorios o fuentes de virus es un aspecto que promueve la aparición de brotes virales, ya que son fuentes probables que los áfidos pueden emplear para adquirir virus (Kassanis & Station 1961, Adlerz 1981, Ng & Perry 2004, Ng & Falk 2006).

Estas fuentes exógenas pueden ser plantas arvenses, las cuales suelen estar asociados a los sistemas de cultivo. Estas plantas aparecen como el resultado de la sucesión ecológica por lo cual son vegetación no planeada y pueden ser usadas como refugio y fuente de alimento por diferentes especies de insectos de importancia agrícola como los áfidos (Altieri & Nicholls 2007). Debido a que esta vegetación acompañante puede actuar como reservorio de virus que atacan las plantas en los cultivos, resultan un interesante objeto

de investigación para entender cómo aportar información valiosa en futuras investigaciones que busquen caracterizar el ciclo viral en el sistema agrícola (Hobbs et al. 2000, Sánchez et al. 1998, Ullman et al. 1991). Sin embargo plantas acompañantes ofrecen beneficios sobre el cultivo; sirven como barreras contra el viento, escorrentía y animales, promueven la asociación de microorganismos benéficos como micorrizas (Ouahmane et al. 2006), contribuyen en procesos biorremediativos y descontaminantes (Colla et al. 2006), además fauna benéfica para el cultivo como lo son los depredadores de plagas y polinizadores resultan favorecidos con su presencia (Altieri & Nicholls 2007, Pablo Arístide 2015).

MÉTODOS

Fase de Campo

Se realizó un muestreo en 10 localidades en el sur occidente colombiano (tabla 1), donde se censaron las plantas acompañantes que se encontraban alrededor del cultivo de ají (Hasta dos metro alrededor del perímetro) y se colectaron aquellas con presencia de áfidos. Se tomaron muestras de hojas con colonias de áfidos y se preservaron individualmente en alcohol al 70 % con un código único de identificación, la planta respectiva se le asignó el mismo número de identificación y se tomó una muestra botánica.

Tabla 1. Localidades de muestreo en el Valle del Cauca

Municipio	Localidad	Latitud N	Longitud W
Toro	Bohío	04°36'53,2	76°3'53"
Zarzal	Villa Andrea	04°25'18,1"	76°3'29,4"
Palmira	Los Piles	03°32'30,2"	76°27'59,1"
Dagua	Lobo guerrero	03°45'34,2"	76°39'1,7"
Vijes	El tambor	03°46'0,9"	76°30'5,6"
Restrepo	La Palma	03°45'9,5"	76°31'56,8"
Rozo	La selva	03° 37' 11,8'	76°23'17,3"
Yotoco	Experimental	03° 48' 55,8'	76°24'12,3'
La Unión	Álamos	04°30'37,1"	76°05'27,6"

Fase de Laboratorio

Plantas

Las plantas fueron secadas durante 72 horas usando el horno eléctrico del herbario CUVIC Luis Sigifredo Espinal-Tascón de la universidad del Valle. La identificación morfológica de las plantas hospederas se hizo con colaboración del personal del herbario CUVIC Luis Sigifredo Espinal-Tascón y las claves de identificación (CARLOS ALBERTO AGUDELO-H 2008, N. VIAROUGE 1997) comparación morfológica entre los individuos identificados y los depositados previamente en el herbario con el fin de confirmar la identificación adecuada del espécimen y el uso de la red trópicos ("Tropicos - Home" 2017)

Áfidos

La identificación morfológica de los áfidos se realizó en base a características macroscópicas de acuerdo con (Holman 1974)

El proceso de extracción de ADN se realizó utilizando el individuo completo con el Kit de QIAgen usando la variante de PBS, en esta se reemplaza el buffer ATL

por buffer de PBS pH 7,2 (Phosphate-buffered saline), de acuerdo a las recomendaciones del fabricante. Una vez se realizó el proceso de extracción se midió la concentración de ADN usando el Nanodrop 2000. Se diluyo a $10\text{ng}.\mu\text{l}^{-1}$, en caso de presentarse concentraciones menores a esta se utilizó una dilución 50-50 y el ADN puro en casos donde las concentraciones eran inferiores a $3\text{ng}.\mu\text{l}^{-1}$ para realizar el proceso de amplificación de ADN

Para la amplificación de la región de COI empleada como código de barras del ADN, se emplearon los siguientes sets de cebadores: HCO2198 (5'- TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA -3') y LCO1490 (5'- GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG -3') (Folmer et al. 1994), LepF (5'- ATTCAACCAATCA-TAAAGATATTGG -3') y LepR (5'- TAAACTTCTG-GATGTCCAAAAAATCA -3') (Footit et al. 2008), y HCO2198pub (5'- TAAACTTCWGGRTGWC-CAAARAATCA -3') y LCO1490pub (5'- TTTCAACWAATCATAAAGATATTGG-3') (D'acier et al. 2014).

