Korean Journal of Environmental Biology

Original article

https://doi.org/10.11626/KJEB.2020.38.4.616

Korean J. Environ. Biol.
38(4) : 616-624 (2020)
ISSN 1226-9999 (print)
ISSN 2287-7851 (online)

한국과 중국 채집 담배가루이 지역계통의 B, Q biotype 분포 및 살충제 약제반응, 토마토황화잎말림바이러스 보독율 비교

정인홍*, 박부용, 이관석, Qiong Wu[1], Feifei Li[1], Zhenxing Zhang[1], Yongzhe Zhu[1]

농촌진흥청 국립농업과학원 작물보호과, [1]중국 청도농업대학 화학및약학부

Comparison of B and Q biotype distribution, insecticidal mortality, and TYLCV viruliferous rate between Korean and Chinese local populations of *Bemisia tabaci*

In-Hong Jeong*, Bueyong Park, Gwan-Seok Lee, Qiong Wu[1], Feifei Li[1], Zhenxing Zhang[1] and Yongzhe Zhu[1]

Crop Protection Division, National Institute of Agricultural Science, RDA, Wanju 55365, Republic of Korea
[1]College of Chemistry and Pharmacy, Qingdao Agricultural University, Qingdao City 266-109, Shandong Province, China

***Corresponding author**
In-Hong Jeong
Tel. 063-238-3312
E-mail. ihjeong1@korea.kr

Received: 16 October 2020
First Revised: 27 November 2020
Second Revised: 7 December 2020
Revision accepted: 8 December 2020

Abstract: International trade is one of the primary ways that non-native species spread worldwide. Korea and China are geographically close and have a large mutual trade volume. To investigate the population movement of the invasive whitefly (*Bemisia tabaci* Gennadius) between the two countries, we compared the biotype distribution, insecticidal response, and the TYLCV (tomato yellow leaf curl virus) viruliferous rate of local populations collected in 2019. Based on the mitochondrial DNA COI sequences of *B. tabaci*, only the Q biotype was found in all populations in Korea, whereas the B biotype (14.3%) and Q biotype (85.7%) were found in China. In the haplotype composition of the *B. tabaci* Q biotype, only the Q1 group [Q1H1 (79.8%) and Q1H2 (20.2%)] was observed in China, but the Q1 group [Q1H1 (1.7%) and Q1H2 (97.5%)] and the Q2 group (only one individual) were found in Korea. The Korean populations showed high mortality (more than 80%) from 15 commercial insecticides, but the Chinese populations showed significantly low mortality from eight insecticides. No TYLCV infections were observed in the Korean populations while the average TYLCV viruliferous rate was 21.4% in the Chinese populations. Taken together, the results suggest that the population structures of *B. tabaci* in the two countries are different and may have different immigration histories.

Keywords: *Bemisia tabaci* Gennadius, population genetics, insecticidal response, viruliferous rate

서 론

20세기 이후 기후변화와 더불어 국가 간 여행객 이동과 농산물 교역량이 증가하면서 국제적으로 외래종의 침입과 그로 인한 환경 및 생태계 파괴가 큰 문제가 되고 있다 (Hulme 2009). 해충의 경우, 2011년까지 국내에서 보고된

 ©2020. Korean Society of Environmental Biology.

침입해충은 170종이었고 76.6%가 농업에 피해를 주는 종들로서(Hong *et al.* 2012), 현재에도 매년 수입 절화류, 관상목, 채소류에서 발견되는 건수가 증가하고 있다(Lee *et al.* 2016). 그 가운데 특히 가루이류, 총채벌레, 깍지벌레 등과 같이 비교적 크기가 작고 잎이나 줄기의 즙액을 흡즙하는 노린재류가 많고 일부 바이러스를 매개하여 2차적 피해를 주는 종들도 포함되어 있다. 국내 수입되는 신선 채소류는 2016년 현재 중국으로부터 수입이 전체 80% 이상(잎채소 83.2%, 줄기채소 85.4%, 뿌리채소 94.2%)을 차지 하고 있어(KTSPI 2017), 이들 수입농산물을 통한 담배가루이 등 미소해충들의 지속적 유입 가능성이 매우 높을 것으로 추정된다.

담배가루이(*Bemisia tabaci* Gennadius)는 세계적으로 중요한 농업해충이면서 대표적인 침입해충으로(De Barro *et al.* 2000; Wan *et al.* 2009) 우리나라에서는 1998년 침입하여 전국적으로 확산하였으며 이웃 국가 중국도 2003년 Q biotype이 운남성에서 처음 보고되어 전국적으로 빠르게 확산하고 있다(Teng *et al.* 2010). 기주범위(약 600여 종)가 넓고 직접 흡즙에 의한 피해와 함께 간접적으로 100여 종 이상의 바이러스를 매개하며 특히 시설재배지의 농작물에 피해가 크다(Perring *et al.* 1993; Lee *et al.* 2000). 담배가루이는 24종의 biotype이 존재한다고 보고되어 있으며(Perring 2001), 알려진 biotype 중 B biotype과 Q biotype이 가장 큰 문제가 되고 있다. 최근에는 담배가루이가 형태적으로 구분이 어려운 서로 다른 40여 개 이상의 종복합군(species complex)을 이루고 있다고 밝혀졌다(Lee *et al.* 2013; Lee and Lee 2017). 일반적으로 담배가루이 B biotype에 비하여 Q biotype이 살충제에 대한 저항성과 바이러스 감염성이 더 높아 담배가루이 방제를 위한 전략에도 담배가루이 biotype 변화를 고려한 세밀한 접근이 필요하다(Brwon *et al.* 1995; Xanen *et al.* 2002; Luo *et al.* 2010; Chen *et al.* 2016).

