

RESEARCH ARTICLE

약용식물 잎에서 분리한 국내 미기록 진균

안금란¹, 노형진¹, 이동형¹, 김수산¹, 김준영¹, 김성환^{1,2,*}단국대학교 ¹미생물학과, ²생물다양성연구소

Unrecorded Fungal Species Isolated from Medicinal Plant Leaves in Korea

Geum Ran Ahn¹, Hyeungjin Noh¹, Dong Hyeung Lee¹, Susan Kim¹, Jun Young Kim¹, Seong Hwan Kim^{1,2,*}¹Department of Microbiology, Dankook University, Cheonan 31116, Korea²Institute of Biodiversity, Dankook University, Cheonan 31116, Korea

*Corresponding author: piceae@dankook.ac.kr

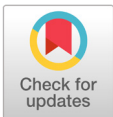
ABSTRACT

As an effort to explore fungal diversity, fungal survey was undertaken in 2018 in Jangheung, Korea. For the survey, medicinal plant leaves were sampled from *Selaginella tamariscina*, *Serratula coronata* ssp. *insularis*, *Scutellaria baicalensis*, *Scrophularia buergeriana* and subjected to fungal isolation. Four unrecorded fungal species, *Paraboeremia selaginellae*, *Colletotrichum camelliae*, *Alternaria eichhorniae*, and *Phomopsis capsici* were obtained from the survey. This study described their morphological characteristics including colony features formed on media, light microscopic images and molecular characteristics of nucleotide sequences of the ITS and 28S rDNA regions.

Keywords: Medicinal plants, Unrecorded fungal species

서론

국내에는 총 13,200여 종의 식물이 자생하고 이 중 관속식물류는 9,699종으로 국내에 존재하는 대부분의 식물이 포함된다[1]. 2013년에 발간된 ‘우리산에 자라는 약용식물’을 보면 국내 자생종과 일부 귀화식물 중에서 2,200여 종이 약용으로 이용 가능한데 이 중 흔히 535종이 약초로 사용되고 서술되었다[2]. 대부분의 약용식물은 각혈, 관절염, 당뇨, 변비, 치질, 타박상 등 다양한 곳의 치료 목적으로 사용되었다. 이러한 약용식물의 가치에 따라 전국에서 채집한 국내 자생종과 귀화식물인 약초를 보존하고 증식시키는 연구를 하는 곳의 하나로 전남 장흥군에 위치한 약초연구소가 있다. 약용 식물의 보존을 위해서 필요한 중요 연구 하나는 병해충으로부터의 보호이다. 이곳에 존재하는 약용식물의 생육 상을 둘러보면서 잎에 이상이 있는 시료를 채집하였다. 채집한 시료는 부처손(*Selaginella tamariscina* Buayv.), 산비장이(*Serratula coronata* L. ssp. *insularis* (Ijlin) Kitam.), 황금(*Scutellaria baicalensis* George), 현삼(*Scrophularia buergeriana* Miq.)이었다.



OPEN ACCESS

pISSN : 0253-651X

eISSN : 2383-5249

Kor. J. Mycol. 2019 December, 47(4): 319-28

<https://doi.org/10.4489/KJM.20190037>**Received:** November 25, 2019**Revised:** December 15, 2019**Accepted:** December 16, 2019

© 2019 THE KOREAN SOCIETY OF MYCOLOGY.



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.

부처손은 부처손목 부처손과에 속하는 양치식물로 산지 바위지대나 절벽 주변에서 서식하는 상록성 여러해살이풀이다. 주로 관상용으로 심으며, 수렴작용, 지혈작용이 있는 약용식물로 알려져 있다[3]. 외상성 출혈, 폐 질환의 조혈, 위장관 출혈, 조혈, 분만 후 분비물 배출, 직장 탈출증 및 백혈구의 치료 등에[4]. 부처손 추출물은 리파아제 저해활성 및 지질 축적을 억제하는 효과가 있으며[5], 실내공간에서 포름알데하이드를 제거하는 능력이 있어 공기정화식물로도 알려져 있다[6]. 산비장이는 햇볕이 잘 드는 산지의 숲 가장자리 경사지대나 들녘 등에 자라는 여러해살이 풀이다. 산비장이는 우리나라 전역과 일본에서 서식하는 식물로 어린순을 식용할 수 있다[1]. 산비장이 추출물에서는 식물스테로이드인 3-*epi*-20-hydroxyecdysone가 존재한다고 보고되었다[7]. 황금은 중국 원산의 귀화식물로, 우리나라의 북부지방에서 주로 자생하며 러시아, 몽골, 일본 등 아시아에 주로 분포하는 식물이다. 중국 약초에 일반적으로 사용되는 것으로 2,000년 이상 의학적으로 사용되어 왔는데 뿌리는 장염, 이질, 설사, 황달, 만성 간염, 요로 감염, 고혈압, 유산 위험, 커피 및 폐 또는 장의 출혈 치료에 사용되어 왔다[3]. 최근 연구에 따르면 뿌리에는 간 기능을 크게 향상시키고 항염증 및 항알레르기 효과가 있는 플라보노이드가 포함되어 있다. 씨앗은 혈액과 고름의 장을 정화하는 데 사용된다고 한다. 따라서 약용 및 관상식물로서 가치가 높은 생물자원이다[1,8]. 현삼은 산과 들의 습한 곳에서 자생하는 여러해살이의 약용식물이다. 우리나라는 강원도 이북에 자생하며, 남한에서는 약용으로 재배하고 일본, 중국, 러시아 등에 분포한다[1]. 뿌리는 항염증제, 해열제, 저혈당증, 저혈압 및 혈관 확장제로 이용되는데 한국에서는 흥반, 갑상선종 및 가래의 치료에 사용되며, 2014년에 뿌리에서 새로운 이리도이드(iridoid)를 생성한다고 보고되었다[3,9].

