

우리나라에 발생하는 잣빛곰팡이병균 *Botrytis cinerea*의 분자계통학적 유연관계

백창기 · 이승열 · 정희영*

경북대학교 응용생명과학부

Molecular Phylogenetic Analysis of *Botrytis cinerea* Occurring in Korea

Chang-Gi Back, Seung-Yeol Lee and Hee-Young Jung*

School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea

ABSTRACT : Several isolates were collected from apple, pepper, strawberry, cucumber and tomato having typical gray mold symptoms. All the isolates were identified as *Botrytis cinerea* by using morphological characteristics and PCR-RFLP method. It was difficult to analyze the phylogenetic relationship of these isolates by using ITS region, HSP60 and G3PDH because these genes were highly homologous in their nucleotide in inter-species of *B. cinerea* and intra-species of genus *Botrytis*. However, phylogenetic analysis using combined sequences (*RPB2*, *HSP60* and *G3PDH* genes) clearly showed that all isolate of *B. cinerea* were different from *Botrytis* spp. Furthermore, it was also confirmed that strawberry isolate was distantly related to apple, pepper, cucumber and tomato isolates that were closely related to each other in nucleotide level.

KEYWORDS : *Botrytis cinerea*, Combined dataset, Molecular marker, Phylogeny analysis

서론

잣빛곰팡이병(Gray mold)은 오이, 고추, 토마토 등 채소와 포도, 블루베리 등의 다양한 작물에서 발생하는 병해로 잎, 줄기, 과실 등 감염된 식물체의 다양한 부위에 발생하는 작물의 주요한 병해이다[1-3]. 잣빛곰팡이병의 원인균 중의 하나인 *Botrytis cinerea*는 기주 범위가 매우 넓어 우리나라에서는 고추, 딸기, 사과, 오이, 토마토, 인삼 등 총 86종의 경제 작물에서 발생이 보고되고 있고[4], 수확 후

저장 중인 과일과 채소류를 부패시키는 저장병의 원인이기도 하며 경제적으로 매우 큰 손실을 일으키고 있다[5]. 이로 인해 전세계적으로는 잣빛곰팡이병 방제용 살균제 시장이 무려 1,500~2,500백만 달러에 육박하고 있고[2], 최근에는 본 병해의 친환경적 방제를 위한 유기농자재와 미생물 제제 개발 및 연구가 국내외적으로 활발히 진행되고 있다[6,7].

잣빛곰팡이병균의 동정과 분류는 통상적으로 배양학적 특징과 형태적 특징을 비교하고, 추가적으로 곰팡이의 대표적인 분자마커인 internal transcribed spacer (ITS) 영역의 염기서열 분석에 의해 의존하였다[8-10]. 최근에는 곰팡이의 생명현상 유지에 관여하는 단일 유전자인 glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (*G3PDH*) 유전자, Heat-shock Protein 60 (*HSP60*) 유전자, RNA polymerase subunit II (*RPB2*) 유전자 분석을 통해 분자분류를 시도하고 있다[11-13].

본 연구에서는 고추, 딸기, 사과, 오이, 토마토에서 분리한 잣빛곰팡이병균들의 형태적 특징을 비교하고, 잣빛곰팡이병균의 분류지표로 이용되는 3가지 유전자 영역을 결합한 염기서열 정보를 통해 이들 간의 분자계통학적 유연관계를 분석하였다.

Kor. J. Mycol. 2014 June, 42(2): 138-143
<http://dx.doi.org/10.4489/KJM.2014.42.2.138>
 pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
 © The Korean Society of Mycology

*Corresponding author
 E-mail: heeyoung@knu.ac.kr

Received June 22, 2014
 Revised June 26, 2014
 Accepted June 30, 2014

© This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

재료 및 방법

공시균주 및 균학적 특징관찰

본 연구에 사용한 각각의 균주는 2012~2013년에 걸쳐 사과, 고추, 딸기, 오이, 토마토의 잣빛곰팡이병 감염 시료에서 직접 분리한 것(BC001, BC002, BC003, BC004, BC005)으로, 각각 경북대학교 대구캠퍼스 사과저장고와 경남 밀양시 상남면 고추재배농가, 경북 성주군 과채류시험장 딸기 시험포장, 경북 칠곡군 왜관읍 오이 및 토마토 재배농가에서 자연발병한 과실에서 채집하였다. 각 균주의 분리배양은 메스로 이병부위를 절취하여 70% ethanol과 1% NaOCl로 표면소독하고 멸균수로 세척한 후, PDA 평판배지에 치상하여 25°C 항온기에서 인공배양하였다. 또한, 분리배양 48시간 후에 PDA 배지에 성장한 균사의 선단부위를 절단하여 새로운 PDA 배지에 이식한 후 순수 배양된 균주를 본 시험에 사용하였다.