분자생물학적 기술의 발달은 적은 시간과 비용으로 다양한 생물에서 유전형 분석을 가능하게 하여 개체군의 biotype이나 유전적 다양성에 관한 연구에 응용되고 있는데, 그중 미토콘드리아 DNA 서열 중 cytochrome oxidase I (mtCOI) 유전자는 곤충의 종내 변이, 계통분류학적 동정에 많이 사용되고 있다(Dinsdale *et al.* 2010; Lee *et al.* 2013; Li *et al.* 2017), 특히 특정 국가 내로 침입 해충이 발생하였을 경우 이들의 원산지 추정을 가능케 하는데 mtCOI 유전자를 활용한 계통 분석하여 외래 해충인 미국선녀벌레와 갈색날개매미충의 유입원 추적을 확인한 사례가 있다(Kwon *et al.* 2015, 2017).

본 연구에서는 국내에 침입한 이래 여전히 시설 및 노지의 다양한 작물에서 문제가 되고 있는 담배가루이를 효율적으로 관리하기 위하여, 먼저 국외(중국) 농산물 수입 등으로 담배가루이가 지속적으로 유입되었는지 그 가능성을 알아보기 위하여 담배가루이 국내 계통과 중국 계통 간의 mtCOI 유전자 서열 분석을 통하여 biotype 및 haplotype의 유전적 동질성을 확인해 보고자 하였다. 또한 양 국가의 담배가루이 계통 간 살충제에 대한 약효반응과 대표적인 담배가루이 매개 바이러스인 토마토황화잎말림바이러스(tomato yellow leaf curl virus; TYLCV)의 보독율 수준을 비교하고자 하였다.

재료 및 방법

1. 시험 곤충의 준비

시험에 사용된 담배가루이의 채집지역과 장소, 기주식물은 Table 1과 Table 2와 같다. 2019년 7월~8월 국내 및 중국의 채소 재배 시설 및 노지에서 채집하여 각 지역계통별로 곤충사육실(25±2°C, 60±5% RH, 16L : 8D)에서 아크릴케이지(25×25×30 cm^3)에 넣고 담배 잎을 먹이로 공급하여 사육하였다. 유전자 추출을 위한 담배가루이 지역계통은 채집 당일 플라스틱 튜브(Ependorf, 1.5 mL)에 넣고 95% 에탄올에 침적한 후 −20°C 조건에서 보관하였다.

2. 담배가루이 biotype 및 haplotype 분석

1) 게놈 DNA 추출

국내 6개 및 중국 12개 지역계통을 대상으로 계통별로 20개체를 미토콘드리아 DNA 염기서열 분석에 사용하였다. 전체 DNA는 각 개체를 플라스틱 튜브에 넣고, 10 μL의 DNA lysis buffer 추가 후 sealed pipet으로 마쇄하여 추출하였다. 추출물은 65°C 조건에서 15분, 95°C에서 10분간 가열한 후 50 μL의 멸균수로 정용하였으며, −20°C 조건에서 보관하였다.

2) PCR 분석

Qu *et al.* (2020)에 의해 보고된 프라이머와 분석방법을 사용하였다. 프라이머는 2195MF (5′-CTGGTTYTTTGG

TCATCCRGARGT-3′)와 2830R (5′-CAATCAGCATA ATCTGAATATCG-3′)를 사용하였고, PCR 반응용액은 총 25 μL로서 1 μL의 게놈 DNA 시료, 2.5 μL 10×완충용액, 2 μL dNTPs, 1 μL씩의 각 프라이머, 그리고 0.5 μL의 Taq polymerase로 구성되었다. PCR 반응조건은 95°C에서 5분 변성처리하고 증폭 반응은 94°C에서 1분간 변성, 52°C에서 1분간 결합, 72°C에서 1분간 사슬연장으로 구성하여 35회 반복 증폭시켰으며, 끝으로 72°C에서 7분 더 반응시켰다. 증폭된 PCR 산물은 1.5% agarose gel을 이용하여 전기영동하여 분리하였다. 분리된 PCR 산물은 ABI3730 DNA analyzer를 이용하여 양방향 염기서열 분석하고(Qingdao Personal Biotechnology, China), CAP3 sequence assembly program (http://doua.prabi.fr/software/cap3)으로 어셈블리를 수행하였으며 MEGA7의 ClustalW 법으로 게놈의 유실이나 차입, 가짜 게놈 등 체크하여 염기서열을 정렬하였으며, De Barro and Ahmed (2011)의 방법을 이용하여 haploptype 분석을 실시하였다. 두개의 염기서열 중 하나 이상의 돌연변이가 관찰되면 다른 haplotype로 인정하였다. 담배가루이 계통의 haplotype 구성은 pyrogenetic analysis (MEGA7, Kimiura-2, Maximum likelihood)로 확인하였다.

