

# 국내 딸기 시설재배 주산단지 토양 내의 주요 식물기생선충 감염 현황

## Incidence of Major Plant-parasitic Nematodes in Main Producing Areas of Strawberry in Korea

고형래<sup>1</sup> · 이민아<sup>1</sup> · 김은화<sup>1</sup> · 김세종<sup>2</sup> · 이재국<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 국립농업과학원 농산물안전성부 작물보호과, <sup>2</sup>투엠바이오

Hyoung-Rai Ko<sup>1</sup>, Min-A Lee<sup>1</sup>, Eun-Hwa Kim<sup>1</sup>, Se-Jong Kim<sup>2</sup>, and Jae-Kook Lee<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Crop Protection Division, Department of Agro-food Safety and Crop Protection, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

<sup>2</sup>2mBio Co., Ltd., Suwon 16229, Korea

### \*Corresponding author

Tel: +82-63-238-3316

Fax: +82-63-238-3838

E-mail: jk2lee@korea.kr

To investigate the incidence of plant-parasitic nematodes from plastic-house fields of strawberry, 170 soil samples were collected from the main producing area of strawberry in Korea from 2014 to 2015. Based on the investigation, root-lesion nematode (RLN; *Pratylenchus* spp.) and root-knot nematode (RKN; *Meloidogyne* spp.) are the most important pests in plastic-house fields of strawberry with 57% and 36% incidences, respectively. Among the collected fields, 96 and 63 fields were infected RNL and RKN, respectively with 44 fields (38.8%) being detected at both nematode. High degree of incidence of both nematodes were observed in the regions of Jinju, Gyeongnam Province, Korea. For identification of species level, phylogenetic and distance analysis were performed using RLN and RKN isolates generated from the regions of Jinju. The results indicated that the RLN and RKN isolates were *Pratylenchus vulnus* and *Meloidogyne hapla*, respectively. This study showed that *P. vulnus* and *M. hapla* could be most dominant species in plastic-house fields of strawberry. This data will provide basic knowledge for development of effective control strategies.

**Keywords:** Dominant, Incidence, *Meloidogyne*, *Pratylenchus*, Strawberry

Received 0 00, 2016

Revised 0 00, 2016

Accepted 0 00, 2016

## 서 론

딸기는 생과일이나 잼, 음료 등과 같은 먹거리뿐만 아니라 케이크 등의 장식용 재료로도 널리 이용되고 있다. 딸기의 국내 시설재배면적은 2012년 6,290 ha로 전체 시설재배 과채류 가운데 3순위, 생산량은 수박 등 박과작물에 이어 4순위로 나타났다(Hur, 2013). 반면, 총 생산액은 2012년 경상

가격 기준 1조 1,888억 원으로 전체 과채류 가운데 가장 큰 시장규모를 형성하고 있다. 또한, 저온에서도 생육이 가능하여 난방비가 적게 들며 연도별 가격 편차가 적기 때문에 농가의 안정적인 수입원이 되고 있다.

딸기 재배지에서 경제적으로 큰 손실을 일으키는 식물기생선충으로는 뿌리혹선충(*Meloidogyne*), 뿌리썩이선충(*Pratylenchus*), 잎선충(*Aphelenchoides*), 창선충(*Xiphinema*), 바늘선충(*Longidorus*), 주름선충(*Criconematoides*) 등이 알려져 있다(Brown 등, 1993; Esnard와 Zukerman, 1998). 국내에서도 Choi (1977)에 의해 1970년대 노지재배 딸기의 문제 선충으

Research in Plant Disease

pISSN 1598-2262, eISSN 2233-9191

www.online-rpd.org

©The Korean Society of Plant Pathology

©This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

로 뿌리혹선충과 뿌리썩이선충이 보고된 바 있다.

