



DOI: 10.22034/ijpp.2023.2004596.413

Short Scientific Report

**Sida leaf curl virus associated with *Sida cordifolia* in Northern Thailand**

Milan C. Samarakoon<sup>1\*</sup>, A. Balasuriya<sup>2</sup>, W.A.R.T. Wickramaarachchi<sup>3</sup>

(Received: 13.06.2023; Accepted: 03.09.2023)

Diseases caused by *Begomovirus* species (the family *Geminiviridae*) are playing a crucial role in Thai agriculture. Effective disease management requires an understanding of the associated viruses with weeds as alternative hosts. *Sida* spp. (Malvaceae) are a prevalent weed in Thailand, showing symptoms mostly similar to viral infections. Globally, there are 38 known associated begomoviruses with *Sida* species, such as *S. acuta* Burm.f., *S. cordifolia* L., *S. ciliaris* L., *S. micrantha* A.St.-Hil., *S. rhombifolia* L., *S. santaremnensis* H. Monteiro, *S. urens* L., and *Sida* spp. *Sida cordifolia* samples showing yellowing, vein clearing, and upward leaf curling or cup-shaped leaves were collected in Mueang Chiang Mai District between October and December 2022 to study the begomoviruses associated with these samples (Figure 1). The partial coat protein (CP) gene of DNA-A was amplified using degenerate primers, Deng A (5'-TAATATTACCKGWKGVCCSC-3') and Deng B (5'-TGGACYTTRCAWGGBCCTTCACA-3') (Deng et al. 1994), in a PCR assay followed by sequencing of PCR amplicons. Resulting sequences (CM-BM01; OQ459361 and CM-BM02; OQ459362) shared higher nucleotide identities with those of the *Sida* leaf curl virus (SiLCV) isolates MW465952 (SiLCV-[HN] - 97%), AM050731 (SiLCV-[Hn60] - 93%), and AM050730 (SiLCV-[Hn57] - 93%). CM-BM01 and CM-BM02 isolates clustered with SiLCV isolates and were sister to SiLCV-[HN] in the maximum likelihood phylogeny (Figure 1). SiLCV has previously been reported in China in association with *S. cordifolia* (Guo and Zhou 2006). A *Sida* species with an unidentified begomovirus and a SiLCV associated with *Abutilon indicum* L. (Malvaceae) have previously been found in Thailand (Hemnam et al. 2022). This is the first report of the SiLCV associated with *S. cordifolia* from Thailand. The potential of *Sida* weeds as alternate hosts and the effectiveness of virus transmission to crop plants are currently unresolved. Continued research into the role of weeds as alternative hosts for vector-borne viruses is vital for successful disease management.

