

한국의 딸기세균모무늬병 발생분포 및 딸기세균모무늬병균 특성조사

Distribution of Bacterial Angular Leaf Spot of Strawberry and Characterization of *Xanthomonas fragariae* Strains from Korea윤명주¹ · 명인식^{1*} · 이재연¹ · 김유신¹ · 이용환² · 김대영³ · 이영기¹¹농촌진흥청 국립농업과학원 작물보호과, ²농촌진흥청 농촌지원국 재해대응과, ³농촌진흥청 국립원예특작과학원 채소과Myung-Ju Yoon¹, Inn-Shik Myung^{1*}, Jae-Yeon Lee¹, You-Shin Kim¹, Yong-Hwan Lee², Dae-Young Kim³, and Young-Ki Lee¹¹Crop Protection Division, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea²Disaster Management Division, Extension Service Bureau, Rural Development Administration, Jeonju 54875, Korea³Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

*Corresponding author

Tel: +82-63-238-3276

Fax: +82-63-238-3838

E-mail: ismyung@rda.go.kr

Nationwide survey for angular leaf spot (ALS) of strawberry caused by *Xanthomonas fragariae*, a quarantine disease in Korea, was performed in November 2012. In the survey, ALS was observed in eighty eight farmers' fields of Sukok, Jinju and Okjong, Hadong in Gyeongnam Province, and one field in Namwon of Jeollabuk Province. The infected field of Namwon closed immediately after the disease diagnosed ALS. In detailed survey of Sukok and Okjong areas during February 2012 to January 2015, ALS occurrence decreased from 45% farmer's fields on December 2012 to 5% on January 2015, and from 38% on November 2013 to 5% on January 2015, respectively. Phenotypic characteristics of the Korean strains were similar to those of the type strain of *X. fragariae*. A multilocus sequence analysis of Korean strains of *X. fragariae* was conducted using four genes; *dnaK*, *fyuA*, *gyrB*, and *rpoD*. All the Korean strains had the same sequences of the four genes. The concatenated sequences of the Korean strains shared 100% with that of the type strain of *X. fragariae*. All strawberry cultivars tested were susceptible to the strains of *X. fragariae* two weeks after inoculation. The inoculated sites were necrosis and expanded, which were rated 4 based on evaluation of inoculation site.

Keywords: Angular leaf spot, Characteristics, Distribution, Strawberry, *Xanthomonas fragariae*

Received October 29, 2015

Revised March 7, 2016

Accepted March 17, 2016

서 론

한국에서 딸기 재배면적은 6,890 ha이고, 연간 생산량은 316,803톤이다(Ministry of Agriculture, Food and Rural

Affairs, 2014). 딸기세균병은 1962년 미국 미네소타에서 *Xanthomonas fragariae*에 의한 딸기세균모무늬병(bacterial angular leaf spot of strawberry) (Kennedy와 King, 1962a)과 이탈리아 체제나(Cesena)에서 *X. arboricola* pv. *fragariae*에 의한 딸기세균잎마름병(bacterial leaf blight of strawberry) (Janse 등, 2001)이 보고되었다. 한국에서는 2010년 7월 경상남도 진주시 수곡면과 하동군 옥동면에서 *X. fragariae*에 의한 딸기세

Research in Plant Disease

©The Korean Society of Plant Pathology
pISSN 1598-2262, eISSN 2233-9191

균모무늬병 발생이 보고되었다(Kwon 등, 2010).

딸기세균모무늬병은 딸기생산에 중요한 병이다. 본 병에 의한 경제적 손실은 정확히 기록되어 있지 않으나 미국 플로리다에서 연간 8% (Roberts 등, 1997), 위스콘신에서 75% (Epstein, 1996), 유럽에서 10%–20% (Elphinston, 2005) 생산량을 감소시키는 것으로 알려져 있다. 또한, 꽃받침 감염에 의하여 상품성을 저하시킨다(Maas 등, 1995). 그리고 엽병과 지제부에 병이 발생하면 전신 감염되어 묘가 죽게 된다(Hildebrand 등, 1967). *X. fragariae*는 유럽지중해식물보호기구에 A2 검역병원균으로 등재되어 있고(European and Mediterranean Plant Protection Organization, 2010), 국내에도 국가 검역대상으로 등록되어 있다(National Plant Quarantine Service, 2008). 특히, 유럽으로 재식용 딸기를 수출하려면 고강도의 식물검역과정을 거쳐야 한다.

본 병의 국내 발생보고(Kwon 등, 2010)로 2012년 농촌진흥청 외래병해충 방제대책회의에서 딸기세균모무늬병의 공적방제 필요성이 결정되었다. 이후 병 확산을 억제하기 위하여 2013년 3월부터 병 발생 지역과 인근 지역의 딸기재배농가를 대상으로 딸기세균모무늬병과 병 발생 억제 방법에 관한 교육 및 홍보를 시작하였다. 딸기세균모무늬병의 화학적 방제는 어렵다. 스트렙토마이신과 옥시테트라사이클린 같은 항생제는 병원세균 자체에 대해 효과적(Alippi 등, 1989)이나 포장에서 사용할 때 약제 저항성균이 출현될 수 있고(Stall과 Thayer, 1962), 현재까지 딸기세균모무늬병균 방제용 등록된 항생제가 없다(Roberts 등, 1997). 딸기세균모무늬병은 건전한 모종 사용, 재배지 습도와 양분관리, 보호살균제 살포 등의 방법으로 예방하고 있다. 병이 발생되면 동제 화합물과 만코제브 혼합물 살포로 병을 억제시킬 수 있으나 이들 화합물의 잦은 살포는 식물에 독성을 끼칠 수 있다(Conover와 Gerhold, 1981; Marco와 Stall, 1983; Roberts 등, 1997). 그러므로 저항성 품종 재배가 가장 효과적인 딸기세균모무늬병 방제수단이다. 그러나 현재 국내에는 딸기세균모무늬병에 대한 재배품종 저항성 조사가 없다.

본 연구에서는 딸기세균모무늬병 공적 방제를 위한 병 발생 지역을 확인하고, 병 발생 지역에서 경시적 병 발생을 조사하였다. 그리고 국내에서 분리된 딸기세균모무늬병균의 생리생화학적, 유전학적 특성과 국내 재배되고 있는 딸기품종들의 저항성 특성 등을 조사하였다.