사과 등 5종의 작물에서 분리한 균주의 배양학적, 형태학적 특징을 관찰하기 위해 각 균주를 PDA 평판배지에 접종한 후, 25°C 항온배양기에서 배양하며, 균핵 생성유무와 분생포자경과 분생포자의 형태를 광학현미경(BX 50, Olympus, USA)을 이용하여 관찰하였다.

PCR-RFLP법을 이용한 잣빛곰팡이병균의 간이동성

각각 균주의 total genomic DNA의 추출은 Liu 등[14]의 방법을 따라 실시하여 추출한 DNA는 -20°C에서 냉동보관하였다. 추출한 DNA를 이용하여 Nielsen 등[15]이 제시한 PCR-RFLP법에 따라 잣빛곰팡이병균의 간이적으로 종 동정을 실시하였다. PCR은 잣빛곰팡이병균 증폭용 프라이머 쌍인 BA2f/BA1r[15]를 이용하여 목적인 약 400 bp 크기의 DNA 단편을 증폭한 후, 제한효소 *ApoI*으로 증폭한 DNAs를 절단하였다. 제한효소를 처리한 PCR 산물은 1% agarose gel에 전기영동하여 절단된 DNA band pattern상의 차이를 비교하고 Nielsen 등[15]이 제시한 기준에 따라 각 잣빛곰팡이병균의 종을 동정하였다.

잣빛곰팡이병균 판별 분자마커를 이용한 PCR 증폭

추출한 각각의 genome DNA는 일반적으로 곰팡이 분자 마커로 알려진 ITS 영역의 염기서열을 결정하기 위해 ITS1F/ITS4 프라이머 쌍을 이용하여 PCR하였다[16]. 또한, 최근 잣빛곰팡이병균 분자지표로 사용할 수 있다는 3가지 유전자, 즉 *RPB2* 유전자와 *HSP60* 유전자 및 *G3PDH* 유전자의 염기서열을 결정하기 위해 각각 *RPB2for/RPB2rev* 프라이머 쌍(1,100 bp), *HSP60for/HSP60rev* 프라이머 쌍(900 bp), *G3PDHfor/G3PDHrev* 프라이머 쌍(1,800 bp)을 이용하여 PCR하였다[11].

본 연구에서 수행한 모든 PCR은 각 균주에서 추출한 20 ng의 total genomic DNA, 10 pM의 각 프라이머, 100 mM Tris - HCl, 400 mM KCl, 15 mM MgCl₂, 10 mM dNTPs, 5

unit의 Diastar *Taq* polymerase (Solgent, Daejeon, Korea)에 멸균수를 첨가하여 최종 용량을 25 μL로 조정된 조건에서 실시하였다. PCR 조건은 ITS 영역 증폭용 PCR의 경우 White 등[16]에 의한 방법을 따랐으며, *HSP60*과 *RPB2* 유전자 영역은 94°C에서 5분간 denaturation을 실시한 후 94°C 1분간 denaturation, 50°C 1분간 annealing, 72°C 2분간 extension으로 35 cycle을 실시하고 72°C 5분간 final extension을 실시하였다. *G3PDH* 유전자는 annealing 온도만 64°C 1분으로 조정하였고 다른 조건은 모두 *HSP60*과 *RPB2* 유전자 증폭용 PCR과 동일하게 실시하였다.

