

포스터 발표장

F01

박과류 검은점뿌리썩음병의 기주범위 및 지역별 분포조사, 허노열 · 류경열 · 현익화, 농업과학기술원 해외병해충과

최근 박과작물 연작지 포장에서 발생하는 검은점뿌리썩음병에 대하여 기주범위 및 발생분포를 조사하였다. 본병은 1994년 수박대목용 참박에서 보고되었으나 참외, 오이, 멜론에서도 특징적인 검은점뿌리썩음을 확인할 수 있었고 발생포장도 '97년 10개 포장, '98년 32개 포장으로 발생지역이 크게 확장되었다. 기주별 발병율은 커다란 차이가 없었으나 90% 이상 발병으로 인하여 수확이 불가능한 포장도 다수 있었다. 시들음병징이 있는 병든 조직에서는 주로 *Fusarium oxysporum*, *Monosporascus cannonballus*, *Rhizoctonia solani* 균이 높은 빈도로 분리되었다. 이병식물에서 분리한 검은점뿌리썩음병균을 참외, 수박, 오이 종자를 이용하여 병원성 검정을 시험관과 풋트에서 실시하였다. 시험관 검정에서는 병원균 접종후 2주일부터 어린뿌리에서 자낭각이 형성되었고 3주 후에는 대부분이 고사하였으며, 뿌리에서 성숙한 자낭각을 확인할 수 있었다. 풋트검정에서는 병원균 접종후 30일만에 시들음증상이 처음으로 보이고 40일에는 포장에서와 같은 갑작스런 시들음증상이 보였으며, 지하부 뿌리에서는 대부분 자낭각이 형성되었고, 병원균 재분리가 가능하였다.

F02

1998년도 벼 주요병해 발생상황과 특이점, 최성호* · 한성숙 · 심홍식 · 민홍식 · 김동윤 · 최용철, 농업과학기술원 식물병리과

당해 년도의 신속한 병 방제전략 수립과 연도별 주요병해 발생상황 자료를 축적하기 위해 1998년도 전국 벼 주요병해의 시기별, 지역별 발생상황을 조사한 결과는 다음과 같다. 잎도열병 발생은 244개 조사포장 중 77.9%인 190개 포장에서 발생되고 있었으며, 특히, 중산간지대인 충북괴산, 제천, 강원 춘천지역에서 좌지답과 함께 심하게 발병되었다. 이삭도열병의 경우 경기, 강원, 충북지역에서 조사한 조생종의 경우 조사포장의 73%에서 발생되었고, 240개 포장의 평균 이병수율이 3.2% 였으며, 10% 이상 발병된 포장도 다수 발견되었다. 그러나, 충청, 호남, 영남지역의 중만생종에서는 전국평균 이병수율 0.65%로 발생이 매우 적었다. 특히, 금년도 조생종에서의 이삭도열병은 이삭목 뿐만 아니라 이삭목 아래의 절간부분에서 발병된 경우가 많았다. 잎집무늬마름병은 7월 중-하순에는 전년에 비해 발병정도가 심하였으나, 9.10-20 사이에 조사한 결과 지엽과 차엽 등 상위엽에는 발생이 매우 적었다. '98년도 벼 병해의 특징 중 하나는 전남의 전 지역과 충남 논산, 경남 사천 등 일부지역에서 흰잎마름병의 발생이 극심하여 261개 조사포장 중 203개 필지에서 평균 발병면적을 30.4%를 보였으며, 필지 전체가 100% 심하게 발병된 경우가 많았고 포장에서의 품종간 차이도 인정할 수 있었다. 이외에도 세균성벼알마름증상과 이삭누룩병이 전국적으로 발생되고 있었으며, 전북진안과 전남보성의 산간지 일부 포장에서 깨씨무늬병의 심한 발생이 관찰되었다.

F03

*Phytophthora nicotianae*에 의한 칼랑코에 역병, 한경숙 · 이중섭 · 최용문 · 지형진¹, 원예연구소 원예환경과, ¹농업과학기술원 식물병리과

칼랑코에(*Kalanchoe* sp.)는 유망한 분화용 화훼작물로 1998년 5월에 경기도 고양시의 칼랑코에 재배농가에서 줄기 하부로부터 검게 썩으며 급격히 시들음 증상을 조사하였다. 이병주의 병반부로부터 병원균을 분리한 결과 *Phytophthora nicotianae*로 동정 하였다. 균의 형태적 특성으로 10% V8 juice agar medium와 물속에서 다량의 유주자낭을 형성하였다. 유주자낭은 뚜렷한 유두돌기가 있으며 주로 단생하였는데, 모양은 도란형으로 크기는 길이가 24~64 μ m(av.47.3 μ m)였고, 폭은 20~48 μ m(av.35.0 μ m) 정도였다. 오래된 균사의 중간이나 끝에 구형의 후막포자를 형성하며 직경 20~36 μ m 크기였다. 배양적 특성에서 10% V8 agar와 corn-meal agar medium에서는 풍부한 균사를 형성, 생육이 좋았으나 potato-dextrose agar medium에서는 생육이 저조하며 전형적인 거미집 형태로 자라는 특성을 보였다. 생육온도범위는 최저 10 $^{\circ}$ C, 최고 37 $^{\circ}$ C, 최적온도는 30 $^{\circ}$ C 였다. 하홍을 비롯한 17개 칼랑코에 품종에 대한 병원성 검정을 실시한 결과 품종별 저항성 정도를 조사할 수 있었다.

F04

Unusual *Phytophthora* Root Rot of Lettuce Caused by *Phytophthora drechsleri* in Hydroponics, Hyeong-Jin Jee · Weon-Dae Cho · Wan-Gyu Kim and Yong-Chul Choi, Div. of Plant Pathology, Dept. of Crop Protection, National Institute of Agricultural Science and Technology, Suwon 441-707, Korea,

Although the genus *Phytophthora* is known to attack most plants, lettuce root rot caused by the fungi has not been reported in many countries including Korea. However, *Phytophthora* root rot of lettuce occurred severely in hydroponic culture in Seoul and Kyunggi province in 1998. Once a hydroponic unit was infested by the fungi, most plants were wilted in a week and died in 2-3 weeks depending on plant age. Subsequently, incidence of the lettuce root rot reached 90-100% in most infected hydroponic farms. While density of the causal *Phytophthora* in the nursery soil which was suspected primary inoculum source was ranged from 0.1 to 0.5 cfu/g, it was measured as 20 to 2,200 cfu/ℓ of infested hydroponic solutions. *Phytophthora* sp. was readily isolated from inside tissues of main roots and fine roots as well. Totally 51 isolates were collected from four hydroponic farms and most of their mycological characteristics were agreed well with *P. drechsleri*. Sporangia formed only in water were apapillate, obpyriform, ellipsoid, internally or externally proliferated, and measured as 30-72x18-35 (av. 50.4x28.5) μ m. Oospores with amphigynous antheridia were formed only in pairings either with A1 or A2 mating types and oogonia were ranged from 24 to 36 μ m and averaged 31.5 μ m. The fungus showed strong pathogenicity to lettuce and cabbage, weak to cucurbits, tomato and pepper, but not

pathogenic to perilla, kale, chicory, endive, and spinach beet. Among 14 species of *Phytophthora*, only *P. drechsleri* and *P. cryptogea* caused root rot on lettuce but others were not pathogenic to the plant.