재료 및 방법

딸기세균모무늬병 발생조사. 2012년 11월 충청남도

제주도를 제외한 전국 1,482개 딸기재배농가에서 딸기세균모무늬병 발생을 조사하였다. 또한 2012년 1월부터 2015년 1월까지 딸기세균모무늬병이 처음 발견된 진주시 수곡면과 하동군 옥동면 딸기재배포장에서 딸기세균모무늬병 발생 변화를 관찰하였다. 수곡면과 하동군의 딸기재배포장을 임의로 각 40포장을 선정하여 각 재배포장에서 병 발생을 조사하였다.

병원균분리. 2011년 10월 경남 진주시 수곡면과 하동군 옥동면에서 딸기세균모무늬병 증상이 있는 병든 조직을 수거하여 실험실에서 병원세균을 분리하였다. 딸기세균모무늬병징이 있는 조직을 70% 알코올에 30초 동안 표면살균하였다. 표면살균된 병든 부위를 작은 조각으로 자르고 50 µl 살균수에 담근 후 살균된 루프로 마쇄하였다. 마쇄된 현탁액을 살균된 플라스틱 루프에 묻혀 yeast extract-dextrose-CaCO₃ (YDC) 한천 배양기에 획선배양하였다. 접종된 배양기를 26°C에서 4–7일 배양하여 병원세균을 분리하였다. 순수 분리된 병원균은 20% glycerol 용액에 혼합 후 70°C 보관하여 필요할 때 사용하였다(Table 1).

딸기재배. 딸기는 25°C–28°C, 상대습도 75%로 유지되는 국립농업과학원 유리온실에서 재배하였다. 상토가 담긴 포트에 이식된 유묘는 삼출엽(trifoliolate)이 충분히 확대되었을 때 분리된 세균의 병원성 검정과 딸기세균모무늬병균 BC3191과 BC3195에 대한 딸기 품종들의 저항성 평가에 사용되었다.

병원성 검정. 분리된 세균은 매향을 대상으로 병원성을 검정하였다. YDC 배양기에서 수거된 세균을 OD₆₀₀=0.1 (~10⁸ colony forming unit/ml) 농도로 조정하였다. 세균현탁액을 살균된 1 ml 주사기에 넣고 주사바늘을 제거한 후 앞 뒷면에 수침상이 보일 때까지 주입하였다. 병원균이 주입된 앞은 투명 플라스틱 상자에 넣고 7일 후 관찰하였다. 병든 부위에서 위에서 설명한 것과 같이 병원세균을 YDC 배양기에서 재분리하였다. 재분리된 세균의 균총 형태와 색을 접종된 균과 비교하여 확인하였다.

생리·생화학반응조사. 생리·생화학반응에 사용된 세균은 YDC 배양기에서 26°C, 72시간 동안 배양하여 사용하였다. 분리된 딸기세균모무늬병균의 생리·생화학반응 조사는 Schaad 등(2001)의 추천에 따라 수행하였다. YDC 배양기에서 점질생장은 접종 72시간 후 조사하였다. Gram 반

Table 1. Strains of *Xanthomonas fragariae* used in this study, and GenBank accession numbers

Bacterial name (strain source*)	Code No.	Location	Isolation year	GenBank accession number				Reference
				<i>dnaK</i>	<i>fyuA</i>	<i>gyrB</i>	<i>rpoD</i>	
<i>X. fragariae</i> (LMG 708 ^T)	BC 2719	USA	1960	KT886342	KT886357	KT886372	KT886381	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3161	Okjong, Hadong	2010	KT886343	KT886358	KT886373	KT886382	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3162	Okjong, Hadong	2010	KT886344	KT886359	KT886374	KT886383	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3163	Okjong, Hadong	2010	NT	NT	NT	NT	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3164	Okjong, Hadong	2010	NT	NT	NT	NT	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3165	Sukok, Jinju	2010	KT886345	KT886360	KT886375	KT886384	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3166	Sukok, Jinju	2010	KT886346	KT886361	KT886376	KT886385	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3167	Sukok, Jinju	2010	KT886347	KT886362	KT886377	KT886386	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3168	Sukok, Jinju	2010	NT	NT	NT	NT	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3169	Sukok, Jinju	2010	KT886348	KT886363	KT886378	KT886387	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3181	Sukok, Jinju	2010	NT	NT	NT	NT	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3187	Sukok, Jinju	2010	KT886349	KT886364	KT897896	KT886388	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3190	Okjong, Hadong	2010	KT886350	KT886365	KT271475	KT886389	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3191	Okjong, Hadong	2011	KT886351	KT886366	KT886379	KT886390	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3192	Okjong, Hadong	2011	KT886352	KT886367	KT271476	KT886391	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3193	Sukok, Jinju	2011	KT886353	KT886368	KT271477	KT886392	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3194	Sukok, Jinju	2011	NT	NT	NT	NT	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3195	Okjong, Hadong	2011	KT886354	KT886369	KT271479	KT886393	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3196	Okjong, Hadong	2011	KT886355	KT886370	KT271480	KT886394	This study
<i>X. fragariae</i>	BC 3197	Sukok, Jinju	2011	NT	NT	NT	NT	This study
<i>X. arboricola</i> pv. <i>fragariae</i> (CFBP 6771 ^{PT})	BC 2633	Cesena, Italy	1993	KT886341	KT886356	KT886371	KT88638	This study
<i>X. arboricola</i> (ICMP 35 ^T)		New Zealand	1957	EU498750	EU498852	EU498951	EU499070	Young and Park, 2007
<i>X. bromi</i> (ICMP 12545 ^T)		France	1980	EU498837	EU498937	EU499052	EU499172	Young and Park, 2007
<i>X. campestris</i> (ICMP 13 ^T)		United Kingdom	1957	EU498747	EU498849	EU498948	EU499067	Young and Park, 2007
<i>X. cassavae</i> (ICMP 204 ^T)		Malawi	1977	EU498759	EU498861	EU498965	EU499084	Young and Park, 2007
<i>X. codiae</i> (ICMP 9513 ^T)		USA	1987	EU498822	EU498922	EU499038	EU499158	Young and Park, 2007
<i>X. curcubitae</i> (ICMP 2299 ^T)		New Zealand	1968	EU498780	EU498882	EU498989	EU499108	Young and Park, 2007
<i>X. cynarae</i> (ICMP 16775 ^T)		France	1996	EU498846	EU498946	EU499061	EU499181	Young and Park, 2007
<i>X. fragariae</i> (ICMP 659)		USA	-	EU498773	EU498773	EU498875	EU499098	Young and Park, 2007
<i>X. fragariae</i> (ICMP 5797)		Australia	-	EU498799	EU498901	EU499012	EU499131	Young and Park, 2007
<i>X. fragariae</i> (ICMP 6646)		Australia	1975	EU498806	EU498908	EU499019	EU499138	Young and Park, 2007
<i>X. gardneri</i> (ICMP 16689 ^T)		Yugoslavia	1953	EU498843	EU498943	EU499058	EU499178	Young and Park, 2007
<i>X. hortorum</i> (ICMP 453 ^T)		USA	1943	EU498769	EU498871	EU498975	EU499094	Young and Park, 2007
<i>X. oryzae</i> (ICMP 3125 ^T)		India	1965	EU498784	EU498886	EU498993	EU499112	Young and Park, 2007
<i>X. perforans</i> (ICMP 16690 ^T)		USA	2006	EU498884	EU498944	EU499059	EU499179	Young and Park, 2007
<i>X. pisi</i> (ICMP 570 ^T)		Japan	1957	EU498770	EU498872	EU498976	EU499095	Young and Park, 2007
<i>X. populi</i> (ICMP 5816 ^T)		France	1957	EU498801	EU498903	EU499014	EU499133	Young and Park, 2007
<i>X. vasicola</i> (ICMP 3103 ^T)		New Zealand	1969	EU498783	EU498885	EU498992	EU499111	Young and Park, 2007
<i>X. vesicatoria</i> (ICMP 63 ^T)		New Zealand	1955	EU498753	EU498855	EU498954	EU499073	Young and Park, 2007