La amplificación por PCR se realizó en un volumen final de $25\mu\text{l}$ que contenía Buffer-Taq 1X, dNTP's 2mM, Cl_2Mg 0,05mM, $0,25\mu\text{M}$ de cada cebador y 1Unit Taq-polimerasa. El perfil térmico de la ampli-

ficación es el siguiente: 5 minutos a 92°C, 35 ciclos con: 94°C 30 segundos, 1 minuto a 52°C y 1 minuto a 72°C. Una fase final de 5 minutos a 72°C y por ultimo 12°C indefinidamente para conservar las muestras. Se realizó el proceso de secuenciación bidireccional por medio de un proveedor especializado. Las secuencias y se editaron usando el software Sequencher (Ann Arbor 2016).

Análisis

Usando el software Mega 6 (Tamura et al. 2013) se realizó el proceso de alineamiento con el algoritmo MUSCLE. Posteriormente se usó este mismo software para encontrar el mejor modelo de sustitución nucleotídica para los datos, con lo que se determinó realizar un alineamiento Neighbor Joining usando el modelo de sustitución nucleotídica de Tamura y Nei + Gamma Distributed ($TN93 + G$) en MEGA para la discriminar los haplogrupos.

Una vez determinados los haplogrupos de las secuencias de haplotipos únicos, obtenidos en el presente trabajo, se compararon con las secuencias disponibles en las bases de datos públicas de NCBI, aquellas que presentarán más de 99 % de identidad y 100 % de cobertura fueron descargadas en formato fasta y añadidas al alineamiento anteriormente realizado.

Usando el alineamiento anterior se usó el software software Automatic Barcoding Gap Discover “ABGD” (Puillandre et al. 2012), se calculó el valor de umbral de identificación de especies para las secuencias obtenidas. Con el valor de umbral conocido se realizó un árbol de distancias NJ $TN93 + G$ entre las secuencias de los haplogrupos conocidos y las obtenidas del NCBI para determinar las especies a las que estos corresponden.

Para comparar entre los áfidos encontrados en las plantas acompañantes del cultivo y las encontradas en el cultivo se realizó una comparación entre los haplotipos encontrados en previamente en el cultivo por (Melo et al. 2016, Duque & Toro 2017) y los encontrados en los áfidos de las plantas acompañantes mediante un árbol NJ $TN93 + G$.

Debido a que solo la especie *A. gossypii* presentó polimorfismo en la región de COI analizada, se emplearon 419 secuencias de esta especie, disponibles en la base de datos del NCBI, y posteriormente se estimó una genealogía intraespecífica por medio de una red de haplotipos usando el algoritmo de median-joining en el software network (Bandelt et al. 1999), con el fin de establecer las relaciones entre los haplotipos detectados en el valle del cauca en relación a otros haplotipos reportados usando esta red como referencia se tomaron los 13 haplotipos representativos relacionados a los muestreados y se hizo una red usando el software network (“Free Phylogenetic Network Software” n.d.)

usando el algoritmo de median-joining (Bandelt et al. 1999).

RESULTADOS

Se colectaron en campo un total de 53 muestras de plantas infestadas con áfidos de los bordes del cultivo del ají en el valle del cauca en las locaciones presentadas en la **Figura 1**. De estas se tomaron muestras representativas de los áfidos y se secuenciaron 112 muestras.

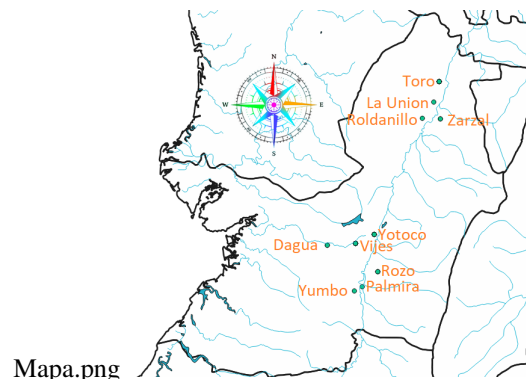


Figura 1. Presenta los lugares donde se realizaron los muestreos en el Valle del Cauca.

Las 112 secuencias se evaluaron con el software ABDG, encontrando un valor de umbral de 4,5 %, además de una variación interespecífica con una distancia de 13 %.

Se construyó un árbol NJ $TN93 + G$ con las 112 secuencias **Figura 2**. Usando el valor umbral como guía se identificaron las especies y los haplotipos presentes en estas mediante los nodos intraespecíficas e interespecíficas del árbol encontrando un total de 7 especies de áfido y 11 haplotipos diferentes.

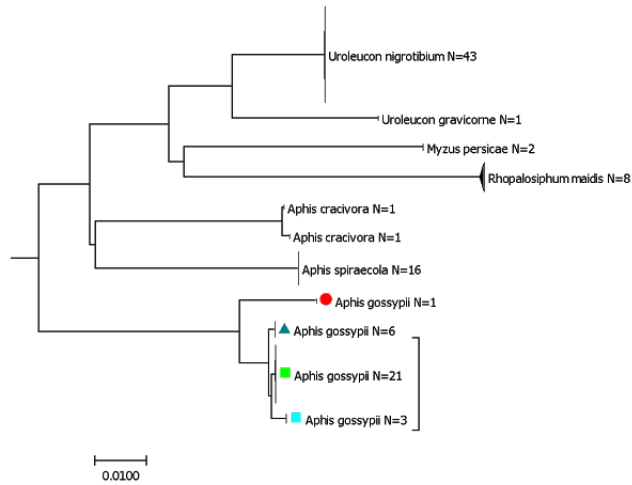


Figura 2. Árbol Neighbor Joining con distancia NT93+G para las secuencias encontradas en los áfidos de las arvenses del cultivo de ají, presenta 7 especies de áfidos, en el cuadrado de color verde se señala el haplotipo de *A.gossypii* compartido entre el cultivo del ají y las plantas acompañantes, el círculo color rojo representa el haplotipo de *A.gossypii* encontrado en *Physterophorus*.

