

제주도 지역 담배가루이 JpL의 발생현황

박유정¹ · 남화연¹ · 이준호^{1,2*}

¹서울대학교 농생명공학부 곤충학전공, ²서울대학교 농업생명과학대학 농생명공학연구원

Occurrence of *Bemisia tabaci* JpL (Hemiptera: Aleyrodidae) on Jeju Island in Korea

Yujeong Park¹, Hwa Yeun Nam¹ and Joon-Ho Lee^{1,2*}

¹Entomology Program, Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University, Seoul 08826, Korea

²Research Institute of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul 08826, Korea

ABSTRACT: *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) is one of the major insect pests causing economic damages to over 900 different crops in the world. Especially, *B. tabaci* JpL (*L. japonica*) is known as a species living only in Japan and Korea so far, and mainly in *Lonicera japonica* and specific plant species. This study was conducted to investigate the occurrence and spread of *B. tabaci* JpL on Jeju Island in 2019. Of the total 25 areas surveyed, 1,003 individuals of *B. tabaci* JpL adults were collected from 24 *L. japonica* and one *Conyza sumatrensis*. All populations identified belonged to the JpL species. The result of this study showed that the population of *B. tabaci* JpL has increased at very high speeds to date compared to the previous reports in Korea.

Key words: *Bemisia tabaci*, JpL, *Lonicera japonica*, Jeju Island, Korea

초 록: 노린재목(Hemiptera) 가루이과(Aleyrodidae)에 속하는 담배가루이(*Bemisia tabaci* Gennadius)는 전 세계적으로 900종 이상의 다양한 작물에 경제적 피해를 주고 있는 주요 해충이다. 특히 이 중 담배가루이 JpL (*Lonicera japonica*)은 현재까지 일본과 한국에서만 서식하는 종으로 보고되어 있으며, 주로 인동덩굴(*Lonicera japonica*) 및 일부 식물 종에만 서식하는 것으로 알려져 있다. 본 연구는 2019년 제주도 지역 담배가루이 JpL의 발생 현황 및 확산 정도를 확인하기 위하여 수행되었으며, 총 25개 채집지역 중 24개 지역의 인동덩굴 및 1개 지역의 큰망초(*Conyza sumatrensis*)에서 담배가루이 JpL 성충 1,003개체를 채집하였다. 채집된 담배가루이 성충의 유전자 염기서열을 분석한 결과, 분석된 모든 담배가루이는 JpL로 확인되었으며, 본 연구의 결과 담배가루이 JpL의 개체수는 이전에 국내에서 보고된 이후 현재까지 매우 빠른 속도로 증가하고 있음을 확인하였다.

검색어: 담배가루이, 인동덩굴, 제주도, 한국

담배가루이(*Bemisia tabaci* (Gennadius))는 노린재목(Hemiptera) 가루이과(Aleyrodidae)에 속하며, 전 세계적으로 채소와 관상용 식물 등 약 900종 이상의 다양한 기주에 서식하여 식물의 체관부를 흡즙하거나 감로를 배설하고(Perring, 1993; Chen et al., 2004; Navas-Castillo et al., 2011), 약 100종 이상의 식물 바이러스를 매개하여 경제적으로 큰 피해를 주는 주요 해충이다(Perring et al., 1993; Jones, 2003; Simon et al., 2003).

담배가루이는 1889년 그리스의 담배에서 최초로 발견되었고(Gennadius, 1889), 이 후 국제무역을 통해 지중해 지역을 시작으로 전 세계로 확산되기 시작하였다(Cervera et al., 2000). 담배가루이는 외관상 형태적 구분이 어려운 최소 36개의 서로 다른 종으로 나뉘며(De Barro et al., 2011; Boykin et al., 2012), 특히 이 중 MEAM1 (Middle East-Asia Minor 1, B biotype)과 MED (Mediterranean, Q biotype)는 전 세계적으로 가장 심각하게 피해를 주는 종으로 알려져 있다(Hu et al., 2011). 국내에서는 1998년에 담배가루이 MEAM1이 최초 발견되었고(Lee et al., 2000), 이후 2004년에 담배가루이 MED (Lee et al., 2005),

*Corresponding author: jh7lee@snu.ac.kr

Received July 10 2019; Revised August 14 2019

Accepted August 19 2019

2014년에 JpL (*Lonicera japonica*)이 보고되어(Lee et al., 2014) 현재 국내에서는 이 3종의 담배가루이가 서식하는 것으로 알려져 있다. 본 연구에서 분석된 담배가루이 JpL은 2009년 일본에서 새로운 종으로 처음 보고되었으며, 현재까지 일본과 한국에서만 존재하는 종으로 알려져 있다(Ueda et al., 2009; Lee et al., 2014). 또한 JpL은 다른 담배가루이 종과는 달리 대부분 인동덩굴(*Lonicera japonica*)에 주로 서식하며, 이 외에도 국내에서는 왕고들빼기(*Lactuca indica* var. *laciniata*), 큰망초(*Conyza sumatrensis*) 및 개망초(*Erigeron annuus*)에서도 서식하는 것으로 보고되었다(Lee et al., 2014).

