

First occurrence of *Dasheen mosaic virus* (DsMV) in *Xanthosoma riedelianum* (Mangarito) in Brazil

Primera ocurrencia del *Dasheen mosaic virus* (DsMV) en *Xanthosoma riedelianum* (Mangarito) en Brasil

Addolorata Colariccio*, Alyne de Fátima Ramos, Alexandre Levi Rodrigues Chaves, Ligia Maria Lembo Duarte, Laboratório de Fitovirologia e Fisiopatologia, Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Sanidade Vegetal, Instituto Biológico, Av. Conselheiro Rodrigues Alves, 1252, CP. 04014-002, S. Paulo, Brazil; **Ricardo Harakava**, ULR Biologia Molecular Aplicada, CPDSV, Instituto Biológico; **Joaquim Adelino Azevedo Filho**, APTA, Polo Leste Paulista, Monte Alegre do Sul, SP, Brazil; **Elliot W. Kitajima**, Universidade de São Paulo/ESALQ – Departamento de Fitopatologia e Nematologia, Av. Pádua Dias, 11 – 13418-90 – Piracicaba, SP, Brasil

*Corresponding autor: addolorata.colariccio@sp.gov.br

Received: March 18, 2023.

Accepted: April 21, 2023.

Colariccio A, Ramos AdeF, Rodrigues CAL, Lembo DLM, Harakava R, Azevedo FJA and Kitajima EW. 2023. First occurrence of *Dasheen mosaic virus* (DsMV) in *Xanthosoma riedelianum* (Mangarito) in Brazil. Mexican Journal of Phytopathology 41(2): 310-318. DOI: <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.2303-3>

First DOI publication: April 29, 2023.

Primera publicación DOI: 29 de Abril, 2023.

Abstract. *Xanthosoma riedelianum*, also called “mangarito” in Brazil, is an unconventional food plant (UFP) of the Araceae family native to tropical America. Foliar samples of the *X. riedelianum* showing mosaic, mottle and vein clearing symptoms were collected in the municipality of Monte Alegre (São Paulo State). Transmission electron microscope observations, mechanical transmission

Resumen. El *Xanthosoma riedelianum*, también llamado “mangarito” en Brasil, es una planta alimenticia no convencional (PANC) de la familia Araceae, nativa de América tropical. Se tomaron muestras de hojas de *X. riedelianum* con síntomas de mosaico, moteado y aclaramiento de venas en el municipio de Monte Alegre (Estado de São Paulo). Se realizó observaciones bajo un microscopio electrónico de transmisión, transmisión mecánica a plantas indicadoras, análisis serológicos (DAS-ELISA) y de RT-PCR indicando que los síntomas podrían estar relacionados con la presencia del virus de mosaico dasheen (DsMV, *Potyvirus*). Este es el primer reporte de DsMV en *X. riedelianum* en Brasil.

Palabras clave: Etiología, *Potyviridae*, aráceas.

to experimental plants, serological (DAS-ELISA) and RT-PCR analyzes indicated that the symptoms could be associated with the presence of dasheen mosaic virus (DsMV, *Potyvirus*). This is the first report of DsMV in *X. riedelianum* in Brazil.

Keywords: Etiology, *Potyviridae*, aroid.

Xanthosoma riedelianum is known by several common names as cocoyam, malanga (USA), yautia, tannia (Caribbean regions), tiquisque or malangay (Central America countries) and tayaó, mangará, mangareto or mangarito in Brazil (Giacometi and León, 1994; Kinupp and Lorenzi, 2021). So far, there is no consensus on the exact origin of the *X. riedelianum*, but records of its occurrence extend from Mexico to Brazil (Madeira *et al.*, 2015). Plants of *X. riedelianum* were domesticated during pre-Columbian period and consumed by the indians of the Tupi Guarani ethnic group long before the occupation of the New World (Azevedo-Filho, 2012). According to Souza *et al.* (2018), this plant is an important in the group of the tropical unconventional food plants (UFPs) belonging to Araceae family and, in the world, 0.362 million tons of your tubers are produced mainly in Cuba, Venezuela, El Salvador, Peru, and Dominican Republic.