Se seleccionaron muestras representativas de cada haplotipo y se compararon con los haplotipos encontrados en el cultivo del ají mediante un árbol NJ TN93+G figura 3. Encontrando que se compartían dos haplotipos entre los áfidos de las plantas acompañantes y los áfidos de las plantas del cultivo en las especies *Myzus*

persicae y *Aphis gossypii*.

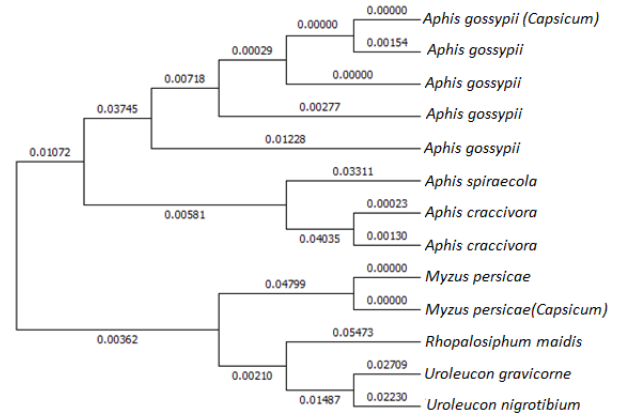


Figura 3.Árbol Neighbor Joining con distancia NT93+G donde se comparan los haplotipos de áfidos encontrados en el cultivo del ají y los encontrados en las arvenses presentando homología de secuencias entre las secuencias de *M.persicae* de *Capsicum* y las de las arvenses, de igual manera se presenta homología entre un haplotipo de *A.gossypii* de las arvenses y una secuencia del ají.

Se encontró 7 especies de áfidos en las arvenses del cultivo del ají asociadas a 21 especies de plantas acompañantes, un inventario de las especies de áfido asociadas a cada especie de planta es presentada en la **Tabla 2**.

Tabla 2. Inventario de las plantas acompañantes encontradas con su condición a nivel local y las especies de áfidos asociadas a estas, las especies de plantas que presentan “*” después de su nombre son aquellas que presentan haplotipos de áfido compartidos con los presentes dentro del cultivo de ají.

Familia	Especie vegetal	Especies de áfido encontradas en la Planta	Condición a nivel local.
EUPHORBIACEAE	Acalypha wilkesiana *	Myzus Persicae	Género nativo de los andes
AMARANTHACEAE	Achyranthes aspera	Aphis gossypii	Nativa del Viejo Mundo; naturalizada en Centroamérica y Suramérica
AMARANTHACEAE	Amaranthus viridis	Aphis gossypii	Trópicos y subtrópicos de todo el mundo; Prob. Originaria del Viejo Mundo
SOLANACEAE	Capsicum sp.(silvestre)*	Aphis gossypii	Nativa y cultivada
COMMELINACEAE	Commelina diffusa	Aphis spiraeicola,	Nativa
ASTERACEAE	Conyza bonariensis *	Urolecon gravicorne, Aphis gossypii	Subcosmopolita
MALVACEAE	Corchorus hirtus *	Aphis gossypii	Nativa
CONVOLVULACEAE	Ipomoea indica *	Aphis gossypii	Nativa y cultivada
VERBENACEAE	Lantana camara *	Aphis gossypii	Nativa
CUCURBITACEAE	Luffa aegyptiaca *	Aphis gossypii	Nativa del Viejo Mundo, cultivada y naturalizada en los trópicos
ASTERACEAE	Parthenium hysterophorus	Urolecon nigrotibium, Aphis gossypii	Nativa
MALVACEAE	Abutilon sp*	Aphis gossypii	Género del Caribe, Andes y Viejo mundo
MALVACEAE	Sida acuta	Aphis gossypii, Aphis spiraeicola	Nativa
VERBENACEAE	Priva lappulacea	Aphis gossypii	Nativa
MALVACEAE	Sida glutinosa*	Aphis gossypii	Nativa
SOLANACEAE	Solanum nigrum *	Myzus Persicae	Nativa
POACEAE	Sorghum halepense	Rhopalosiphum maidis	Cosmopolita
RUTACEAE	Swinglea glutinosa	Aphis gossypii	Nativa de Asia; cultivada en los trópicos
FABACEAE	Gliricidia sepium	Aphis craccivora	Nativa de Centroamérica; cultivada en los trópicos
MALVACEAE	Sida sp. 1.	Aphis spiraeicola	Género Nativo
MALVACEAE	Sida sp. 2	Urolecon nigrotibium	Género Nativo
POACEAE	Zea mays	Rhopalosiphum maidis	Cultígeno proveniente de México
ASTERACEAE	Cyanthillium cinereum	Aphis craccivora	Adventicia

Se construyó una red de haplotipos con el algoritmo Median Joining para la especie *A.gossypii* con el software Network **Figura 4**, se observa que el haplotipo encontrado en *Capsicum spp.* y vegetación circundante es el haplotipo central que explica los demás muestreados y reportados en el NCBI. el haplotipo más diferenciado es el encontrado en áfidos cuyo hospedero fue *P. hysterothorus* con once cambios mientras que en los haplotipos restantes de áfidos cuyos hospederos fueron restringidos a vegetación circundante, se diferencian en máximo dos cambios en la secuencia. teniendo en cuenta que la reproducción de los áfidos en las regiones tropicales es completamente asexual, y que estos son nativos de regiones templadas (Delmotte et al. 2002), se presume que los distintos linajes mitocondriales encontrados son producto de introducciones independientes.