3. 살충제 약제반응 검정

담배가루이 살충제 약제반응은 국내 6개 지역계통과 중국 산동성 청도시 1계통에 대하여 국내에서 시판 중인 살충제 15종(Table 3)을 사용하여 엽침지법(leaf dipping method)을 이용하여 검정하였다. 그리고 살충활성을 비교하기 위하여 국립농업과학원에서 수년간 살충제 노출 없이 계대사육한 실험실계통을 대조구로 활용하였다. 시험방법은 직경 3.5 cm의 오이 잎 디스크 절편을 만든 후 살충제를 증류수로 희석한 희석액에 30초간 침지한 후, 후드 안에서 30분간 음건하였다. 침지한 오이 잎이 음건되는 동안 가열 교반기를 이용하여 0.8%의 agar 배지를 만들고 망사가 처리된 뚜껑의 페트리디쉬($\Phi 5 \times 1.5\ cm^2$, SPL #310050)에 Micro pipette을 이용하여 약 4 mL씩 분주하였다. Agar가 굳은 후, 음건한 오이 잎의 뒷면이 위로 향하게 올려놓은 후, 페트리디쉬당 성충을 20마리씩 접종 후 항온기(25±2°C, 60±5% RH, 16L : 8D)에서 72시간 후 사충수를 조사하였다. 모든 실험은 3반복으로 실시하였고, 성충의 사망 유무는 실체현미경(Olympus SZX12, Japan)을 이용하여 시험 곤충을 곤충핀으로 건드려 움직임이 없는 개체는 죽은 것으로 판단하였다. 살충활성은 무처리의 자연사망률을 제한 값인 보정사충률(%)을 사용하였다(Abbott 1925). 살충제의 지역계통 간의 살충률의 비교는 SPSS 13.0 (IBM, USA)를 이용하여 DMRT (Duncan's multiple range test)를 분석하였다.

4. Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) 보독율 조사

국내 6개 지역계통과 중국 4개 지역계통(요녕성의 단동시, 대련시, 산동성의 연태시, 수광시, 청도시, 절강성의 항주시, 광동성의 심천시)에서의 Virus PCR 검정법을 이용하여 조사하였다. 담배가루이 게놈 DNA 분리는 Viral Genespin™ kit (Intron Biotechnology Inc. Korea)를 이용하여 사용자 매뉴얼에 따라 분리하였으며, Ghanmim *et al.* (2007)이 보고한 프라이머 TYLCV-61 (5′-ATACTTGGACAC CTAATGGC-3′)과 TYLCV-473 (5′-AGTCACGGGCCC TTACAA-3′)를 이용하였다. PCR 조건은 95°C 3분 가열 처리를 실시한 다음 94°C 30초(변성), 58°C 1분(결합), 72°C 1분씩(사슬연장) 30회 증폭 반응시켰으며, 마지막으로 72°C 5분간 처리하여 반응을 종료시켰다. PCR 반응을 확인하기 위해 1% agarose gel로 전기영동 후 자외선 조사기(UV transilluminator)를 이용하여 PCR 산물을 확인하여

Table 1. Collection site and date of Korean *Bemisia tabaci* populations

Collection site	Collection date	Host plant	Coordinates	
Anseung	Aug. 02. 2019	Cucumber	37°04′44.75″N	127°19′79.74″E
Cheonan	Aug. 01. 2019	Water melon	36°76′86.25″N	127°31′01.95″E
Gunsan	Jul. 12. 2019	Paprika	35°92′49.95″N	126°82′03.62″E
Gangjin	Jul. 24. 2019	Cucumber	34°67′57.43″N	126°71′89.86″E
Seungju	Jul. 16. 2019	Korean melon	35°93′00.88″N	128°26′72.91″E
Busan	Jul. 16. 2019	Cucumber	35°20′15.10″N	128°93′19.81″E

 ©2020. Korean Society of Environmental Biology.

Table 2. Collection site and date of Chinese *Bemisia tabaci* populations

Collection site		Collection date	Host plant	Coordinates
JiLin	YanJi	Aug. 23. 2019	Hibicus	42°54′55″N 129°28′50″E
	TongHua	Aug. 19. 2019	Eggplant	42°38′20″N 125°50′25″E
Liaoning	DanDong	Aug. 17. 2019	Eggplant	39°54′50″N 124°08′50″E
	DaLian	Aug. 15. 2019	Eggplant	38°59′52″N 121°24′54″E
ShanDong	YenTai	Sep. 05. 2019	Eggplant	37°25′30″N 121°22′30″E
	ShouGuang	Sep. 05. 2019	Eggplant	36°50′00″N 118°50′00″E
	QingDao	Sep. 05. 2019	Eggplant	36°19′60″N 120°23′30″E
JangSu	LianYunGang	Aug. 06. 2019	Eggplant	34°35′00″N 119°11′30″E
ZheJiang	WenZhou	Aug. 02. 2019	Eggplant	27°52′30″N 120°00′30″E
	HangZhou	Aug. 03. 2019	Cucumber	30°27′00″N 120°27′30″E
FuJian	ZhangZhou	Jul. 30. 2019	Eggplant	24°32′35″N 117°42′10″E
GuangDong	ShenZhen	Jul. 28. 2019	Eggplant	22°39′40″N 114°17′45″E

전기영동에서 420 bp 띠를 형성 여부에 따라 TYLCV 보독 여부를 확인하였다. 대조구로는 중국 천진시 농과원에서 분양받은 TYLCV를 함유한 담배가루이를 사용하였다.