One of the advantages of *X. riedelianum* cultivation is that its leaves can be used in human food, unlike others *Xanthosoma* species, which only rhizomes are edible (Madeira *et al.*, 2015). Among Araceae, the genera *Colocasia* and *Xanthosoma* are the UFPs species most used for human consumption and viruses are among the most economically important pathogens of these crops, resulting in significant yield losses (Kidanemariam, *et al.*, 2022). Dasheen mosaic virus (*Dasheen mosaic virus*-DsMV, *Potyvirus*)

A *Xanthosoma riedelianum* se le conoce por varios nombres comunes, tales como cocoyam, malanga (EE.UU.), yautia, tannia (regiones caribeñas), tiquisque o malangay (países centroamericanos) y tayaó, mangará, mangareto o mangarito en Brasil (Giacometi y León, 1994; Kinupp y Lorenzi, 2021). Hasta ahora no hay un consenso acerca del origen exacto del *X. riedelianum*, aunque los registros de su ocurrencia se extienden de México hasta Brasil (Madeira *et al.*, 2015). Las plantas de *X. riedelianum* se domesticaron en épocas precomombinas y las consumían los indígenas del grupo étnico Tupí Guaraní mucho antes de la ocupación del Nuevo Mundo (Azevedo-Filho, 2012). De acuerdo con Souza *et al.* (2018), esta planta es importante en el grupo de las plantas alimenticias no convencionales (PANC), pertenecientes a la familia Araceae y, en el mundo, 0.362 millones de toneladas de sus tubérculos se producen principalmente en Cuba, Venezuela, El Salvador, Perú y la República Dominicana.

Una de las ventajas del cultivo de *X. riedelianum* es que sus hojas pueden ser usadas para la alimentación humana, a diferencia de otras especies de *Xanthosoma*, de las cuales solo sus rizomas son comestibles (Madeira *et al.*, 2015). Entre las Araceae, los géneros *Colocasia* y *Xanthosoma* son las especies de PANC más usadas para el consumo humano y los virus son algunos de los patógenos más económicamente importantes de estos cultivos, ya que resultan en pérdidas significativas de rendimiento (Kidanemariam, *et al.*, 2022). El virus de mosaico dasheen (*Dasheen mosaic virus*-DsMV, *Potyvirus*) es el virus más importante que infecta a la familia de Araceae y ha sido reportado en todo el mundo en especies salvajes, ornamentales y de PANC (Yusop *et al.*, 2019; Varela-Benavides y Montero-Carmona, 2017). En los géneros *Alocasia*, *Colocasia* y *Xanthosoma*, la ocurrencia de DsMV ha sido reportada con frecuencia (Kidane-

is the most important virus that infects *Araceae* Family and it is reported throughout the world in wild, ornamental and UFPs species (Yusop *et al.*, 2019; Varela-Benavides and Montero-Carmona, 2017). In *Alocasia*, *Colocasia* and *Xanthosoma* genera, the DsMV occurrence is frequently been reported (Kidanimariam *et al.*, 2022). However, a DsMV strain that exclusively infects *Vanilla* spp. has also been described (Wang *et al.*, 2017). DsMV is spread by vegetative propagation, transmitted non-persistently by aphids of the genus *Aphis* and *Myzus* (Zettler and Hartman, 1987; Elliot *et al.*, 1997). The first report of DsMV was done in corms of *Zantedeschia elliottina* (golden calla lily) imported into the United States of America from the Netherlands (Zettler *et al.*, 1970). The natural DsMV detection, in Central America, was reported in *Colocasia esculenta* (eddo or dasheen) and *Xanthosoma* spp. in Puerto Rico, Venezuela, Trinidad, Solomon Islands and Costa Rica (Ramirez, 1985). In Brazil, DsMV had been reported in UFPs species, like *Colocasia esculenta* (taro) and *Amorphophallus konjac* (voodoo lily) (Rodrigues *et al.*, 1984; Chagas *et al.*, 1993) and also in some ornamental species, as *Alocasia macrorhiza* (giant taro), *Xanthosoma atrovirens* (mouse-cup taro), *Dieffenbachia amoena* (dumb cane) and others (Rodrigues *et al.*, 1984; Rivas *et al.*, 2003; Varela-Benavides and Montero-Carmona, 2017). DsMV causes severe damage in different aroid species, which can be attenuated by meristem culture (Chen *et al.*, 2001; Valverde, *et al.*, 1997). Therefore, the objective was to identify the virus associated with viral diseases in *X. riedelianum* plants in Brazil.