본 연구에서는 이와 같은 특성을 지닌 자생식물의 병리학적 연구를 위해 잎에 이상이 있어 보여 채집된 약용식물 잎 조직으로 분리된 국내 미기록 진균 4종에 대하여 형태적 및 분자생물학적 특성을 보고하고자 한다.

재료 및 방법

시료 채집 및 순수 분리

2018년 6월, 전라남도 장흥군에 위치한 약초재배사에 재배 중인 국내에서 자생하는 약용식물인 부처손, 산비장이, 황금, 현삼의 잎 시료를 각각 채집하였다(Fig. 1). 시료에서 병반처럼 보이는 부위를 중심으로 해부현미경(SZ61 stereo microscope; Olympus, Tokyo, Japan)으로 관찰 후, 식물 조직의 일부를 멸균된 면도날로 생물안전 작업대에서 1×1 cm 크기의 단편으로 절단하였다. 자른 절편시료는 5% 차아염소산나트륨 용액에 1분, 80% 에탄올에 30초, 멸균된 증류수에 1분 처리를 각각 한 후, 멸균된 필터페이퍼로 물기를 제거하고 3가지 항생제(암피실린, 스트렙토마이신, 카나마이신)가 200 mg/mL 농도로 첨가된 PDA에 올린 다음 25°C에서 3일에서 5일 동안 배양하면서 균사의 발생을 유도하였다[10,11].

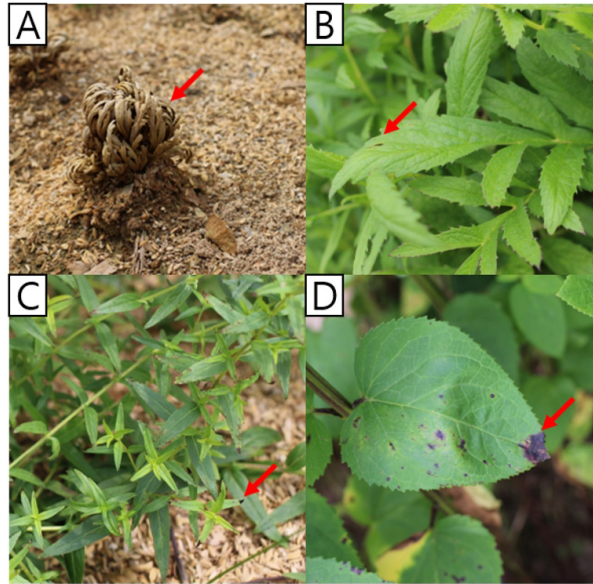


Fig. 1. Photos of medicinal plant sources sampled in this study for the isolation of fungi. Arrow indicates the spot of disease-like sign near by the fungi were isolated. A, *Selaginella tamariscina*; B, *Serratula coronata* ssp. *insularis*; C, *Scutellaria baicalensis*; D, *Scrophularia buergeriana*.

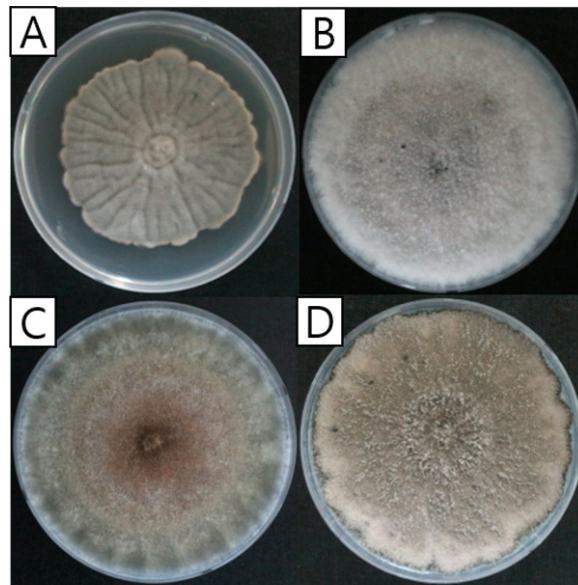


Fig. 2. Colony morphology of the four unrecorded fungal species isolated in this study from medicinal plants in Korea. Cultures were grown on PDA at 25°C for 7 days. A, Isolate DUCC5600 (*Paraboeremia selaginellae*); B, Isolate DUCC5602 (*Colletotrichum camelliae*); C, Isolate DUCC5602 (*Alternaria eichhorniae*); D, Isolate DUCC5603 (*Phomopsis capsici*).