결과 및 고찰

1. 담배가루이 biotype 및 haplotype 분석

본 연구에서는 국내 담배가루이 6개 지역계통 118개체의 biotype을 분석한 결과 모두 Q biotype (100%)만 발견되었다. 담배가루이 biotype의 분포 및 확산을 보면, B biotype은 중동지역에서 기원하여 1980년대 후반부터 세계적으로 확산되었으며, Q biotype은 2000년대 초반부터 지중해 연안에서 기원하여 최근까지 전 세계로 확산되고 있다(De Barro *et al.* 2011). 국내에서는 1998년 충북 진천군 장미재배지에서 처음 발견되었으며 모두 B biotype이었다(Lee *et al.* 2000). 그 이후 Q biotype의 유입으로 두 biotype이 같이 관찰되었으며, 점차 Q biotype의 발견이 우세하였는데(Lee *et al.* 2012; Kim and Kim 2014), 현재는 거의 모든 지역에서 Q biotype으로 대체되고 있는 것으로 생각된다. 이번 조사에서 중국 8개성 237개체에서 Q biotype (85.7%)이 B biotype (14.3%)에 분포 비율이 높아 중국도 Q biotype으로 대체되고 있는 과정에 있다고 생각된다. 중국의 경우, 2003년 Q biotype이 운남성에서 처음 보고되기 전까지 중국 22개성에 B biotype이 우점하면서 농작물에 피해를 주고 있었으나, 이후 Q biotype이 전국적으로 빠르게 확산하였다(Teng *et al.* 2010). 수년간의 많은 연구를 통해서 Q biotype이 B biotype에 비하여 극한 온도에 대한 내성, 살충제에 대한 저항성에 더 강하며, 일부 스트레스 관련 유전자의 발현으로 새로운 환경에 대한 적응력이 높다는 것이 밝혀졌으며, 이러한 이유로 실제 포장에서 Q biotype이 경쟁에서 우위를 갖고 B biotype을 대체하는 것으로 생각되고 있다(Horowitz *et al.* 2005; Mahadav *et al.* 2009; Lee *et al.* 2012; Pan *et al.* 2015).

한편 Chu *et al.* (2012)과 Li *et al.* (2017)에 의하면 담배가루이 Q biotype은 5가지 haplotype 그룹으로 세분되고, Q1그룹은 또 다시 5개의 그룹(Q1H1~Q1H5)으로 세분될 수 있다. Q1 그룹은 모로코, 스페인과 같은 지중해 서부에 주로 분포하고 Q2 그룹은 이스라엘과 같은 지중해 동부에 주로 분포하는 특성 때문에 담배가루이 계통 haplotype의 조성을 살피는 것은 침입 기원지에 대한 정보를 제공한다고 할 수 있다. 미국의 경우 지역에 따라 차이는 있지만 Q1과 Q2가 동시에 발견된 반면 중국의 경우는 Q1만 발견되어 두 국가의 유입원과 패턴에 차이가 있었다(Chu *et al.* 2012). 본 연구에서는 중국 계통과 한국 계통에서의 담배가루이 haplotype 구성이 크게 달랐다. 중국 계통은 모두 Q1만 관찰되었고, Q1H1 (79.8%), Q1H2 (20.2%)로 구성되어 있었으며, 한국 계통은 Q1이 우세하였지만 Q2 (안성계통)도 관찰되었고, Q1 그룹도 Q1H1 (1.7%), Q1H2 (97.5%)로 중국과 달리 Q1H2 계통이 우세하였다(Table 4). 한국의

Table 3. Insecticides and their recommended concentration

Chemical groups	Insecticides	Recommended concentration (mg L^{-1})
Pyrethroids	Etofenprox 20% EC[a]	200
Neonicotinoids	Acetamiprid 8% WP[b]	40
	Dinotefuran 10% WP	100
	Imidacloprid 8% SC[c]	40
	Thiamethoxam 10% WG[d]	50
Butenoides	Flupyradifurone 17.09% SL[e]	85.5
Spinosyns	Spinetoram 5% SC	25
Antibiotics	Emamectin benzoate 2.15% EC	21.5
Insect growth regualtior	Pyriproxifen 10% EC	50
Pyridine azomethines	Pyrifluquinazon 10% WG	50
Pyridazinone	Pyridaben 20% WP	200
Tetronic acids	Spiromesifen 20% SC	100
	Spirotetramet 22% SC	110
Diamides	Cyclaniliprole 4.5% SL[c]	22.5
	Cyantraniliprole 5% EC	25

[a]EC: Emulsifiable concentrate; [b]WP: Wettable powder; [c]SC: Suspension concentrate; [d]WG: Water dispensible granule; [e]SL: Soluble concentrate.

경우 최소 2번의 유입이 있었음을 짐작할 수 있다. 이와 같이 한국 담배가루이는 중국 계통과 유전적 조성에서 차이를 보여 중국으로부터의 유입 가능성은 낮다고 생각된다. 그러나 연구에 활용된 지역계통과 그 개체수가 많다고 할 수 없으므로 보다 합리적인 결과를 얻기 위해서는 유전 조성에 차이가 있는 지역을 중심으로 조사수를 늘려서 검토해 볼 필요가 있다고 생각한다.