F05

재배품종의 변화가 딸기 주요병해 발생에 미치는 영향, 남명현 · 정석기 · 유성준 · 서관석 · 김홍기¹ · 충남농촌진흥원 논산딸기시험장, ¹충남대학교 농생명학과

국내의 딸기작형이 노지재배에서 시설위주의 반촉성, 촉성재배로 전환됨에 따라 주요 재배품종도 변하여 80년대에는 보교조생 품종이 주종을 이루었으나 최근 수홍, 여봉, 장희 품종 등으로 주요 재배품종이 바뀌고 있다. 재배품종의 변화에 따른 품종별 주요 병해의 발생양상과 발생시기를 1996년부터 1997년까지 논산, 홍성지역의 4지점 12개 포장에서 조사한 결과 여봉품종에는 탄저병, 잿빛곰팡이병, 균핵병, 흰가루병, 윤반병, 뱀눈무늬병이 주요병해였으며 탄저병이 8월에 32.8%, 흰가루병이 5월에 34.7% 발생하여 가장 문제가 되는 병해로 조사되었다. 수홍품종에는 눈마름병, 잿빛곰팡이병, 흰가루병, 뱀눈무늬병이 주로 발생하며 눈마름병이 12월에 28.8% 발생하여 그 피해가 심했다. 보교조생품종에는 위황병, 눈마름병, 흰가루병, 뱀눈무늬병이 주요병해로서 위황병이 3월에 37.2%나 발생하고 있었다. 전국적인 농가 설문조사에서도 품종별 병발생 양상은 이와 유사하였다. 이처럼 딸기의 주요병해 발생은 재배품종과 직결되어 있었고, 발생시기도 각각 달랐다. 이 조사결과는 추후 효과적인 딸기 병해방제 대책 수립에 좋은 자료가 될 것이다.

F06

Outbreak of *Phytophthora* Rot on Pear in Southeast Part of Korea Caused by *Phytophthora cactorum*, Hyeong-Jin Jee · Hee-Youn Chee · Young-Seob Park¹, Ki-Woong Nam and Weon-Dae Cho, Div. of Plant Pathology, National Institute of Agricultural Science and Technology, Suwon 441-707, Korea, ¹Pear Protection Research Div. Naju National Pear Research Institute

Phytophthora rot on pear has never been reported in Korea, however, the disease was firstly observed at Seosan, Chungnam province in 1997, and abruptly broke out at Ulsan, Kijang and Sanju in 1998. The disease initiated on mid-April and developed until June, but retarded after July. Most parts of pear tree as leaf, flower and fruit clusters, twig, branch, and stem were infected and symptoms were consisted of large, irregular, reddish to brownish rots. While most young pear trees were attacked on the basal stem resulting crown rot, aerial parts of matured plants were vulnerable to the pathogen. From a survey conducted from June 2nd to 20th of 1998 throughout the country, the disease was observed over 1,000 pear orchards and the infection area was estimated over 270 ha in 19 cultivation areas. Among 43 isolates collected from 11 areas, 42 isolates were identified as *P. cactorum*

as following characteristics. Sporangia were conspicuously papillate, caducous, ovoid, and attaching short pedicles. Oospores with paragynous antheridia were abundantly produced by single cultures. Representative isolates showed strong pathogenicity not only to pear seedlings but apple and peach. Among 23 pear cultivars evaluated for susceptibility, Chuhwangbae and Soohwangbae were the most susceptible, Hosui, Youngsanbae, Shinsiki, Shinko, Niitaka, Kamcheonbae were susceptible, Kosui, Shinil, Imamuraaki, Kamro were moderate, Sunhwang, Chojuro, Mansu, Shinsui, Manpung, Hwanggeumbae, Wonhwang, Okusankichi, Minibae were resistant, and Hwasan and Leehwang were the most resistant. Investigation of genetic diversity of Korean isolates of *P. cactorum* originated from pear, apple, peach and strawberry is in progress.

F07

목재변색을 일으키는 청변곰팡이의 분리배양 및 무색균주를 이용한 생물적 방제가능성, 오은성, 이종규, 강원대학교 산림과학대학 산림자원보호학과

청변곰팡이(blue stain fungi)는 우리나라에서 별채되는 목재, 해외조림지에서 별채된 후 운반되거나 수입되는 목재내의 방사유세포에 침입한 착색균사(pigmented hyphae)에 의해 변재부위에 변색을 일으키는 곰팡이로서 목재의 질을 저하시켜 경제적 손실을 일으킬 뿐만 아니라 이의 방제를 위하여 사용하는 살균제는 환경오염의 원인이 되기도 한다. 따라서 국내에 존재하는 청변곰팡이의 종류를 조사하고 생물적 방제기술을 개발하기 위한 노력의 일환으로 청변곰팡이의 분리, 동정과 배양적 특성을 조사하였고 생물적 방제의 가능성에 대한 기초 연구를 수행하였다. 리기다 소나무(*Pinus rigida*), 잣나무(*Pinus koraiensis*), 리기테다 소나무(*Pinus rigitaeda*)의 변색된 목재를 채집하여 변색균을 분리, 배양하면서 동정한 결과, 불완전세대는 분생포자경 다발(synnema)과 분생포자를 형성하는 *Graphium* sp.로, 완전세대는 자낭각을 형성하는 *Ophiostoma* sp.로 동정되었다. Sectoring에 의해 유전적으로 멜라닌 색소가 결핍된 무색균주(colorless strain)를 확보하여 생물적 방제가능성을 조사하기 위하여 리기다 소나무(*P. rigida*)와 소나무(*P. densiflora*)의 목재칩에 무색균주와 변색균주(wild type strain)를 접종하여 조사한 결과, 무색균주와 변색균주를 동시에 또는 무색균주를 일주일 후에 접종한 경우에는 방제효과가 나타나지 않았으나, 무색균주를 일주일 먼저 접종한 경우에는 변색균주의 침입을 저지하여 방제가 가능한 것으로 나타났다. 또한 유성생식이 일어나더라도 계속적으로 멜라닌 색소가 결핍된 유전적 특성을 유지할 수 있는 무색균주의 확보를 위하여 자낭포자의 단포자 분리 및 mating에 대한 실험이 진행중이다.