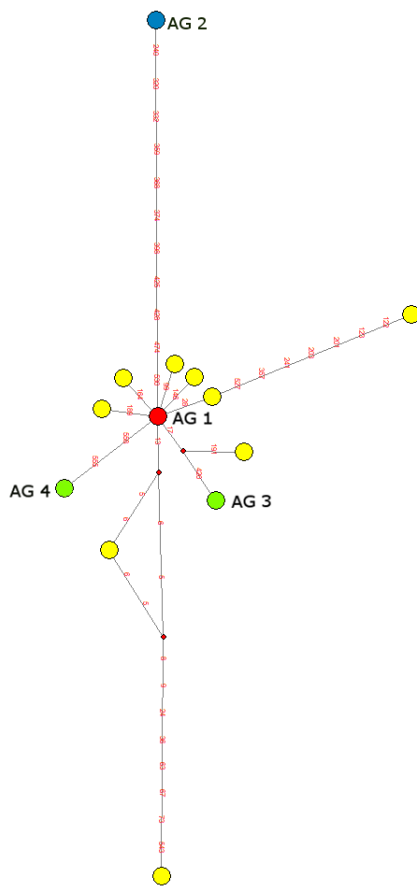


Figura 4. Red de haplotipos de *A.gossypii*. En la parte central de la red se encuentra el haplotipo compartido entre las plantas acompañantes y el cultivo en color Rojo, en color Azul se representa el haplotipo encontrado en *P.hysterothorus* en verde los otros dos haplotipos restringidos a plantas acompañantes y en amarillo las secuencias obtenidas del NCBI, los números en rojo muestran los lugares de cambio en la secuencia.

DISCUSIÓN

Mediante este trabajo, gracias al código de barras del ADN, se confirmó que las especies *Myzus persicae* y *Aphis gossypii* encontradas atacando plantas de *Capsicum spp.* del cultivo del ají del Valle del Cauca se encuentran también en las plantas acompañantes del cultivo.

Se encontró una alta variabilidad en los haplotipos de *A.gossypii* en las plantas naturales halladas junto a los cultivos como de manera similar a como lo plantea Emden & Harrington (2007), sin embargo el haplotipo encontrado dentro de los cultivos se encuentra en mayor medida que los otros haplotipos siendo representado por el 67.75 % del total del material secuenciado correspondiente a *A.gossypii* y en 7 de las 14 especies de plantas acompañantes del cultivo de ají que *A.gossypii* se encontró colonizando. Esta abundancia puede estar dada por la alta población de este haplotipo encontrada dentro de los cultivos del ají como lo presenta (Duque & Toro 2017). En cuanto a los haplotipos han sido reportados 3 de ellos en Canadá (Gwiazdowski et al. 2015) y el que se encuentra asociado a *Phytophthora* en Japón (Komazaki et al. 2010), en estos haplotipos la alta diferenciación genética encontrada entre el haplotipo encontrado en *Phytophthora* y el encontrado en el cultivo del ají pueden sugerir que se trata de biotipos distintos de áfidos adaptados a dietas distintas (Emden & Harrington 2007), esto debido a la ausencia de otros haplotipos en *Phytophthora* y la ausencia del haplotipo asociado a *Phytophthora* en plantas diferentes a esta, también sugiere que la especie pudo tener múltiples ingresos del insecto al país. En cuanto a las plantas a las que se encuentra asociada estas ya habían sido reportadas en diferentes trabajos (Bustillo Alex Enrrique 1976, Holman J 1974, "HOST LISTS and KEYS" n.d.), sin embargo al observar que muchas de estas especies son nativas colombianas o de lugares poco relacionados a el posible origen de *A.gossypii* china y lo poco relacionadas que pueden estar estas presentándose en familias vegetales distintas permite observar la alta variabilidad de huéspedes que tiene este áfido aun presentando el mismo haplotipo con lo que indica su alto potencial como transmisor de virus y que esta especie representa una amenaza para los cultivos que afecta.

La especie *U.nigrotibium* se encontró una alta asociación con la especie *Phytophthora* en la que se encontraron cerca del 95 % de las muestras, esta especie se encontró distribuida en todas las localidades de muestreo con la asociación previamente mencionada, al estar tan ampliamente distribuida y no presentar una asociación con el cultivo del ají se sugiere la especie *U.nigrotibium* como posible sustento para la cría de depredadores generalistas de e implementar sistemas

de manejo integrado de plagas (Altieri & Nicholls 2007).