2. 담배가루이의 살충제에 대한 약제반응

담배가루이는 발육기간이 짧고 연간 발생 횟수가 많아 포장에서 살충제 도태에 의한 저항성 발달 가능성이 높다(Devine and Denholm 1998). 실제로 유기인계, 카바메이트계, 피레스로이계, 네오니코티노이드계, 디아마이드계 등 다양한 계열에서 살충제 저항성이 보고되어 왔으며(Horowitz *et al.* 2005; Ahmad *et al.* 2010; Wang *et al.* 2018) 지금까지 65개 약제성분(AI)에 대해 약 660개 이상의 저항성 보고 사례가 있다(Mota-Sanchez and Wise 2020). 국내에서는 담배가루이가 문제가 되기 시작한 초기부터 우수 방제약제를 선발하고자 하는 연구가 다수 수행되어 왔으나(Kim *et al.* 2000; Ha *et al.* 2003; Lee *et al.* 2012) 약제저항성발현에 관한 연구는 많지 않다. Lee *et al.* (2010)은 국내 9개 지역계통에 대하여 네오니코티노이드계 이미다클로프리드, 클로티아니딘의 약제저항성이 높게 발달했다고 보고한 바 있다. 국내 담배가루이는 B biotype 유입 이후 Q biotype로 충분히 대체되고 있어 저항성의 발달 가능성은 더 높아졌다고 할 수 있다.

본 연구에서는 국내 담배가루이에 대하여 현재 사용되고 있는 15약제들의 실내 검정 결과, 대부분의 지역계통에서 충분한 살충력(mortality≥80%)을 보여 저항성으로 인한 문제는 크지 않을 것으로 생각되었다(Table 5). 다만 안성계통은 Spinetoram SC (살충률, 82.7%), pyrifluquinazon WG (71.6%), pyridaben WP (72.2%), 강진계통은 pyrifluquinazon WG (64.8%), 성주계통은 spinetorma SC (60.6%), pyriproxifen EC (69.0%)과 pyrifluquinazon WG (72.3%)에서 기타 지역계통들이나 실험실계통(저항성이 낮음)과 비교하여 통계적으로 살충력이 낮아 저항성이 발달했을 가능성이 높다고 생각된다. 그리고 전체적으로 살충력이 낮았던 테트로닉산 계열인 spromesifen SC과 spirotetramet SC은 실험실계통에서도 살충력이 각각 45.8%, 23.9%로 낮게 나타나 저항성보다는 담배가루이 성충에 방제력이 낮은 것으로 판단된다. 이는 spiromecifen이 담배가루이 성충에는 약한 활성을 보이고 약충에 훨씬 높은 활성을 보인다는 Liu (2004)의 결과와 일치하였다. 한편 같이 조사한 중국 산동성 지모시 계통은 국내 계통들과 달리, etofenprox EC (30.9%), acetamirpid WP (31.1%), imidacloprid SC (60.6%), thiamethoxam WG (64.5%), pyriproxifen EC (37.3%), pyridaben WG (36.2%), cyantraniliprole SL (73.8%)의 활성이 낮았으며 저항성이 한국보다는 높게 발달되고

 ©2020. Korean Society of Environmental Biology.

Table 4. Biotype and haplotype of *Bemisia tabaci* populations collected from Korea and China

Nation	Local population	Number of sequence	Number of Q	Q haplotype			Number of B
				Q1H1	Q1H2	Others	
Korea	AnSeung	20	20	0	19	1	0
	CheonAn	20	20	1	19	0	0
	GunSan	20	20	0	20	0	0
	GangJin	20	20	0	20	0	0
	SeungJu	20	20	0	20	0	0
	BuSan	18	18	1	17	0	0
	Sub total	118	118	2	115	1	0
China	YanJi	20	0	0	0	0	20
	TongHua	19	19	13	6	0	0
	DanDong	20	20	16	4	0	0
	DaLian	20	20	8	12	0	0
	YenTai	19	19	16	3	0	0
	ShouGuang	20	20	18	2	0	0
	QingDao	19	19	19	0	0	0
	LianYunGang	20	20	10	10	0	0
	WenZhou	20	20	17	3	0	0
	HangZhou	20	20	20	0	0	0
	ZhangZhou	20	17	17	0	0	3
	ShenZhen	20	9	8	1	0	11
	Sub total	237	203	162	41	0	34
Total		355	321	164	156	1	34

있는 것으로 추정된다.

3. 담배가루이의 토마토황화잎말림바이러스(TYLCV) 보독율

토마토황화잎말림바이러스는 담배가루이에 의해 영속전염하는 토마토의 대표적인 바이러스병으로 2008년 경남 통영에서 처음 발생하였으며 육묘장을 통하여 2019년도에만 전국 22개 시·군으로 확산되었다(Choi *et al.* 2010). 본 연구에서는 한국과 중국 조사지역에서 담배가루이의 TYLCV 보독율을 조사하였다. 국내 담배가루이의 TYLCV 보독은 모든 조사지역에서 발견되지 않았고 중국의 경우 보독율이 0~60% (평균 21.4%)로 지역 간의 편차가 크게 나타났다(Table 6). TYLCV는 다양한 기주식물에서 증식하지만 주로 토마토, 담배 등 가지과 작물에 많이 감염되는 것으로 보고되고 있는데(Kil *et al.* 2014), 국내 채집한 담배가루이의 기주가 가지과가 아닌 시설지 내 오이, 수박, 참외 등과 같은 박과류가 대부분이었기 때문에 바이러스 보독이 발견되지 않은 것으로 판단된다. 실제 2009년 국내 바이러스병 발생 현황을 보면 TYLCV는 모두 토마토에서 검출되었다(Choi *et al.* 2010). 반면 중국의 경우는 채집 기주가 오이였던 항주시(보독율 0%)를 제외하면 모두 노지재배 가지였기에 상대적으로 TYLCV의 감염율이 높았을 것으로 추정된다.