시설재배 과채류 가운데 딸기에 피해를 일으키는 뿌리혹선충은 당근뿌리혹선충(*M. hapla*), 자바뿌리혹선충(*M. javanica*) 등이 보고되어 있으며, 이들 선충에 의해 피해를 받은 딸기의 생육은 30% 이상 감소하는 것으로 알려져 있다(Edwards 등, 1985). 뿌리혹선충의 피해를 받은 식물체는 뿌리에 혹(gall)이 형성되고 물과 영양분의 흡수를 방해받아 지상부에서 시들음, 왜화 등의 피해증상이 나타난다(Dropkin, 1980). 뿌리혹선충은 수컷의 두부형태와 암컷의 perineal pattern을 통한 형태학적, 효소표현형을 이용한 생화학적, restriction fragment length polymorphism 등 분자생물학적 기법을 통해 종 단위까지 동정이 가능한 것으로 알려져 있다(Cho 등, 2000; Eisenback 등, 1981; Han 등, 2004). 특히, 뿌리혹선충 국내 기록종 가운데 농업에서 문제되고 있는 고구마뿌리혹선충(*M. incognita*), 땅콩뿌리혹선충(*M. arenaria*), 당근뿌리혹선충(*M. hapla*) 및 자바뿌리혹선충(*M. javanica*)의 분자생물학적 종 동정에는 mitochondrial DNA의 cytochrome c oxidase subunit II (*COII*)와 16S rRNA 사이 유전자 부위가 많이 이용되고 있다(Cho 등, 2006; Choi, 2001; Han 등, 2004; Powers와 Harris, 1993; Xu 등, 2004).

딸기에 피해를 주는 선충으로는 딸기뿌리썩이선충(*P. penetrans*)과 사과뿌리썩이선충(*P. vulnus*)이 알려져 있다(Choi, 1977; Lamondia, 2002). 뿌리썩이선충은 이동성 내부 기생성 선충으로 식물 뿌리와 토양 사이를 오가며 기주 식물 뿌리에 국부적인 괴사 병반을 만든다(Dropkin, 1980). 뿌리썩이선충의 종 동정은 주로 두부, 꼬리 등의 형태와 각 부위별 크기를 근거로 하지만(Handoo와 Golden, 1989), 종내 변이가 심하여 종 동정에 어려움이 있는 것으로 보고된 바 있다(Taylor와 Jenkins, 1957). 국내에서 Han 등(2006)은 internal transcribed spacer (ITS)와 28S rRNA D3 유전자 분석을 통한 뿌리썩이선충의 종 동정을 시도하였으며, 국외에서는 뿌리썩이선충의 분자생물학적 종 동정을 위한 연구에 ITS rRNA와 28S rRNA D2-D3 expansion segments 유전자 부위를 많이 이용하고 있다(Luca 등, 2012; Palomares-Rius 등, 2010; Peetz와 Zasada, 2016).

국내에서 딸기는 1980년대 이후로 노지재배에서 시설재배로 재배양식이 변화되어 왔으며, 2012년의 딸기 재배 면적은 노지재배가 2%, 시설재배가 98%로 나타났다(Hur, 2013). 특히, 딸기는 9월에 정식하여 이듬해 4-5월까지 수확하는 작물로써, 재배 특성상 연작 및 장기재배로 인하여 식물기생선충에 의한 피해를 받아 수량의 감소가 증가하고 있다(Kim, 2001). 그러나 딸기 작부형태가 시설재배로 전환

된 이래로 식물기생선충의 발생실태에 관해 연구된 바가 미흡하며, 딸기 시설재배에서 발생하는 기생선충의 종류 및 피해조사와 피해경감을 위한 기술 개발이 시급한 실정이다. 이에 따라, 본 연구는 딸기 주산단지 시설재배지에 발생하는 식물기생선충의 종류와 분포 및 우점종을 조사하여 종합적 방제를 위한 기초자료로 활용하고자 수행하였다.

## 재료 및 방법

**딸기 시설재배지 토양 채집 및 선충 검경.** 2014년 11월부터 2015년 5월까지 충남의 3개 지역(논산, 공주, 부여), 전북의 2개 지역(익산, 완주), 전남의 2개 지역(담양, 곡성), 경북의 1개 지역(고령) 및 경남의 2개 지역(진주, 밀양)을 포함하는 총 10개 지역의 국내 딸기 주산단지 내 시설재배지로부터 170점의 토양시료를 채취하였다(Table 1). 채취한 토양을 골고루 섞어 선충의 밀도를 균일하게 하고 500 cm<sup>3</sup> 토양을 정량하여 토양현탁액을 만들었다. 토양현탁액을 60 mesh, 400 mesh 체로 순서대로 거른 후 400 mesh 체에 걸러진 유충을 모아 변형된 Baermann 깔때기 장치 위에 부어 48 시간 경과시켜 토양 내 선충을 분리하였다(Barker 등, 1985). 분리된 선충을 해부현미경(MZ12; Leica, Wetzlar, Germany) 아래서 50배율로 관찰하면서 형태학적으로 식물기생선충의 종류와 밀도를 조사하였다.