앞에 존재한 병반에서 분리한 시료가 접종된 PDA 배지에서 자라나온 균사를 다시 항생제가 첨가된 PDA에 옮긴 후, 25°C 배양기에서 배양하면서 세균 오염 없이 PDA 배양배지에서 생육하는 균을 순수 분리 하였다. 순수 분리가 된 균은 5% 디메틸 설펍시화물 (dimethyl sulfocide; DMSO, Duchefa Biochemie, Netherlands)를 함유하는 용액에 균이 자란 agar plugs (직경 5 mm) 를 5개씩 2

ml cryogenic vial 넣어 -80°C 초저온냉동고에 저장하여 보관 균주로 저장하였다. 동정을 위한 실험 균주는 4°C 냉장고에 보관하여 사용하였다.

형태학적 관찰 및 분자생물학적 동정

형태적 관찰을 위해서는 PDA에 순수 분리 후 배양된 진균의 포자와 균사 등 미세구조는 광학현미경(Axioskop40; Carl Zeiss, Oberkochen, Germany)을 이용하여 관찰하였다. 배양배지에 나타난 균층의 형태는 육안으로 관찰하고 사진으로 촬영 기록하였다. 분자생물학적 동정을 위하여 드릴 추출 방법을 이용하여 균사의 세포벽을 파쇄한 후 Qiagen사의 Plant genomic DNA extraction kit를 사용하여 genomic DNA를 추출하였다[12]. 추출한 DNA를 template로 하여 ITS rDNA region[13]과 28S rDNA region[14]을 Kim 등의 방법[12]에 따라 중합효소연쇄반응 (polymerase chain reaction, PCR)을 하였다. PCR로 증폭된 DNA 산물은 1% agarose gel에 전기영동을 수행하여 밴드의 크기를 각각 확인한 다음 High Pure PCR Product Purification Kit (Roche, Indianapolis, IN, USA)를 사용하여 정제한 후 마크로젠사 (Seoul, Korea)에 의뢰하여 염기서열을 분석하였다. 분석된 염기서열은 유사 염기서열을 찾기 위해 미국 National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)의 웹에 있는 BLAST 프로그램을 사용하여 DNA 데이터베이스에 등록되어 있는 진균들과 상동성을 비교하였다. 분자적 동정을 위해서 비교검색 결과 나타난 분석된 염기서열과 유사한 염기서열을 지닌 종들의 염기서열을 함께 다운 받아서 다중정렬을 실시하고 계통도 분석을 수행하였다. 계통수 분석은 MEGA 6 프로그램[15]을 이용하여 염기서열의 유사도와 함께 분석하였다. 구체적인 계통수 작성은 neighbor-joining 방법[16]을 사용하였고 계통수 가지의 clade 신뢰도는 1,000번의 bootstrap resampling을 수행하여 분석하였다. 염기서열 유사도 분석과 계통수 분석에 사용된 비교 종의 염기서열은 GenBank에서 다운받아 사용하였고 Table 1과 Fig. 4에 등록번호와 함께 제시하였다. 동시에 본 연구에서 동정된 4종의 미기록종 진균 균주는 미래의 생물자원으로 활용하기 위해 국립생물자원관에 기탁하였다. 기탁번호는 Table 1에 제시하였다. 또한, 이들로부터 분석된 ITS 및 28S rDNA 염기서열 정보는 미국 NCBI의 DNA 데이터베이스인 GenBank에 등록하였고 등록번호는 Table 1에 제시하였다.

Table 1. List of the unrecorded fungal species isolated and identified in this study from medicinal plants in Korea

Plant source	Isolate	Identified species	Sequence similarity, GenBank accession No. of the identified species	**NIBR No. of the isolate	ITS GenBank No.	28S GenBank No.
<i>Selaginella tamariscina</i>	*DUCC5600	<i>Paraboeremia selaginellae</i>	ITS (100%, GU237762) 28S (100%, GU238142)	NIBRFGC000502146	MN783324	MN699297
<i>Serratula coronata</i> L. ssp. <i>insularis</i> (Iljin) Kitam.	DUCC5601	<i>Colletotrichum camelliae</i>	ITS (100%, EU732732) 28S (100%, MH875586)	NIBRFGC000502147	MN783325	MN699298
<i>Scutellaria baicalensis</i>	DUCC5602	<i>Alternaria eichhorniae</i>	ITS (100%, MH397109) 28S (100%, KP124579)	NIBRFGC000502148	MN783326	MN699299
<i>Scrophularia buergeriana</i>	DUCC5603	<i>Phomopsis capsici</i>	ITS (100%, MF574244)	NIBRFGC000502149	MN699300	

*DUCC: Dankook University Culture Collection;
** NIBR: National Institute of Biological Resource.