이상에서 우리는 담배가루이 유전자형 구성(biotype 및 haplotype)과 살충제 약제반응, TYLCV 보독율을 한국 계통과 중국 계통에 대하여 각각 살펴보았다. 제시된 결과만을 두고 판단한다면 한국 담배가루이는 중국 계통과 연관성이 크지 않아 양국이 별도로 유입되어 확산되었으며, 중국 계통이 국내에 유입되어 영향을 주었을 가능성은 낮아 보인다. 그러나 다양한 정보가 더 많이 축적된다면 지금과는 다른 결과를 보여줄 수도 있다. 오늘날 세계는 물적 인적교류가 급속히 증가하고 있고 외래 생물의 침입 가능성은 지속적으로 높아지고 있다. 외래 생물체 유입에 대한 대응전략의 하나로 유입원에서 발생상황 및 관리방안 등 정보수집이 필요하다. 본 연구는 이러한 유입가능성이 높은 해충에 대한 유입 전·후 효율적 관리를 위한 정보 확보의 한 사례가 될 수 있을 것으로 생각한다.

Table 5. Mortality (mean ± SE, %) of *Bemisia tabaci* local populations exposed to the recommended concentration of each insecticide

Pesticide	RC (mg L^{-1})[a]	Mortality (% ± SE)							
		AnSeung	CheonAn	GunSan	GangJin	SeongJu	BuSan	JiMo[b]	Sus[c]
Etofenprox EC	200	97.9 ± 3.67a	100.0 ± 0.00a	97.9 ± 3.67a	85.9 ± 12.22a	100.0 ± 0.00a	93.3 ± 0.35a	30.9 ± 16.68b	97.4 ± 4.58a
Acetamiprid WP	40	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	31.1 ± 12.81b	100.0 ± 0.00a
Dinotefuran WP	100	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a
Imidacloprid SC	40	85.6 ± 4.87a	96.8 ± 2.81a	90.2 ± 6.62a	100.0 ± 0.00a	95.2 ± 4.19a	83.9 ± 1.99a	60.6 ± 19.40b	97.4 ± 4.50a
Thiamethoxam WG	50	88.5 ± 9.30a	94.2 ± 10.12a	90.3 ± 16.87a	89.4 ± 5.29a	82.6 ± 18.71ab	89.1 ± 6.75a	64.5 ± 12.85b	95.7 ± 7.50a
Flupyradifurone SL	85.45	80.9 ± 8.79ab	100.0 ± 0.00a	90.9 ± 8.89a	86.6 ± 2.91a	60.6 ± 34.25b	83.9 ± 7.41ab	100.0 ± 0.00a	82.7 ± 6.75ab
Spinetoram SC	25	82.7 ± 4.11c	97.6 ± 4.20a	97.3 ± 4.73a	97.8 ± 3.78a	100.0 ± 0.00a	92.0 ± 1.26b	91.4 ± 14.95a	100.0 ± 0.00a
Emamectin benzoate EC	21.5	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	95.3 ± 8.22a	100.0 ± 0.00a
Pyriproxifen EC	50	84.1 ± 6.54ab	100.0 ± 0.00a	97.6 ± 4.10a	96.1 ± 6.84ab	69.0 ± 20.45b	82.5 ± 1.60ab	37.3 ± 33.77c	94.1 ± 5.26ab
Pyrifluquinazon WG	50	71.6 ± 18.95b	94.4 ± 9.65a	94.4 ± 4.83a	64.8 ± 10.53b	80.8 ± 12.24ab	80.1 ± 9.53ab	85.8 ± 3.78ab	78.1 ± 11.28ab
Pyridaben WP	200	72.2 ± 2.27b	77.6 ± 5.03ab	87.8 ± 4.09a	88.1 ± 3.94a	72.0 ± 3.35b	77.2 ± 4.80ab	36.2 ± 7.13c	82.1 ± 14.13ab
Spiromesifen SC	100	24.7 ± 15.92bc	36.7 ± 13.64abc	16.4 ± 4.49c	12.4 ± 10.80c	12.7 ± 11.65c	10.6 ± 16.90c	63.6 ± 24.51a	45.8 ± 13.83ab
Spirotetramet SC	110	19.3 ± 2.79ab	30.9 ± 16.31ab	15.6 ± 6.57b	9.2 ± 8.89b	30.9 ± 23.27ab	23.2 ± 16.56ab	56.5 ± 42.73a	23.9 ± 10.11ab
Cyclaniliprole SL	22.5	100.0 ± 0.00a	95.0 ± 4.46a	100.0 ± 0.00a	100.0 ± 0.00a	92.8 ± 7.06a	97.7 ± 4.07a	58.4 ± 31.7b	100.0 ± 0.00a
Cyantraniliprole EC	25	95.8 ± 7.33a	100.0 ± 0.00a	95.8 ± 3.67a	100.0 ± 0.00a	97.8 ± 3.86a	100.0 ± 0.00a	81.6 ± 7.24b	100.0 ± 0.00a

[a]RC: recommended concentration; [b]Local population of Jimo city, Shandong province in China; [c]Sus: laboratory strain.
Mortality values by the different letters within a row are significantly different at the 0.05 level (DMRT).

 ⓒ2020. Korean Society of Environmental Biology.