**주요 기생선충의 DNA추출.** 선충 한 마리로부터의 genomic DNA 추출은 필터페이퍼를 이용한 선충 체벽 파쇄법으로 수행하였다(Iwahori 등, 2000). 슬라이드글라스 위에 멸균한 방울을 떨어뜨린 다음, 진주지역 26개 포장 가운데 뿌리혹선충과 뿌리썩이선충이 검출되었던 각 10개, 19개 포장의 토양시료로부터 선충을 각각 15마리씩 표준집단으로 건져 슬라이드글라스 위의 멸균수에 올려놓았다. 해부현미경 아래서 선충의 체벽을 멸균된 필터페이퍼 조각으로 짓누르고 체벽이 파괴되면서 나오는 성분을 필터페이퍼에 묻혀 15  $\mu$ l의 proteinase K solution (2 M KCl, 10 mM Tris-HCl, 1 M MgCl<sub>2</sub>, 10% [w/v] Triton-X 100, 20.6 mg/ml Proteinase K)이 들어있는 0.2 ml의 PCR tube에 넣었다. 이를 PCR cycler (PTC-200; MJ Research, Alameda, CA, USA)에 넣고 60°C에서 30분, 94°C에서 10분의 lysis 과정을 거쳐 DNA를 추출하였다.

**주요 기생선충의 종합효소연쇄반응(PCR).** PCR은 분자생물학적 계통수 분석 시 종 구분이 뚜렷한 유전자 부

**Table 1.** Occurrence of root-knot nematode and root-lesion nematode on strawberry in plastic-house

Province	Location	No. of fields sampled	No. of fields RLN detected	RLN density/500 cm <sup>3</sup> soil	No. of fields RKN detected	RKN density/500 cm <sup>3</sup> soil
Chungnam	Nonsan	31	21	1,427 (3–11,010)	12	69 (3–360)
	Gongju	10	7	116 (3–666)	4	144 (12–486)
	Buyeo	13	5	115 (6–333)	5	103 (3–444)
	Total	54	33	961 (3–11,010)	21	91 (3–486)
Jeonbuk	Iksan	17	4	1,575 (9–5,790)	4	936 (20–3,600)
	Wanju	10	4	40 (3–145)	3	1,198 (90–3,210)
	Total	27	8	807 (3–5,790)	7	1,049 (20–3,600)
Jeonnam	Damyang	26	13	273 (3–1,755)	13	192 (3–1,692)
	Gokseong	19	14	287 (1–1,356)	4	14 (3–48)
	Total	45	27	281 (1–1,755)	17	150 (3–1,692)
Gyeongbuk	Goryeong	7	3	1,300 (21–3,822)	1	888 (888)
	Total	7	3	1,300 (21–3,822)	1	888 (888)
Gyeongnam	Jinju	26	21	1,847 (3–8,520)	14	430 (4–1,785)
	Miryang	11	4	227 (3–885)	3	246 (204–324)
	Total	37	25	1,588 (3–8,520)	17	397 (4–1,785)
Total		170	96	931 (1–11,010)	63	309 (3–3,600)

RKN, root-knot nematodes; RLN, root-lesion nematode. Values are presented as number only or mean (range). Investigation from November 26th, 2014 to December 20th, 2015.

위의 프라이머를 이용하여 수행하였다. 뿌리혹선충 2기 유충 mitochondrial DNA의 cytochrome c oxidase subunit II (COII)와 16S rRNA 부위 유전자 PCR을 위하여 forward primer #C2F3 (5'-GGTCAATGTTTCAGAAATTTGTGG-3')와 reverse primer #1108 (5'-TACCTTTGACCAATCACGCT-3')을 이용하였다(Powers와 Harris, 1993). 뿌리썩이선충 28S rRNA D2-D3 부위 유전자 PCR을 위하여 forward primer #D2A (5'-ACAAGTACCGTGAGGGAAAGTTG-3')와 #D3B (5'-TCGGAAGGAACCAGCTACTA-3')를 이용하였다(Nunn, 1992). PCR은 template DNA 3 µl, PCR premix (HelixAmp™ Ready-2X-Go Series; Nanohelix, Daejeon, Korea) 15 µl, forward와 reverse primer 각각 0.5 µl를 혼합한 다음 뿌리혹선충은 94°C에서 denaturation 1분, 48°C에서 annealing 2분, 68°C에서 extension 3분의 과정을 35회 반복하였다. 뿌리썩이선충은 94°C에서 denaturation 1분, 55°C에서 annealing 40초, 72°C에서 extension 1분의 과정을 35회 반복하였다. PCR 증폭산물은 1% 아가로오스겔, 1×TAE buffer (0.04 M Tris-acetate, 0.001 M ethylenediaminetetraacetic acid)에서 100 V, 25 mA로 30분간 전기영동한 다음 UV 장치 (UVCI-1100; Major science, New Taipei City, Taiwan)에서 증폭 여부를 확인하였다.