La especie *M.persicae* se encuentra con el mismo haplotipo en el cultivo y en las plantas acompañantes del cultivo de ají, lo que ha señalado a las especies *A.wilkesiana* y *S.nigrum* como especies que pueden generar daños al cultivo del ají, sin embargo esa asociación ya había sido reportada por (Evans & Halbert, 2007). En cuanto a su distribución esta especie fue encontrada en plantas acompañantes solo en la región norte del Valle del Cauca en los municipios de Toro y la Unión, sin embargo en los datos presentados por (Duque & Toro, 2017) se encuentra en un mayor número de localidades que incluyen los municipios de Zarzal, Roldanillo, Palmira, lo que permite suponer que debe de haber plantas hospederas en las que este se refugia las cuales no fueron muestreadas. Esto pudo suceder debido a que los cultivos de ají son constantemente tratados con insecticidas químicos, la maleza es erradicada con herbicidas lo que reduce la posibilidad de detectar áfidos en las especies de arvenses acompañantes.

R.maidis presenta asociación con las especies vegetales *Z.mays* y *S.halepense*, estas dos vegetales especies se encontraban colocadas de manera planeada dentro de los cultivos de ají, ya que son barreras que los agricultores emplean para evitar el ingreso de áfidos al área cultivada de ají. *R.maidis* no presenta asociación con los cultivos de ají, y las poaceas hospederas de esta especie son excelentes como plantas acompañantes no solo por lo anterior sino que varios estudios las proponen como plantas de acompañamiento debido a su capacidad para menguar la dispersión de virus dentro de los cultivos como ya lo presentaban (Hernández-Castro et al. 2010, Opina & Tomines 1996)

U.gravicornis es una especie que se presentó solo una vez durante los muestreos asociada a *C.bonariensis*, esta asociación ya había sido reportada previamente por (Blackman & Eastop 2008), esta especie no presenta relación con el cultivo del ají sin embargo el bajo índice poblacional encontrado en esta podría sugerir poca adaptabilidad a las condiciones que presenta el borde del cultivo del ají.

A.craccivora se presenta asociada a *Cyanthillium cinereum* y *Gliricidia sepium* esta asociación fue previamente reportada en estudios realizados por ("HOST LISTS and KEYS" n.d., Suthari et al. 2016). Se encontró la presencia de un haplotipo único asociado a cada una de estas especies vegetales no ha sido reportado en la literatura, se recomienda un análisis más exhaustivo sobre esta especie de áfido, estudios demuestran que no solo su secuencia de ADN mito-

condrial tiene cambios sino también su microbiota asociada (Brady and White 2013) de manera que es posible que se trate de biotipos o un complejo de especies.

Aphis spiraecola se encontró asociada a las especies *Commelina diffusa* y *Sida acuta* siendo reportado previamente por (Plant and Aphid 2016) y está reportada como una especie que posiblemente puede afectar el cultivo del ají (Bustillo Alex Enrique 1976) sin embargo esta especie no aparece dentro de las reportadas en el cultivo de ají por (Duque & Toro, 2017), la ausencia de este áfido en el cultivo podría deberse a diversos factores como lo es la competencia con *A.gossypii* por el recurso o que se trate de un biotipo de la especie el cual no esté adaptado a las condiciones del cultivo del ají, sin embargo su presencia debería de ser tomada como una potencial amenaza contra el cultivo del ají.

Teniendo en cuenta lo anterior para desarrollar un manejo integrado de plagas MIP sobre el cultivo del ají las especies vegetales que se deberían de tener en cuenta por sus características posiblemente benéficas serían *S.halepense*, *G.sepium*, *Z.mays*, y *C.cinereum*, teniendo en cuenta de que son estas plantas que no presentan especies asociadas que representen un riesgo para el cultivo del ají; Tanto *S.halepense* como *Z.mays* presentan una alta afinidad por la especie *R.maidis* y actualmente *Z.mays* ya se está usando dentro de algunos cultivos como barrera contra la transmisión de virus (Ferreira 2000), en cuanto a *S.halepense* se conoce su alta afinidad por *R.maidis* y que su presencia se puede utilizar para criar parasitoides como *Lysiphlebus testaceipes* (González et al. 2002) resultando en una planta beneficiosa, en cuanto a *G.sepium* se sabe que posee múltiples usos en el campo agrícola, además de ser una barrera puede ser utilizada como fuente de biomasa (Simons & Stewart 1994) pudiéndose usar como fuente de abono alternativa además de como refugio. Además, una buena alternativa es presentada por *Phytolophus* debido a su amplia distribución (Mcconnachie et al. 2011) siendo esta la única planta de las posibles opciones que se encuentra naturalmente en todas las zonas de muestreo. Además en el 97 % de los encuentros con esta planta infectada de áfidos se hallaba con *U.nigrotibium*, áfidos los cuales hasta la fecha no se han encontrado dentro del cultivo del ají, y el encuentro con *A.gossypii* se presentó una sola vez encontrando un haplotipo poco relacionado con el encontrado dentro del cultivo estando a un total de 11 cambios en relación al haplotipo del ají y con un origen geográfico distinto, lo que podría sugerir que estos no pasen directamente al cultivo siendo este un posible biotipo distinto (Emden & Harrington, 2007), además de lo anterior si esta planta es capaz de mantener *A.gossypii* que no pasen directamente al cultivo permitiría no solo el desarrollo de estrategias

de MIP con depredadores y parasitoides generalistas sino también con aquellos que están especializados en la especie permitiendo su cultivo y mantenimiento en el tiempo, estas características la hacen perfecta para mantener depredadores generalistas y especialistas para controlar *A.gossypii*. (Mip en Manos de Familias Rurales n.d.).