F08

Characterization of a Blast Lesion Mimic Mutant of Rice, Sang-Geun Park · Soon-Ok Kim · Hee-Jong Koh¹, and Yong-Hwan Lee Dept. of Agricultural Biology and RCNBMA, Dept. of Agronomy¹, Seoul National University, Suwon 441-744

A Blast Lesion Mimic (*blm*) mutant of rice, termed according to the shape of lesion, displayed necrotic lesions in long day condition without any pathogen attack. Similar lesions were induced by infection of *Magnaporthe grisea*, but enhanced resistance was observed against several races of the blast fungus with non-race specific manner. Histological observation suggested that callose and phenolic compounds might play a role in enhanced resistance of *blm*. Also, peroxidase activity was highly increased in response to pathogen attack and in spontaneously occurred lesions. It suggested that defense mechanisms were not constitutively activated, but strongly induced against external stimuli. Infection of *Bipolaris oryzae* resulted in severe damage on *blm*, and displayed an altered disease symptom similar to blast lesion. Characterization of *blm* will be a help to understand R-gene specific resistance as well as non-race specific resistance mechanisms in rice.

F09

An application of tetrazolium(MTT) for the screening of anti-spore adhesion compounds

Jong Moon Yang, Kyung Seok Park and Choong Hoe Kim. Division of Plant Pathology, NIAST, RDA. Suwon 441-707, Korea

Conidia of *Collectotrichum gloeosporioides* begin to adhere to polystyrene surface immediately after contact before the onset of germination. The maximum adhesion was attained within 60min. The total number of population that adhered increased as conidia concentration increased, but the percentage of total adhered conidia decreased. Binding was not affected by the presence of salts such as sodium, potassium, calcium and magnesium chloride, but inhibited by zinc and manganese chloride. Adhesion of spore on polystyrene was best in pH 6. We developed a more clear and easier method for fungal spore adhesion and inhibition test using 3-(4,5-dimethyl-2-thiazolyl)- 2,5-diphenyl-2H tetrazolium bromide(MTT) with bacterial extract. We selected five effective bacteria showing anti-spore adhesion.

F10

Evidence for Anti-spore Adhesion Activity by Culture Filtrates of Plant Rhizobacteria

Kyung Seok Park · Jong Moon Yang and Choong Hoe Kim, Division of Plant Pathology, NIAST, RDA. Suwon 441-707, Korea

Sixteen hundred isolates of rhizobacteria were isolated from plant roots to anti-spore adhesion substances to *Collectotrichum gloeosporioides*, red-pepper anthracnose. The five folds diluent of each bacterial culture filtrate were incubated with spore suspension of *C. gloeosporioides* in microtitre plates and MTT solution. As a result of the test, six promising isolates were selected in which showed under 10 percent of spore adhesion activity compared to the control. Also It showed same pattern on red-pepper surface treatment as shown in the Microtitre plate assay. The most promising isolate 923-87 showed disease control effect against red-pepper

and cucumber. also this isolate have an inhibition activity in dual culture against *C. gloeosporioides* in addition to anti-spore adhesion. In the other way, the isolate 923-21 showed only an anti-spore adhesion activity without producing antibiotic substance in dual culture with *C. gloeosporioides* but have both anti-spore adhesion and disease control activities. In conclusion, anti-spore adhesion activity shown by bacterial culture filtrates resulted in decreasing red-pepper and cucumber anthracnose without antibiotic substance produced by the bacterial agents.

F11

접목재배에 의한 토마토 시들음병 방제효과, 남기웅 · 양성석 · 김충희, 농업과학기술원 작물보호부 식물병리과

F. oxysporum 에 의한 토마토 시들음병은 약제방제가 곤란하다. 따라서 저항성 대목을 이용 접목재배에 의한 방제방법을 검토하였다. 시판되는 토마토 대목 9종을 구입하여 *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 1, 2, 3에 대한 저항성 검정을 한 결과, 대부분 race 1, 2에는 저항성 정도가 강하거나 중정도였다. 그러나 race 3에는 2종에서만 저항성이 강하였고, 나머지는 약하거나 중도저항성이었다. 또한 간단한 접목방법을 선별하기 위해 핀접등 4가지 방법별로 시험한 결과 핀접목법이 접목활착율, 접목소요시간으로 판단할 때 가장 좋았다. 대목과 품종간 접목친화성 관계를 검토하기 위해서 9개 대목과 4품종 총 36조합에 대한 시험을 한 결과 3개 조합에서만 접목불친화성이 발생하였다. 매년 시들음병과 풋마름병 발생이 심한 농가포장에서 저항성 대목으로 선발한 영무자와 조인트에 서광 102를 접목하여 '98년 3월 25일 정식하여 재배하였다. 같은 해 7월 6일에 최종 조사한 결과 시들음병은 자근서광102에서는 12.7%인 반면 조인트에서는 7.8%, 영무자는 2.9%로 방제 효과가 좋았다. 그리고 풋마름병에서는 자근서광102가 37.3% 였으나 조인트에서는 32.5%, 영무자에서는 3.2%였다. 그러나 초기 발병은 자근묘 보다 두 대목이 월등히 지연시키는 효과가 있었다.

F12

대추나무 점무늬병(*Phoma* sp.)에 대한 방제 약제 선별, 이봉훈 · 차병진, 충북대학교 농생물학과

대추나무 잎의 조기 탈락에 영향을 미치는 점무늬병(*Phoma* sp.)방제에 효과적인 약제를 선별하기 위하여 본 연구를 수행하였다. 대추나무에서 점무늬 병징을 보이는 병반으로부터 병원균을 순수 분리하여 실험에 사용하였고, PDA와 JLSA(대추 잎 100g, Sucrose 20g, Agar 20g, DW 1ℓ)배지에 분리한 균을 접종하고 25°C에서 7일간, 12:12(D:L) 조건에서 10일간 배양한 뒤 4°C에 보관하였다. 약 30일 경과 후 포자를 형성하였을 때 살균수에 수거하여 실험에 사용하였다. *In vitro*의 1차 약제 시험에서 31종의 약제 중 8종 (benomyl 50%, iprodione 20% + propineb 50%, carbendazim 40% + kasugamycin 3.45%, triflumizole 15%, hexaconazole 2%, myclobutanil 6%, thiophanate-methyl 45% + triflumizole