**DNA 염기서열을 이용한 계통수와 distance 분석.** 증폭산물은 PCR Purification Kit (Macherey-Nagel, Düren, Germany)를 이용하여 정제하였으며, (주)제노텍(GenoTech, Daejeon, Korea) 유전자분석센터에 염기서열분석을 의뢰하였다. 뿌리혹선충 mtDNA의 COII와 16S rRNA 사이 유전자와 뿌리썩이선충 28S rRNA D2-D3 유전자의 염기서열은 미국국립생물정보센터(National Center for Biotechnology Information, NCBI)에 등록된 데이터들과 함께 Clustal X 1.83의 기본값으로 정렬하였다. 분자생물학적 계통수는 MrBayes 3.2.6의 general time reversible substitution model (GTR+G)을 이용하여 작성하였으며(Vovlas 등, 2015), 종내·종간 변이율 분석을 위해 Mega 6.06의 Maximum composite Likelihood substitution model을 이용하여 distance 분석을 수행하였다. DNA 염기서열을 기반으로 한 계통수 분석과 distance 분석에 이용한 선충의 정보는 Table 2와 같다. 외집단분류군(outgroup)에서 뿌리혹선충은 Humphreys-Pereira 등(2014)의 계통수를 참고하였으며, 뿌리썩이선충은 Palomares-Rius 등(2010)을 참고하였다.

**Table 2.** The information of nematode samples detected from Jinju, Korea and used in phylogenetic analysis

Nematodes	NCBI no.	Sample no.*	Location
Females, males and juveniles of <i>Pratylenchus</i> spp.	KX845361	JJP03	Changchon-ri
	KX845362	JJP04	Changchon-ri
	KX845363	JJP06	Wonnae-ri
	KX845364	JJP09	Wongye-ri
	KX845365	JJP10	Wongye-ri
	KX845366	JJP11	Wongye-ri
	KX845367	JJP12	Wongye-ri
	KX845368	JJP13	Wongye-ri
	KX845369	JJP15	Changchon-ri
	KX845370	JJP16	Changchon-ri
	KX845371	JJP17	Wonnae-ri
	KX845372	JJP18	Wonoe-ri
	KX845373	JJP19	Wonoe-ri
	KX845374	JJP20	Wonoe-ri
	KX845375	JJP21	Wonoe-ri
	KX845376	JJP23	Wonoe-ri
	KX845377	JJP24	Wonoe-ri
	KX845378	JJP25	Wonoe-ri
	KX845379	JJP26	Wonoe-ri
	Second-stage juveniles of <i>Meloidogyne</i> spp.	KX845343	JJ03-01 <sup>†</sup>
KX845344		JJ04-01	Changchon-ri
KX845345		JJ04-02	Changchon-ri
KX845346		JJ12-01	Wongye-ri
KX845347		JJ13-01	Wongye-ri
KX845348		JJ13-02	Wongye-ri
KX845349		JJ14-01	Changchon-ri
KX845350		JJ14-02	Changchon-ri
KX845351		JJ17-01	Wonnae-ri
KX845352		JJ17-02	Wonnae-ri
KX845353		JJ21-01	Wonoe-ri
KX845354		JJ21-02	Wonoe-ri
KX845356		JJ23-01	Wonoe-ri
KX845357		JJ23-02	Wonoe-ri
KX845358		JJ25-01	Wonoe-ri
KX845359		JJ25-02	Wonoe-ri
KX845360	JJ26-01	Wonoe-ri	

NCBI, National Center for Biotechnology Information.

\*Field number.

<sup>†</sup>Field number-nematode strain.