염기서열 분석과 분자계통수 작성

모든 PCR 산물들은 ExoSAP-IT (GE Healthcare, Buckinghamshire, UK)을 이용하여 정제한 후, 각각의 DNA 염기서열을 결정하였다(Solgent, Daejeon, Korea). 분자계통수 작성은 본 연구에서 결정한 각각의 유전자 염기서열과 NCBI GenBank에 등록되어 있는 잣빛곰팡이병균의 염기서열 정보를 이용하였다. 4가지 유전자 염기서열로 dataset를 작성한 후, CLUSTAL W (<http://clustalw.ddbj.nig.ac.jp/index.php?lang=en>)를 이용하여 multiple alignment로 정렬하였다[17]. 분자계통학적 유연관계 분석은 MEGA 4 program으로 neighbor-joining법을 사용하였다. 분자계통수의 out group은 *Sclerotinia sclerotiorum*과 *Monilinia fructigena*로 선정하고, bootstrap은 100번 반복 실행하였다. 또한, 잣빛곰팡이병균 분자지표로 사용할 수 있는 3가지 유전자(*RPB2*, *HSP60*, *G3PDH*)의 각 염기서열을 순서대로 결합한 dataset을 만들고, 상기 방법과 동일하게 분자계통수를 작성하여 5종의 기주에서 분리한 잣빛곰팡이병균의 계통학적 유연관계를 분석하였다.

결과 및 고찰

5종의 작물에서 분리한 잣빛곰팡이병균의 형태적 특징

사과, 고추, 딸기, 오이, 토마토에서 분리된 각각의 균주는 PDA 평판배지에서 회색의 균사를 형성하였고, 딸기와 토마토에서 분리한 균주를 제외한 모든 균주는 배양 5~7일 부터는 회색 균사체가 뭉쳐지면서 점차적으로 작은 소립의 균핵을 형성하기 시작하여 배양 15~20일경에는 평판배지에 2~5 mm 이상의 균핵을 형성하였다. 또한, 각 작물에서 분리한 모든 균주는 25°C 배양기에서 배양 4일 내에 직경 9 cm의 평판배지에 완전히 만연할 수 있을 만큼 왕성한 생장력을 나타내었다. 각각 균주를 광학현미경으로 관찰한 결과, 기주작물의 종류와 관계없이 모든 균주의 분생포자경은 수직상으로 분지되어 있고 분생포자경 위에 포도송이 모양의 분생포자를 형성하고 있어 전형적인 *Botrytis* 속 진균인 것으로 판단하였다. 또한, 분생포자들의 형태는 대부분 무색의 타원형 내지 도란형이고, 토마토에서 분리한 균주의 분생포자 크기는 7.0~10.2 × 6.1~8.2 μm로 다른 작물

Table 1. Morphological comparison of conidia and sclerotia of *Botrytis* spp. isolated from five different crops

Host	Present study					<i>B. cinerea</i>	<i>B. fabae</i>	<i>B. pelargonii</i>
	<i>Malus domestica</i>	<i>Cucumis sativus</i>	<i>Capsicum annuum</i>	<i>Fragaria ananassa</i>	<i>Lycopersicon esculentum</i>	Reference [18]	Reference [19]	Reference [20]
Conidia	Shape	ellipsoid-ovoid	ellipsoid-ovoid	ellipsoid-ovoid	ellipsoid-ovoid	ellipsoid-ovoid	ellipsoid-ovoid	ellipsoid-ovoid
	Size (µm)	9.7-10.8 × 6.8-8.3	11.4-15.2 × 6.6-8.6	9.5-14.9 × 4.9-8.8	7.9-14.9 × 6.6-10.7	7.0-10.2 × 6.1-8.2	8.5-16 × 5-11.5	16-25 × 13-16
Sclerotia formation	+	+	+	-	-	+ or -	+	+

에서 분리한 균주에 비해 약간 작았다. 하지만, 이들 각 균주들의 분생포자의 크기는 Ellis와 Waller[21]가 보고한 *Botrytis cinerea*의 형태적 특징과 거의 일치하였다(Table 1). 또한, 이러한 형태적 특징은 블루베리, 바이올렛, 포도 등 최근 국내에서 보고된 *Botrytis cinerea*와도 거의 일치하였기 때문에[24-26], 5종의 작물에서 분리한 *Botrytis* 속 진균은 모두 잣빛곰팡이병균인 *Botrytis cinerea*일 것으로 추측되었다.