Keywords: diversity, phylogeny, sustainability, virus transmission

\*Corresponding Author, Email: milanchameerasamar.s@cmu.ac.th

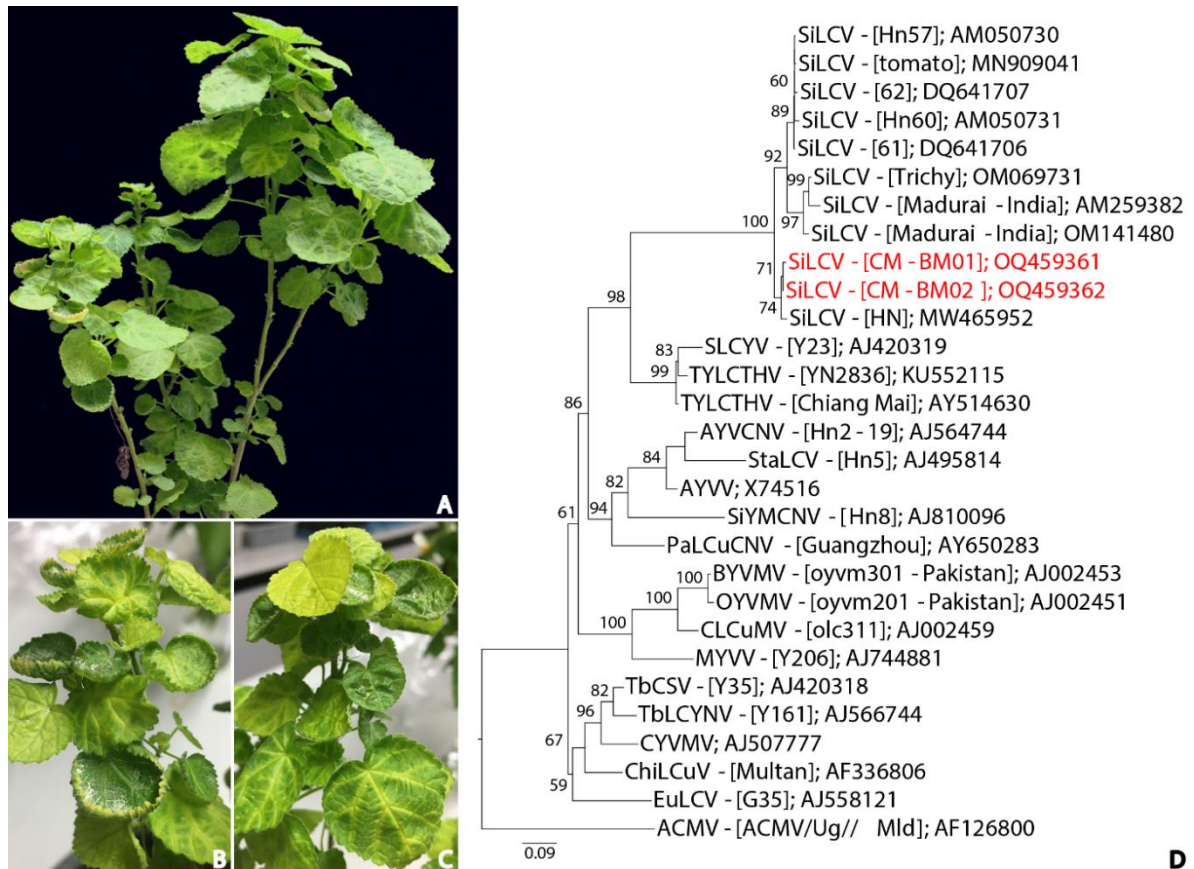
1. Department of Entomology and Plant Pathology, Faculty of Agriculture, Chiang Mai University, Chiang Mai 50200, Thailand.
2. Department of Plant Sciences, Faculty of Agriculture, Rajarata University of Sri Lanka, Anuradhapura 50000, Sri Lanka (Retired since).
3. Horticultural Crop Research and Development Institute, Department of Agriculture, Gannoruwa, Peradeniya, 20400, Sri Lanka.

**Acknowledgments**

This research is supported by CMU Junior Research Fellowship Program (No. JRCMU2565\_003), Chiang Mai University, Thailand. The authors thank Assoc. Prof. Dr. Kaewalin Kunasakdakul for her advice and Asst. Prof. Dr. Apirat Bundit for his assistance with weed identification.

**Conflict of interest statement**

The authors declare that there is no conflict of interest.



**Figure 1.** Symptoms of SiLCV infected plants and molecular phylogeny of SiLCV. A naturally infected *S. cordifolia* plant collected from Mueang Chiang Mai District, Thailand (A). The same plant species showing upward leaf curling (B). chlorosis and vein clearing (C). Evolutionary relationships of SiLCV isolates with some closely related begomoviruses obtained using maximum likelihood (RAxML) based on partial CP gene sequences (D). Bootstrap support values for ML higher than 50% are indicated at the node. African cassava mosaic virus (ACMV) was used as the outgroup. The new sequences characterized in this study are denoted in red. Abbreviations: Ageratum yellow vein China virus (AYVCNV), Ageratum yellow vein virus (AYVV), Bendi yellow vein mosaic virus (BYVMV), Chili leaf curl virus (ChiLCuV), Cotton leaf curl Multan virus (CLCuMV), Croton yellow vein mosaic virus (CYVMV), Euphorbia leaf curl virus (EuLCV), Malvastrum yellow vein virus (MYVV), Papaya leaf curl China virus (PaLCuCNV), Squash leaf curl Yunnan virus (SLCYV), Stachytarpheta leaf curl virus (StaLCV), Tobacco curly shoot virus (TbCSV), Tobacco leaf curl Yunnan virus (TbLCYNV), Tomato yellow leaf curl Thailand virus (TYLCTHV) (The GenBank accession number of each virus is shown in the front of the related abbreviation).