15%, iminoctadine-triacetate 25%)을 선발하여 최소 억제 농도(MIC)를 측정한 결과 benomyl, carbendazim + kasugamycin이 10-50 μ g a.i./ml의 억제 농도에서 균사의 생육을 완전히 억제하였으며, 포자 발아 억제 실험에서는 iminoctadine-triacetate가 0.4 μ g a.i./ml에서 99%의 포자 발아 억제를, thiophanate-methyl + triflumizole, carbendazim + kasugamycin이 10 μ g a.i./ml에서 90%이상의 억제효과를 보였다. *In vivo* 효과 검정에서의 포자 살포 농도는 1x10⁶ spores/ml이었고, 약제는 각 약제의 권장 농도와 그 배량으로 조제하여 포자현탁액 접종 24시간 전 또는 후에 충분량을 잎에 분무하였다. 그 결과, 예방 효과 시험에서는 carbendazim + kasugamycin과 thiophanate-methyl + triflumizole이 기준 농도와 배량 농도에서 각각 70%, 90% 내외의 방제 효과를 보였다. 치료 효과 시험에서는 benomyl이 기준농도와 배량 농도 모두 90%이상의 높은 방제 효과를 보였고, carbendazim + kasugamycin과 thiophanate-methyl + triflumizole이 기준 농도와 배량 농도에서 70-80%의 방제 효과를 보였다.

F13

수용성 규소와 몇가지 전착제의 오이 흰가루병 억제 효과, 조일찬 · 이성희 · 차병진
충북대학교 농과대학 농생물학과

오이에 큰 피해를 주는 흰가루병균(*Sphaerotheca fuliginea*)에 대한 환경보전형 방제법을 개발하고자 수용성 규소와 몇가지 전착제의 억제효과를 조사하였다. *Cucumis sativus*(품종 : 백봉다다기, 입추반백오이)를 실험에 사용하였으며 수용성 규소(K₂SiO₃)는 2, 4, 8, 16mM을, 전착제, 실루엣, 카바 등 농업용 전착제는 권장 기준량과 배량을, Tween 20은 0.5%와 1%를 흰가루병 발생 초기부터 1주 간격으로 4회 오이 잎에 분무 처리하였다. 무처리는 잎에 같은 양의 물을 분무하였다. 2회째 처리 3일 후부터 3~4일 간격으로 균총 수, 병반면적을 6회 조사한 결과, 수용성 규소의 경우 무처리보다 적게 발병하였으나, 병반면적과 균총수는 시간이 지날수록 증가하였으며 처리간의 차이도 커졌다. 수용성 규소의 농도가 짙을수록 효과가 좋아, 실험완료 후 규소 8mM의 면적지수는 0.7이고 16mM은 0.4였으나 무처리는 2.5였다. 흰가루병균 균총 수도 면적지수와 비슷한 경향을 나타냈다. 육안 관찰상 약해증상은 없었다. 전착제도 모든 처리에서 무처리(면적지수:2.6, 균총 수:28.4)보다 방제효과가 있었으나 Tween 20(면적지수:0.4, 균총 수:3.5)과 카바(면적지수:0.4, 균총 수:6.2)만이 효과가 월등히 좋았다. 전착제 처리에서도 약해 증상은 없었다. 따라서 수용성규소 8~16mM, 또는 카바 배량이나 Tween 20 0.5~1%를 1~2주간격으로 잎에 분무하면 오이 흰가루병의 발생이 현저히 줄어드는 것을 확인하였다.

F14

Fungicide tolerance of anthracnose causing fungi, Myoung Yong Shim¹, Sun Sub Hwang², Chang Won Choi², and Sang.Ho Park³

¹ Plant Environment Department, Chungnam Rural Development Administration,

² Department of Biology, PaiChai University,

³ Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Taejon, Korea

Tolerance to fungicides for control anthracnose causing fungi, *Colletotrichum* spp. was quantified. Thirty isolates were used for this study and most of them collected from several locations of pepper field in Chungnam. Three fungicides, Mancozeb, Femarimol, and Chlorotharonyl, were applied to screen fungicide tolerance isolates and we found some isolates having fungicide tolerance. These isolates were compared by molecular method to determine the genetic diversity. Arbitrarily primed polymerase chain reaction of genomic DNA using several repetitive-motif primers and rDNA sequences were used to describe the genetic variability within *Colletotrichum* spp.

F15

Greenhouse evaluation of chemicals for clubroot control, Young Sik Seo, Gyung Ja Choi, Heung Tae Kim, Jin-Cheol Kim, Kyoung Soo Jang and Kwang Yun Cho, Screening Division, Korea Research Institute of Chemical Technology, Taejon

A total of 56 chemicals consisting of 34 fungicides, 8 herbicides, 4 anti-auxins, and 10 salicylic acid derivatives were tested in the greenhouse against *Plasmodiophora brassicae*, a causal agent of clubroot of chinese cabbage. Chinese cabbage (Hukjinju) seeds were sown in each pot filled with 180 ml of the infested soil, followed by pouring each chemical solution at doses of 11, 44, 175, 700, 2800 g/10a. After 35 days of incubation, disease severity and phytotoxicity were estimated. Among the fungicides developed for clubroot control, trichlamide, flusulfamide, fluazinam, and PCNB controlled effectively clubroot and trichlamide and flusulfamide showed highest controlling activity. However, flusulfamide caused phytotoxic effects at doses more than 175 g/10a. Several other fungicides such as captafol, nuarimol, procymidone, thiophanate-methyl, and chlorothalonil showed significant activity against the disease. When napropamide, alachlor, metolachlor, and fluazifop-P-butyl were applied at doses of 44 and 175 g/10a, the herbicides also decreased efficiently the incidence of clubroot, but they showed phytotoxicity at higher doses. In addition, all of the 4 anti-auxins tested reduced the clubroot disease and 2,3,5-triiodobenzoic acid was most active. It supports that auxin plays an important role in the gall formation. Salicylic acid derivatives showed no clubroot control activity. Further investigations on the effective chemicals in fields will clarify their potentials as chemicals for clubroot control.