본 연구는 2019년 현재 제주도 전 지역에 서식하는 담배가루이 JpL의 지역별 분포현황 확인을 통하여, 국내에서 2014년 이후 어느 정도 수준으로까지 확산이 되었는지를 확인하기 위해 수행하였다.

재료 및 방법

분포 조사 및 채집

담배가루이의 제주도 지역별 분포 조사는 2019년 5~6월, 25개 지역에서 성충 총 1,003개체가 인동덩굴 및 큰망초 2종의 기주에서 채집되었다(Fig. 1, Table 1). 채집된 모든 담배가루이 성충은 gDNA 추출 전까지 99.8%의 에탄올에 보관하였다.

담배가루이 종 판별

gDNA 추출

채집된 담배가루이 성충의 지역별 종 판별을 위하여, Qiagen

Genra Puregene Tissue Kit (Qiagen, Gaithersburg, MD, USA)를 사용하여 gDNA를 추출하였고, 제공된 프로토콜 기준으로 지역당 대표적으로 담배가루이 성충 각각 2개체를 랜덤으로 선정하여 총 50개체를 추출하였다. 추출된 gDNA 시료는 분석 전까지 -20°C 에 보관하였다.

유전자 염기서열 분석

채집된 담배가루이의 유전자 염기서열 분석을 위해 C1-J-2195 (5'-TTGATTTTTTGGTCATCCAGAAGT-3')과 L2-N-3014 (5'-TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA-3')의 mtCOI primer (Frohlich et al., 1999)가 사용되었으며, 추출된 모든 샘플은 각각 gDNA 2 ml, 1 ml forward primer (10 pmol/ml), 1 ml reverse primer (10 pmol/ml)와 25 mM dNTPs, 10 mM Tris-HCl (pH 9), 30 mM KCl, 1.5 mM MgCl_2 , 1 unit of Taq DNA polymerase의 Accupower[®] PCR PreMix (Bioneer, Seoul, Korea)를 사용하여 총 반응용액의 양을 20 ml로 하였다.

담배가루이 유전자 염기서열 분석을 위한 PCR조건은 94°C 5분간 변성처리 후 94°C 에서 1분으로 52°C 에서 1분, 72°C 에서 1분으로 34회 반복으로 증폭하였고, 마지막으로 72°C 에서 5분간 처리하였으며, 모든 담배가루이 시료의 유전자 염기서열 분석은 Bionics (Seoul, Korea)에서 실시하였다.

분석된 모든 유전자 염기서열은 NCBI BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)를 통해 GenBank에 수록된 담배가루이 JpL의 서열들의 유사도를 확인하였으며, 본 연구의 25개 지역 유전자 염기서열과 이전에 GenBank에 보고된 한국 14개 지역(Lee et al., 2016), 일본 8개 지역(Ueda et al., 2009)의 담배가루이 JpL 유전자 염기서열을 다운로드 하여 취합하였고, Neighbor-Joining (NJ) tree는 MEGA X (Molecular Evolu-

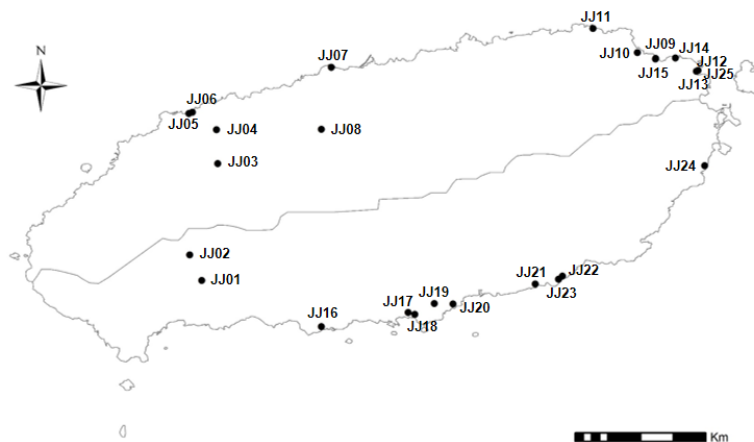


Fig. 1. The 25 sampling sites of *B. tabaci* JpL on Jeju Island in Korea (2019). The population names are listed in Table 1.