## 결과 및 고찰

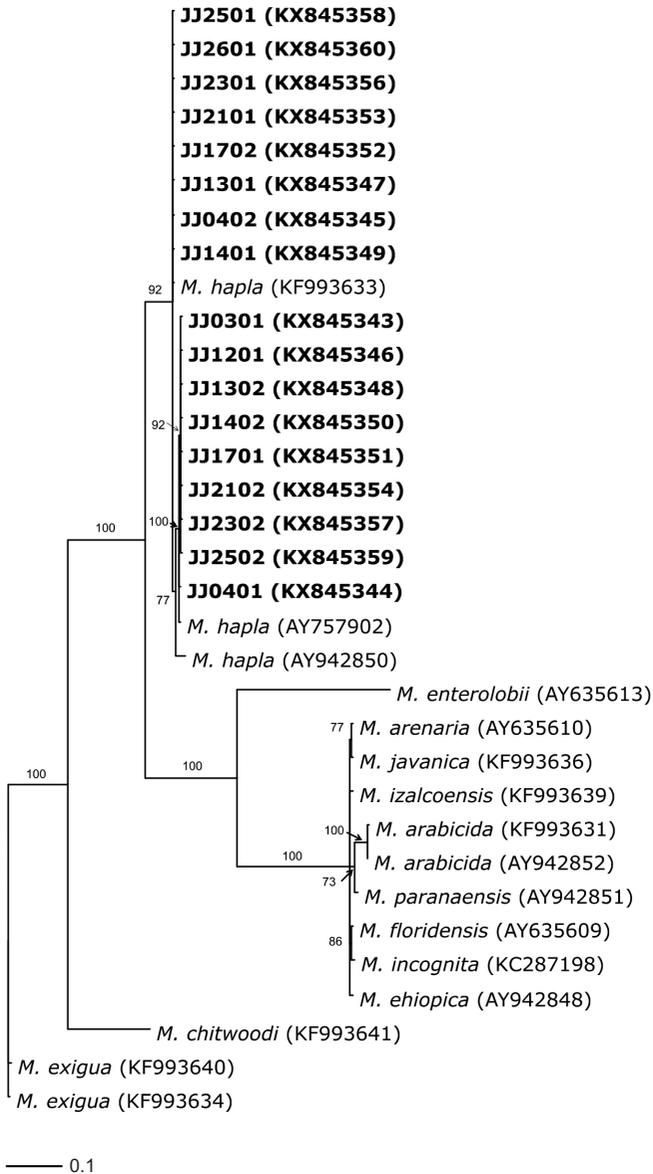
**딸기 시설재배지의 식물기생선충 감염 현황.** 2014년 11월부터 2015년 5월까지 국내 딸기 주산단지 시설재배 포장에서 총 170개의 토양을 채취하여 식물기생선충 발생현황을 조사한 결과, 뿌리혹선충(*Meloidogyne*), 뿌리썩이선충(*Pratylenchus*), 나선선충(*Helicotylenchus*), 궁침선충(*Trichodorus*) 등의 식물기생선충이 검출되었다. 170개 포장에서 검출된 식물기생선충 가운데 뿌리혹선충이 63개 포장(37.1%), 뿌리썩이선충이 96개 포장(56.5%)에서 검출되었다(Table 3). 뿌리혹선충과 뿌리썩이선충이 검출된 총 115개 포장 가운데 뿌리혹선충과 뿌리썩이선충이 단독으로 검출된 포장은 각각 19개(16.5%)와 52개(45.2%) 포장으로 나타났다. 반면, 44개(38.8%) 포장은 뿌리혹선충과 뿌리썩이선충이 복합감염되어 있었다(Table 4).

Dickerson 등(2000)이 제시한 딸기의 경제적 피해허용수준(economic threshold, ET) 이상의 밀도로 검출된 포장은 뿌리혹선충이 검출된 63개 포장 가운데 34개 포장, 뿌리썩이선충이 검출되었던 96개 포장 가운데 39개 포장으로 나타났다(ET: 뿌리혹선충 2기 유충 50마리/토양 500 cm<sup>3</sup>, 뿌리썩이선충 250마리/토양 500 cm<sup>3</sup>). 참선충(Tylenchidae)은 61개 포장에서 검출되었으나 토양에서 일반적으로 검출되는 선충으로 딸기에 피해를 일으키지 않는다고 하였다(Choi, 1977). 이러한 결과로 볼 때 딸기 시설재배지에서 가장 문제되는 식물기생선충은 뿌리혹선충과 뿌리썩이선충으로 판단되며, 1977년 Choi에 의해 보고된 국내 노지재배 딸기의 문제 선충과 동일하였다.