우리나라에서는 다양한 작물에 잣빛곰팡이병이 보고되어 있지만, 이들의 원인균인 *Botrytis cinerea*의 형태학적 표현형에 대해서는 불분명한 것이 매우 많다. 일반적으로 잣빛곰팡이병균은 형태학적 특성에 따라 3가지 표현형, 즉 균사형, 균핵형, 포자형으로 구분하고 있는데[12,18], 본 연구에서 사과, 고추, 오이에서 분리한 잣빛곰팡이병균은 균핵형이며, 딸기와 토마토에서 분리한 잣빛곰팡이병균은 균사형인 것으로 사료된다.

PCR-RFLP법에 의한 분리균주 동정

5종의 작물에서 분리한 *Botrytis* 속 진균의 정확한 동정을 위해, 각각 균주에 대해 Nielsen 등[15]이 제시한 PCR-RFLP법을 실시하였다. 모든 균주들에서 목적인 크기의 약 400 bp의 DNA 단편이 증폭되었고, 제한효소 *ApoI*으로 절단한 결과, 모든 균주가 동일한 절단패턴으로 약 250 bp와 150 bp 두 개의 DNA 단편으로 나뉘었다(Fig. 1). 이러한 제한효소 *ApoI*의 절단패턴은 *B. cinerea*의 절단패턴[15]과 동일한 것으로, 본 연구에서 분리한 균주들은 모두 *B. cinerea*로 판명되었고, 형태적 결과와도 일치하였다.

분자계통학적 유연관계 분석

일반적으로 진균의 동정에 널리 사용되는 ITS 영역을 분석한 결과, 분리균의 ITS 염기서열이 *Botrytis* spp.와 높은 상동성을 나타내었고, 특히 *B. cinerea*와 *B. pelargonii*, *B. fabae*와 염기서열과 99% 이상의 매우 높은 상동성을 나타내어 정확한 중간 및 종내의 근연관계를 분석하는 것은 불가능하였다. 또한, *HSP60* 유전자와 *G3PDH* 유전자 분석결과에서도 ITS 영역 염기서열 분석결과와 동일하게 *B. cinerea*와 *B. pelargonii*의 염기서열과 99%의 높은 상동성을

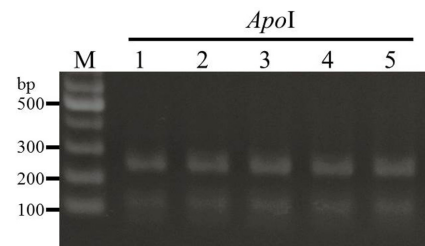


Fig. 1. PCR-RFLP analysis of *Botrytis* spp. PCR product amplified by Ba2f/Ba1r. The PCR products were restricted by *ApoI*. Lanes 1~5, pepper, strawberry, apple, cucumber and tomato; M, molecular marker (100 bp DNA ladder).

나타내어 근연관계 분석을 할 수 없었다. RPB2 유전자의 분자계통수에서는 본 연구의 모든 분리주는 *B. pelargonii*와는 구별되는 클러스터를 형성하고 *B. cinerea*와 표준균주들과 매우 높은 근연관계를 나타내었다(Fig. 2). 하지만, RPB2 유전자를 이용하더라도 *B. cinerea*과 *B. fabae*가 동일한 클러스터에 속하기 때문에 RPB2 유전자만을 이용해 중간 비교를 하는 것은 적합하지 않은 것으로 판단되었다(Fig. 2). 최근 진균류의 분자계통학적 유연관계 분석에는 단일 유전자를 이용한 정확한 종 동정의 한계를 극복할 목적으로 2 개 이상의 다른 유전자 염기서열을 동시에 사용하고 있다[26-28]. 따라서 본 연구에서는 NCBI GenBank에 등록된 RPB2, HSP60, G3PDH 유전자들의 염기서열을 결합하여 multiple alignment한 후 분자계통학적 유연관계를 조사하였다(Fig. 3). 그 결과, 비록 딸기 분리주는 다른 식물의 잣빛곰팡이병균과 동일한 클러스터에 속하였지만, 다른 4종의 작물에서 분리한 균주 모두 *Botrytis cinerea* 종 내에 동일한 클러스터를 형성하였다. 딸기 잣빛곰팡이병균의 경우, 분생포자 및 분생포자경의 크기는 다른 작물의 잣빛곰팡이병균과 유사하지만, 균핵을 만들지 않았다는 것을 고려할 때 유전적으로 다른 작물의 잣빛곰팡이병균과는 다소 다른 계통일 것으로 사료된다. 최근 잣빛곰팡이병균의 동정을 위해 RPB2 유전자 염기서열이 유용하다고 보고된 바 있지만[12], 본 연구의 결과, 단일 유전자에 의한 계통분류는 한계가 있으며, 이를 극복하기 위해서 다양한 유전자 영역의 염기서열을 결합한 분자계통분류 연구가 활발해지고 있다