결과 및 고찰

본 연구에서 균류 분리가 이루어진 부처손의 경우 식물체 전체가 녹색으로부터 갈색으로 변색되어 있었다(Fig. 1A). 전체적인 식물 색조 변화가 균류의 감염에 의한 것인지 여부는 확실하지 않았다. 잎의 중간 부위를 채집하여 분리된 진균 DUCC5600 균주를 PDA에 25°C 조건에서 7일간 배양하였을 때 자라난 균총 사진은 Fig. 2A와 같다. 열은 옥색을 띠는 색조로 균사가 성장하였으며 균총의 끝에 연한 노란색의 균사가 존재하였다. 균사의 퍼짐은 자라나면서 배지 위에서 명확하게 굴곡이 이루어지게 성장하였다. 기중으로 들리지는 않고 성장한 균사 끝 부분은 다소 솜털처럼 나타났다. 그리고 균사 끝은 방사상으로 퍼지는 균사의 생육 차이로 인하여 하나의 원처럼 둥글게 자라나지 못하고 부채꼴 모양으로 구획되는 양상을 보였다. 광학현미경으로 미세구조를 관찰하였을 때 타원형의 포자(3.4.5×1-2 μm)가 분생자경 끝에 존재하였다(Fig. 3A). 28S rDNA와 ITS region 염기서열을 분석한 결과 GenBank 데이터베이스에 등록된 *P. selaginellae* 종의 28S rDNA (GU238142)와 ITS (GU237762) 염기서열에 100% 상동성을 보였다(Table 1). 계통수 분석으로 유사 종과의 유전적 위치를 비교하였을 때 ITS 염기서열 기반 트리에서는 유사종 *P. camelliae*와 같이 분류되었으나 28S rDNA 염기서열 기반 트리에서는 *P. selaginellae*와 함께 명확하게 묶이면서 다른 유사종으로부터 분리되는 결과를 보였다(Fig. 4). 28S rDNA 염기서열이 ITS 염기서열보다 진화유전적으로 더 안정된 관계를 보여주기 때문에 부처손에서 분리된 DUCC5600 균주를 *P. selaginellae*로 동정하였다. *Paraboeremia* 속은 *Didymellaceae*에 속했던 속으로 2015년 중국의 Chen에 의해 *Phoma* 속에서 새롭게 분류학적으로 분리 되었으며[17], 최근 국내에 자생하는 식물 갈란데 난(*Calanthe orchid*)종의 뿌리 근역에서 ITS 염기서열 기반 OTU 분석에서 우점하는 균속으로 보고된 바 있다[18]. 그러나 *P. selaginellae* 종은 아직 국내에 보고가 되어 있지 않아 미기록 종으로 판단하였다.

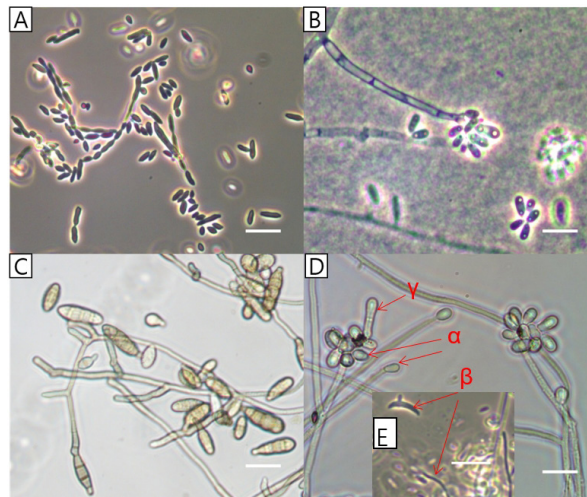


Fig. 3. Light microscopic morphology of the four unrecorded fungal species isolated in this study from medicinal plants in Korea. A, *Paraboeremia selaginellae*; B, *Colletotrichum camelliae*; C, *Alternaria eichhorniae*; D, *Phomopsis capsici*. α = α spore, β = β spore, γ = γ spore. (Scale bars: A, B, C, E=10 μm, D=20 μm).