F16

감귤 잿빛곰팡이병균 균주의 약제저항성 및 RAPD 분석, 이재균¹ · 서정규¹ · 고영진 · 문두길² · 한해룡² · 순천대학교 농과대학 응용생물원예학부, ¹순천대학교 자연과학대학 생물학과, ²제주대학교 원예학과

제주도의 주요 감귤재배지에서 수집한 감귤 잿빛곰팡이병균 48균주에 대한 약제저항

성 발생수준을 MIC값 10 $\mu\text{g/ml}$ 를 기준으로 조사한 결과 항생제 계통 잣빛곰팡이병 약제인 Polyoxin B에 대한 저항성균주의 비율은 100%, Benzimidazole계 약제인 Thiophanate-methyl과 Benomyl에 대해서는 각각 81.3%와 72.9%, N-phenylcarbamate계 약제인 Diethofencarb에 대해서는 33.3%인 것으로 조사되어 이 계통 약제들에 대한 약제저항성의 발생이 심각한 수준에 이르고 있는 것으로 확인되었다. 반면에 N-phenylcarbamate계와 Benzimidazole계 약제의 합제인 Diethofencarb + carbendazim에 대한 저항성균주의 비율은 2.1%였고, Dicarboximide계 약제중에서는 Ipodione에 대한 저항성균주의 비율이 4.2%였을 뿐 Procymidione 및 Vinclozolin에 대해서는 저항성균주가 관찰되지 않아 현재까지는 이 계통의 약제가 감귤 잣빛곰팡이병의 방제에 효율적으로 이용할 수 있는 형태임을 시사해 주었다. 또한 지역이 다른 24균주의 genomic DNA를 추출하여 8개 random primer에 의해 증폭시킨 genomic DNA fragment는 각각 5~12개, 약 0.49~11.2 kb 크기의 다양한 RAPD profile를 나타내었으나, 약제저항성 발생정도과 RAPD pattern 사이에는 일정한 연관성을 찾을 수는 없었다. 이러한 genomic DNA의 RAPD profile은 비록 제주도라는 작은 지역내에서도 감귤 잣빛곰팡이병균 균주들에서 유전적 분화가 다양하게 발생하고 있음을 나타낸다.

F17

*Colletotrichum gloeosporioides*에 의한 덴파레 탄저병, 이재홍 · ¹이동현 · 고영진 · 순천대학교 농과대학 응용생물원예학부, ¹순천대학교 농업과학연구소

1997년 전남 광양에서 재배하고 있는 덴파레(*Dendrobium phalaenosis*)에 탄저병이 심하게 발생하였는데, 잎에는 초기에 검은색의 둥글고 작은 점무늬가 형성된 후 점차 진전되면서 병환부가 검게 타고 심한 경우 잎 전체가 고사하여 낙엽이 졌다. 병든 덴파레 앞에서 분리한 균은 감자한천배지상에서 회색을 띠었으며, 균사생장 및 분생포자 형성 적온은 25~30°C였다. 13~20.5×4.5~7.5 μm 크기에 양끝이 둥근 무색, 단포의 원통형 또는 타원형의 분생포자를 형성하였고 분생포자는 발아하여 갈색 곤봉형 또는 불규칙한 모양을 하고 8~16.7×5.5~12 μm 크기의 부착기를 형성하였다. 따라서 분리균은 Sutton B. C.의 분류기준에 따라 *Colletotrichum gloeosporioides*로 동정할 수 있었다. 덴파레 탄저병의 방제를 위한 유효 약제를 선별하기 위한 *in vitro* 시험 결과 헥사코나졸 유제, 비타놀 수화제, 웨나리 · 만코지 수화제, 이프로 수화제 등에 의해 균사생장이 억제되었고, *in vivo* 시험에서도 헥사코나졸 유제, 베노밀 수화제, 이프로 수화제 등이 높은 병진 전 억제효과를 나타내었다.

F18

저장 중의 양파 부패 병원균의 분리, 동정 및 방제 약제 선별, 김홍태 · 최경자 · 안주현 · 장경수 · 김진철 · 조광연, 한국화학연구소 농약활성연구실

전남 함평과 무안 지역의 저장 중인 양파 중 부패된 양파에서 병원균을 분리하였다. 분리한 병원균은 *Fusarium oxysporum*, *Botrytis allii*, *Aspergillus niger*로 동정되었다. F.

oxysporum, *B. allii*는 저온 저장 중인 양파에서 분리하였으며, *A. niger*는 상온 저장 중인 양파에서 분리하였다. 그러나 저온 저장한 양파에서도 *A. niger*가 다수 발견되는 것으로 보아 *A. niger*는 포장의 토양에서 감염되는 것으로 생각된다. *F. oxysporum*과 *B. allii*의 균사생육 적온은 25 - 30°C, 15 - 25°C였으며, 발아 적온은 25°C와 20°C였다. 그러나 *A. niger*는 균사생육과 포자발아 모두 30 - 35°C가 적온이었다. 양파에 3가지의 병원균을 상 처접종한 결과 *F. oxysporum*, *B. allii*, *A. niger*는 20 - 25°C, 20°C, 30 - 35°C에서 병원성이 가장 크게 나타났다. 28개의 기존 살균제 이용하여 균사생육 억제실험을 실시한 결과, 1.0 µg/ml의 prochloraz 처리구에서 3가지 병원균은 모두 90%이상 균사생육이 억제되었다. 실험 결과 저장 중에 양파를 부패시키는 병원균의 방제에 종자소독제로 사용 중인 prochloraz가 가능성을 보였지만, 실용화하기 위해서는 저장고에서의 효과와 약제의 잔류 등에 대한 실험이 계속적으로 진행되어야 할 것이다.

F19

Mycotoxins produced by *Fusarium* and *Penicillium* isolates from corn, wheat and barley, 오소영 · 유승현 · 김진철¹ · 백수봉², 충남대학교 농과대학 응용생물화학부, ¹한국화학연구소 스크리닝연구부 농약활성연구팀, ²건국대학교 농과대학 식량자원학과

A total of 48, 43 and 40 isolates of fungi were isolated from corn, wheat and barley, respectively. The predominant genus of fungi from corn and wheat was *Penicillium*, whereas that from barley was *Fusarium*. The *Fusarium* species isolated from corn and barley were *F. moniliforme*, *F. graminearum*, *F. culmorum* and etc. Production of major mycotoxins in the wheat cultures of *Fusarium* was analyzed. *Fusarium* cultures were extracted with methanol and purified by TLC, and GC-Mass. Of 43 isolates of *Fusarium* from corn and barley, 2 isolates produced fumonisin B₁, 1 isolate produced NIV, 2 isolates produced NIV and zeralenon, 20 isolates produced zeralenon and 2 isolates produced DON. Forty isolates of *Penicillium* from corn and wheat were tested from *in vitro* production of major mycotoxins. Each isolates was grown on yeast extract sucrose(YES) medium. The cultures were extracted with chloroform and purified by TLC and HPLC. Of 40 isolates of *Penicillium*, 15 isolates produced penicillic acid, 13 isolates produced patulin, 1 isolate produced citrinin, 4 isolates produced griseofulvin and penicillic acid, 1 isolate produced griseofulvin and patulin, 1 isolate produced citrinin and patulin, 3 isolates produced citreoviridin and penicillic acid and 1 isolate produced citreoviridin and patulin.