Table 1. Sampling information of *B. tabaci* JpL on Jeju Island in Korea

No.	Sample site	Pop	Collection date	GPS coordinates	Host plant	GenBank accession No.	Sample size	
							F	M
1	Seogwipo-si	JJ01	2019-05-01	33°15'15.0"N, 126°16'09.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	13	3
2	Seogwipo-si	JJ02	2019-05-01	33°18'43.0"N, 126°20'28.0"E	<i>Conyza sumatrensis</i>	AB308114	1	0
3	Jeju-si	JJ03	2019-05-01	33°24'45.0"N, 126°22'19.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	2	0
4	Jeju-si	JJ04	2019-05-01	33°28'03.0"N, 126°20'24.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB240967	3	1
5	Jeju-si	JJ05	2019-05-01	33°28'08.0"N, 126°20'39.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	3	1
6	Jeju-si	JJ06	2019-05-01	33°26'58.0"N, 126°22'14.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	27	12
7	Jeju-si	JJ07	2019-05-02	33°31'05.0"N, 126°29'49.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	43	36
8	Jeju-si	JJ08	2019-05-02	33°27'00.0"N, 126°29'10.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	47	16
9	Jeju-si	JJ09	2019-06-10	33°31'41.0"N, 126°51'14.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	4	1
10	Jeju-si	JJ10	2019-06-10	33°32'04.0"N, 126°50'02.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	1	0
11	Jeju-si	JJ11	2019-06-10	33°33'40.0"N, 126°47'06.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	2	1
12	Jeju-si	JJ12	2019-06-11	33°30'54.0"N, 126°54'02.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	1	0
13	Jeju-si	JJ13	2019-06-11	33°30'50.0"N, 126°53'55.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	11	3
14	Jeju-si	JJ14	2019-06-11	33°31'43.0"N, 126°52'32.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	19	16
15	Jeju-si	JJ15	2019-06-11	33°31'39.0"N, 126°51'13.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	54	43
16	Seogwipo-si	JJ16	2019-06-12	33°14'00.0"N, 126°29'10.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	32	55
17	Seogwipo-si	JJ17	2019-06-12	33°14'56.0"N, 126°34'54.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	4	0
18	Seogwipo-si	JJ18	2019-06-12	33°14'49.0"N, 126°35'20.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	21	32
19	Seogwipo-si	JJ19	2019-06-12	33°15'32.0"N, 126°36'37.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	51	31
20	Seogwipo-si	JJ20	2019-06-12	33°15'30.0"N, 126°37'51.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	KX714968	50	82
21	Seogwipo-si	JJ21	2019-06-12	33°16'49.0"N, 126°43'17.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	12	18
22	Seogwipo-si	JJ22	2019-06-12	33°17'20.0"N, 126°45'05.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	21	22
23	Seogwipo-si	JJ23	2019-06-12	33°17'08.0"N, 126°44'49.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308114	82	56
24	Seogwipo-si	JJ24	2019-06-12	33°24'37.0"N, 126°54'28.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	33	28
25	Seogwipo-si	JJ25	2019-06-13	33°31'25.0"N, 126°51'43.0"E	<i>Lonicera japonica</i>	AB308116	7	2

tionary Genetics Analysis X) 프로그램(Kumar et al., 2018)의 Kimura 2-parameter method (Kimura, 1980)를 사용하여 작성하였다. 또한 지역별 담배가루이 JpL의 유전적 변이는 Kimura 2-parameter distance model (Kimura, 1980)을 사용하여 계산하였다.

결과 및 고찰

분포 조사 및 채집

본 연구에서 분석된 담배가루이 성충은 제주도 25개 지역에서 1,003개체(암컷 544, 수컷 459개체)가 채집되었으며, 24개 지역은 인동덩굴에서 채집되었고, 1개 지역(JJ02)에서는 큰망초에서 채집되었다. 이전에 보고된 Lee et al. (2016)에서 2013

년 및 2014년에 제주도 일부 지역에서 적은 수의 담배가루이 JpL 개체가 채집되어 보고되었지만, 본 연구가 진행된 2019년에는 제주도 전역 대부분의 지역에서 많은 수의 개체가 채집되었다. 담배가루이 JpL은 현재 제주도 전 지역에 많이 확산되어 있으며, 앞으로 국내의 더 많은 지역으로 빠르게 확산되어 서식할 가능성이 높을 것으로 판단된다.