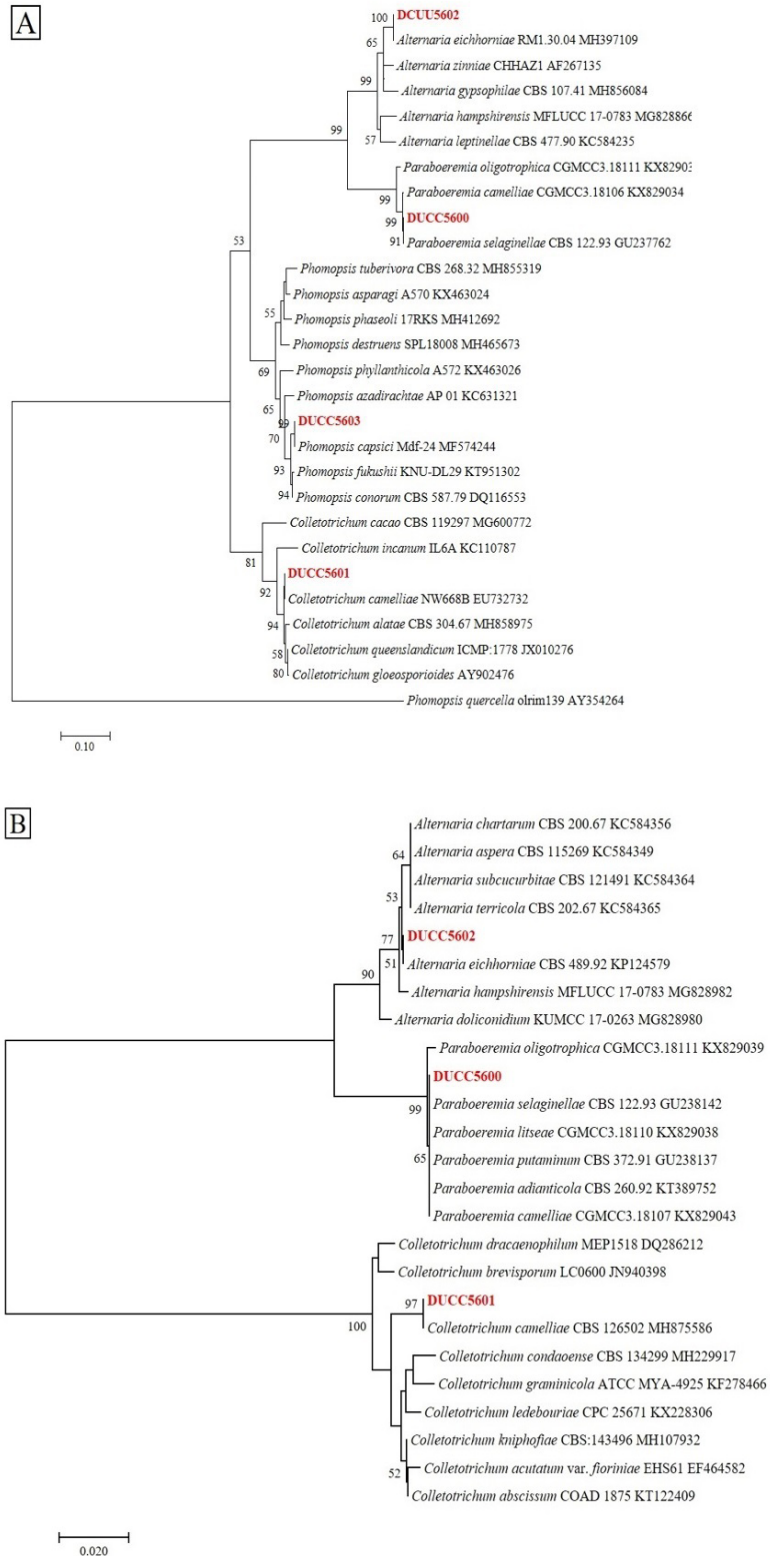


Fig. 4. Phylogenetic relationships of the four fungal isolates inferred by the neighbor-joining analysis based on the ITS rDNA (A) and the LSU rDNA (B) sequences.

채집된 산비장이 시료는 검은색 반점이 존재하는 잎이었다(Fig. 1B). 이로부터 순수 분리된 DUCC5601 균주를 PDA에 25°C 조건으로 7일간 배양하였을 때 자라난 균총 사진은 Fig. 2B와 같다. 전체적으로 아이보리색 균사가 만연하였고 중앙은 연한 핑크빛이 도는 색과 검은 색이 드문 드문 산재한 식으로 나타났다. 균사는 빠르게 성장하였고 포자 형성이 잘 이루어지는 특징을 보였다. 광학현미경으로 미세구조를 관찰하였을 때 약 $2-2.5 \times 1.5-2 \mu\text{m}$ 크기의 작은 타원형의 포자가 분자자경 끝에서 존재하였다. 분자적 동정을 위해 28S rDNA와 ITS region 염기서열을 분석한 결과 GenBank 데이터베이스에 등록된 *Colletotrichum camelliae* 종의 28S rDNA (MH875586)와 ITS (EU732732) 염기서열에 100% 상동성을 보였다(Table 1). 계통수 분석으로 유사 종과의 유전적 위치를 비교하였을 때 28S rDNA 염기서열과 ITS 염기서열 기반의 작성된 2개의 트리 모두 DUCC5602 다른 유사종과 명확히 분리되면서 *C. camelliae*와 함께 clade를 형성하였다(Fig. 4). 형태적 특성을 살펴봤을 때 균총과 미세구조가 탄저병균의 특징을 보여주고 있고 분자적으로 종구분이 뚜렷하게 분지되는 바 산비장이 잎에서 분리된 DUCC5602 균주를 *C. camelliae*로 동정하였다. *C. camelliae*는 차나무(*Camellia sinensis* (L.) Kuntze)에서 처음 분리되었으며[19], 또한 차나무의 잎에 brown blight disease를 일으킨다고 보고되었다[20]. 최근 중국 연구자에 의해 동백나무(*Camellia japonica* L.)에서 유사한 종인 *Colletotrichum camelliae-japanicum* 이 신종으로 보고된바 있다[21]. 국내에서도 차가 보성 등 여러 곳에서 재배되고 있지만 아직 이들 병원균에 의한 차나무 식물 피해나 균학적 연구는 보고되고 있지 않다. 다만 동백나무 탄저병으로 알려진 *Glomerella cingulata*의 경우 이종균 등의 수목병리학 책자[22]에 불완전세대로서 *C. camelliae*로 언급되어 있으며 또한 국가생물종 목록에도 이 종의 존재에 대해서 서술되어 있다[23]. 그러나 이들 서술에 대한 확증 균주가 존재하지 않으며 균학적 연구 보고가 없는 실정이다. 특히 국가생물종 목록과 관련하여 근거가 되는 자료는 1928년 일제시대에 조사된 *Glomerella cingulata*로서 2001년에서 2003년까지 국내에서 복숭아 탄저병의 주 원인균으로 조사하였으나 확인되지 않았다[24]. 더불어 이 균의 이명은 *G. gossypii*으로 기록되어 있는데 주로 목화에 탄저병을 일으키는 것으로 알려져 목화에서의 존재가 일제시대 때 확인된 것으로 보고되었다. 따라서 이 균의 불완전 세대가 다양하기 때문에 단순한 형태만으로 종을 구분하기 불가하다. *C. camelliae*는 1899년 처음 보고되었지만 type 균주가 존재하지 않고 자세한 균학적 특성 기술이 약해서 2015년에서야 신뢰할 수 있는 자세한 형태학적 특성과 유전자에 대한 균학적 특징이 epitype와 함께 제시되었고 현재 current name으로서 종의 위치를 차지하고 있다[25]. 이런 상황으로 볼 때 이 종에 대한 지금까지의 국내의 정보는 과학적 근거가 부재하여 기록종으로서 신뢰할 수 없는 실정이다. 따라서 본 연구에서 분리된 균주를 국내 기록종 type 균주로 정하고 서술된 형태적 특징과 분자생물학적 특징을 국내에서 처음 보고하는 균학적인 정보로 활용할 것을 제안하고자 한다.