F20

Biological and genetic characteristics of Korean isolates of *Stemphylium* spp, 조혜선* · 유승현, 충남대학교 농과대학 응용생물화학학부

Taxonomic studies on pure cultures of Korea isolates of *Stemphylium* revealed the presence of three species, namely *S. lycopersici*, *S. solani* and *S. vesicarium*. *S. lycopersici* and *S. solani*

were isolated from a leaf spot of pepper and tomato, and *S. vesicarium* from a leaf blight and spot of garlic, onion, leek and tomato. In inoculation experiments, *S. lycopersici*, *S. solani* caused lesions on pepper and tomato, and *S. vesicarium* caused lesions on garlic, onion, leek and tomato. Morphological and cultural characteristics of the three species of *Stemphylium* were described in details. The RAPD-PCR profiles of three *Stemphylium* species were examined using 14 different primers. Each species produced a distinct pattern of DNA fragments which may be used as a measure of the degree of relatedness between species.

F21

Molecular characterization of phospholipase C gene from *Magnaporthe grisea*, Hee-Sool Rho, Chang-Won Lee¹ and Yong-Hwan Lee Dept. of Agricultural Biology and RCNBMA, Seoul National University, Suwon 441-744

¹Dept. of Microbiology, and BSRI, Gyeongsang National University, Chinju 660-701

Magnaporthe grisea, the casual agent of rice blast forms an appressorium to penetrate its host. Pharmacological data indicated that calcium-dependent signaling system is involved in appressorium formation of this fungus. To understand molecular mechanism of calcium-dependent signaling system, a gene, *PLC1*, encoding phosphoinositide-specific phospholipase C (PI-PLC) was cloned using the PCR strategy. The nucleotide sequence indicates that the gene encodes a polypeptide of 872 amino acid that bears the greatest resemblance to the δ isoforms of mammalian PI-PLC. This gene has an EF hand domain (a presumptive Ca^{2+} -binding site), the catalytic domains (most highly conserved X and Y domains in all higher eukaryotic PI-PLC), and C2 domain (mediating membrane-trafficking events).

F22

Ribosomal DNA의 PCR-RFLP에 의한 한국산 역병균(*Phytophthora* spp.)의 종 구분, 홍승범 · 이승임 · 지형진¹ · 고승주 · 류진창 · 김인수², 농업과학기술원 분자유전과, 1농업과학기술원 병리과, ²경북대학교 유전공학과

국내에서 분리된 역병균들의 유전적 특성 구명을 위하여 농업과학기술원에서 수집된 역병균 553균주들 중, 14종 89균주를 선발하여 ribosomal DNA의 PCR-RFLP를 실시하였다. Primer NS1과 ITS4를 사용하여 증폭한 rDNA의 small subunit과 ITS 영역을 9개의 제한효소로 절단한 결과 89균주들은 17가지의 밴드형태를 보였다. *P. drechsleri*와 *P. cryptogea*를 제외한 공시한 12종(species)은 종간에 확연히 구분되는 밴드형태를 보였고 종내균주들간에는 같은 밴드형태를 보였는데, 특히 *P. capsici*는 다양한 형태와 병원성을 나타내는 21균주가 모두 같은 밴드형태를 나타내었다. 반면 *P. drechsleri*와 *P. cryptogea*는 밴드형태에 따라 각각 3개, 4개의 종내그룹을 가지고 있었는데, 이들중에서 각각 2개의 종내그룹은 밴드형태가 서로 일치하여 2종은 서로 구분이 되지 않았으므로, 이들은 5개

의 종내그룹을 가지는 복합종(*P. drechsleri*-*P. cryptogea* species complex)으로 나타났다. 9개의 제한효소 중 *Ava*II, *Hae*III, *Mbo*I과 *Hha*I의 밴드양상을 서로 비교하였을 때 제한효소 절단에 의한 17개의 그룹이 서로 확연히 구분됨으로써 rDNA의 small subunit과 ITS 영역의 PCR-RFLP는 국내에서 분리되는 역병균의 간이 동정에 사용될 수 있으리라 생각된다.

F23

Ribosomal DNA의 염기서열분석에 의한 한국산 *Phytophthora drechsleri* 균주들의 유연관계분석, 홍승범·지형진¹·고승주·김인수²·류진창, 농업과학기술원 분자유전과, ¹농업과학기술원 병리과, ²경북대학교 유전공학과

다양한 기주범위를 가지는 *Phytophthora drechsleri*의 균주들간 및 유사종간의 유전적 유연관계 구명을 위하여, *P. drechsleri* 21균주를 포함한 34균주에 대한 rDNA의 small subunit과 ITS영역의 PCR-RFLP를 실시하여 14균주의 대표균주를 선발하고 이들의 rDNA ITS 영역의 염기서열분석을 실시하였다. 한국산 *P. drechsleri*는 토마토, 상추, 시금치 등의 엽채류를 기주로 하는 그룹(PdG1), 당귀, 곰취, 지황, 오미자, 구기자 등의 약초류와 삼주, 양다래, 낙엽송 등을 기주로 하는 그룹(PdG2), 그리고 오이, 참외, 멜론, 수박 등의 박과작물을 기주로 하는 그룹(PdG3)의 3개의 종내그룹을 가지는 것으로 나타났다. 엽채류 유래의 PdG1 균주들과 약초류 등 유래의 PdG2 균주들은 97%의 높은 염기서열 상동성을 보였으며, *P. cryptogea* 균주들과 혼재된 하나의 복합그룹을 형성하였다. 반면, 박과작물 유래의 PdG3균주들은 기타의 *P. drechsleri* 및 *P. cryptogea* 균주들과는 70.8%의 낮은 염기서열 상동성을 보였으나, 대만 유래의 *P. melonis*와는 99.3%의 높은 염기서열 상동성을 보였다. 이 결과는 *P. drechsleri*의 PdG1과 PdG2는 *P. cryptogea*와 유전적으로 서로 구분되지 않는 *P. drechsleri*-*P. cryptogea* 복합종(species complex)을 구성하는 반면, PdG3는 대만 유래의 *P. melonis*와 함께 이들과는 다른 종으로 구분되어야 한다는 것을 보여준다.

F24

*Pestalotiopsis menezesiana*에 의한 포도줄기마름병(가칭)의 발생, 정기채*, 김승한·임양숙·박선도·최부술, 경상북도 농촌진흥원

1997년 6월 상주시 모동면의 포도재배포장에서 줄기가 마르면서 상하로 줄기껍질이 갈라지는 현상이 발생되어 병원균을 분리한 결과 *Pestalotiopsis menezesiana*로 동정되어 이를 보고한다. 주로 발생하는 부위는 지면에서 50cm내외의 줄기부근이었으며 상하로 병징의 진전이 이루어 졌고 포자의 형태는 길이 23.7 ~ 25.7 μ m, 폭 9.9 μ m이고 정부부속사는 2~3개로 길이는 25.7 ~ 33.6 μ m, 기부부속사는 5.9 μ m였으며 중앙 3세포는 상위 2개는 농갈색, 하부 1개는 올리브색을 띠고 있었다.