담배가루이 종 판별

담배가루이의 유전자 염기서열 분석 결과, 제주도의 25개 지역에서 채집된 모든 담배가루이는 JpL로 확인되었으며, 한국 및 일본의 총 47개 지역 담배가루이 JpL 423 bp의 유전자 염기서열을 취합하여 분석한 지역별 담배가루이 JpL의 NJ tree는 Fig. 2와 같이 형성되었다. 또한 분석된 47개 지역 담배가루이

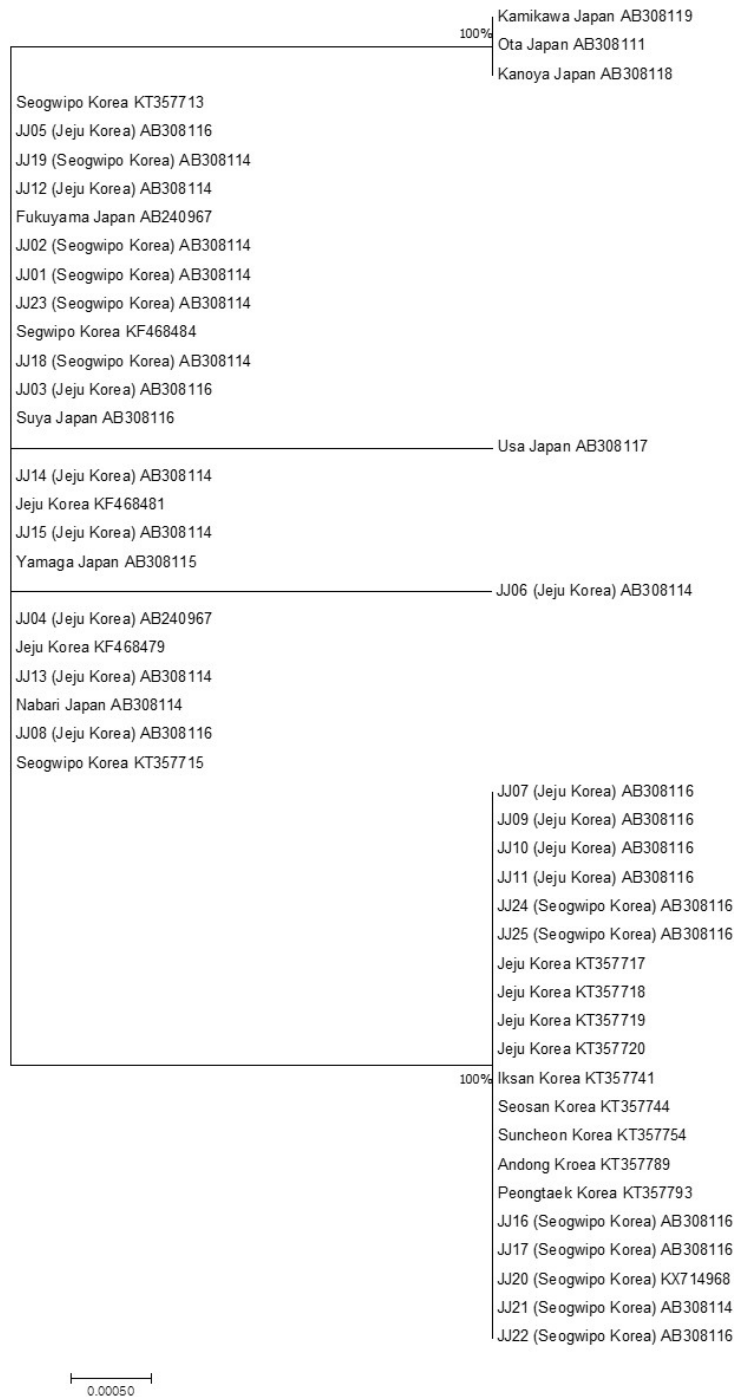


Fig. 2. The Neighbor-Joining (NJ) tree based on 423 COI sequences of *B. tabaci* JpL in Korea and Japan. The NJ tree showing the relationships among COI sequences of *B. tabaci* JpL.