황금에서 채집된 잎 시료는 잎 끝이 탄 듯이 검은색으로 변색된 것이었다(Fig. 1C). 잎 끝 부분 부위에서 순수 분리된 DUCC5602 균주를 PDA에 25°C 조건에서 7일간 배양하였을 때 자라난 균총 사진은 Fig. 2C와 같다. 균총은 중앙 부위를 중심으로 옅은 갈색과 와인색에 가까운 색을 나타내었다. 균사가 자란 균총의 끝 부분은 배경에 짙은 회색을 띠었고 균사가 동심적으로 자라난 형태를 보였다. 광학현미경으로 미세구조를 관찰하였을 때 분생포자는 전형적인 *Alternaria*의 포자 형태로서 $25-32 \times 5-7 \mu\text{m}$ 크기를 지니고 있었고 1개의 포자 내에 2~3개의 격벽이 존재하였다(Fig. 3C). 분생포자는 분생자경 끝에서 분지되어 연쇄적으로 생성되었다. 포자의 끝에는 beak가

존재하는 것도 있었고 없는 것도 있었다. 포자는 다소 거친 느낌의 두터운 갈색이나 암갈색을 띠었으며 세포벽은 두꺼운 형상을 보였다. 균총에서 유성세대는 볼 수 없었다. *Alternaria* 균류는 속 수준에서는 어느 정도 구분이 가능하나 종 수준에서는 구분이 쉽지 않으므로 28S rDNA와 ITS region 염기서열을 분석한 결과 GenBank 데이터베이스에 등록된 *Alternaria eichhorniae* 종의 28S rDNA (KP124579)와 ITS (MH397109) 염기서열에 100% 상동성을 보였다(Table 1). 계통수 분석으로 유사 종과의 유전적 위치를 비교하였을 때 ITS 염기서열 기반 트리과 28S rDNA 염기서열 기반 트리 모두에서 *A. eichhorniae* 와 함께 명확하게 묶이면서 다른 유사 종으로부터 분리되는 결과를 보였다(Fig. 4). 이에 따라 형태적 특성과 분자적 동정 결과에 의거하여 황금 식물 잎에서 분리된 DUCC5602 균주를 *A. eichhorniae* 로 동정하였다. 이 종 또한 국내에서 균학적 연구 보고가 되어 있지 않아 국내 미기록 종으로 판단하였다. 이 균은 원래 남아메리카가 원산지인 수생식물 부레옥잠(*Eichhornia crassipes*)에서 최초 발생 보고된 이후 인도, 방글라데시, 인도네시아, 아프리카 등에서 발생이 보고되었다[26,27]. 이 균의 병리학적 특성으로는 식물 독소인 Alteichin을 분비하여 식물 기주를 공격한다[28]. 이런 mycoherbicide 특성 때문에 *A. eichhorniae* 는 잡초를 제거하는 biological control agent의 역할을 하는 균으로 보고되었다[29,30]. 잡초 방제제로 사용하기 위해서 다양한 식물을 대상으로 병원성 시험을 한 결과 기주 특이적 특성을 가지고 있는 것으로 알려지고 있다[27]. 따라서 본 연구에서 분리된 황금 식물이 기주인지 여부에 대한 정보는 매우 의미가 있을 것으로 사료된다. 향후 접종 실험을 통해 병원균인지의 여부에 대한 조사가 필요하다.