F25

시금치 종자에서 분리한 종자전염성 *Cladosporium variabile* (Cooke) de Vries의 균학적 특성과 병원성, 현익화 · 박수연 · 허노열, 농업과학기술원 해외병해충과

습지법으로 조사한 13개 시금치 종자 샘플중 3개 샘플에서 *Cladosporium variabile*가 각각 35.3%, 4.5%, 0.8% 검출되었다. 이 균의 분생포자경은 종자위에 주로 직립으로 형성되었고, 연한 갈색 또는 갈색을 띠며 크기가 60-140×5.4-8 μ m이었다. 분생포자는 2-6개의 포자가 체인형으로 형성되었으며 형태는 주로 장타원형이고 연한 갈색 또는 갈색을 띠며 표면이 거칠었다. 0-3개의 격막을 가지며 크기는 8-26×7-10 μ m이었다. PDA에서의 균총은 노란색을 띠는 녹색이고 기중균사가 코일처럼 꼬이는 특성을 지녔다. 이균은 습지법, 동결습지법, 한천배지검사법에서 거의 유사한 비율로 검출되었다. 그리고 이균은 종자의 파피(pericarp)에서만 검출되었고 배를 포함하는배유 부분에서는 검출되지 않았다. 분생포자 현탁액을 시금치(바이오, 만추여름 2개품종)에 분무접종한 결과 두품종 모두에 직경 1mm 전후의 흰색 둥근반점 병징이 나타났으며, 이 병징으로부터 병원균을 재분리할 수 있었다.

F26

한국에서 채집된 *Colletotrichum* 및 관련 속의 분류학적 연구, 이현태 · 신현동, 고려대학교 자연자원대학 농생물학과

탄저병균으로 잘 알려진 *Colletotrichum* spp.의 분류체계는 잘 정립되어 있지 않아 많은 혼란을 일으키고 있다. 과거 *Gloeosporium*에 속하였던 종들이 편입되었고, 600여개의 이명이 *C. gloeosporioides* 1종으로 묶여졌고, 분자생물학적 연관성이 종분류에 적용되기 시작하였다.

지금까지 우리나라에서는 총 124종의 기주식물에서 35종의 *Colletotrichum* spp.와 10종의 *Gloeosporium* spp.가 보고되었는데, 앞으로 다음과 같은 점이 해결되어야 한다. 첫째는 동정(identification)의 문제이다. 강모의 존재여부는 변이가 인정되므로, *Gloeosporium* spp.으로 보고된 것은 모두 *Colletotrichum* spp.로 재정리되어야 하며, 기존에 동정된 *Colletotrichum* spp.도 재채집을 통한 재동정이 필요하다. 둘째는 병원성(pathogenicity)의 문제이다. *Colletotrichum* spp.가 식물에서 검출되었다고 모두 병원균은 아니다. 특히 *C. gloeosporioides* s. lat.는 부생성 계통이 있으므로 이 진균의 기주로 보고된 53종의 기주식물에 대한 병원성의 여부가 확인되어야 한다. 셋째는 새로운 분류특성의 탐색(additional characters of taxonomic value)이다. 즉 강모의 특징, 포자의 발아특성, 부착기의 형태 등 새로운 분류특성을 종분류에 적용하기 위한 기초연구가 필요하며, 이를 분자생물학적 연구결과와 연결시켜 손쉬운 분류기준을 마련해야 한다.

1997년부터 본 연구진은 이미 기록된 기주식물 이외에 28종의 미기록 기주식물에서 *Colletotrichum* spp.를 확인하였으며, 각 기주식물에서 균주를 분리배양하여 병원성을 검정하고 있으며, 새로운 분류특성을 탐색하기 위한 시도들을 진행 중에 있으며, 장차 한국산 *Colletotrichum*의 monograph작성을 위한 준비에 착수하였다.

F27

Antifungal compounds from Myxobacteria, Sung-Hee Woo · Jin-Cheol Kim and Jong-Woong Ahn *Korea Research Institute of Chemical Technology, P. O. Box 107, Taejeon 305-600, Korea*

In recent years more and more interesting secondary metabolites have been discovered in culture broth of the myxobacteria. The myxobacteria have proved to be a rich source of new substances and a variety of biologically active substances are produced by different organisms. For example, new active substances which influence the growth of microorganism, tumor cells and the replication of viruses have been isolated.

In the course of our screening for new antifungal antibiotics from myxobacteria, a strain kr177 was found to produce two closely related antibiotics which were active against many fungi belonging to different taxonomic groups. The producing strain kr177 was identified as a *Myxococcus* sp.

The isolation, structure elucidation and antifungal activity to several phytopathogenic fungi of these compounds will be discussed.

F28

Modified Differential Screening:: An Efficient Method for the Cloning of Pathogen-Responsive Genes from *Nicotiana glutinosa*. Kyung-Soon Park · So-Young Lee · Sang-Keun Oh, Jong-Joo Cheong and Doil Choi, Plant Protectants Research Unit, KRIBB, P.O. Box 115, Yusung, Taejeon, 305-600

A differential screening technique was modified to clone cDNAs involved in disease resistance response against TMV infection in tobacco. Plasmid DNA was prepared by *in vivo* excision of cDNA library constructed with mRNA of *Nicotiana glutinosa* infected by TMV. The DNA was analyzed by the combination of slot blot and reverse northern blot analysis. The probe used in slot blot were prepared from TMV-infected and mock-treated tobacco plant. Of the 1,000 clones, 84 clones that showed increased or decreased expression after TMV infection were selected from 1st screening and sequenced at their 5' end. DNA sequences of each gene were analyzed using an NCBI blast program and identified based on amino acid sequence homology. 68 clones (89%) are significantly similar to the registered genes in the database. These include 25 clones known as pathogenesis-relate or wound inducible, which indicate that the modified differential screening is an efficient approach to identify previously unknown defense-related genes. Novel genes that show increased expression during early or late stage of defense response are characterized.