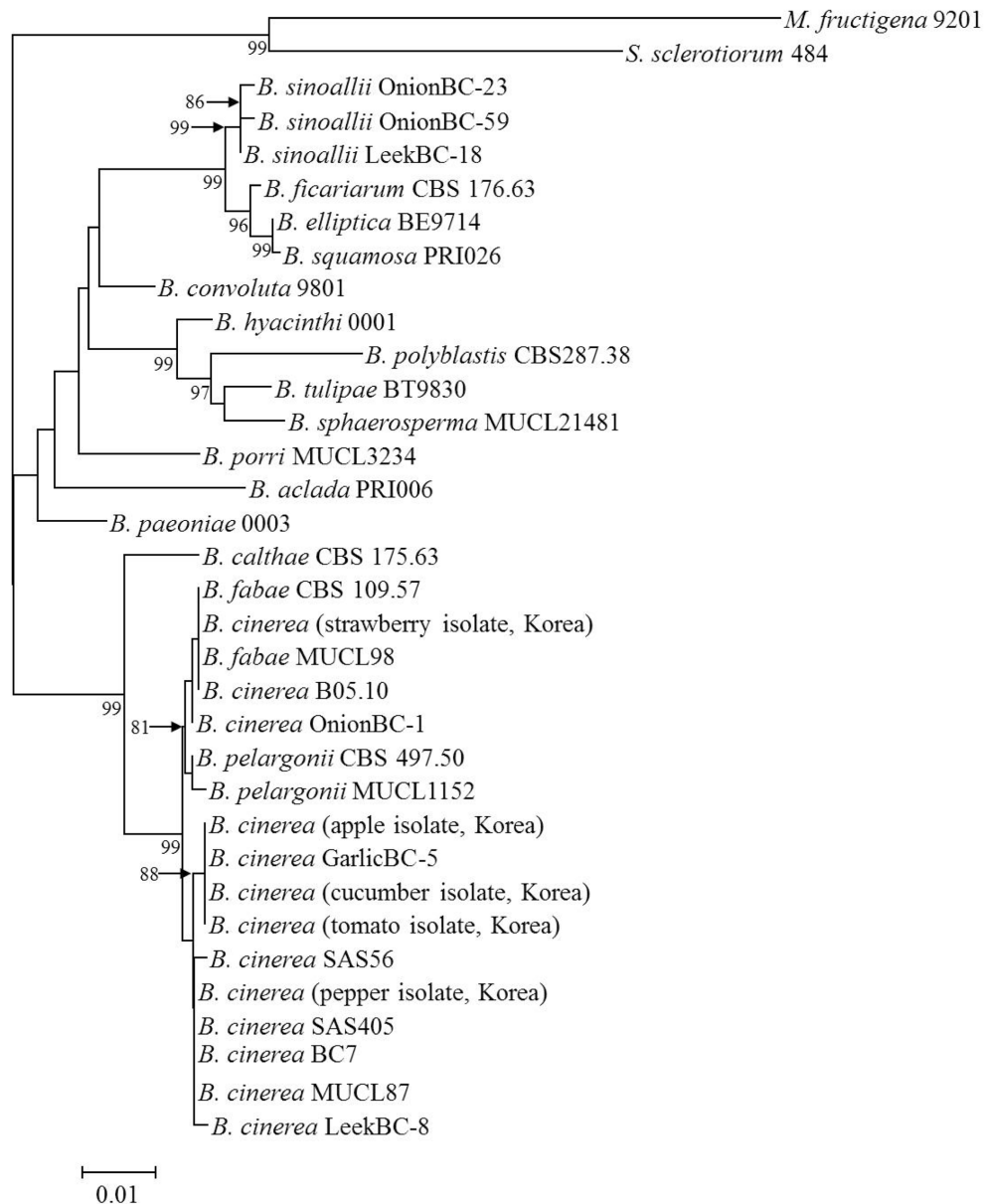


Fig. 2. Phylogeny analysis of *Botrytis* spp. constructed by the neighbor-joining method based on *RPB2* gene sequence. *Monilinia fructigena* (AJ745715) and *Sclerotinia sclerotiorum* (AJ745716) were used as the outgroup. Numbers above the branches represent the bootstrap values obtained for 100 replicates (smaller than 80 values were not shown). The bar represents a phylogenetic distance of 0.01%.