Table 6. Viruliferous rate (%) of tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) in *Bemisia tabaci* local populations

Nation	Local population	Viruliferous rate (%)	
Korea	AnSeung	0	Not detected
	CheonAn	0	
	GunSan	0	
	GangJin	0	
	SeongJu	0	
	BuSan	0	
China	DanDong	60	21.4±20.5
	DaLian	20	
	YanTai	10	
	ShouGuang	5	
	QingDao	35	
	HangZhou	0	
	ShenZhen	20	

적 요

세계적인 침입해충 담배가루이(*Bemisia tabaci* Gennadius)의 한국 계통과 중국 계통의 유연관계를 알아보기 위하여 2019년에 채집한 두 계통들의 biotype 분포, 살충제 반응, 바이러스 보독율을 조사하고 차이를 분석하였다. 미토콘드리아 COI 유전자 서열을 이용하여 집단 분석한 결과 국내는 모든 지역계통에서 Q biotype만 발견되었으며, 중국은 B biotype (14.3%)과 Q biotype (85.7%)이 동시에 발견되었다. 담배가루이 Q biotype의 haplotpye 구성도 중국은 모두 Q1 그룹만 관찰되었고 Q1H1 (79.8%), Q1H2 (20.2%)로 구성되어 있었으며, 한국은 Q1이 우세한 가운데 Q2도 관찰되었으며 Q1 그룹의 구성도 Q1H1 (1.7%), Q1H2 (97.5%)로 중국과는 크게 달랐다. 15종 살충제에 대한 약제반응은 국내 계통은 일부 약제를 제외하고 대부분 약제에서 충분한 살충력(mortality≥80%)을 보여주었으나 중국 계통은 40% 이하의 살충력을 보인 약제들이 다수 있었으며 한국보다는 높은 저항성을 갖고 있었다. 토마토 황화잎말림바이러스(TYLCV)의 보독율은 국내 계통에서는 발견되지 않았으며 중국의 경우 0~60% (평균 21.4%)가 발견되었다. 따라서 한국와 중국의 담배가루이 계통 간에는 유전적 조성과 살충제 반응, 바이러스 보독율에 있어서 큰 차이를 보여주었으며 양국의 담배가루이가 서로 다른 유입 패턴을 갖고 있음을 알 수 있었다.

사 사

본 논문은 농촌진흥청 아젠다과제(과제번호: PJ014018)의 지원에 의해 이루어진 연구결과의 일부입니다.

REFERENCES

Abbott WS. 1925. A method of computing the effectiveness of an insecticide. J Econ. Entomol. 18:265–267.

Ahmad M, MI Arif and M Naveed. 2010. Dynamics of resistance to organophosphate and carbamate insecticides in the cotton whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) from Pakistan. J. Pest Sci. 83:409–420.

Brown JK, DR Frohlich and RC Rosell. 1995. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* of a species complex? Annu. Rev. Entomol. 40:511–534.

Chen W, DK Hasegawa, N Kaur, A Kilot, PV Pinheiro, J Luan, MC Stensmyr, Y Zheng, W Liu, H Sun, Y xu, Y Luo, A Kruse, X Yang, S Kontsedalov, G Lebedev, TW Fishier, DR Nelson, WB Hunter, JK Brown, G Jander, M Cilia, AE Douglas, M Ghanim, AM Simmons, WM Wintermantel, KS Ling and Z Fei. 2016. The draft genome of whitefly *Bemisia tabaci* MEAM1, a global crop pest, provides novel insights into virus transmission, host adaptation, and insecticide resistance. BMC Biol. 14:110–124.

Choi HS, SH Lee, MK Kim, HR Kwak and JS Kim. 2010. Occurrence of virus disease on major crops in 2009. Res. Plant Dis. 16:1–9.

Chu D, X Hu, C Gao, H Zhao, RL Nichols and X Li. 2012. Use of mitochondrial cytochrome oxidase I polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism for identifying subclades of *Bemisia tabaci* Mediterranean group. J Econ. Entomol. 105:242–251.

De Barro PJ, F Driver, JW Trueman and J Curran. 2000. Phylogenetic relationships of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. Mol. Phylogenet. Evol. 16:29–36.

De Barro PJ and MZ Ahmed. 2011. Genetic networking of the *Bemisia tabaci* cryptic species complex reveals pattern of biological invasions. PLoS One 6:e25579.

De Barro PJ, SS Liu, LM Boykin and AB Dinsdale. 2011. Species status of *Bemisia tabaci*. Annu. Rev. Entomol. 56:1–19.

Devine GJ and I Delholm. 1998. An unconventional use of piperonyl butoxide of managing the cotton whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). Bull. Entomol. Res. 88:601–610.

Dinsdale A, L Cook, C Riginos, YM Buckley and P De Barro. 2010. Refined global analysis of *Bemisa tabaci* (Hemiptera:

Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) mitochondrial cytochrome oxidase 1 to identify species level genetic boundaries. Ann. Entomol. Soc. Am. 103:196–208.

Ghanim M, I Sobol, M Ghanim and H Czosnek. 2007. Horizontal transmission of begomoviruses between *Bemisia tabaci* biotypes. Arthropod-Plant Interact. 1:195–204.

Ha TK, IC Hwang, JK Kim, YH Song, GH Kim and YM Yu. 2003. Toxicities and control effect of three insecticides to greenhouse whitefly, *Traleurodes vaporariorum* and sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae). Korean J. Pesticide Sci. 3:29–36.

