

벚나무 빗자루병균 *Taphrina wiesneri*의 유전적 특성

서상태* · 정수지 · 이승규 · 김경희

국립산림과학원 산림병해충연구과

Genotypic Characterization of Cherry Witches' Broom Pathogen
Taphrina wiesneri Strains

Sang-Tae Seo*, Su-Jee Jeong, Seung-Kyu Lee and Kyung-Hee Kim

Division of Forest Insect Pests & Diseases, Korea Forest Research Institute, Seoul 130-712, Korea

(Received on November 26, 2010; Accepted on February 23, 2011)

The ascomycetous fungus *Taphrina wiesneri*, the pathogen of cherry witches' broom, is highly pathogenic to *Prunus yedoensis*, the most widely planted cherry trees in Korea as park and roadside trees. A collection of 13 strains of the pathogen in Korea and Japan was characterized by 18S rDNA gene sequence and restriction fragment length polymorphism (RFLP) analysis. In cluster analysis based on 18S rDNA gene sequence the strains were divided into 2 clusters. In RFLP analysis of the rDNA-IGS region using *HhaI*, the strains were separated into four patterns, B, C, D and G, of which pattern G was new.

Keywords : 18S rDNA, RFLP, *Taphrina wiesneri*

벚나무속(genus *Prunus*)은 장미과(Rosaceae) 앵도나무아과(Prunoideae) 속하는 식물로 전 세계에 약 400여 종이상이 분포되어 있으며, 주로 조경수, 조림수 등에 이용되고 있다(Roland와 Wain, 1984). 국내에는 약 20여종이 분포되어 있는 것으로 보고되어 있으며(이, 1980), 주로 식재되는 종은 왕벚나무(*P. yedoensis* Matsumura)이다. Harn 등(1977)은 한라산에 자생하는 재배 왕벚나무, 올벚나무 및 산벚나무의 isoenzyme을 분석한 결과 재배 왕벚나무는 올벚나무와 산벚나무 사이에서 만들어진 중간잡종임을 암시하고 있는 등 벚나무 종간에는 아직 계통학적으로 확실히 정립되어 있지 않다.

벚나무에 발생하는 주요병해로는 *Taphrina wiesneri*에 의한 빗자루병 등 13종류의 병이 보고되어 있다(한국식물병리학회, 2009). 이중 빗자루병이 가장 큰 피해를 주는 것으로 알려져 있으며, 특히 국내에 가장 많이 식재되어 있는 왕벚나무는 감수성이 높은 것으로 알려져 있다. 국내 피해현황은 전국적으로 조사된 바 없지만 제주

도부터 강원도까지 전국적으로 발생하고 있는 것으로 알려져 있다. 또한, 제주도의 경우 45년생 이상의 노거수들은 거의 모두가 심각한 정도의 빗자루병에 감염된 것으로 조사되었다(Kim 등, 2009). 벚나무 빗자루병의 발현 기작은 병원균이 기주에 호르몬 이상을 초래하여 병을 일으키는 것으로 알려져 있지만(Johnston과 Trione, 1973), 정확한 침입경로, 침입시기, 유전적 특성 등은 아직 알려져 있지 않다.

본 연구에서는 국내에 발생하는 벚나무 빗자루병의 원인균을 분리하여 18S rDNA 유전자의 염기서열 분석과 rDNA-IGS1 영역의 RFLP 분석을 통하여 유전적 특성을 조사한 결과를 보고한다.

병원균은 강원도, 경기도, 충청남도, 충청북도 및 제주도에 12균주를 낙하법(Seo 등, 2009)을 이용하여 분리하였으며, 일본균은 Mie 대학의 Ito 교수로부터 분양받아 이용하였다(Table 1).