JpL은 0.3~0.6% 범위의 지역별 유전적 변이를 보이는 것으로 확인되었다. 본 연구의 결과 지리적으로 일본과 인접한 제주도 지역은 담배가루이 JpL이 국내에서 처음 발견된 이후 현재까지 지속적으로 그 개체수가 매우 빠른 속도로 증가하고 있음을 확인하였다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청의 ‘아시아지역 국가별 작물별 주요 해충 계통발생학적 역학조사(과제번호: PJ01424904)’ 와 Brain Korea Plus 21의 지원에 의해 수행되었습니다.

Literature Cited

- Boykin, L.M., Armstrong, K.F., Kubatko, L., De Barro, P., 2012. Species delimitation and global biosecurity. *Evol. Bioinform. Online* 8, 1-37.
- Cervera, M.T., Cabezas, J.A., Simon, B., Martínez-Zapater, J.M., Beitia, F., Cenis, J.L., 2000. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bull. Entomol. Res.* 90, 391-396.
- Chen, J., McAuslane, H.J., Carle, R.B., Webb, S.E., 2004. Impact of *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Auchenorrhyncha: Aleyrodidae) infestation and squash silverleaf disorder on zucchini yield and quality. *J. Econ. Entomol.* 97, 2083-2094.
- De Barro, P.J., Liu, S.S., Boykin, L.M., Dinsdale, A.B., 2011. *Bemisia tabaci*: a statement of species status. *Annu. Rev. Entomol.* 56, 1-19.
- Frohlich, D.R., Torres-Jerez, I., Bedford, I.D., Markham, P.G., Brown, J.K., 1999. A phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Mol. Ecol.* 8, 1683-1691.
- Gennadius, P., 1889. Disease of tobacco plantations in the Trikonion. The aleurodid of tobacco. *Ellenike Georgia* 5, 1-3.
- Hu, J., De Barro, P., Zhao, H., Wang, J., Nardi, F., Liu, S.S., 2011. An extensive field survey combined with a phylogenetic analysis reveals rapid and widespread invasion of two alien whiteflies in China. *PLoS One* 6, e16061.
- Jones, D.R., 2003. Plant viruses transmitted by whiteflies. *Eur. J. Plant Pathol.* 109, 195-219.
- Kimura, M., 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide-sequences. *J. Mol. Evol.* 16, 111-120.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K., 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Bio. Evol.* 35, 1547-1549.
- Lee, M.H., Kang, S.Y., Lee, S.Y., Lee, H.S., Choi, J.Y., Lee, G.S., Kim, W.Y., Lee, S.W., Kim, S.G., Uhm, K.B., 2005. Occurrence of the B- and Q-biotypes of *Bemisia tabaci* in Korea. *Korean J. Appl. Entomol.* 44, 169-175.
- Lee, M.I., Ahn, S.B., Cho, W.S., 2000. Morphological characteristics of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Homoptera: Aleyrodidae) and discrimination of their biotypes in Korea by DNA Markers. *Korean J. Appl. Entomol.* 39, 5-12.
- Lee, W., Kim, C.S., Lee, K.Y., Lee, G.S., 2016. The JpL species of the *Bemisia tabaci* complex in Korea: Detection by an extensive field survey and analysis of COI sequence variability. *J. Asia-Pac. Entomol.* 19, 23-29.
- Lee, W., Lee, S.M., Kim, C.S., Choi, H.S., Akimoto, S.I., Lee, K.Y., Lee, G.S., 2014. Three species of the *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) complex in the Republic of Korea; detection by an extensive field survey combined with a phylogenetic analysis. *Fla. Entomol.* 97, 155-161.
- Navas-Castillo, J., Fiallo-Olivé, E., Sánchez-Campos, S., 2011. Emerging virus diseases transmitted by whiteflies. *Annu. Rev. Phytopathol.* 49, 219-248.
- Perring, T.M., Cooper, A.D., Rodriguez, R.J., Farrar, C.A., Bellows, T.S., 1993. Identification of a whitefly species by genomic and behavioral studies. *Science* 259, 74-77.
- Simon, B., Cenis, J.L., Demichelis, S., Rapisarda, C., Caciagli, P., Bosco, D., 2003. Survey of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) biotypes in Italy with the description of a new biotype (T) from *Euphorbia characias*. *Bull. Entomol. Res.* 93, 259-264.
- Ueda, S., Kitamura, T., Kijima, K., Honda, K.I., Kanmiya, K., 2009. Distribution and molecular characterization of distinct Asian populations of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) in Japan. *J. Appl. Entomol.* 133, 355-366.