Three samples of *X. riedelianum* plants (isolates M5, M7 and M8) from an experimental field located in the municipality of Monte Alegre do Sul (São Paulo State), showing foliar symptoms of mosaic, feathery mottle and vein clearing patterns (Figures 1A, 1B) were collected to identify the virus.

mariam *et al.*, 2022). Sin embargo, también se ha descrito una cepa de DsMV que infecta exclusivamente a *Vanilla* spp. (Wang *et al.*, 2017). El DsMV es esparcido por propagación vegetativa y transmitida de forma no persistente por pulgones de los géneros *Aphis* y *Myzus* (Zettler y Hartman, 1987; Elliot *et al.*, 1997). El primer reporte de DsMV se realizó en bulbos de *Zantedeschia elliottina* (alcatrazes amarillos) importados a Estados Unidos desde los Países Bajos (Zettler *et al.*, 1970). La detección natural de DsMV en Centroamérica se reportó en *Colocasia esculenta* (eddo) y *Xanthosoma* spp. en Puerto Rico, Venezuela, Trinidad, las Islas Salomón y Costa Rica (Ramirez, 1985). En Brasil, el DsMV había sido reportado en especies de PANCs, tales como *Colocasia esculenta* (taro) y *Amorphophallus konjac* (konjac) (Rodrigues *et al.*, 1984; Chagas *et al.*, 1993), así como en algunas especies ornamentales, como *Alocasia macrorhiza* (taro gigante), *Xanthosoma atrovirens* (quequesque), *Dieffenbachia amoena* (amoena) y otras (Rodrigues *et al.*, 1984; Rivas *et al.*, 2003; Varela-Benavides y Montero-Carmona, 2017). DsMV causa daños severos en diferentes especies de aráceas, que pueden ser atenuadas por cultivos por meristemas (Chen *et al.*, 2001; Valverde, *et al.*, 1997). Por lo anterior el objetivo fue identificar el virus asociado a enfermedades tipo viral en plantas de *X. riedelianum* en Brasil.

Para identificar el virus, se recolectaron tres muestras de plantas de *X. riedelianum* (aislamientos M5, M7 y M8) de un campo experimental ubicado en el municipio de Monte Alegre do Sul (estado de São Paulo), y que presentaba síntomas foliares de mosaico, moteado plumoso y patrones de aclaramiento de venas (Figures 1A, 1B). Muestras sintomáticas y asintomáticas de hojas fueron sujetas a observaciones bajo un microscopio electrónico de transmisión (MET), transmisión mecánica a plantas indicadoras, una prueba serológica

Symptomatic and asymptomatic leaf samples were submitted to transmission electron microscope (TEM) observations, mechanical transmission to experimental plants, serological test (DAS-ELISA) with potyvirus group antiserum (AGDIA®), total RNA extraction and RT-PCR performed with primers set designed to anneal to the cylindrical inclusion (CI) genomic regions of *Potyvirus* according to Ha *et al.* (2008).

The products amplified by RT-PCR were eluted from the agarose gel, using the “Concert Rapid Gel Extraction System” (Life Technologies) and were linked in pGEM-T vector (Promega) and used for the transformation of competent cells of *Escherichia coli* (DH5- α) and sequenced by the chain termination reaction technique, using the ABI 377 automatic sequencer and the “ABI kit PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit - Ampli Taq DNA Polymerase” (Perkin Elmer). The sequence alignments obtained in both directions were done with the aid of the program Sequencer 3.1 (Gene Codes Corporation) and comparisons, with the existing sequences in GenBank, were made through of the “Basic Local Alignment Search Tool” (BLAST) program from the National Center for Biotechnology Information (NCBI), available at <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. The identity percentage at the nucleotide level among sequences was determined by PAUP v. 4.0b10 for Macintosh. The likelihood ratio test (LRT) for the nucleotide substitution models comparison was performed using Modeltest v. 3.06 (Posada and Crandall, 2001). The tree reconstruction was also performed under maximum likelihood (ML) criterion using PAUP.

Symptomatic plants were negative in host plants, positive to *Potyvirus* in DAS-ELISA and in leaf ultrathin sections observed at TEM revealed the presence of cylindrical inclusions (CI), pinwheels and laminar aggregates characteristics of

(DAS-ELISA) con antisuero del grupo del potyvirus (AGDIA®), extracción de ARN y RT-PCR realizado con un conjunto de iniciadores diseñados para aparear a las regiones genómicas de la inclusión cilíndrica (IC) del *Potyvirus* según Ha *et al.* (2008).