한편으로, Choi (1977)에 의하면 딸기의 노지재배 포장에서는 주름선충(*Criconemoides*), 위축선충(*Tylenchorhynchus*), 침선충(*Paratylenchus*), 잎선충(*Aphelenchoides*)과 바이러스를 매개하는 창선충(*Xiphinema*) 등 10가지 속(genus)의 식물기생선충이 검출되어 비교적 다양한 선충상을 나타냈으나, 시설재배지 조사 결과 5가지 속의 식물기생선충이 검출되어 비교적 단순한 식물기생선충상을 보였다(Table 3). 딸기 노지재배지에서는 재배작물 이외에 잡초와 같은 다양한 기주식물이 수시로 존재하지만, 시설재배지에서는 단일작물의 연작, 주년재배로 기주식물이 딸기에 국한되므로 토양 내 식물기생선충상이 비교적 단순하게 나타난 것으로 생각된다.

딸기 주산단지의 지역별 뿌리혹선충 발생현황은 경남지역이 46%로 가장 높은 검출률을 보였으며 충남 39%, 전남 38%로 나타났고, 주산단지인 진주, 담양 및 논산지역이 각





**Fig. 2.** Bayesian tree inferred from mitochondrial DNA between cytochrome c oxidase subunit II (*COII*) and 16S rRNA region sequences dataset with general time reversible substitution model (GTR+G) substitution model of *Meloidogyne*. Posterior probability was given more than 50% is given on appropriate clades. The newly obtained sequences of *Meloidogyne* species from strawberry fields in Jinju, Korea were indicated in bold.

진주시 수곡면 19개 포장에서 검출된 뿌리썩이선충을 DNA 염기서열을 기반으로 general time reversible substitution model (GTR+G)을 통한 계통수 분석과 distance 분석을 수행한 결과, 분석에 이용된 뿌리썩이선충의 종내 변이율은 0.2%로 나타났다. NCBI에 기등록되어 있는 *P. vulnus* (EU130888)를 포함한 종내 변이는 0.4%로 다소 높았다. 그러나 근연종과의 종간 변이율을 분석한 결과 *P. vulnus*

(EU130888)와는 2.9%, *P. penetrans* (EU130863)와는 48.1%, *P. dunensis* (AM231943)와는 49.8%의 종간 변이율을 보였다. 이러한 결과에 따라 진주시 수곡면 19개 포장에서 검출된 뿌리썩이선충은 모두 사과뿌리썩이선충(*P. vulnus*)으로 동정되었다(Fig. 1).

진주시 수곡면 10개 포장에서 검출된 뿌리혹선충을 DNA 염기서열을 기반으로 GTR+G를 통한 계통수 분석과 DNA 염기서열을 이용한 distance 분석을 수행한 결과, 분석에 이용된 뿌리혹선충의 종내 변이율은 0.7%로 나타났다. NCBI에 기등록되어 있는 *M. hapla* 3개 계통(KF993633, AY757902, AY942850)을 포함한 종내 변이는 0.9%로 다소 높았다. 근연종과의 종간 변이율 분석 결과 *M. hapla* (KF993633)와는 0.9%, *M. hapla* (AY757902)와는 2.5%, *M. hapla* (AY942850)와는 0.9%, *M. arenaria* (AY635610)와는 37.9%, *M. incognita* (KC287198)와는 38.1%의 종간 변이율을 보였다. 이러한 결과에 따라 진주시 수곡면 10개 포장에서 검출된 뿌리혹선충은 모두 당근뿌리혹선충(*M. hapla*)으로 동정되었다(Table 2, Fig. 2). 한편, 진주에서 검출된 당근뿌리혹선충은 NCBI에 기등록되어 있는 KF993633 계통의 당근뿌리혹선충과 AY757902 계통의 당근뿌리혹선충이 검출되었다. 이에 따라, 진주 딸기 시설재배지에는 동일한 포장에 두 가지 계통의 당근뿌리혹선충이 존재하는 것으로 생각된다(Fig. 2).

연구 결과에 따라, 진주시 수곡면 딸기 시설재배지에서 뿌리썩이선충은 사과뿌리썩이선충(*P. vulnus*), 뿌리혹선충은 당근뿌리혹선충(*M. hapla*)이 우점하고 있는 것으로 생각된다. 당근뿌리혹선충은 고구마뿌리혹선충(*M. incognita*)이나 땅콩뿌리혹선충(*M. arenaria*)보다 영하 2°C와 같은 비교적 저온에서도 생존률이 강하기 때문에 축성재배로 인해 주로 겨울에 재배되는 딸기 시설재배지의 우점종으로 나타난 것으로 생각된다(Park, 1979). 사과뿌리썩이선충이 우점하는 현상도 뿌리혹선충과 마찬가지로 최저 생육온도와 큰 연관성이 있을 것으로 판단되나 추가적인 연구가 필요하다. 또한, 온도, 지역 및 서식환경 등에 따라 우점종이 달라질 수 있으므로 진주 이외의 논산, 담양 등 딸기 주산단지에 대한 종 동정 및 우점종에 대한 추가적인 분석이 필요하다.