NT, not tested; -, isolated year is unclear.

*LMG, from the Belgian Co-ordinated Collections of Micro-organism (BCCM), Gent, Belgium; CFBP, The Collection of Plant Pathogenic Bacteria, France; T, type strain; PT, pathotype strains.

응은 KOH 조사(Suslow 등, 1982)로 대신하였다. 35°C에서 생장은 변형된 yeast salts agar (YS; 증류수 1 l당 NH₄H₂PO₄ 0.5 g, K₂HPO₄ 0.5 g, MgSO₄·7H₂O 0.2 g, NaCl 5.0 g, yeast extract 1.0 g, cresol red 16.0 mg, urea 20.0 g) 배양기에 접종 12일 후 병

원세균생장을 조사하였다. SX 배양기(증류수 1 l당 starch [soluble-potato] 10.0 g, beef extract 1.0 g, ammonium chloride 5.0 g, K₂HPO₄ 2.0 g, methy violet 2B 10 mg, methy green 20 mg, cycloheximide 50 mg)에서 생장은 Schaad와 White (1974)의

방법으로 조사하였다. 전분 가수분해 조사는 NSCAA 배양기 (증류수 1 l당 nutrient agar 23.0 g, starch [soluble-potato] 15.0 g, cycloheximide 50 mg, nitrofurantoin 10 mg, vancomycin 0.5 mg)를 사용하여 Randhawa와 Schaad (1984)의 방법으로 조사하였다. Esculin 가수분해는 YS 배양기에 ferric ammonium citrate 0.05%와 esculin 0.1%를 첨가하여 pH 6.8로 조정된 배양기에서 접종 후 28일 동안 조사하였다. 단백질가수분해와 litmus milk 조사는 살균된 skim milk에 0.004% bromocresol purple이 첨가된 배양기에서 조사하였다. 빙핵생성(ice nucleation)은 Handelsman 등(1996)의 방법으로 조사하였다. King's B 배양기에서 3일 배양된 세균을 살균된 ultra-pure water에 현탁시켰다. 현탁액을 -10°C에서 10분 후 빙핵형성을 조사하였다. Arabinose를 이용한 산생성과 세균생장에 glycerol과 melibiose 이용은 Dye (1968)의 배양기 C (증류수 1 l당 NH₄H₂PO₄ 0.5 g, K₂HPO₄ 0.5 g, MgSO₄·7H₂O 0.2 g, NaCl 5 g, yeast extract 1 g, agar 12 g, bromocresol purple 0.7 ml of 1.5% alcohol solution; pH 6.8)에 arabinose, glycerol, melibiose를 0.5% 첨가한 배양기에서 14일까지 조사하였다.

핵산 분리 및 PCR. 분리된 세균을 YDC 배양기에 접종 후 5일 동안 26°C에서 배양하였다. 배양된 세균을 수거하여 QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN, Hilden, Germany)를 사용하여 제조사 추천방법으로 핵산을 분리하였다.

핵산증폭은 50 µl 반응액에서 수행하였다. PCR 반응액 조성은 핵산 20 ng, Taq DNA polymerase 0.2 U, dNTP 200 µM, MgCl₂ 1.5 mM, 프라이머 10 pmole이었다.

딸기세균모무늬병균의 chaperone protein (*dnaK*), TonB-dependent receptor (*fyuA*), DNA gyrase subunit B (*gyrB*), RNA polymerase sigma factor (*rpoD*) 유전자를 분석하였다 (Young과 Park, 2007). PCR 증폭은 상기 PCR 반응액 조성으로 94°C에서 3분 동안 핵산을 변성시킨 후 94°C에서 30초, 57°C에서 30초, 72°C에서 1분 과정을 30회 반복하고 72°C에서 10분 동안 최종 증폭하였다. PCR 증폭 및 유전자 염기서열분석을 위하여 *dank* 유전자에 대하여 XdanK1F (5'-GGTGGAAAGACCTGGTCAAGA-3')/XdnaK1R (5'-TCCTTGACYTCGGTGAAGCTC-3'), *fyuA* 유전자에 대하여 XfyuA1F (5'-AGCTACGAYGTGCGYTACGA-3')/XfyuA1R (5'-GTTCCACGCCRAACTGGTAG-3'), *gyrB* 유전자에 대하여 XgyrB1F (5'-ACGAGTACAACCCGGACAA-3')/XgyrB1R (5'-CCCATCARGGTGCTGAAGAT-3'), *rpoD* 유전자에 대하여 XrpoD1F (5'-TGGAACAGGGCTATCTGACC-3')/XrpoD1R (5'-CATTCTYAGGTTGGTCTGRIT-3') 프라이머 조합을 사용하

였다. 증폭된 핵산은 NucleoSpin Gel and PCR Clean-up Kit (Macherey-Nagel, Düren, Germany)를 사용하여 제조사 추천 방식으로 순수 분리하였다. 순수 분리된 핵산은 위의 프라이머 조합으로 염기서열을 분석하였다. 각 유전자의 염기서열은 BigDye Terminator Ready Reaction Mix ver. 3.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)을 이용하여 각 유전자를 증폭하였으며, 회로순환결정방법으로 염기서열을 결정하였다. ABI PRISM 3100 Avant Genetic Analyzer로 양방향 염기서열이 결정되었다.