Los productos amplificados por RT-PCR fueron visualizados en gel de agarosa, usando el Concert Rapid Gel Extraction System (Life Technologies) y fueron vinculados en un vector pGEM-T (Promega) y usados para la transformación de células competentes de *Escherichia coli* (DH5- α) y se secuenciaron por la técnica de reacción de terminación de cadena, utilizando el secuenciador automático ABI 377 y el “ABI kit PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit - Ampli Taq DNA Polymerase” (Perkin Elmer). Los alineamientos de secuencia obtenidos en ambas direcciones fueron realizados con la ayuda del programa Sequencer 3.1 (Gene Codes Corporation) y las comparaciones con las secuencias existentes en GenBank, fueron realizadas a través del programa “Basic Local Alignment Search Tool” (BLAST) del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI), disponible en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. El porcentaje de identidad a nivel de nucleótido entre secuencias se determinó por PAUP v. 4.0b10 para Macintosh. La prueba de razón de verosimilitud para la comparación de modelos de sustitución de nucleótidos se realizó usando Modeltest v. 3.06 (Posada y Crandall, 2001). La reconstrucción del árbol también se realizó bajo criterios de máxima verosimilitud usando PAUP.

Las plantas sintomáticas fueron negativas en plantas hospedantes, positivas a *Potyvirus* en DAS-ELISA y en secciones ultradelgadas observadas en TEM revelaron la presencia de inclusiones cilíndricas (IC), molinillos y agregados laminares característicos del potyvirus en el citoplasma de células infectadas (Figura 1C). RT-PCR de muestras de hojas

potyvirus in cytoplasm of infected cells (Figure 1C). RT-PCR from symptomatic and asymptomatic leaf samples amplified an expected band size of 700 bp (Ha *et al.*, 2008). After sequencing, three sequences with 480, 633 and 684 bp were obtained from M5, M7 and M8 isolates, respectively. Sequences showed greater identity with DsMV isolates by the BLAST tool and were available on GenBank (M5: OQ408279; M7: OQ408280; M8: OQ 408281). After alignment and analyzes, the greatest identities were observed between Brazilian DsMV isolates (M5, M7 and M8) and others from different hosts and regions of the world (Table 1).

sintomáticas y asintomáticas amplificaron un tamaño de banda esperado de 700 bp (Ha *et al.*, 2008). Después de la secuenciación, tres secuencias con 480, 633 y 684 bp se obtuvieron de aislamientos de M5, M7 y M8, respectivamente. Las secuencias presentaron una mayor identidad con aislamientos de DsMV por medio de la herramienta BLAST y se hicieron disponibles en GenBank (M5: OQ408279; M7: OQ408280; M8: OQ408281). Después del alineamiento y análisis, las mayores identidades observadas fueron entre aislamientos de DsMV brasileños (M5, M7 y M8) y otros de diferentes hospedantes y regiones del mundo (Cuadro 1). Es