본 연구결과를 토대로 진주지역에서 식물기생선충이 이미 감염된 딸기 시설재배지는 당근뿌리혹선충과 사과뿌리썩이선충이 우점하고 있다는 점을 염두에 두고 선충 전용 약제, 선충 밀도감소용 녹비작물이나 윤작작물을 선택하는 등 종합적 방제 대책을 수립해야 할 것이다.

## 요 약

국내 딸기 주산단지 시설재배지 170개 포장으로부터 토양시료를 채취하여 식물기생선충을 조사한 결과, 농업적으로 중요한 뿌리썩이선충이 96개 포장(56.5%), 뿌리혹선충이 63개 포장(37.1%)에서 검출되었다. 이 중 44개 포장은 뿌리썩이선충과 뿌리혹선충이 복합감염된 것으로 나타났다. 뿌리썩이선충과 뿌리혹선충의 도별 발생은 경남지역이 각각 68%와 46%, 시·군별로는 진주시가 81%와 54%로 가장 높았다. 국내 최대의 딸기 수출재배단지이자 식물기생선충의 검출률이 가장 높았던 진주시의 뿌리썩이선충과 뿌리혹선충의 종 동정 결과, 사과뿌리썩이선충(*P. vulnus*), 당근뿌리혹선충(*M. hapla*)이 우점하고 있는 것으로 나타났다.

## Conflicts of Interest

No potential conflict of interest relevant to this article was reported.

## Acknowledgement

This research was supported by a grant (Project No. 010929) from Rural Development Administration, Republic of Korea.

## References

- Barker, K. R., Carter, C. C. and Sasser, J. N. 1985. An Advanced Treatise on *Meloidogyne*. Volume II: Methodology. Department of Plant Pathology, North Carolina State University, Raleigh, NC, USA. 223 pp.
- Brown, D. J. F., Dalmaso, A. and Trudgill, D. L. 1993. Nematode pests of soft fruits and vines. In: Plant Parasitic Nematodes in Temperate Agriculture, eds. by K. Evans, D. L. Trudgill and J. M. Webster, pp. 427-462. CAB International, Wallingford, UK.
- Cho, M. R., Lee, B. C., Kim, D. S., Jeon, H. Y., Yiem, M. S. and Lee, J. O. 2000. Distribution of plant-parasitic nematodes in fruit vegetable production areas in Korea and identification of root-knot nematodes by enzyme phenotypes. *Korean J. Appl. Entomol.* 39: 123-129.
- Cho, M. R., Lee, Y. G., Kim, J. S. and Yoo, D. L. 2006. Occurrence of plant-parasitic nematodes in major potato production areas and PCR identification of root-knot nematodes. *Korean J. Appl. Entomol.* 45: 79-85.
- Choi, Y. E. 1977. Studies on plant-parasitic nematodes associated with strawberry. *Res. Rev. Kyungpook Natl. Univ.* 23: 309-316.
- Choi, Y. E. 2001. Economic Insects of Korea 20: Tylenchida, Aphelenchida (Nematoda). National Institute of Agricultural Science & Technology, Suwon, Korea. 391 pp.
- Dickerson, O. J., Blake, J. H. and Lewis, S. A. 2000. Nematode Guidelines for South Carolina. Clemson Extension, Clemson, SC, USA. 36 pp.
- Dropkin, V. H. 1980. Introduction to Plant Nematology. John Wiley & Sons, New York, NY, USA. 293 pp.
- Edwards, W. H., Jones, R. K. and Schmitt, D. P. 1985. Host suitability and parasitism of selected strawberry cultivars by *Meloidogyne hapla* and *M. incognita*. *Plant Dis.* 69: 40-42.
- Eisenback, J. D., Hirschmann, H., Sasser, J. N. and Triantaphyllou, A. C. 1981. A Guide to the Four Most Common Species of Root-Knot Nematodes (*Meloidogyne* spp.), with a Pictorial Key. North Carolina State University and U.S. Agency for International Development, Raleigh, NC, USA. 111 pp.
- Esnard, J. and Zukerman, B. M. 1998. Small fruits. In: Plant and Nematode Interactions, eds. by K. R. Barker, G. A. Pederson and G. L. Windham, pp. 685-725. American Society of Agronomy, Madison, WI, USA.
- Han, H. R., Cho, M. R., Jeon, H. Y., Lim, C. K. and Jang, H. I. 2004. PCR-RFLP identification of three major *Meloidogyne* species in Korea. *J. Asia-Pacific Entomol.* 7: 171-175.
- Han, H., Lee, J. K., Choi, D. R., Han, M. J. and Park, B. Y. 2006. Occurrence of plant parasitic nematodes in chrysanthemum and ITS and D3-28S rDNA characterization of *Pratylenchus* spp. *Korean J. Appl. Entomol.* 45: 293-299.
- Handoo, Z. A. and Golden, A. M. 1989. A key and diagnostic compendium to the species of the genus *Pratylenchus* Filipjev, 1936 (lesion nematodes). *J. Nematol.* 21: 202-218.
- Humphreys-Pereira, D. A., Flores-Chaves, L., Gomez, M., Salazar, L., Gomez-Alpizar, L. and Elling, A. A. 2014. *Meloidogyne lopezi* n. sp. (Nematoda: Meloidogynidae), a new root-knot nematode associated with coffee (*Coffea arabica* L.) in Costa Rica, its diagnosis and phylogenetic relationship with other coffee-parasitising *Meloidogyne* species. *Nematology* 16: 643-661.
- Hur, T. W. 2013. Agriculture, Food and Rural Affairs Statistics Yearbook. Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs, Seoul, Korea. 387 pp.
- Iwahori, H., Kanzaki, N. and Futai, K. 2000. A simple, polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism-aided diagnosis method for pine wilt disease. *For. Pathol.* 30: 157-164.
- Kim, D. G. 2001. Occurrence of root-knot nematodes on fruit vegetables under greenhouse conditions in Korea. *Res. Plant Dis.* 7: 69-79.
- Lamondia, J. A. 2002. Seasonal populations of *Pratylenchus penetrans* and *Meloidogyne hapla* in strawberry roots. *J. Nematol.* 34: 409-413.
- Luca, F. D., Troccoli, A., Duncan, L. W., Subbotin, S. A., Waeyenberge, L., Coyne, D. L., Brentu, F. C. and Inserra, R. N. 2012. *Pratylenchus speijeri* n. sp. (Nematoda: Pratylenchidae), a new root-lesion nematode pest of plantain in West Africa. *Nematology* 14: 987-1004.
- Nunn, G. B. 1992. Nematode molecular evolution. An investigation of evolutionary patterns among nematodes based upon