Conclusiones y Sugerencias

Entre la vegetación adyacente al cultivo de ají es posible encontrar hospederos que funcionan como reservorio de áfidos que atacan *Capsicum*, por lo cual se debe de establecer control sobre las plantas que presentan colonias de áfidos de las especies *A.gossypii* y *M.persicae* en el área junto al cultivo del ají. Se deben de realizar pruebas de campo con *Phytoseiulus* como posible planta para el MIP dentro de los cultivos de ají.

Las plantas hospederas encontradas para *A. gossypii* y *M. persicae* deben ser exploradas como potenciales re-

servorios de virus fitopatógenos que afectan *Capsicum spp.* con el fin de aportar a la epidemiología de dichos virus.

AGRADECIMIENTOS

En este trabajo agradezco primero a Nelson Toro Perea por su asesoramiento profesional, a Alexander Ramírez por su colaboración incondicional durante el trabajo de laboratorio, a Clara Melo por su colaboración en la identificación morfológica de los insectos, así como su colaboración en los procesos de muestreo, a mi familia por el permitirme el tiempo de estudiar mi carrera, y principalmente a Diana Duque debido a su incondicional acompañamiento y apoyo durante la realización de este trabajo.

En segundo lugar a el Centro de Investigación e Innovación en Bioinformática y Fotónica (CIBioFI) por su apoyo con especialistas y financiación, al centro nacional de regalías por su apoyo financiero, y a la empresa Hugo Restrepo y Cia. S.A. por permitirme el acceso a sus cultivos.

LITERATURA CITADA

- Adlerz WC (1981) Weed hosts of aphid-borne viruses of vegetable crops in Florida. *Pest Pathogens and Vegetation*. pp 467–478.
- Altieri, M.Á. & Nicholls, C.I. (2007). Biodiversidad y manejo de plagas en agroecosistemas, Icaria Editorial.
- Ann Arbor. (2016). Sequencher®, Gene Codes Corporation, MI USA.
- Bandelt, H.J., Forster, P. and Röhl, A. (1999). “Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies”, *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 16 No. 1, pp. 37–48.
- Blackman, R.L. and Eastop, V.F. (2008). *Aphids on the World’s Herbaceous Plants and Shrubs*, 2 Volume Set, John Wiley & Sons.
- Brady, C.M. and White, J.A. (2013). “Cowpea aphid (*Aphis craccivora*) associated with different host plants has different facultative endosymbionts”, *Ecological Entomology*, Vol. 38 No. 4, pp. 433–437.
- Bustillo Alex Enrique. (1976). “Lista de áfidos (Homoptera Aphididae) y sus huéspedes registrados en Colombia.”, *Instituto Colombiano Agropecuario*, Vol. 44, available at: <https://doi.org/10.13140/RG.2.1.1716.1128>.
- CARLOS ALBERTO AGUDELO-H. (2008). *FLORA DE COLOMBIA*, 1st ed., Vol. 1, INSTITUTO DE CIENCIAS NATURALES FACULTAD DE CIENCIAS UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA, Quindío Colombia, available at: <http://ciencias.bogota.unal.edu.co/fileadmin/content/icn/publicaciones/floradecolombia/fdc023.pdf>.
- Ceballos, C. & Raimundo, T. (2002). *Mecanismos de Transmisión de Virus Del Grupo Potyvirus por Áfidos: Estudio Del Factor de Adquisición Helper*, info:eu-repo/semantics/doctoralThesis, Universidad Complutense de Madrid, Servicio de Publicaciones, Madrid, available at: <http://eprints.ucm.es/tesis/19911996/X/3/X3026901.pdf> (accessed 6 November 2015).
- Ceballos, M., Martínez, M. de los A., Duarte, L., Baños, H.L. and Sánchez, A. (2009). “ASOCIACIÓN ÁFIDOS-PARASITOIDES EN CULTIVOS HORTÍCOLAS”, *Revista de Protección Vegetal*, Vol. 24 No. 3, pp. 180–183.
- Chen R, Jiang L-Y & Qiao G-X (2012). The effectiveness of three regions in mitochondrial genome for aphid DNA barcoding: a case in Lachninae. *PloS one* 7:e46190.
- D’acier, A.C., Cruaud, A., Artige, E., Genson, G., Clamens, A.-L., Pierre, E., Hudaverdian, S., et al. (2014). “DNA Barcoding and the Associated PhylAphidB@se Website for the Identification of European Aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae)”, *PLOS ONE*, Vol. 9 No. 6, p. e97620.