현삼에서 채집된 잎 시료는 잎에 검은 반점이 불규칙하게 여러 군데 존재하였고 잎 끝은 불마름 증상처럼 검게 변색된 것이었다(Fig. 1D). 잎 끝 부분 부위에서 순수 분리된 DUCC5603 균주를 PDA에 25°C 조건에서 7일간 배양하였을 때 자라난 균총 사진은 Fig. 2D와 같다. 7일간 배양하였을 때 90 mm 배양배지를 가득 채우며 성장하였다. 회색의 균사가 자라면서 형성되기 시작한 균총은 점차 전체적으로 회색에 가까운 색을 나타내었고 균총의 끝 부분은 검은색을 띠었다. 점질물 생성은 관찰되지 않았다. 광학현미경으로 미세구조를 관찰하였을 때 특징적인 무색의 3종류 포자가 존재하였다. 타원형의 α 포자 ($3.4\text{-}4.5 \times 0.5\text{-}1 \mu\text{m}$)가 주를 이루었고 드물게 실핀처럼 가늘고 길게 늘어난 β 포자 ($14.5\text{-}16.0 \times 0.5\text{-}1.0 \mu\text{m}$)와 타원형에서 약간 늘어난 형태의 γ 포자 ($4.5\text{-}5.5 \times 0.5\text{-}1.0 \mu\text{m}$)가 존재하였다(Fig. 3D, 3E). 이런 다양한 포자 특성은 *Phomopsis*의 분생포자에서 알려져 있다[31]. 분자적 동정을 위해 ITS region 염기서열을 분석한 결과 GenBank 데이터베이스에 등록된 *Phomopsis capsici* 종의 ITS (MF574244) 염기서열에 100% 상동성을 보였다(Table 1). 계통수 분석으로 유사 종과의 유전적 위치를 비교하였을 때 ITS 염기서열 기반 트리에서 *P. capsici*와 함께 명확하게 묶이면서 다른 유사 종으로부터 분리되는 결과를 보였다(Fig. 4A). 이에 따라 형태적 특성과 분자적 동정 결과에 의거하여 현삼 식물 잎에서 분리된 DUCC5603 균주를 *P. capsici* 로 동정하였다. 국내에 *P. capsici* 균류에 대한 연구 보고가 없는 바 미기록 종으로 판단하였다. *P. capsici* 균은 고추와 파프리카에 무름병을 일으키는 균으로 보고되었다[32]. 국내에서 고추 재배가 오랫동안 이루어져 왔지만 아직 이 균에 의한 피해는 보고되지 않은 실정이다. 따라서 본 연구에서 현삼으로부터 분리된 균주가 현삼에 병을 일으키는 지 여부와 더불어 고추에 병원성이 있을지는 향후 검토가 필요하다.

적요

2018년 6월, 전남 장흥군 약초재배사에 재배중인 부처손(*Selaginella tamariscina*), 산비장이(*Serratula coronata* ssp. *insularis*), 황금(*Scutellaria baicalensis*), 현삼(*Scrophularia buergeriana*) 등 4종의 약용식물로부터 병 감염 증후가 보이는 잎을 채집하였다. 채집된 잎으로부터 국내 미기록 진균 4종(*Paraboeremia selaginellae*, *Colletotrichum camelliae*, *Alternaria eichhorniae*, *Phomopsis capsica*)을 분리 동정하여 이들의 형태학적인 특성과 분자생물학적 특성을 기술하였다.

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR201902202).

REFERENCES

1. Biodiversity of the Korean Peninsula (in Korean) [Internet]. National Institute of Biological Resources, Korea; 2019 [cited 2019 Nov 23]. Available from: <https://species.nibr.go.kr/index.do>.
2. Korea Forest Seed & Variety Center. Medicinal plants growing on our mountains (in Korean). Korean Forest Service 2013.
3. Plants For A Future. [cited 2019 Nov 23]. Available from: <https://pfaf.org>.
4. Useful tropical plants Database. [cited 2019 Nov 23]. Available from: <http://tropical.theferns.info>.
5. Kim GH, Lee SY, Lee AR. The effect of *Selaginella tamariscina* on inhibition of pancreatic lipase and lipid accumulation. Korean J Food Nutr 2019;32:27-32.
6. Kim GJ, Jung HH, Kim JH, Kim HJ. Indoor air purifying plants. NIHHS 2014.
7. Odinkov VN, Galyautdinov IV, Nedopekin DV, Khalilov LM, Shashkov AS, Kachala VV, Dinan L, Lafont R. Phytoecdysteroids from the juice of *Serratula coronata* L. (Asteraceae). Insect Biochem Mol Biol 2002;32:161-5.
8. Zhao Q, Chen XY, Martin C. *Scutellaria baicalensis*, the golden herb from the garden of Chinese medicinal plants. Sci Bull 2016;61:1391-8.
9. Wu XM, Zhang LQ, Chen XC, Feng L, Xing WX, Li YM. A new iridoid derivative from the roots of *Scrophularia buergeriana*. Yao Xue Xue Bao 2014;47:1019-21.
10. Ahn GR, Choi MA, Kim JE, Seo EJ, Kim JY, Kim SH. A report of eighteen unrecorded fungal species in Korea. Kor J Mycol 2017;45:292-303.
11. Choi MA, Park SJ, Ahn GR, Kim SH. Identification and characterization of *Paraconiothyrium brasiliense* from garden plant *Pachysandra terminalis*. Kor J Mycol 2014;42:262-8.
12. Kim SH, Uzunovic A, Breuil C. Rapid detection of *Ophiostoma piceae* and *O. quercus* in stained wood by PCR. Appl Environ Microbiol 1999;65:287-90.
13. White TJ, Bruns TD, Lee SB, Taylor JW. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, editors. PCR protocols: a guide to methods and applications. San Diego: Academic Press; 1990. p. 315-22.
14. Glass NL, Donaldson GC. Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. Appl Environ Microbiol 1995;