공시한 13개 균주의 DNA는 DNeasy tissue kit(Qiagen)를 이용하여 분리하였고, 18S rDNA 염기서열 분석은 Seo 등(2009)이 보고한 방법에 준하여 실시하였으며, 계통도 분석은 MEGA 프로그램(Version 4.0)을 이용하였다. 계통도 분석 결과 국내 12개 분리균은 2개의 그룹으로 나뉘

*Corresponding author

Phone) +82-2-961-2667, Fax) +82-2-961-2679

Email) stseo@forest.go.kr

Table 1. *Taphrina wiesneri* strains used in this study

| No. | Strain | Isolated from | Source | Year isolated | Cluster ^a | RFLP group ^b |
|-----|--------|-------------------|-------------------|---------------|----------------------|-------------------------|
| 1 | TA1 | <i>Prunus</i> sp. | Chungnam Gongju | 2009 | 1 | G |
| 2 | TA2 | <i>Prunus</i> sp. | Chungnam Gongju | 2009 | 1 | G |
| 3 | TA3 | <i>Prunus</i> sp. | Chungnam Gongju | 2009 | 1 | G |
| 4 | TA4 | <i>Prunus</i> sp. | Chungnam Gongju | 2009 | 1 | B |
| 5 | TA5 | <i>Prunus</i> sp. | Chungnam Gongju | 2009 | 1 | B |
| 6 | TA6 | <i>Prunus</i> sp. | Gyeonggi Yongin | 2009 | 2 | D |
| 7 | TA8 | <i>Prunus</i> sp. | Gangwon Hongcheon | 2009 | 2 | G |
| 8 | TA10 | <i>Prunus</i> sp. | Jeju | 2008 | 2 | D |
| 9 | TA11 | <i>Prunus</i> sp. | Jeju | 2008 | 2 | D |
| 10 | TA12 | <i>Prunus</i> sp. | Jeju | 2008 | 2 | D |
| 11 | TA15 | <i>Prunus</i> sp. | Gyeonggi Seongnam | 2010 | 1 | B |
| 12 | TA17 | <i>Prunus</i> sp. | Chungbuk Cheongju | 2010 | 1 | C |
| 13 | TA19 | <i>Prunus</i> sp. | Japan | - | 1 | B |

^aCluster analysis on the basis of 18S rDNA gene sequence, see Fig. 1.

^bRestriction fragment length polymorphism, see Fig. 2.

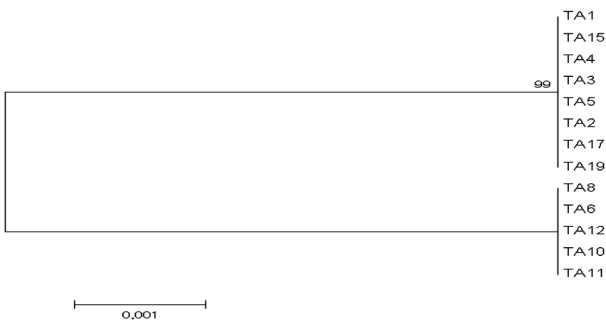


Fig. 1. Phylogenetic tree of *Taphrina wiesneri* strains inferred by MEGA analysis using the 18S rDNA gene.

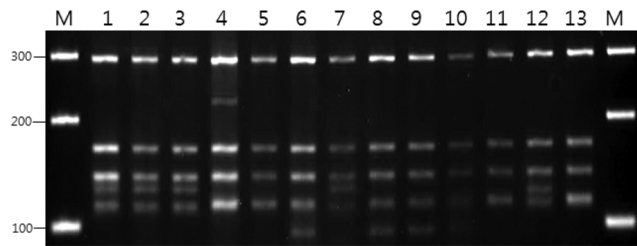


Fig. 2. RFLP analysis of rDNA-IGS1 region gene amplified from *Taphrina wiesneri* strains. The DNA products were digested with restriction enzyme *Hha*. Lanes: M, DNA size standard (100-bp ladder, Invitrogen); 1 to 12, Korean strains; 13, Japanese strain.

어 졌다(Fig. 1). 충남 공주, 경기 성남 및 충북 청주에서 분리한 균이 1그룹에 속하였으며, 2그룹에는 경기 용인, 강원 홍천 및 제주에서 분리한 균이 속하였다. 일본균은 그룹 1에 속하면서 18S rDNA 염기서열 분석 결과 국내 균과 구별되지 않았다.