- Delmotte, F., Leterme, N., Gauthier, J.-P., Rispe, C. and Simon, J.-C. (2002). "Genetic architecture of sexual and asexual populations of the aphid *Rhopalosiphum padi* based on allozyme and microsatellite markers", *Molecular Ecology*, Vol. 11 No. 4, pp. 711–723.
- Díaz, A., Quiñones, M., Arana, F., Soto, M. and Hernández, A. (2010). "POTYVIRUS: CARACTERÍSTICAS GENERALES, SITUACIÓN DE SU DIAGNÓSTICO Y DETERMINACIÓN DE SU PRESENCIA EN EL CULTIVO DEL PIMIENTO EN CUBA", *Revista de Protección Vegetal*, Vol. 25 No. 2, pp. 69–79.
- Duque, D.M. and Toro, N. (2017). "Diversidad de áfidos asociados al cultivo de *Capsicum* spp.", *Univalle*.
- Emden, H.F.V. and Harrington, R. (2007). *Aphids as Crop Pests*, CABI, London, UK.
- Evans, G.A. and Halbert, S.E. (2007). "A Checklist of the Aphids of Honduras (Hemiptera: Aphididae)", *Florida Entomologist*, Vol. 90 No. 3, pp. 518–523.
- Favret C & amp; Miller GL (2014). *AphID. Identification Technology Program Version 1.3*. USDA.
- Fereres A & amp; Raccach B (2015). *Plant Virus Transmission by Insects The Major Transmission Modes: eLS*. John Wiley & amp; Sons, Ltd: Chichester.:1–12.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R. and Vrijenhoek, R. (1994). "DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates", *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, Vol. 3 No. 5, pp. 294–299.
- Footitt RG (1997). Recognition of parthenogenetic insect species. *The Units of Biodiversity*.(ed by MF Claridge, HA Dawah & amp; MR Wilson) Chapman and Hall Ltd, London, pp 291–307.
- Footitt, R.G., Maw, H.E.L., Von Dohlen, C.D. and Hebert, P.D.N. (2008). "Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes", *Molecular Ecology Resources*, Vol. 8 No. 6, pp. 1189–1201.
- Gauthier, J.-P., Outreman, Y., Mieuzet, L. and Simon, J.-C. (2015). "Bacterial Communities Associated with Host-Adapted Populations of Pea Aphids Revealed by Deep Sequencing of 16S Ribosomal DNA", *PLoS ONE*, Vol. 10 No. 3, available at:<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0120664>.
- Gwiazdowski, R.A., Footitt, R.G., Maw, H.E.L. and Hebert, P.D.N. (2015). "The hemiptera (insecta) of Canada: constructing a reference library of DNA barcodes", *PloS One*, Vol. 10 No. 4, p. e0125635.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L. and deWaard, J.R. (2003). "Biological identifications through DNA barcodes.", *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, Vol. 270 No. 1512, pp. 313–321.
- Hernández-Castro, E., Villanueva-Jiménez, J.A., Mora-Aguilera, J.A. and Nava-Díaz, C. (2010). "Barreras de maíz en una estrategia de manejo integral para controlar epidemias del virus mancha anular del papayo (PRSV-P)", *Agrociencia*, Vol. 44 No. 3, pp. 339–349.
- Hobbs, H.A., Eastburn, D.M., D'Arcy, C.J., Kindhart, J.D., Masiunas, J.B., Voegtlin, D.J., Weinzierl, R.A., et al. (2000). "Solanaceous Weeds as Possible Sources of Cucumber mosaic virus in Southern Illinois for Aphid Transmission to Pepper", *Plant Disease*, Vol. 84 No. 11, pp. 1221–1224.
- Holman, J. (1974). *Los áfidos de Cuba*, Organismos, La Habana.
- "HOST LISTS and KEYS".(n.d.).available at:<https://www.aphisonworldplants.info/> (accessed 2 November 2016).
- Inoue-Nagata, A.K., Fonseca, M.E.N., Resende, R.O., Boiteux, L.S., Monte, D.C., Dusi, A.N., Ávila, A.C. de, et al. (2002). "Pepper yellow mosaic virus, a new potyvirus in sweetpepper, *Capsicum annuum*", *Archives of Virology*, Vol. 147 No. 4, pp. 849–855.
- Kassanis B & amp; Station RE (1961). The Transmission Plants of Potato Aucuba Mosaic Virusby Aphids also Infected by Potato Viruses A or Y. *Virology* 97:93–97.
- KHARRAT, I., BOUKTILA, D., MEZGHANI-KHEMAKHEM, M., MAKNI, H. and MAKNI, M. (2012). "Biotype characterization and genetic diversity of the greenbug, *Schizaphis graminum* (Hemiptera: Aphididae), in north Tunisia", *Revista Colombiana de Entomología*, Vol. 38, pp. 87–90.
- Komazaki, S., Shigehara, T. and Toda, S. (2010). "Diversity of Japanese *Aphis gossypii* and Comparison with Other *Aphis* Species Based on the Mitochondrial Cytochrome Oxidase I Sequence", *Annals of the Entomological Society of America*, Vol. 103 No. 6, pp. 916–924.
- Lokeshwari D, Kumar NKK & amp; Manjunatha H (2014). Color polymorphism does not affect species diagnosis of the melon aphid, *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae). *Florida Entomologist* 97:1199–1207.