- 61:1323-30.
15. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol Biol Evol* 2013;30:2725-9.
 16. Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987;4:406-25.
 17. Chen Q, Jiang JR, Zhang GZ, Cai L, Crous PW. Resolving the *Phoma* *enigma*. *Stud Mycol* 2015;82:137-217.
 18. Park MS, Eimes JA, Oh SH, Suh HJ, Oh SY, Lee S, Park KH, Kwon HJ, Kim SY, Lim YW. Diversity of fungi associated with roots of *Calanthe* orchid species in Korea. *J Microbiol* 2018;56:49-51.
 19. Lu Q, Wang Y, Li N, Ni D, Yang Y, Wang X. Differences in the characteristics and pathogenicity of *Colletotrichum camelliae* and *C. fructicola* isolated from the tea plant (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze). *Front Microbiol* 2018;9:3060.
 20. Chen Y, Qiao W, Zeng L, Shen D, Liu Z, Wang X, Tong H. Characterization, pathogenicity and phylogenetic analyses of *Colletotrichum* species associated with brown blight disease on *Camellia sinensis* in China. *Plant Dis* 2017;101:1022-8.
 21. Hou LW, Liu F, Duan WJ, Cai L. *Colletotrichum aracearum* and *C. camelliae-japonicae*, two holomorphic new species from China and Japan. *Mycosphere* 2016;7:1111-23.
 22. Lee JK, Cha BJ, Shin HD, La YJ. Forest and shade tree pathology. Hyangmunsa; 2017.
 23. National Species List. [cited 2019 Nov 23]. Available from: <http://www.kbr.go.kr/stat/ktsnfiledown/downpopup.do>.
 24. Cho WD, Hong SG, Kim WG, Jee HJ, Lee YK, Choi HS, Kim CH. Occurrence and distribution of crop diseases caused by invasive alien pathogens in Korea. *Res Plant Dis* 2005;11:1-9.
 25. Liu F, Weir BS, Damm U, Crous P, Wang Y, Liu B, Wang M, Zhang M, Cai L. Unravelling *Colletotrichum* species associated with *Camellia*: employing ApMat and GS loci to resolve species in the *C. gloeosporioides* complex. *Persoonia* 2015;35:63-86.
 26. Nag Raj TR, Ponnappa KM. Blight of waterhyacinth caused by *Alternaria eichhorniae* sp. *Trans Br Mycol Soc* 1970;55:123-30.
 27. Shabana YM, Charudattan R, Elwakil MA. Identification, pathogenicity, and safety of *Alternaria eichhorniae* from Egypt as a bioherbicide agent for waterhyacinth. *Biol Control* 1995;5:123-35.
 28. Robeson D, Strobel G, Matusumoto GK, Fisher EL, Chen MH, Clardy J. Alteichin: an unusual phytotoxin from *Alternaria eichhorniae*, a fungal pathogen of waterhyacinth. *Experientia* 1984;40:1248-50.
 29. Shabana YM, Baka ZAM, Abdel-Fattah GM. *Alternaria eichhorniae*, a biological control agent for waterhyacinth: mycoherbicidal formulation and physiological and ultrastructural host responses. *Eur J Plant Pathol* 1997;103:99-111.
 30. Yirefu F, Lantinga EA, Tessema T. Occurrence and diversity of fungal pathogens associated with water hyacinth and their potential as biocontrol agents in the rift valley of Ethiopia. *Int J Pest Manage* 2017;63:355-63.
 31. Uecker FA. A world list of *Phomopsis* names with notes on nomenclature, morphology and biology. *Mycologia memoir*, vol 13. Berlin-Suttgart: Cramer Publisher; 1988.
 32. Rodeva R, Karov I, Stoyanova Z, Kovacevik B, Manova V, Georgieva R. *Phomopsis capsica* and *Colletotrichum coccoides* infecting pepper in Macedonia. In: International symposium on current trends in plant protection; 2012 Sep 25-28; Belgrade, Serbia. Belgrade: Institute for Plant Protection and Environment; 2012. P. 257-63.