rDNA-IGS 영역의 PCR은 Matsushita 등(2006)이 보고한 방법에 준하여 실시하였다. PCR 산물은 제한효소 *Hha*I (Takara)으로 반응시킨 후 3% NuSieve GTG agarose에 전기영동하여 Matsushita 등(2006)이 보고한 RFLP 패턴과 비교하였다(Fig. 2). 일본 결과에 따르면 일본 전국의 병원균 111균주에 대해 RFLP를 실시한 결과 A에서 F까지 6개의 패턴이 관찰되었는데, A 패턴 47균주, B 패턴 42균주, C 패턴 16균주, D 패턴 3균주, E 패턴 2균주, F 패턴 1균주로 나타나 일본의 빗자루병원균은 대부분은 A, B, C에 속하는 것으로 나타났다(Matsushita 등, 2006). 그러나, 국내 분리균은 A, B, C 패턴 중 A 패턴을 나타내는 균은 없었으며, B, C 패턴을 나타내는 균은 4균주 밖에 없었다(Table 1, Fig. 2). 일본균에는 거의 없었던 D 패턴을 나타내는 균은 4균주였으며, 일본에서는 나타나지 않았던 새로운 패턴인 G패턴을 보인균이 4균주이었다. Fell과 Blatt(1999)은 효모균인 *Phaffia rhodozyma*는 IGS 영역이 다르면 생리·생화적 성질이 다를 가능성이 높다고 보고하고 있는데, 국내에 발생하는 병원균과 일본 병원균은 rDNA-IGS 영역의 RFLP 패턴이 상당히 다르게 나타나는 것으로 보아 생리·생화적 성질 및 병원성에서 다른 특성을 보일 가능성이 시사되며, 이에 대한 추가적인 비교 연구가 필요하다고 판단된다.

요 약

자낭균인 *Taphrina wiesneri*는 한국의 공원과 가로수에 주로 식재되는 왕벚나무에 빗자루병을 일으키는 병원균

이다. 한국과 일본에서 분리한 13개의 병원균에 대해 18S rDNA 염기서열 분석을 통한 계통학적 분석과 rDNA-IGS 영역에 대한 RFLP 분석을 실시하였다. 18S rDNA 염기서열 분석을 통한 계통도 분석결과 병원균은 2그룹으로 분류되었다. *Hha* I 제한효소를 이용한 rDNA-IGS 영역에 대한 RFLP 분석결과 B, C, D, G 4개의 패턴으로 나타났다으며, 그중 G 패턴은 새로운 패턴이었다.

참고문헌

- 이창복. 1980. 대한식물도감. 향문사. pp. 450-456.
- 한국식물병리학회. 2009. 한국식물병명목록. pp. 487-489.
- Fell, J. W. and Blatt, G. M. 1999. Separation of strains of yeasts *Xanthophyllomyces dendrorhous* and *Phaffia rhodozyma* based on rDNA IGS and ITS sequence analysis. *J. Ind. Microbiol. Biot.* 23: 677-681.
- Harn, C. Y., Kim, Y. J., Yang, S. Y. and Chung, H. J. 1997. Studies on the origin of *Prunus yedoensis* Matsumura. I. A comparative electrophoretic study on wild *P. subhirtella* in Mt. Halla, cultivated *P. yedoensis* and *P. domarium*. *Kor. J. Bot.* 20: 1-5.
- Johnston, J. C. and Trione, E. J. 1974. Cytokinin production by the fungi *Taphrina cerasi* and *T. deformans*. *Can. J. Bot.* 52: 1583-1589.
- Kim, C. J., So, I. S. and Huh, M. R. 2009. Infection of wiches' broom (*Taphrina weisneri*) to the *Prunus yedoensis* along the 5. 16 road in Jeju island. *J. Agri. Life Sci.* 43: 1-6.
- Matsushita, N., Kanehira, K. and Suzuki, K. 2006. Genetic diversity of *Taphrina wiesneri* in Japan as revealed by PCR-RFLP analysis of the rDNA-IGS1 region. *J. Tree Health* 10: 11-18.
- Roland, J. and Wain, H. K. 1984. The nomenclature of cultivated Japanese flowering cherries (*Prunus*). The Satozakura group.
- Seo, S. T., Kim, K. H., Shin, C. H., Lee, S. H., Kim, Y. M., Park, J. H. and Shin, S. C. Control efficacy of fungicides on cherry witches' broom casued by *Taphrina wiesneri*. *Res. Plant Dis.* 15: 13-16.