F29

H₂O₂-dependent Transient Repression of Catalase (Cat1) Gene in Tobacco Following Salicylic Acid Treatment and Pathogen Infection, So-Young Yi · Kyung-Soon Park · Sang-Keun Oh · Sang-Jik Lee · Seung-Heun Yu¹ and Doil Choi, Plant Protectants R.U., KRIBB, P.O. Box 115, Yusung, Taejeon, 305-600

¹Department of Agricultural Biology, Chungnam National University, Taejeon, Korea,

Catalase is a tetrameric heme-containing enzyme found in all aerobic organisms and has a function in detoxifying hydrogen peroxide. Recent reports have suggested that catalase is involved in plant defense against a broad range of pathogens through inhibition by salicylic acid(SA). Treatment of SA transiently reduced Cat1 mRNA level and enzyme activity in tobacco

The reduction was detected 4 to 6 hr after SA treatment and recovered to normal level after 24 hr. Inoculation of TMV with resistant tobacco cultivar also reduced the cat1 mRNA level and enzyme activity 26 to 30 hrs following infection, which coincides with endogenous accumulation of SA in tobacco. However, delayed transient repression of Cat1 mRNA levels were also observed when NahG and TMV-susceptible SR1 cultivars which do not accumulate SA following TMV-infection were used as test plants. When this RNA blots were probed with glutathion-S-transferase, a gene show H₂O₂-dependent expression, enhanced expressions were observed. Treatment of H₂O₂ alone also repress the cat1 mRNA level within 4 hrs. These results may suggest that transient repression of Cat1 transcripts following SA and TMV-infection is mediated by endogenous accumulation of H₂O₂ in *planta*. Possible roles of SA/H₂O₂ in regulation of gene expression for H₂O₂-metabolizing enzymes including catalase in relation to oxidative burst of plant during pathogen infections and plant defense will be presented..

F30

Molecular Cloning and Expression of Novel SA-inducible Genes in Pepper, Sang Jik Lee^{1,2}, Doil Choi², Seok Hyeon Nahm¹, Sun Hyung Lim¹, Kyung-Hee Paek³ and Byung-Dong Kim¹

¹Department of Horticulture, Seoul National University, Suwon

²Plant Protectants R.U., KRIBB, Taejeon

³Graduate School of Biotechnology, Korea University, Seoul

Immediate-early induced genes during response to salicylic acid (SA) treatment or *Phytophthora capsici* infection were characterized by using mRNA differential display in a pepper plant (*Capsicum annuum* AC2258) resistant to *Phytophthora capsici*. Four cDNA fragments (DD-4, DD-19, DD-26 and DD-28) were identified by this technique and cloned for further analysis. Database searches revealed that the deduced amino acid sequences of DD-4 and DD-19 share significant similarity with a yeast peroxisomal AMP-binding

protein(Pcs60p) reported as a novel gene of unknown function and NAC proteins (NAM, ATAF1-2, CUC2 and SENU5) involved in embryogenesis, flower development and leaf senescence, respectively. Southern blot analysis revealed that the DD-4 and the DD-19 are encoded by a small gene family. To elucidate the function of a novel SA-inducible gene cloned from pepper in plant defense response, we transformed tobacco plants with a chimeric gene encoding the DD-19 under the control of 35S promoter of cauliflower mosaic virus. RNA gel blot analysis shows that the DD-19 overexpression in the transgenic tobacco is likely to regulate a subset of PR genes which expressed as a result of SA-dependent signal transduction pathway. We are pursuing progeny analyses to determine the roles of DD-19 in PR gene expressions and disease resistance in transgenic tobacco plants.

F31

Biological, serological and molecular characterization of a Korea isolate of Broad Bean Wilt virus(BBWV) isolated from severe necrotic symptom of *Capsicum annuum* in Korea, Ung Lee^{1,2}, Pyung Ok Lim¹, Jin Sung Hong³, Jang Kyung Choi³ and Hong Gil Nam

¹. Department of life science, Pohang university of science and technology.

². Department of agricultural biology, Chonnam national university.

³. Department of agricultural biology, Kangwon national university.

Hot pepper(*Capsicum annuum* L) displaying necrotic spots or streaks on the leaves and stem followed by stunting and death of the whole plant were found in South Korea. The virus was readily sap-transmitted to *C. quinoa* and *Vicia faba*. The virus particles were revealed apparently hexagonal in outline and approximately 30nm in diameter. Based on host responses and particle morphology, the virus was tentatively identified as an isolate of broad bean wilt faba virus(BBWV-K). When BBWV-K was mechanically back-inoculated on hot pepper, the virus induced symptoms similar to those of naturally infected hot pepper in the field, while other BBWV isolates, including lettuce(BBWV-L, serotype 2), pepper(BBWV-G, serotype 1) and spinach(BBWV-S, serotype), induced mild mosaic or remained symptomless in hot pepper. Two coat proteins(CP) with sizes of 44kDa, large coat protein(L-CP), and 22kDa, small coat protein (S-CP), were resolved from purified BBWV-K, and all reacted specifically with polyclonal antibody to BBWV-L. The N-terminal amino acid sequences coat proteins were obtained by microsequencing. The complete sequence of RNA 2 of the BBWV-K was determined from cDNA clones and RT-PCR products. The L-CP is located 5' of the S-CP and two proteins are apparently cleaved at Q-A bond. The nucleotide sequence of RNA 2 of the BBWV-K had 90% identity with 3' partial sequence in RNA 2 of BBWV-L. Virus specific cDNA was hybridized with RNA 2 of BBWV-K and BBWV-L. Our results indicated that BBWV-K was closely related to BBWV-L as to serological property and the nucleotide sequence, but the necrotic symptoms on hot pepper caused by BBWV-K were distinct from those of BBWV-L.

F32

Epidemiology of Soybean Mosaic virus Disease in Vegetable Soybean Field, Yul-ho kim, Myoung-ki Kim, Jae-Hwan Roh, Dae-Joon Im and Il-Bong Hur*

* National Crop Experiment Station, RDA, Suwon 441-100, Korea

Vegetable soybean cultivar 'Seokryangputkong' was used to monitor SMV in field at National Crop Experiment Station from 1997 to 1998. Movement of SMV was monitored by collecting 400 leaves (each leaf from a different plant) from V1 to R2 and analyzing these leaves by ELISA(Sanofi) for SMV infection. The most severe incidence of the mosaic disease occurred on before and after full boom stage (July 5) whereas aphid population reached peak around 48 days after planting (June 10). Accumulated number of aphids from leaves of Seokryangputkong were 1352 consisting of 1263 of *Acyrtosiphon solani* (93.4%), 50 of *Aphis glycines* (3.7%), 11 of *Myzus persicae* (0.8%) in 1998. Total incidence of mosaic disease was 40.8% in 1997 whereas 96% in 1998. The difference of incidence level was caused to aphid population in different years. The distribution of SMV in the field suggested plant-to-plant spread from primary inoculum. It seems most probable that this primary inoculum consists of infected seedlings derived from SMV infected seed.