[11,13,26-28]. 결론적으로 향후 잭빛곰팡이병균의 종 동정과 계통분류를 위해서는 본 연구에서 제시한 3종의 유전자 영역(*RPB2*, *HSP60*, *G3PDH*)의 염기서열을 결합한 dataset를 이용하는 것이 가장 유용할 것으로 판단된다.

요 약

잭빛곰팡이병의 전형적인 병징을 나타내는 병든 사과, 고추, 딸기, 오이, 토마토에서 곰팡이를 분리하고, 그들의 배양학적 특성과, 형태적 특성 및 PCR-RFLP을 통해 이 병원

성 곰팡이를 모두 *Botrytis cinerea*로 동정하였다. 또한, 배양학적 특징에 따라 사과, 고추, 오이에서 분리한 잭빛곰팡이병균의 표현형은 균핵형이며, 딸기와 토마토에서 분리한 잭빛곰팡이병균은 균사형이었다.

각각의 잭빛곰팡이병균의 ITS 영역 염기서열을 포함한 4종의 유전자(*RPB2*, *HSP60*, *G3PDH*)의 염기서열을 결정하고 분자계통학적 유연관계를 분석하였다. *RPB2* 유전자 염기서열을 제외한 ITS 영역, *HSP60* 유전자 및 *G3PDH* 유전자의 염기서열은 *Botrytis cinerea* 종 내 뿐만 아니라 *Botrytis* 속 종간에도 매우 높은 상동성을 나타내어 계통학