염기서열분석. Multilocus sequence analysis (MLSA)를 수행하였다. 국내에서 분리된 *X. fragariae*의 *fyuA*, *dnaK*, *gyrB*, *rpoD* 유전자와 GenBank에서 얻은 *Xanthomonas*속 15종의 대표균주와 *X. fragariae* 3균주의 유전자 염기서열을 BioEdit ver. 7.2.5 (Hall, 1999)를 사용하여 정렬(alignment)하였다. 정렬된 3,376 points의 염기들은 MEGA 소프트웨어 ver. 6.06 (Tamura 등, 2013)의 Jukes-Cantor 모델을 이용하여 neighbor-joining 방법으로 계통수(phylogenetic tree)를 작성하였다.

딸기세균모무늬병 저항성 조사. 국내에서 분리된 병원세균 BC3191과 BC3195를 사용하였다. 저항성 평가에 사용된 세균 BC3191과 BC3195는 국내에서 분리된 세균의 생리생화학적 특성과 유전적 특성에서 차이를 보이지 않아 임의로 선발하여 사용하였다. 국립원예특작과학원 채소과에서 보존하고 있는 18종류의 딸기품종(금향, '도치노미네', '도치오도메', '대왕', '레트펠', '매향', '보교조생', '베니훗베', '사찌노카', '설향', '수홍', '숙향', '스위트찰리', '죽향', '아키히메', '옥매', '싼타', '페스티발)을 분양받아 저항성 조사를 수행하였다. Maas 등(2000)의 방법을 이용하여 병원세균을 딸기 잎에 주사로 주입접종을 하였다. 삼출잎에 잎당 2지점에 접종하였다. 세균현탁액(1×10⁸ cfu/ml)을 살균된 1 ml 주사기에 넣고 주사바늘을 제거한 후 잎 뒷면에 수침상이 보일 때까지 주입하였다. 한 품종당 두 식물체를 사용하여 2회 반복하였다. 접종된 잎은 투명한 플라스틱 백에 넣어 3일 동안 그늘진 온실에서 배양하였다. 플라스틱 백을 벗기고 11일 후 접종 위치의 병든 정도를 근거로 접종 위치에 0-5등급을 주었다(Maas 등, 2000). 등급 '0'은 병 반응이 없을 때, '1'은 접종 위치가 수침상을 보일 때, '2'는 접종 위치 중앙부가 약간 황화되거나 괴저 증상이 보일 때, '3'은 접종 위치에서 수침상 증상이 확산되고 세균덩어리가 밖으로 유출될 때, '4'는 접종 위치에서 괴저 증상이 확산되거나 2차 전염이 있을 때, '5'는 접종 위치가 괴저 증상을 보이고 잎이 황화에서 적갈색으로 변할 때 주었

다. 감수성 표준으로 스위트 찰리 품종을 사용하였다(Lewers 등, 2003).

결과 및 고찰

본 연구에서 국내 식물검역병인 딸기세균모무늬병 공격 방제 지역을 설정하기 위하여 국내 병 발생 지역을 조사하였다. 또한, 국내에 발생하는 딸기세균모무늬병의 원인균인 *X. fragariae*의 생리생화학적, 유전적 특성과 딸기세균모무늬병균에 대한 국내에서 재배되고 있는 딸기품종의 저항성을 조사하였다.

새롭게 발생하는 식물병의 역학 조사는 병의 확산을 억제시키기 위하여 필요하다. 딸기세균모무늬병은 국가에서 관리하는 검역세균병으로(National Plant Quarantine Service, 2008), 국내에서 처음 보고(Kwon 등, 2010) 후 다른 지역으로 확산을 확인할 필요가 있었다. 2012년 11월 제주도와 충청남도를 제외한 전국 딸기세균모무늬병 발생조사에서 딸기세균모무늬병은 경상남도 진주시 수곡면과 하동군 옥종면 88개 딸기재배포장에서 제한적으로 발생하였다(Table 2). 그리고 전라북도 남원시의 1개 재배포장에서 딸기 이상 증상이 발견되었다. 이상 증상이 딸기세균모무늬병으로 진단 후 곧 폐원하였다. 병 발생 역학조사 결과, 수곡면과 옥종면의 딸기재배는 인근 지역에서 생산된 딸기모종, 또는 자체 생산된 모종을 사용하고 있었다. 그리고 남원시 병 발생능가는 경상남도 진주시에서 딸기 모종을 구입하여 재배하였다.

딸기세균모무늬병의 제한적 발생은 병의 확산억제뿐만 아니라 박멸의 가능성을 제시한다. 본 병은 병든 모종 또는 병원세균에 감염되어 있으나 병징이 나타나지 않은 모종을

사용한 딸기재배 농가에서 병이 발생하는 것으로 알려져 있다(Maas 등, 1995). 그리고 감염된 식물체 부위에서 생존하는 병원세균이 토양 속에서 생존하여 다음 작기에 건전한 식물체를 침해하는 것으로 알려져 있다(Kennedy와 King, 1962b). 그러므로 현재 병 발생 지역에서 딸기모종 및 토양관리를 통하여 병확산 억제 및 박멸이 가능할 것으로 판단되었다. 병 발생 지역인 경남 진주시 수곡면과 하동군 옥종면에서 2012년 2월부터 2015년 1월까지 경시적 병 발생 변화는 딸기세균모무늬병 발생과 확산을 억제시키기 위하여 딸기모종 관리의 중요성을 시사하고 있다. 2012년 2월 딸기재배포장 중 10%에서 병이 발견되었으나 2012년 12월에 진주시 수곡면에서 43%의 딸기재배포장에서 병이 발견되었다. 이것은 2012년 겨울 딸기재배에 딸기세균모무늬병에 감염된 모종을 사용하였던 것으로 추정되었다. 이후 2작기 동안 조사포장 중 5%에서 병이 발견되었다(Fig. 1). 그리고 하동군 옥종면에서도 유사한 병 발생 감소 현상을 관찰할 수 있었다. 하동군 옥종면에서는 2013년 딸기재배포장 중 40%에서 병이 발견되었으나 이후 급격히 감소되어 2014년 딸기재배포장 중 10%에서만 병이 발견되었다(Fig. 1). 이와 같은 경시적인 병 발생 감소는 국가 검역대상병인 딸기세균모무늬병 발생 후 농민을 대상으로 적극적인 홍보로 병든 모종 사용이 억제된 결과로 판단되었다. 딸기 육묘장에서 병든 모종 또는 병원균에 감염되었으나 병징이 없는 모종에 대한 철저한 정밀 검사(Roberts 등, 1996)를 수행하여 다른 지역으로 감염된 딸기모종의 이동을 제한하면, 국내의 다른 지역으로 병이 확산되지 않고, 딸기세균모무늬병 발생 지역에서 병 발생도 억제될 것으로 판단되었다.