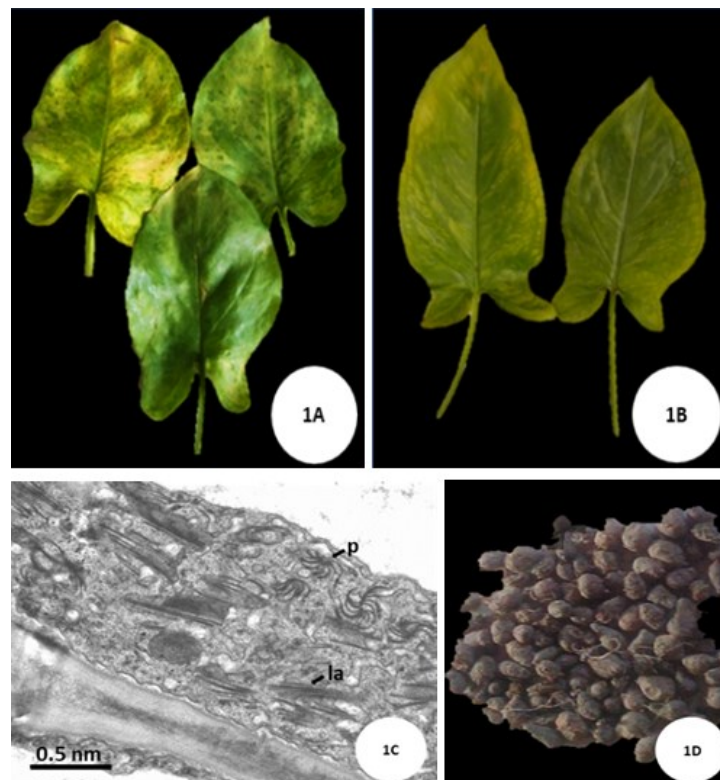


Figure 1. A) Leaves of *X. riedelianum* showing symptoms of mosaic and yellowing. B) Leaves of *X. riedelianum* showing vein clearing patterns symptoms. C) Photomicrograph of the leaf parenchyma cell of *X. riedelianum*, naturally infected by the dasheen mosaic virus (DsMV), an ultrathin section of the cell cytoplasm showing lamellar inclusions “la” and pinwheels “p”, characteristic of *Potyvirus*. D) Rhizomes of *X. riedelianum* used as subsistence foods.

Figura 1. A) Hojas de *X. riedelianum* con síntomas de mosaico y amarillamiento. B) Hojas de *X. riedelianum* con síntomas de patrones de aclaramiento de venas. C) Microfotografía de la célula de parénquima de la hoja de *X. riedelianum*, infectada de forma natural por el virus del mosaico de dasheen (DsMV), una sección ultradelgada del citoplasma celular presentando las inclusiones laminares “la” y forma de molinillos “p”, característicos del *Potyvirus*. D) Rizomas de *X. riedelianum* usados como alimentos de subsistencia.

Table 1. Identity among nucleotide sequences corresponding to the cylindrical inclusion region of dasheen mosaic virus (DsMV) isolated from Brazilian *Xanthosoma riedelianum* (M5, M7 and M8), compared with other DsMV isolates from different hosts and regions of the world.

Cuadro 1. Identidad entre secuencias de nucleótido correspondientes a la región de inclusión cilíndrica del virus de mosaico dasheen (DsMV) aislado del *Xanthosoma riedelianum* brasileño (M5, M7 y M8), comparado con otros aislamientos de DsMV de diferentes hospedantes y regiones del mundo.

DsMV isolates – Host – Country	Identity (%)		
	M5	M7	M8
M5	–	74.4	72.1
M7	–	–	81.0
M8	–	–	–
MG602234* – <i>Xanthosoma</i> sp. – Australia	72.0	80.0	84.6
JX083210 – <i>Pinellia pedatissecta</i> – China	72.2	91.2	78.7
KT026108 – <i>Colocasia esculenta</i> – India	72.2	87.7	79.8
AJ298033 – <i>Zantedeschia aethiopica</i> – China	73.3	87.3	78.3
MW651851 – <i>C. esculenta</i> – Vietnam	76.0	84.4	78.9
MT790349 – <i>C. esculenta</i> – Fiji	73.7	84.2	79.8
MT790352 – <i>C. esculenta</i> – Fiji	72.5	82.5	78.9
MT790351 – <i>C. esculenta</i> – Fiji	72.5	82.5	78.9
ON086743 – <i>C. esculenta</i> – Papua New Guinea	74.8	82.3	78.3
KY242358 – <i>C. esculenta</i> – USA	74.8	81.2	78.3
LC723667 – <i>Zantedeschia aethiopica</i> – South Korea	76.5	85.4	78.7
MZ043618 – <i>Typhonium giganteum</i> – China	73.7	83.3	78.3
KJ786965 – <i>Amorphophallus paeoniifolius</i> – China	73.7	83.1	77.1
KX505964 – <i>Vanilla tahitensis</i> – Cook Islands	73.3	82.3	75.8

* GenBank accession number, bold numbers correspond to the highest identity. / † Número de accesión de GenBank, números en negritas corresponden a la identidad más alta.

It is important to mention that there is no genome sequence of Brazilian or Latin American isolates of DsMV available in GenBank.

The phylogenetic analyzes as well as the tree topology reconstructed under ML methodology indicated that the M7 isolate formed a sister group with the DsMV isolate from *Pedatissected pinellia* from China (Figure 2). In addition, the M8 isolate shared a common ancestor with the DsMV isolated from *Xanthosoma* sp. from Australia, corroborating the analysis of identity percentage. However, M5 occupied a more basal position in the topology of the phylogenetic tree, in addition to having shared the lowest percentage of identities, indicating that it is a different DsMV isolate (Table 1, Figure 2).

importante mencionar que no hay secuencias genómicas de aislados brasileños o latinoamericanos de DsMV disponibles en GenBank.