## گزارش علمی کوتاه

### ویروس همراه پیچیدگی برگ یونجه ایرلندی با *Sida cordifolia* در شمال تایلند

میلان س. ساماراگون<sup>۱</sup>، آ. بالاسوریا<sup>۲</sup> و و.آ.رت. ویکراماچاری<sup>۳</sup>

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۳/۲۳؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۶/۱۲)

#### چکیده

بیماری‌های ناشی از گونه‌های بگوموویروس (تیره *Geminiviridae*) نقش مهمی در کشاورزی تایلند دارند. مدیریت موثر بیماری نیازمند شناخت ویروس‌های مرتبط با علف‌های هرز به عنوان میزبان‌های جایگزین است. یونجه ایرلندی علف هرز شایع در تایلند است که علائم شبیه به بیماری ویروسی را نشان می‌دهد. در سطح جهان ۳۸ بگوموویروس مرتبط با گونه‌های جنس *Sida* مانند *S. acuta* Burm.f., *S. cordifolia* L., *S. ciliaris* L., *S. micrantha* A.St.-Hil., *S. rhombifolia* L., *S. santaremnensis* H. Monteiro, *S. urens* L., *Sida* spp نمونه‌های یونجه ایرلندی دارای علائم زردی، شفاف شدن رگ‌برگ و برگ‌های فنجانی شکل از منطقه موئانگ چیانگ مای بین برای بررسی بگوموویروس‌های مرتبط با آن‌ها جمع‌آوری شد (شکل ۱). بخشی از ژن رمز کننده پروتئین پوششی از DNA-A با استفاده از آغازگرهای دژنره (3'-TGGACYTTTRCAWGGBCCTTCACA-3' توسط واکنش زنجیره‌ای پلیمرز تکثیر و سپس تعیین ترادف شد (Deng et al. 1994). ترادف‌های به دست آمده یکسانی نوکلئوتیدی بالایی با جدایه‌های HN (۹۷٪)، Hn60 (۹۳٪) و Hn57 (۹۳٪) ویروس پیچیدگی برگ یونجه ایرلندی (*Sida leaf curl virus, SiLCV*) داشت. جدایه‌های CM-BM01 و CM-BM02 با جدایه‌های SiLCV هم‌گروه شدند و با جدایه SiLCV-[HN] در آنالیز فیلوژنی در یک گروه خواهری قرار گرفتند (شکل ۱). SiLCV قبلاً از چین همراه با یونجه ایرلندی گزارش شده است (Guo and Zhou 2006). یک گونه *Sida* با یک بگوموویروس ناشناخته و همراه SiLCV همراه با *Abutilon indicum* قبل از این در تایلند پیدا شده است (Hemnam et al. 2022). این اولین گزارش از همراهی SiLCV با *S. cordifolia* از تایلند است. پتانسیل علف‌های هرز *Sida* به عنوان میزبان جایگزین و تاثیر آن در انتقال ویروس به گیاهان زراعی در حال حاضر حل نشده است. پژوهش مستمر در خصوص نقش علف‌های هرز به عنوان میزبان‌های جایگزین برای مدیریت موفق بیماری‌های ویروسی دارای ناقل ضروری است.

\*\* مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: milanchameerasamar.s@cmu.ac.th

۱ گروه حشره‌شناسی و بیماری‌شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه چیانگ می، تایلند

۲ گروه علوم گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه راجاراتا سریلانکا، آنوراداپورا، سریلانکا

۳ موسسه تحقیقات و توسعه محصولات باغبانی، گروه کشاورزی، پراندیا، سریلانکا

## References

منابع

- Deng D., McGrath P. F., Robinson D. J. and Harrison B. D. 1994. Detection and differentiation of whitefly-transmitted geminiviruses in plants and vector insects by the polymerase chain reaction with degenerate primers. *Annals of Applied Biology* 125(2): 327-336. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1994.tb04973.x>.
- Guo X. and Zhou X. 2006. Molecular characterization of a new begomovirus infecting *Sida cordifolia* and its associated satellite DNA molecules. *Virus Genes* 33(3): 279-285. <https://doi.org/10.1007/s11262-006-0066-8>.
- Hemnam N., Roekwan S., Vannatim N., Malichan S., Saokham K., Chaowongdee S. and Siriwan W. 2022. Natural infection of *Cnidocolus* and *Jatropha* by Sri Lankan cassava mosaic virus in Thailand. *Journal of General Plant Pathology* 88: 386-391. <https://doi.org/10.1007/s10327-022-01099-w>.