또한, 연작지에서 병 발생을 억제시키기 위한 방법으로

Table 2. Survey of bacterial angular spot of strawberry in 2012

Province	City or Gun surveyed	No. of surveyed fields	No. of diseased fields
Gyeonggi	Suwon, Goyang, Yongin, Namyangju, Pyeongtaek, Hwaseong, Paju, Gwangju, Gimpo, Icheon, Yangju, Yeosu, Yangpyeong, Gapyeong, Yeoncheon	76	0
Gangwon	Chuncheon, Gangneung, Donghae, Sokcho, Samcheok, Yanggu, Pyeongchang	45	0
Chungcheongbuk	Chungju, Cheongju, Jecheon, Jincheon, Jeungpyeong, Goesan	51	0
Jeollabuk	Gunsan, Iksan, Jeongeup, Namwon, Gimje, Wanju, Jinan, Muju, Jangsu, Imsil, Sunchang, Gochang, Buan	105	1
Jeollanam	Naju, Gokseong, Jangseong, Damyang	74	0
Gyeongsangbuk	Andong, Goryeong	36	0
Gyeongsangnam	Changwon, Jinju*, Tongyeong, Sacheon, Gimhae, Miryang, Geoje, Yangsan, Uiryeong, Haman, Changnyeong, Goseong, Namhae, Hadong*, Sancheong, Hamyang, Geochang, Hapcheon	1,095	88
Total	65	1,482	89

*Region where angular leaf spot of strawberry occurred, Sukok, Jinju and Okjong, Hadong.

병든 식물체 관리가 필요하다(Kennedy와 King, 1962b). *X. fragariae*는 토양에서 생존할 수 없으나(Maas 등, 1995), 토양 내 병든 식물체에서 생존이 가능하기 때문에(Kastelein 등, 2009; Kennedy와 King, 1962b) 다음 작기에 재배되는 딸기에 병을 일으킬 수 있다. 경남 지역의 딸기는 주로 촉성 또는 반 촉성 재배된다. 주로 9월 상순-중순(촉성재배)에서 9월 하순-10월 상순(반촉성)에 정식하여 다음 해까지 수확을 한다. 딸기 토경재배의 경우, 병원세균은 토양 속 병든 조직에서 생존하여 다음 작기에 전염원으로 작용하여 병을 전파시킬 수 있기 때문에 딸기세균모무늬병이 발생된 포장에서 병든 식물체를 수거하여 태우는 방법으로 병 전염을 억제시킬 수 있을 것으로 생각된다. 국내에 발생된 딸기세균모무늬병 원

인세균의 특성을 조사하였다. 분리된 병원세균들의 생리적, 유전학적 특성이 매우 유사한 것으로 나타났다. 이것은 현재 국내에 발생하고 있는 딸기세균모무늬병은 같은 지역에서 유입된 병으로 판단할 수 있었다. 2011년과 2012년 경남 하동군 옥종면과 진주시 수곡면에서 수집된 딸기세균모무늬병 시료에서 분리된 세균을 사용하여 생리생화학적 특성

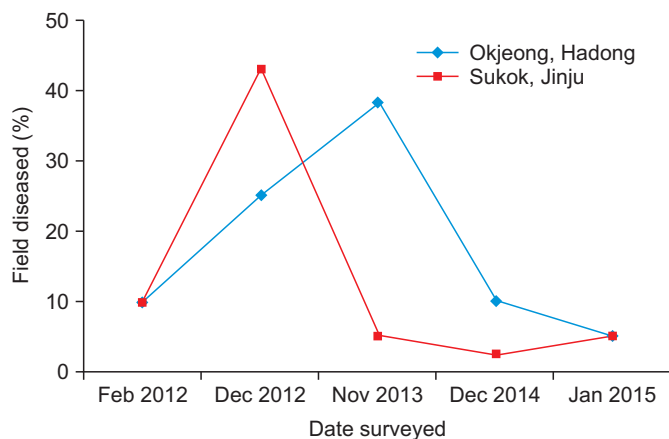


Fig. 1. Survey of bacterial angular spot of strawberry at Okjeong, Hadong and Sukok, Jinju of Geongsangnam-do during February 2012 to January 2015.

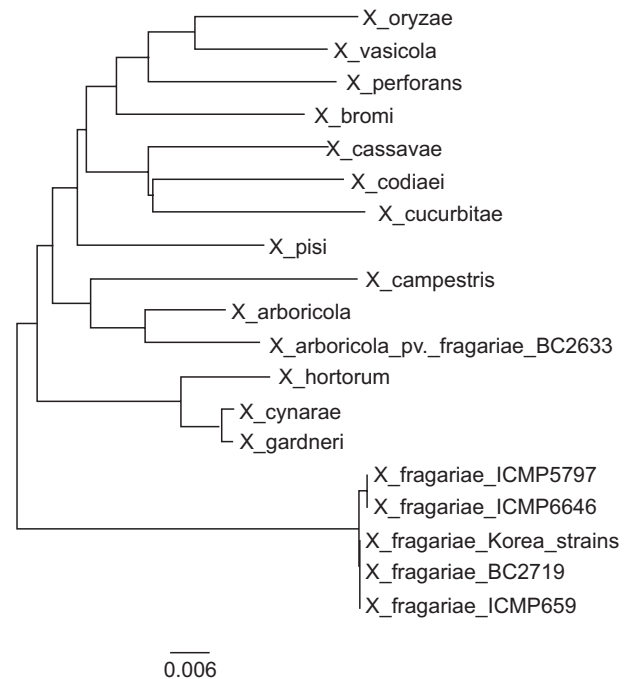


Fig. 2. Phylogenetic tree constructed by MEGA software on the basis of the concatenated sequence of the four housekeeping gene fragment *dnaK*, *fyuA*, *gyrB*, and *rpoD*.