- Low, V.L., Adler, P.H., Takaoka, H., Ya'cob, Z., Lim, P.E., Tan, T.K., Lim, Y.A.L., et al. (2014). "Mitochondrial DNA Markers Reveal High Genetic Diversity but Low Genetic Differentiation in the Black Fly *Simulium tani* Takaoka & Davies along an Elevational Gradient in Malaysia", PLOS ONE, Vol. 9 No. 6, p. e100512.
- Melo, C., Ortega, M. and Manzano, M.D.R. (2016). "MUESTREO, MONTAJE Y PRESERVACIÓN DE LAS PRINCIPALES PLAGAS Y SUS ENEMIGOS NATURALES.", INFORME DE AVANCE CIENTÍFICO/ TÉCNICO No. 4, Vol. 4, pp. 1–45.
- Miller GL & amp; Footitt RG (2009). The Taxonomy of Crop Pests: The Aphids. Insect Biodiversity: Science and Society:463–473.
- Ministerio De Agricultura y Desarrollo Rural, M.B. (Colombia), Sectorial, D. de P. and Información, G.S. de. (2012). "Anuario Estadístico de Frutas y Hortalizas 2007-2011 y sus Calendarios de Siembras y Cosechas", available at: <http://207.239.251.110:8080/handle/11348/4384> (accessed 18 January 2016).
- Mip en Manos de Familias Rurales. (n.d.) . Bib. Orton IICA / CATIE.
- Ng JCK & amp; Falk BW (2006). Virus-Vector Interactions Mediating Nonpersistent and Semipersistent Transmission of Plant Viruses. Annual review of phytopathology 44: 183- 212.
- Ng JCK & amp; Perry KL (2004). Transmission of plant viruses by aphid vectors. Molecular Plant Pathology 5:505–511.
- N. VIAROUGE, P.M., H. MERLIER. (1997). "Practical identification of weeds in the *Sida* L. genus", Agriculture et Développement, pp. 47–53.
- Opina, O.S. and Tomines, R.L. (1996). "Management of papaya ringspot by isolation and intercropping of papaya", Philippine Phytopathology (Philippines).
- Pelletier Y, Nie X, Giguère M-A, Nanayakkara U, Maw E & amp; Footitt R (2012). A new approach for the identification of aphid vectors (Hemiptera: Aphididae) of Potato virus Y. Journal of economic entomology 105:1909–1914.
- Piffaretti J, Vanlerberghe-Masutti F, Tayeh A, Clamens AL, D'Acier AC & amp; Jousset E (2012) Molecular phylogeny reveals the existence of two sibling species in the aphid pest *Brachycaudus helichrysi* (Hemiptera: Aphididae). Zoologica Scripta 41:266–280.
- Plant, H. and Aphid, C. (2016). "DISTRIBUTION OF APHIS SPIRAECOLA PATCH 1914 (APHIDINI: APHIDINAE: APHIDIDAE: HEMIPTERA) AND ITS FOOD PLANTS RECORDED IN INDIA 1 Garima Singhand 2, Rajendra Singh".
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S. and Achaz, G. (2012). "ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation", Molecular Ecology, Vol. 21 No. 8, pp. 1864–1877.
- Rodríguez Araujo, E.A. (2009). Efecto de La Fertilización Química, Orgánica Y Biofertilización Sobre La Nutrición Y Rendimiento de Ají (*Capsicum* Spp.) En El Valle Del Cauca, masters, Universidad Nacional de Colombia, 18 June, available at: <http://www.bdigital.unal.edu.co/39797/> (accessed 6 November 2015).
- Sánchez, M.V., Agüero, R. and Rivera, C. (1998). "Plantas hospederas de los virus más importantes que infectan el melón, *Cucumis melo* (Cucurbitaceae) en Costa Rica", Revista de Biología Tropical, Vol. 46 No. 1, pp. 13–25.
- Sint, D. and Traugott, M. (2016). "Food Web Designer: a flexible tool to visualize interaction networks", Journal of Pest Science, Vol. 89, pp. 1–5.
- Suthari, S., Kandagatla, R., Ragan, A. and Raju, V.S. (2016). "Incidence of alien Asteraceae in Telangana and residual Andhra Pradesh and possible ecological implications.", Current Science (00113891), Vol. 110 No. 7.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S. (2013). "MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0", Molecular Biology and Evolution, Vol. 30 No. 12, pp. 2725–2729.
- The Statistics Division of Food and Agriculture Organization Corporate. (2015), "FAOSTAT", available at: <http://faostat3.fao.org/browse/Q/> (accessed 5 November 2015).
- "Tropicos - Home". (n.d.) ., available at: <http://tropicos.org/> (accessed 23 February 2017).
- Ullman, D.E., Cho, J. and German, L. (1991). "Occurrence and distribution of cucurbit viruses in the Hawaiian Islands.", Plant Disease, Vol. 75 No. 4, pp. 367–370.
- Zapata Pinto, A.P.R.M.P., César Baquero Maestre, Nelson Guzmán Roza and Nicolás Rebolledo Podleski. (2005). Tecnología para la Producción de Ají Chino en la Costa Atlántica, Corporación Colombiana De Investigación Agropecuaria Sede Central, available at: <http://www.libreroonline.com/libros/59382/pinto-zapata-manuel/tecnologia-para-la-produccion-de-aji-chino-en-la-costa-atlantica.html> (accessed 6 November 2015).