Horowitz AR, S Kontsedalov, V Khasdan and I Ishaaya. 2005. Biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* and their relevance to neonicotinoid and pyriproxyfen resistance. Arch. Insect Biochem. Physiol. 58:216–225.

Hong KJ, JH Lee, GS Lee and S Lee. 2012. The status quo of invasive alien insect species and plant quarantine in Korea. J. Asia-Pac. Entomol. 15:521–532.

Hulme PE. 2009. Trade, transport and trouble: managing invasive species pathways in an era of globalization. J. Appl. Ecol. 46:10–18.

Kil EJ, J Park, H Lee, J Kim, HS Choi, KY Lee, CS Kim and S Lee. 2014. *Lamium amplexicaule* (Lamiaceae): a weed reservoir for tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) in Korea. Arch. Virol. 159:1305–1311.

Kim E and Y Kim. 2014. Report on mixed occurrence of tobacco whitefly (*Bemisia tabaci*) biotypes B and Q in oriental melon farms in Kyungpook Province, Korea. Korean J. Appl. Entomol. 53:466–472.

Kim GH, YS Lee, IH Lee and KS Ahn. 2000. Suceptibility of sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) to commercially registered insecticides in Korea. Korean J. Appl. Entomol. 4:51–58.

KTSPI. 2017. Major vegetable import and export trends. In: Trend Analysis Vol. 114 (YT Jo, JM Park and AY Kim, eds.). Korea Trade Statistics Promotion Institute. Seoul.

Kwon DH, M Kim, H Kim, Y Lee, KJ Hong, SH Lee and S Lee. 2015. Estimation of genetic divergence based on mitochondrial DNA variation for an invasive alien species, *Metcalfa pruinosa* (Say), in Korea. J. Asia-Pac. Entomol. 18:447–451.

Kwon DH, SJ Kim, TJ Kang, JH Lee and DH Kim. 2017. Analysis of the molecular phylogenetics and genetic structure of an invasive alien species, *Ricania shantungensis*, in Korea. J. Asia-Pac. Entomol. 20:901–906.

Lee ML, SB Ahn and WS Cho. 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 and GS Lee. 2017. Reassessment of the taxonomic status of the *Bemisia tabaci* complex (Hemiptera: Aleyrodidae) based on mitochondrial COI gene sequences. Korean J. Appl. Entomol. 52:107–120.

Lee SW, SG Lee, JJ Kim, CK Park, HH Park, KH Kim and BY Choi. 2010. Neoniconoid resistance of *Bemisia tabaci* local populations and its clustering analysis. p. 63. In: Spring Symposium of the Korean Society of Pesticide Science. Yesan, Korea.

Lee W, J Park, GS Lee, S Lee and S Akimoto. 2013. Taxonomic status of the *Bemisia tabaci* complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and reassessment of the number of its constituent species. PLoS One 8:e63817.

Lee W, Y Lee, S Kim, JH Lee, H Lee, S Lee and K Hong. 2016. Current status of exotic insect pests in Korea: comparing border interception and incursion during 1996–2014. J. Asia-Pac. Entomol. 19:1095–1101.

Lee Y, J Kim, S Hong, J Park and H Park. 2012. Occurrence of sweet-potato whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and its response to insecticide in Gyeonggi area. Korean J. Appl. Entomol. 51:377–382.

Li HR, HP Pan, YL Tao, YJ Zhang and D Chu. 2017. Population genetics of an alien whitefly in China: implications for its dispersal and invasion success. Sci. Rep. 7:2228–2235.

Liu TX. 2004. Toxicity and efficacy of spiromesifen, a tetronic acid insecticide, against sweet potato whitefly (Homoptera: Aleyrodidae) on melons and collards. Crop Prot. 23:505–513.

Luo C, CM Jones, G Devine, F Zhang, I Denholm and K Gorman. 2010. Insecticide resistance in *Bemisia tabaci* biotype Q (Hemiptera: Aleyrodidae) from China. Crop Prot. 29:429–434.

Mahadav A, S Kontsedalov, H Czosne and M Ghanim. 2009. Thermotolerance and gene expression following heat stress in the whitefly *Bemisia tabaci* B and Q biotypes. Insect Biochem. Mol. Biol. 39:668–676.

Mota-Sanchez D and JC Wise. 2020. The arthropod pesticide resistance database. Michigan State University. http://www.pesticideresistance.org

Pan H, EL Preissner, D Chu, S Wang, Q Wu, Y Carrière, X Zhou and Y Zhang. 2015. Insecticides promote viral outbreaks by altering herbivore competition. Ecol. Appl. 25:1585–1595.

Perring TM. 2001. The *Bemisia tabaci* species complex. Crop Prot. 20:725–737.

Perring TM, AD Cooper, RJ Rodriguez, CA Farrar and TS Bellows. 1993. Identification of a whitefly species by genomic and behavioral studies. Science 259:74–77.

Qu WM, N Liang, ZK Wu, YG and D Chu. 2020. Minimum sample sizes for invasion genomics: Empirical investigation in an invasive whitefly. Ecol. Evol. 1:38–49.

Teng X, FH Wan and D Chu. 2010. *Bemisia tabaci* biotype Q dominates other biotypes across China. Fla. Entomol. 93:363–368.

 ©2020. Korean Society of Environmental Biology.