Table 3. Biochemical and physiological characteristics of *Xanthomonas fragariae* strains from Korea*

Characteristic	<i>X. arboricola</i> pv. <i>fragariae</i> CFBP6771 ^{PT}	<i>X. fragariae</i> LMG708 ^T	Strains from Korea (n=19)
Gram	-	-	-
Mucoid growth on YDC	+	+	+
Growth at 35°C	+	-	-
Growth on SX	+	-	-
Starch hydrolysis	+	+	+
Esculin hydrolysis	+	-	-
Protein digestion	+	-	-
Litmus milk	Alk	Alk	Alk
Ice nucleation	-	+	+
Acid from:			
Arabinose	+	+	+
Utilization of:			
Glycerol	+	-	-
Melibiose	+	-	-

PT, pathotype strain; T, type strain; YDC, yeast extract-dextrose-CaCO agar.

*Methods were as described by Schaad et al. (2001) (The American Phytopathological Society, St. Paul, MN, USA).

과(Schaad 등, 2001) 항존유전자(housekeeping gene) 염기서열을 이용하여 계통수(Young과 Park, 2007)의 특성을 조사하였다. 국내에서 분리된 딸기세균모무늬병 원인 세균들의 생리생화학특성(Table 3)과 유전적 특성(Fig. 2)은 *X. fragariae*의 대표 균주의 특성과 일치하였다.

국내에서 분리된 딸기세균모무늬병균들의 조사된 생리생화학반응은 차이가 없었다. *X. fragariae*의 종 내 변이를 생리생화학반응(Van den Mooter와 Swings, 1990), 지방산(Janse 등, 2001; Roberts 등, 1998), 단백질(Janse 등, 2001), restriction fragment length polymorphism (Roberts 등, 1998), repetitive-sequence PCR (Opgenorth 등, 1996; Stöger 등, 2008), random amplified polymorphic DNA PCR (Pooler 등, 1996), MLSA (Young과 Park, 2007) 등으로 분석하였으나 종 내에 뚜렷한 차이를 보이지 않았다. 한국에서 분리된 *X. fragariae*의 조사된 생리생화학반응 특성은 Van den Mooter와 Swings (1990)의 결과와 *X. fragariae*의 대표 균주(LMG 708^T)의 특성과 일치하였고, 딸기세균잎마름병균(*X. arboricola* pv. *fragariae* CFBP 6771^{PT})과 뚜렷한 차이를 보였다(Table 3). 분리된 세균들은 Gram 음성이었고, YDC 배양기에서 점액질 성장, 전분가수분해, 빙핵형성 등은 양성반응을 보였고, 35°C에서 성장, SX 배양기에서 성장, esculin 가수분해, 단백질 분해 arabinose를 이용한 산생성, 성장에 글리세롤과 melibiose 이용 등은 음성반응을 보였다. 그리고 litmus milk에서 알카리를 생성하였다(Table 3).

사용된 유전자에 따라 세균의 계통수분석으로 세균 스트레인들의 분화정도를 다르게 표현할 수 있다(Ait Tayeb 등, 2005). Young 등(2007)은 *Xanthomonas*속 계통분류에서 사용된 *fyuA*, *dnaK*, *gyrB*, *rpoD* 유전자들은 동일 종의 스트레인들을 구별할 수 있었다. 본 연구에서 *fyuA*, *dnaK*, *gyrB*, *rpoD* 유전자를 사용하여, 국내에서 분리된 딸기세균모무늬병균의 항존 유전자 염기서열의 다양성을 분석하였다. 조사된 딸기세균모무늬병균의 *dnaK* (940 bp), *fyuA* (698 bp), *gyrB* (865 bp), *rpoD* (873 bp) 유전자들은 *X. fragariae* 대표 균주의 각 유전자의 염기서열과 동일하였다. 국내에서 분리된 *X. fragariae*의 *gyrB*, *fyuA* 유전자는 GenBank에 등록된 *X. fragariae* ICMP 5797과 ICMP 6646 세균과 100% 일치하였으나, *dnaK*, *rpoD* 유전자는 각 유전자에 대하여 1염기 차이를 보이며 99.9% 일치하였다. *dnaK*, *fyuA*, *gyrB*, *rpoD* 유전자들을 순서대로 배열한 3,374 bp 염기의 MLSA 염기서열을 사용한 계통수를 분석하였다. 비록 사용된 병원세균의 수가 제한적이지만 계통수 분석에서 Young 등(2007)의 결과와 같이 사용된 *X. fragariae*는 2종류의 스트레인으로 구별되었다. 국내 분리균은 딸기세균잎마름병균인 *X. arboricola* pv. *fragariae*와 다른 그룹에 포함되었고, *X.*

fragariae 대표 균주와 동일 그룹에 포함되었다(Fig. 2).

딸기세균모무늬병 화학적 방제를 위하여 항생제(Alippi 등, 1989)와 동제화합물(Jones 등, 1991)을 사용하고 있으나 시간경과에 따라 방제효율이 제한적이고(Stall과 Thayer, 1962), 약해를 유발시킬 수 있어(Howard와 Albrechts, 1973) 저항성 품종 재배가 추천된다. 외국에서 상업용 딸기재배 품종 중 딸기세균모무늬병 저항성 품종은 알려져 있지 않다(Smith 등, 1992). 딸기 유전자원 중 저항성을 보이는 *F. virginiana* (US4808)와 *F. virginiana* × *F. × ananassa* 교배형(US4809)이 보고되어 있으나(Maas 등, 2000), 딸기품종들은 딸기세균모무늬병에 감수성이 다양한 것으로 보고되었다(Desmet 등, 2009). 최근 연구에서 스페인에서 재배되고 있는 딸기품종 중 'Sieger'가 *X. fragariae*에 저항성으로 보고되었으나(Pérez-Jiménez 등, 2012) 현재까지 상업적으로 생산되는 딸기품종들은 딸기세균모무늬병에 감수성으로 알려져 있다(Bestfleisch 등, 2015). 국내에서 재배되고 있는 딸기품종들의 딸기세균모무늬병에 대한 저항성 조사 결과 국내에서 재배되고 있는 금향, 썬타, 숙향 등 저항성 평가에 사용된 18품종들은 감수성 품종으로 알려진 스위트 찰리(Sweet Charlie;

Table 4. Strawberry variety reactions to infection by strains BC3191 and BC3195 of *Xanthomonas fragariae* in tests 1 and 2, and an overall rating two week after inoculation

Strawberry variety tested	Disease reaction				Overall rating
	Test 1		Test 2		
	BC3191	BC3195	BC3191	BC3195	
Geumhyang	4*	4	4	4	S
Daewang	4	4	4	4	S
Dochinimine	4	4	4	4	S
Dochiodome	4	4	4	4	S
Red Pearl	4	4	4	4	S
MaeHyang	4	4	4	4	S
Benihotbe	4	4	4	4	S
Bogyojosaeng	4	4	4	4	S
Sajjinoka	4	4	4	4	S
Seolhyang	4	4	4	4	S
Suhong	4	4	4	4	S
Sukhyang	4	4	4	4	S
Sweet Charlie	4	4	4	4	S
Ssanta	4	4	4	4	S
Akihime	4	4	4	4	S
Okmae	4	4	4	4	S
Jukhyang	4	4	4	4	S
Festival	4	4	4	4	S

S, susceptible.