- DNA sequences. Ph.D. thesis. University of Nottingham, Nottingham, UK. 187 pp.
- Palomares-Rius, J. E., Castillo, P., Liebana, G., Vovlas, N., Landa, B. B., Navas-Cortes, J. A. and Subbotin, S. A. 2010. Description of *Pratylenchus hispaniensis* n. sp. from Spain and considerations on the phylogenetic relationship among selected genera in the family Pratylenchidae. *Nematology* 12: 429-451.
- Park, S. J. 1979. Effect of soil moisture and temperature on the survival of the root-knot nematodes (*Meloidogyne incognita*, *Meloidogyne arenaria* and *Meloidogyne hapla*). *J. Korean Soc. Tob. Sci.* 1: 39-45.
- Peetz, A. B. and Zasada, I. A. 2016. Species-specific diagnostics using a  $\beta$ -1,4-endoglucanase gene for *Pratylenchus* spp. occurring in the Pacific Northwest of North America. *Nematology* 18: 1219-1229.
- Powers, T. O. and Harris, T. S. 1993. A polymerase chain reaction method for identification of five major *Meloidogyne* species. *J. Nematol.* 25: 1-6.
- Taylor, D. P. and Jenkins, W. R. 1957. Variation within the nematode genus *Pratylenchus* with the descriptions of *P. hexincisus* n. sp. and *P. subpenetrans* n. sp. *Nematologica* 2: 159-174.
- Vovlas, N., Vovlas, A., Leonetti, P., Liebana, G., Castillo, P., Subbotin, S. A. and Rius, J. E. P. 2015. Parasitism effects on white clover by root-knot and cyst nematodes and molecular separation of *Heterodera daverti* from *H. trifolii*. *Eur. J. Plant Pathol.* 143: 833-845.
- Xu, J., Liu, P., Meng, Q. and Long, H. 2004. Characterisation of *Meloidogyne* species from China using isozyme phenotypes and amplified mitochondrial DNA restriction fragment length polymorphism. *Eur. J. Plant Pathol.* 110: 309-315.