Los análisis filogenéticos y la topología del árbol reconstruido bajo la metodología de ML indicaron que el aislamiento M7 formó un grupo hermano con el aislado de DsMV de *Pedatissected pinellia* de China (Figura 2). Además, el aislamiento M8 compartía un ancestro común con el aislamiento de DsMV aislado de *Xanthosoma* sp. de Australia, lo cual corrobora el análisis del porcentaje de identidad. Sin embargo, M5 ocupó una posición más basal en la topología del árbol filogenético, además de compartir el menor porcentaje de identidades, indicando que es un aislamiento diferente de DsMV (Cuadro 1, Figura 2).

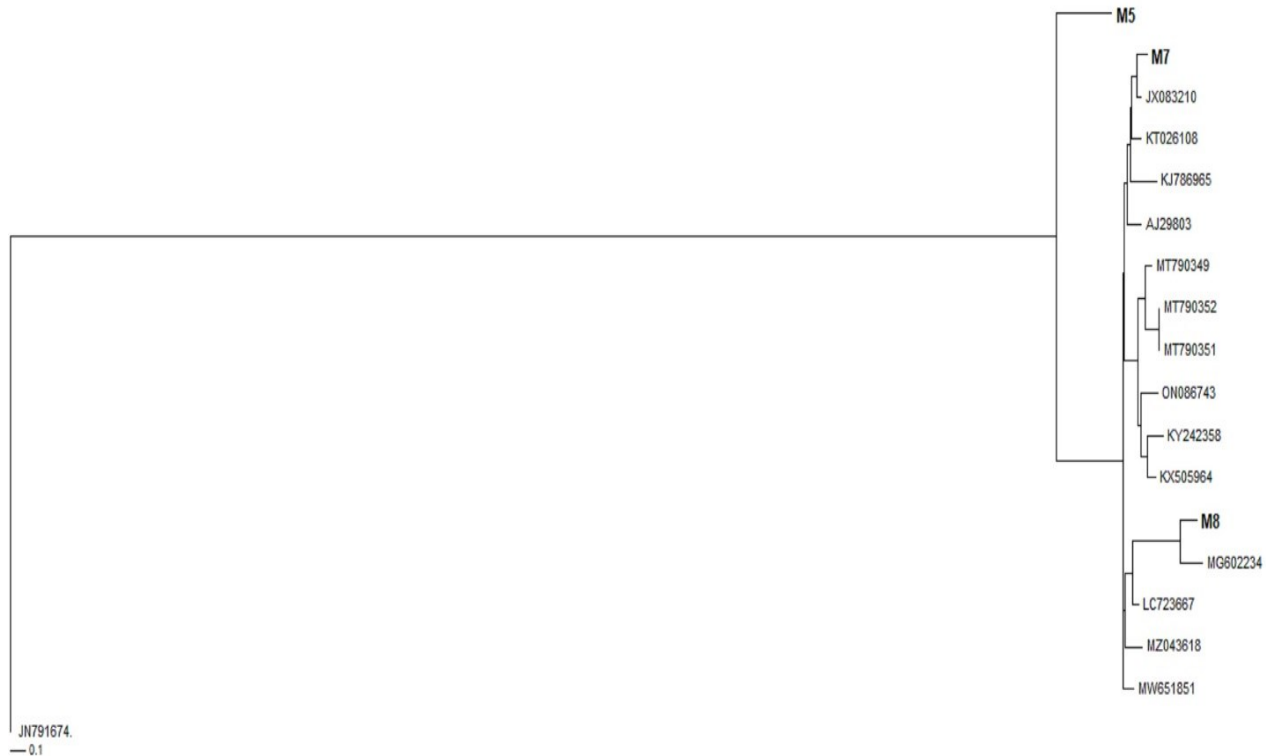


Figure 2. Maximum likelihood phylogram of cylindrical inclusion partial sequences of dasheen mosaic virus (DsMV) isolated from Brazilian *Xanthosoma riedelianum* (M5, M7 and M8) and other DsMV isolates from different hosts and regions of the world represented by GenBank accession number. Banana bract mosaic virus sequence (JN791674) was used as outgroup. The tree was constructed using the HKY + G nucleotide substitution model (G= 0.2029).

Figura 2. Filograma de máxima verosimilitud de secuencias parciales de inclusión cilíndrica del virus del mosaico dasheen (DsMV) aislado del *Xanthosoma riedelianum* brasileño (M5, M7 y M8) y otros aislados de DsMV de diferentes hospedantes y regiones del mundo, representado por el número de accesoión de GenBank. La secuencia del virus de mosaico de las brácteas del plátano (JN791674) fue usado como un grupo marginal. El árbol fue creado usando el modelo de sustitución de nucleótidos HKY + G (G= 0.2029).