*Resistance rating based on Maas et al. (2000), two weeks after infiltration to leaves with the bacterial strains, BC3191 and BC3195.

Lewers 등, 2003)와 같이 감수성이었다(Table 4). 모든 품종들은 접종 3일부터 접종 위치가 수침상으로 변하고 습도가 높은 오전에 삼출물이 형성되었다. 1주일 후부터 병환부는 괴저증상으로 변하고 확대되었다. 이상의 결과는 Maas 등 (2000)의 저항성 등급을 근거로 국내에서 재배되는 딸기 품종들의 저항성 등급 4와 일치하였다.

요 약

2012년 11월 국가관리세균병인 딸기세균모무늬병 발생 분포를 조사하였다. 충청남도과 제주도를 제외한 전국 1,482농가포장을 조사한 결과, 경남 진주시 수곡면, 하동군 옥종면 88농가포장과 전북 남원 1농가포장에서 병이 발생되었다. 남원에서 발생한 포장은 병 진단 후 폐원되었다. 2012년 2월에서 2015년 1월까지 경남 진주시 수곡면과 하동군 옥종면의 딸기세균모무늬병 발생을 조사하였다. 2012년 12월 조사에서 수곡면은 45% 발생 후 감소하여 2015년 1월까지 약 5% 발생되었고, 옥종면은 2013년 11월 38% 발생 후 감소하여 2015년 1월 약 5% 발생하였다. 분리된 세균의 특성을 조사하였다. 생리생화학적 특성은 *X. fragariae* 대표 균주와 일치하였다. 딸기세균모무늬병균의 *dnaK* (940 bp), *fyuA* (698 bp), *gyrB* (865 bp), *rpoD* (873 bp) 유전자들을 대상으로 3374 bp 염기의 MLSA 분석 결과를 딸기세균모무늬병 대표 균주와 비교한 결과 모든 유전자는 100% 일치하였다. *X. fragariae* BC3191과 BC3195에 대한 딸기 품종의 저항성을 조사하였다. 조사된 모든 품종은 딸기세균모무늬병에 감수성이었다. 모든 품종들은 접종 2주 후 접종 부위가 괴저되고 확장되어 저항성 등급 4로 평가되었다.

Acknowledgements

This study was carried out with the support of Research Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ009839), Rural Development Administration, Republic of Korea. We thank the expert members of Disaster Management Division, Extension Service Bureau, Rural Development Administration for outstanding contribution in nationwide survey for angular leaf spot of strawberry.

References

Ait Tayeb, L., Ageron, E., Grimont, F. and Grimont, P. A. 2005.

- Molecular phylogeny of the genus *Pseudomonas* based on *rpoB* sequences and application for the identification of isolates. *Res. Microbiol.* 156: 763-773.
- Alippi, A. M., Ronco, B. L. and Carranza, M. R. 1989. Angular leaf spot of strawberry, a new disease in Argentina: comparative control with antibiotics and fungicides. *Adv. Hortic. Sci.* 3: 3-6.
- Bestfleisch, M., Richter, K., Wensing A., Wünsche, J. N., Hanke, M.-V., Höfer, M., Schulte, E. and Flachowsky, H. 2015. Resistance and systemic dispersal of *Xanthomonas fragariae* in strawberry germplasm (*Fragaria* L.). *Plant Pathol.* 64: 71-80.
- Conover, R. A. and Gerhold, N. R. 1981. Mixtures of copper and maneb or mancozeb for control of bacterial spot of tomato and their compatibility for control of fungus diseases. *Proc. Fla. State Hortic. Soc.* 94: 154-156.
- Desmet, E. M., Maes, M., Van Vaerenbergh, J., Verbraeken, L. and Baets W. 2009. Sensitivity screening of commonly grown strawberry cultivars towards angular leaf spot caused by *Xanthomonas fragariae*. *Acta Hortic.* 842: 275-278.
- Dye, D. W. 1968. A taxonomic study of the genus *Erwinia*. I. The "amylovora" group. *N. Z. J. Sci.* 11: 590-607.
- Elphinstone, J. G. 2005. Angular leaf spot and bacterial leaf blight: two new notifiable strawberry plant diseases. In: HDC Factsheet 03/05. Horticultural Development Council, East Mailing, Kent, UK.
- Epstein, A. H. 1966. Angular leaf spot of strawberry. *Plant Dis. Rep.* 50: 167.
- European and Mediterranean Plant Protection Organization (EPPO). (2010 onwards). EPPO Alert List. URL http://www.eppo.int/QUARANTINE/Alert_List/alert_list.htm [21 January 2012].
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symp. Ser.* 41: 95-98.
- Handelsman, J., Houser, B. and Kriegel, H. 1996. *Biology Brought to Life: A Guide to Teaching Students to Think Like Scientists.* McGraw-Hill, New York, NY, USA.
- Hildebrand, D. C., Schroth, M. N. and Wilhelm, S. 1967. Systemic invasion of strawberry by *Xanthomonas fragariae* causing vascular collapse. *Phytopathology* 57: 1260-1261.
- Howard, C. M. and Albregts, E. E. 1973. Strawberry. *APS Fungic. Nematicide Tests* 29: 47.
- Janse, J. D., Rossi, M. P., Gorkink, R. F. J., Derks, J. H. J., Swings, J., Janssens, D. and Scortichini, M. 2001. Bacterial leaf blight of strawberry (*Fragaria* (x) *ananassa*) caused by a pathovar of *Xanthomonas arboricola*, not similar to *Xanthomonas fragariae* Kennedy & King. Description of the causal organism as *Xanthomonas arboricola* pv. *fragariae* (pv. nov., comb. nov.). *Plant Pathol.* 50: 653-665.
- Jones, J. B., Woltz, S. S., Kelly, R. O. and Harris, G. 1991. The role of ionic copper, total copper, and select bactericides on control of bacterial spot of tomato. *Proc. Fla. State Hortic. Soc.* 104: 257-259.
- Kastelein, P., de Vries, I., Krijger, M. and van der Wolf, J. 2009. Effect van loofdoodmiddel op de overleving van *Xanthomonas fragariae* in ondergewerkte gewasresten in aardbei. In: Rapport 258 Plant Research International. Biointeracties and Plant Health, Wageningen, the Netherlands.