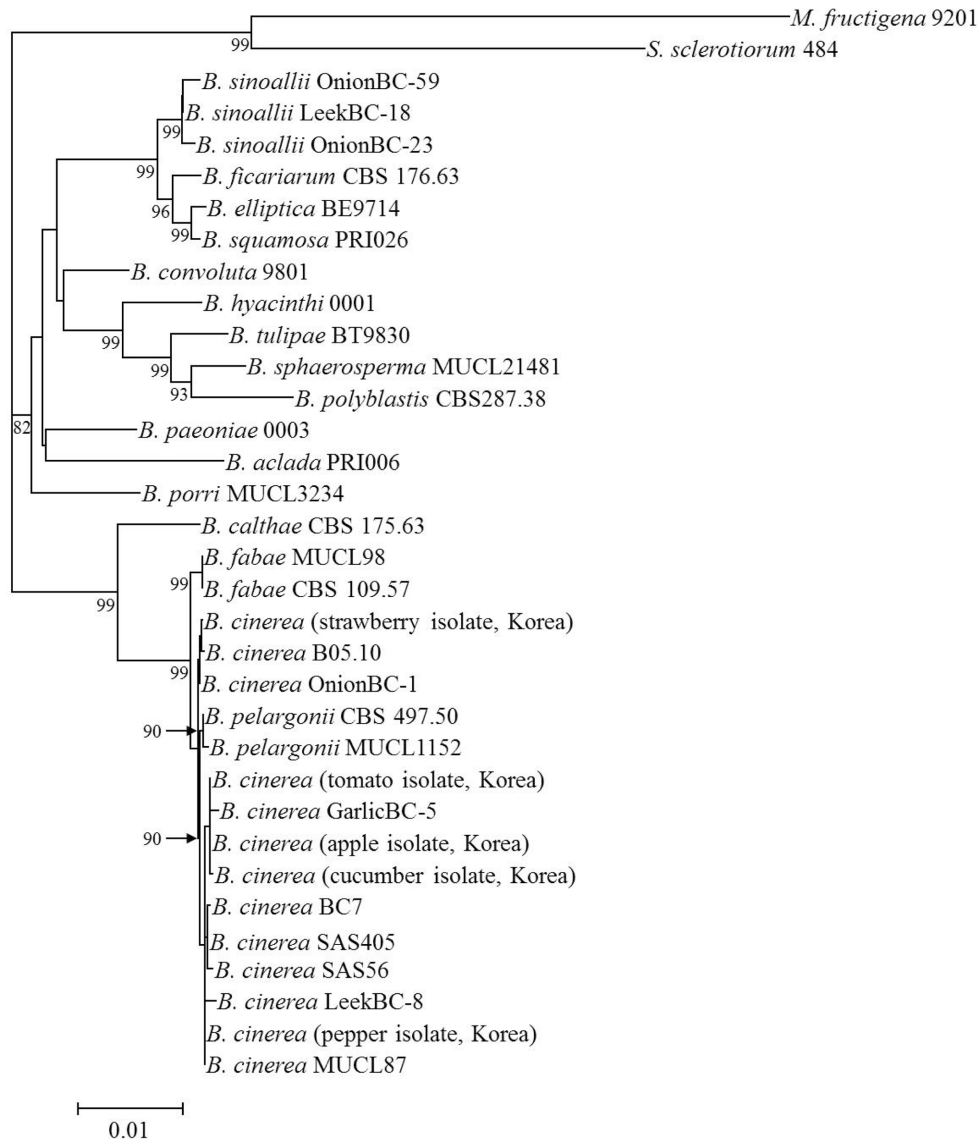


Fig. 3. Phylogenetic analysis constructed by the neighbor-joining method based on combined *RPB2*, *HSP60*, *G3PDH* sequence data. *Monilinia fructigena* and *Sclerotinia sclerotium* were used the outgroup. Numbers above the branches represent the bootstrap values obtained for 100 replicates (smaller than 80 values were not shown). The bar represents a phylogenetic distance of 0.01%.

적 유연관계 분석이 어려웠다. 하지만, 3종의 유전자(*RPB2*, *HSP60*, *G3PDH*)를 결합한 유전자 염기서열을 이용한 분자 계통수 작성 결과, 본 연구에서 분리한 잭빛곰팡이병균은 *Botrytis* 속의 다른 종들과 구별되며, 사과, 고추, 오이, 토마토의 분리주는 아주 높은 근연관계에 있고, 딸기잭빛곰팡이병균은 다른 분리주와 달리 종내 다른 lineage를 형성하였다.

감사의 글

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(세부과제번호: PJ01048103)의 지원에 의해 수행되었습니다.

REFERENCES

1. Coley-Smith JR, Verhoeff K, Jarvis WR. The biology of *Botrytis*. London: Academic Press; 1980.
2. Elad Y, Williamson B, Tudzynski P, Delen N. *Botrytis* spp. and diseases they cause in agricultural systems-an introduction. In: Elad Y, Williamson B, Tudzynski P, Delen N, editors. *Botrytis, Biology, Pathology and Control*. Netherland: Kluwer Academic Press; 2004. p. 1-8.
3. Guillem S, Eva C, Celia B, Mannuel A, Isabel, T. The suppressive effects of composts used as growth media against *Botrytis cinerea* in cucumber plant. *J Eur Plant Pathol* 2007;117: 393-402.
4. The Korean Society of Plant Pathology. List of plant diseases in Korea. 5th ed. Seoul: Korean Society of Plant Pathology;