Although there are reports of the occurrence of DsMV in ornamental species of *Xanthosoma*, like *X. atrovirens* and *X. sagitifolium* (Rodrigues *et al.*, 1984; Varela-Benavides and Montero-Carmona, 2017), until now this is the first occurrence the natural infection of *X. riedelianum* by DsMV in Brazil.

Studies on the occurrence of viruses in this plant species that is important, because its tubers (Figure 1D) are used in human food, as well as yam, taro, among others, which are a source of calories for

Aunque hay reportes de la ocurrencia de DsMV en especies ornamentales de *Xanthosoma*, tales como *X. atrovirens* y *X. sagitifolium* (Rodrigues *et al.*, 1984; Varela-Benavides y Montero-Carmona, 2017), hasta ahora, esta es la primera ocurrencia de la infección natural de *X. riedelianum* por DsMV en Brasil.

Es importante estudiar la ocurrencia de virus en esta especie vegetal, ya que sus tubérculos (Figura 1D) son usados para la alimentación humana, así como el camote, taro y otros, que son fuentes de

people in situation of nutritional vulnerability and also a source of income for small farmers (Varela-Benavides and Montero-Carmona, 2017).

X. riedelianum is among numerous rustic plants found in tropical regions whose the majority of these species are starchy, classified as caloric and considered subsistence foods. Despite being a great source of carbohydrates, low productivity drove farmers away from its cultivation, due to the irregular size of the rhizomes and the low volume of production without commercial value (Madeira *et al.*, 2015). Although, these plants have great economic importance worldwide since they are a source of calories for low-income people and of earnings for small farmers, few studies have been done with these unconventional foods (Varela-Benavides and Montero-Carmona, 2017).

The positive results of the DAS-ELISA, against universal antiserum potyvirus group and presence of cylindrical inclusion in the electron microscopy and the result of the RT-PCR, with the primers for CI followed by sequencing were decisive for the identification of the DsMV in *X. riedelianum*. This is the first report of the DsMV in this species of UFPs.

CITED LITERATURE

- Azevedo Filho, JA 2012. Mangarito “a batatinha brasileira”: produção em sistema orgânico. Pesquisa & Tecnologia 9 :1. <http://www.aptaregional.sp.gov.br/>
- Chagas CM, Colariccio A, Galletti SR and Kitajima EW. 1993. Natural infection of *Amorphophallus konjac* with dasheen mosaic virus in Brazil. *Fitopatologia Brasileira* 18: 551-554.
- Chen J, Chen J, Chen J and Adams MJ. 2001. Molecular characterisation of an isolate of *Dasheen mosaic virus* from *Zantedeschia aethiopica* in China and comparisons in the genus *Potyvirus*. *Archives of Virology* 146:1821-1829. <https://doi.org/10.1007/s007050170068>
- Elliott MS, Zettler, FW and Brown LG. 1997. Dasheen mosaic potyvirus of edible and ornamental aroids. University of Florida, Plant Pathology Circular no. 384. <https://www.ctahr.hawaii.edu/oc/freepubs/pdf/PD-44.pdf>

calorías para personas con vulnerabilidad nutricional, así como una fuente de ingresos para productores de pequeña escala (Varela-Benavides y Montero-Carmona, 2017).

X. riedelianum es entre las numerosas plantas rústicas halladas en regiones tropicales, y en el que la mayoría de estas especies contienen almidones, clasificadas como calóricas y considerados alimentos de subsistencia. A pesar de ser una gran fuente de hidratos de carbono, la baja productividad alejó a los productores de su producción, debido al tamaño irregular de los rizomas y el bajo volumen de producción sin valor comercial (Madeira *et al.*, 2015). Aunque estas plantas son de gran importancia mundial por ser una fuente de calorías para personas de bajos recursos y de ingresos para pequeños productores, son pocos los estudios realizados con estos alimentos no convencionales (Varela-Benavides y Montero-Carmona, 2017).