- Kennedy, B. W. and King, T. H. 1962a. Angular leaf spot of strawberry caused by *Xanthomonas fragariae* sp. nov. *Phytopathology* 52: 873-875.
- Kennedy, B. W. and King, T. H. 1962b. Studies on epidemiology of bacterial angular leaf spot on strawberry. *Plant Dis. Rep.* 46: 360-363.
- Kwon, J. H., Yoon, H. S., Kim, J. S., Shim, C. K. and Nam, M. H. 2010. Angular leaf spot of strawberry caused by *Xanthomonas fragariae*. *Res. Plant Dis.* 16: 97-100. (In Korean)
- Lewers, K. S., Mass, J. L., Hokanson, S. C., Gouin, C. and Hartung, J. S. 2003. Inheritance of resistance in strawberry to bacterial angular leafspot disease caused by *Xanthomonas fragariae*. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 128: 209-212.
- Maas, J. L., Gouin-Behe, C., Hartung, J. S. and Hokanson, S. C. 2000. Sources of resistance for two differentially pathogenic strains of *Xanthomonas fragariae* in *Fragaria* genotypes. *HortScience* 35: 128-131.
- Maas, J. L., Pooler, M. R. and Galletta, G. J. 1995. Bacterial angular leaf spot disease of strawberry: present status and prospects for control. *Adv. Strawberry Res.* 14: 18-24.
- Marco, G. M. and Stall, R. E. 1983. Control of bacterial spot of pepper initiated by strains of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* that differ in sensitivity to copper. *Plant Dis.* 67: 779-781.
- Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs. 2014. Agriculture, Food and Rural Affairs Statistics Yearbook. Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs, Sejong, Korea.
- National Plant Quarantine Service. 2008. History of Plant Quarantine in Korea. Dong Yang PNC, Anyang, Korea.
- Opgenorth, D. C., Smart, C. D., Louws, F. J., de Bruijn, F. J. and Kirkpatrick, B. C. 1996. Identification of *Xanthomonas fragariae* field isolates by rep-PCR genomic fingerprinting. *Plant Dis.* 80: 868-873.
- Pérez-Jiménez, R. M., De Cal, A., Melgarejo, P., Cubero, J., Soria, C., Zea-Bonilla, T. and Larena, I. 2012. Resistance of several strawberry cultivars against three different pathogens. *Span. J. Agric. Res.* 10: 502-512.
- Pooler, M. R., Ritchie, R. D. F. and Hartung, J. S. 1996. Genetic relationships among strains of *Xanthomonas fragariae* based on random amplified polymorphic DNA PCR, repetitive extragenic palindromic PCR, and enterobacterial repetitive intergenic consensus PCR data and generation of multiplexed PCR primers useful for the identification of this phytopathogen. *Appl. Environ. Microbiol.* 62: 3121-3127.
- Randhawa, P. S. and Schaad, N. W. 1984. Selective isolation of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* from crucifer seeds. *Phytopathology* 74: 268-272.
- Roberts, P. D., Berger, R. D., Jones, J. B., Chandler, C. K. and Stall, R. E. 1997. Disease progress, yield loss and control of *Xanthomonas fragariae* on strawberry plants. *Plant Dis.* 81: 917-921.
- Roberts, P. D., Hodge, N. C., Bouzar, H., Jones, J. B., Stall, R. E., Berger, R. D. and Chase, A. R. 1998. Relatedness of strains of *Xanthomonas fragariae* by restriction fragment length polymorphism, DNA-DNA reassociation, and fatty acid analyses. *Appl. Environ. Microbiol.* 64: 3961-3965.
- Roberts, P. D., Jones, J. B., Chandler, C. K., Stall, R. E. and Berger, R. D. 1996. Survival of *Xanthomonas fragariae* on strawberry in summer nurseries in Florida detected by specific primers and nested polymerase chain reaction. *Plant Dis.* 80: 1283-1288.
- Schaad, N. W., Jones, J. B. and Chun, W. 2001. Laboratory Guide for Identification of Plant Pathogenic Bacteria. 3rd ed. American Phytopathological Society, St. Paul, MN, USA. 189 pp.
- Schaad, N. W. and White, W. C. 1974. A selective medium for soil isolation and enumeration of *Xanthomonas campestris*. *Phytopathology* 64: 876-880.
- Smith, I. M., McNamara, D. G., Scott, P. R. and Harris, K. M. 1992. *Xanthomonas fragariae*. In: Quarantine Pests for Europe. Data Sheets on Quarantine Pests for the European Communities and for the European and Mediterranean Plant Protection Organization, eds. by I. M. Smith, D. G. McNamara, P. R. Scott and K. M. Harris, pp. 829-833. CAB International, Wallingford, UK.
- Stall, R. E. and Thayer, P. L. 1962. Streptomycin resistance of the bacterial spot pathogen and control with streptomycin. *Plant Dis. Rep.* 46: 389-392.
- Stöger, A., Barionovi, D., Calzolari, A., Gozzi, R., Ruppitsch, W. and Scortichini, M. 2008. Genetic variability of *Xanthomonas fragariae* strains obtained from field outbreaks and culture collections as revealed by repetitive-sequence PCR and AFLP. *J. Plant Pathol.* 90: 469-473.
- Suslow, T. V., Schroth, M. N. and Isaka, M. 1982. Application of a rapid method for Gram differentiation of plant pathogenic and saprophytic bacteria without staining. *Phytopathology* 72: 917-918.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30: 2725-2729.
- Van den Mooter, M. and Swings, J. 1990. Numerical analysis of 295 phenotypic features of 266 *Xanthomonas* strains and related strains and an improved taxonomy of the genus. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 40: 348-369.
- Young, J. M. and Park, D. C. 2007. Relationships of plant pathogenic enterobacteria based on partial *atpD*, *carA*, and *recA* as individual and concatenated nucleotide and peptide sequences. *Syst. Appl. Microbiol.* 30: 343-354.