- 2009.
5. Jarvis WR. *Botryotinia* and *Botrytis* species: Taxonomy, Physiology and Pathogenicity, A guide to the Literature. Monograph No. 15. Ottawa: Canada Department of Agriculture; 1977.
 6. Nam MH, Kim HS, Lee WK, Gleason ML, Kim HG. Control efficacy of gray mold on strawberry fruits by timing of chemical and microbial fungicide applications. *Kor J Hort Sci Technol* 2011;29:151-5.
 7. Yoon CS, Yeung YR, Kim BS. The suppressive effects of calcium compounds against *Botrytis cinerea* in paprika. *Kor J Hort Sci Technol* 2010;28:1072-7.
 8. Kim HM. Gray Mold on *Saintpaulia ionantha* Caused by *Botrytis cinerea* in Korea. *Res Plant Dis* 2011;17:75-7.
 9. Cheong SS, Chio IY, Lee WH. Occurrence of gray mold caused by *Botrytis cinerea* on common fig in Korea. *Kor J Mycol* 2013;41:38-41.
 10. Kwon JH, Cheon MG, Chio OH, Kim JW. First report of *Botrytis cinerea* as a postharvest pathogen of blueberry in Korea. *Mycobiology* 2011;39:52-3.
 11. Staats M, van Baarlen P, van Kan, JAL. Molecular phylogeny of the plant pathogenic genus *Botrytis* and the evolution of host specificity. *Mol Biol Evol* 2005;22:333-46.
 12. Cho HY, Jeon YH, Do GR, Cho DH, Yu, YH. Mycological characteristics of *Botrytis cinerea* causing gray mold on Ginseng in Korea. *J Ginseng Res* 2008;32:26-32.
 13. Zhang J, Zhang L, Li GQ, Yang L, Jiang DH, Zhuang WY, Huang, HC. *Botrytis sinoallii*: a new species of the gray mould pathogen on *Allium* crops in China. *Mycoscience* 2010;51:421-31.
 14. Liu D, Coloe S, Baird R, Pedersen J. 2000. Rapid mini-preparation of fungal DNA for PCR. *J Clin Microbiol* 2000;38:471.
 15. Nielsen K, Yohalem D, Jensen DF. PCR detection and RFLP differentiation of *Botrytis* species associated with neck rot of onion. *Plant Dis* 2002;86:682-6.
 16. White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand GH, Sninsky JJ, White TJ, editors. *PCR Protocols: a Guide to Methods and Applications*. San Diego: Academic Press; 1990. p. 315-22.
 17. Saitou N, Nei M. Neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987;4:406-25.
 18. Paul WRC. A comparative morphological and physiological study of a number of strains of *Botrytis cinerea* Pers. with special reference to their virulence. *Trans Br Mycol Soc* 1929;14: 118-34.
 19. Zhang J, Wu MD, Li GQ, Yang L, Yu L, Jiang DH. *Botrytis fabiopsis*, a new species causing chocolate spot of broad bean in Central China. *Mycologia* 2010;102:1114-26.
 20. Røed H. *Botryotinia pelargonii* n. sp., the perfect stage of a *Botrytis* of the cinerea-type on Pelargonium. *Blyttia* 1949;7: 65-79.
 21. Ellis MB, Waller JM. *CMI Description of Pathogenic Fungi and Bacteria*. No. 431. CMI, Kew, Surrey, UK; 1974.
 22. Kim HM. Gray mold on *Saintpaulia ionantha* caused by *Botrytis cinerea* in Korea. *Res Plant Dis* 2010;17:75-7.
 23. Hong SK, Choi HW, Lee YK, Lee SY, Kim WG. Occurrence of gray mold on blueberry trees caused by *Botrytis cinerea* in Korea. *Kor J Mycol* 2011;39:213-6.
 24. Song MJ, Lee HI, Yea MC, Kim DH, Hong SB, Cha JS. Identification of pathogens causing grape rot on 'Red glove' variety imported from Chile. *Res Plant Dis* 2012;18:217-24.
 25. Hong SK, Lee SY, Choi HW, Lee YK, Joa JH, Shim, H. Occurrence of stem-end rot on mango fruits caused by *Lasiodiplodia theobromae* in Korea. *Plant Pathol J* 2012;28:455.
 26. Kim CS, Yu SH, Nakagiri A, Shirouzu T, Sotome K, Kim SC, Maekawa N. Re-evaluation of *Hypocrea pseudogelatinosa* and *H. pseudostraminea* isolated from Shiitake mushroom (*Lentinula edodes*) cultivation in Korea and Japan. *Plant Pathol J* 2012;28:341-56.
 27. Kim JH, Kang MR, Kim HK, Lee SH, Lee T, Kim SH. Population structure of the *Gibberella fujikuroi* species complex associated with rice and corn in Korea. *Plant Pathol J* 2012; 28:357-63.
 28. Tamm H, Poldmaa K. Diversity, host associations, and phylogeography of temperate aurofusarin-producing *Hypomyces* / *Cladobotryum* including causal agents of cobweb disease of cultivated mushrooms. *Fungal Biol* 2013;117:348-67.