Los resultados positivos del DAS-ELISA contra el grupo de antisuero potyvirus universal y la presencia de la inclusión cilíndrica en la microscopía y el resultado del RT-PCR, con los iniciadores de IC seguidos de la secuenciación, fueron decisivos para la identificación del DsMV en *X. riedelianum*. Este es el primer reporte del DsMV en esta especie de PANC.

~~~~~ Fin de la versión en Español ~~~~~

- Giacometti DC and Léon J. Tannia 1994. Yautia (*Xantossoma sagittifolium*). In: Neglected crops: 1492 from a different perspective (FAO Plant Production and Protection Series, no.26), ISBN 92-5-103217-3. <https://www.fao.org/3/t0646e/t0646e.pdf>
- Ha C, Revill P, Harding RM, Vu M and Dale JL. 2008. Identification and sequence analysis of potyviruses infecting crops in Vietnam. *Archives of Virology* 153:45-60. <https://doi.org/10.1007/s00705-007-1067-1>.



- Kinupp VF and Lorenzi HP. 2021. Plantas alimentícias não convencionais (PANC) no Brasil: Guia de identificação, aspectos nutricionais e receitas ilustradas Second Edition. IPSIS Gráfica e Editora. Nova Odessa, São Paulo. 768p.
- Kidanemariam DB, Sukal AC, Abraham AD, Njuguna JN, Stomeo F, Dale JL, James AP and Harding RM. 2022. Incidence of RNA viruses infecting taro and tannia in East Africa and molecular characterisation of dasheen mosaic virus isolates. *Annals of Applied Biology* 180: 211–223. <https://doi.org/10.1111/aab.12725>.
- Madeira NR, Brotel N, Amaro GB and Melo RAC. 2015. Mangarito: sabor de tradição. *Horticultura Brasileira* 33:3. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620150000300023>.
- Posada D and Crandall KA. 2001. Selecting the best-fit model of nucleotide substitution. *Systematic Biology* 50: 580–601.
- Ramirez P. 1985. Aislamiento y caracterización del virus del mosaico del “dasheen” (DMV) en Costa Rica. *Turrialba* 35: 279-283.
- Rivas EB, Galleti SR, Duarte LML, Alexandre MAV, Cilli A and Estelita MEM. 2003. Detecção de *Potyviridae* em espécies de *Dieffenbachia*, *Arquivos do Instituto Biológico* 70: 85-87.
- Rodrigues MGR, Kitajima EW, Lin MT. 1984. Infection of edible and ornamental araceous plants by dasheen mosaic virus in Brazil [*Colocasia esculenta*, taro, *Alocasia* so.]. *Fitopatologia Brasileira* 9: 291-299.
- Souza DC de, Silva LFL, Resende LV, Costa PA, Guerra TS, Gonçalves WM. 2018. Influence of irrigation, planting density and vegetative propagation on yield of rhizomes of arrowroot starch. *Revista de Ciências Agrárias* 41:683-691. <https://doi.org/10.19084/RCA18015>.
- Varela-Benavides I, Montero-Carmona W. 2017. Detección del virus del mosaico del tiquizque en aráceas comestibles mediante qPCR. *Tecnología en Marcha* 30:97-104. <http://dx.doi.org/10.18845/tm.v30i2.3201>.
- Valverde R, Gómez L, Saborío F, Torres S, Arias O, Thorpe T. 1997. Field evaluation of Dasheen Mosaic Virus-free cocoyam plants produced by in vitro techniques. *Scientia Horticulturae* 68: 37-47. [https://doi.org/10.1016/S0304-4238\(96\)00984-3](https://doi.org/10.1016/S0304-4238(96)00984-3).
- Wang YN, Melzer MJ, Borth WB, Green JC, Hamim I, Hu JS. 2017. First Report of *Bean yellow mosaic virus* in Vanilla in Hawaii. *Plant Disease* 101: 1557-1557. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-17-0091-PDN>
- Yusop MSM, Saad MFM, Talip N, Baharum SN, Bunawan H. 2019. A Review on Viruses Infecting Taro (*Colocasia esculenta* (L.) Schott). *Pathogens* 8:56 <https://doi.org/10.3390/pathogens8020056>
- Zettler FW, Foxe MJ, Hartman RD, Edwardson JR, Christie RG. 1970. Filamentous virus infecting dasheen and other araceous plants. *Phytopathology* 60: 983-987. <https://doi.org/10.1094/Phyto-60-983>.
- Zettler FW and Hartman RD. 1987. Dasheen mosaic virus as a pathogen of cultivated aroids and control of the virus by tissue culture. *Plant Disease* 71: 958-963. <https://doi.org/10.1094/PD-71-0958>.