

국내 수수 알곡에서의 *Fusarium*속 균의 발생현황Occurrence of *Fusarium* Species in Korean Sorghum Grains**\*Corresponding author**

Tel: +82-63-238-3399

Fax: +82-63-238-3840

E-mail: kimjs33@korea.kr

ORCID

<http://orcid.org/0000-0001-6435-3524><http://orcid.org/0000-0001-8062-8436>최정혜<sup>1</sup> · 나주영<sup>1</sup> · 진현숙<sup>1</sup> · 임수빈<sup>1</sup> · 백지선<sup>1</sup> · 이미정<sup>1</sup> · 장자영<sup>1</sup> · 이데레사<sup>1</sup> · 홍성기<sup>2</sup>  
· 최효원<sup>2</sup> · 김점순<sup>1\*</sup><sup>1</sup>국립농업과학원 유해생물팀<sup>2</sup>국립농업과학원 작물보호과Jung-Hye Choi<sup>1</sup>, Ju-Young Nah<sup>1</sup>, Hyun-Suk Jin<sup>1</sup>, Su-Bin Lim<sup>1</sup>, Ji-Seon Paek<sup>1</sup>,  
Mi-Jeong Lee<sup>1</sup>, Ja-Yeong Jang<sup>1</sup>, Theresa Lee<sup>1</sup>, Sung Kee Hong<sup>2</sup>, Hyo-Won Choi<sup>2</sup>,  
and Jeomsoon Kim<sup>1\*</sup><sup>1</sup>Microbial Safety Team, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea<sup>2</sup>Crop Protection Division, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

A total of 1,159 *Fusarium* strains were isolated from sorghum grown in Danyang and Youngwol in 2017 and 2018. The isolates were analyzed to reveal genetic, toxigenic and pathogenic characteristics. Phylogenetic analysis using *TEF-1a* and *RPB2* genes showed that the samples were contaminated with at least 17 *Fusarium* species. Among them, *F. graminearum*, *F. proliferatum*, *F. thapsinum*, *F. incarnatum*, and *F. asiaticum* were dominant species. In *F. graminearum* and *F. asiaticum*, *F. graminearum*-15-acetyl deoxynivalenol chemotype and *F. asiaticum*-nivalenol chemotype were frequent. Six *Fusarium* species tested produced one or more mycotoxins, except *F. thapsinum* and FTSC 11. *F. proliferatum* and *F. fujikuroi* had *FUM1* gene (76.0% and 81.6%, respectively) and some isolates produced high level of fumonisin (over 1,000 µg/g). *F. proliferatum* and *F. thapsinum* were more virulent than other species on sorghum. These results indicate that *Fusarium* species in sorghum might produce multiple mycotoxins.

**Keywords:** Fumonisin, *Fusarium*, Sorghum, Tricothecene

Received November 27, 2019

Accepted December 11, 2019

수수(*Sorghum bicolor* (L.) Moench)는 아프리카 대륙이 원산지이며 밀, 쌀, 옥수수, 보리에 이어 세계에서 다섯 번째로 생산량이 많고 전 세계 인구의 5억 명 이상이 주식으로 섭취하는 중요한 식량작물이다. 최근 우리나라의 재배면적은 1,500~2,000 ha로서 밥에 섞어 먹거나 떡, 술 등을 만들 때 이용되며 항산화 성분과 비타민, 미량원소 등이 많아 건강기능성 식품으로 주

목받고 있다(Rural Development Administration, 2018). 수수 알곡에는 *Fusarium*, *Curvularia*, *Alternaria*, *Phoma*, *Bipolaris*와 *Colletotrichum*속 등 많은 곰팡이가 발생하며 *Fusarium*균이 우점하는 것으로 보고되었다(Thakur 등, 2003). *Fusarium*균은 다양한 작물의 여러 부위에 병을 일으키는데 일부 종은 곡물의 알곡에 발생하여 수량 및 품질을 떨어뜨릴 뿐 아니라 이차대사 산물인 독소를 생성하여 사람이나 가축에 피해를 주기도 한다(Leslie 등, 2005; Sharma 등, 2011). 본 연구는 최근 건강기능성 식품으로 각광받고 있는 수수의 안전성 제고를 위한 기초자료로 국내 수수 재배지에서 채집한 알곡에서 분리된 *Fusarium*속

**Research in Plant Disease**

pISSN 1598-2262, eISSN 2233-9191

[www.online-rpd.org](http://www.online-rpd.org)

© The Korean Society of Plant Pathology

© 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.

균의 유전적 다양성, 병원성 및 독소생성능을 분석한 결과이다.

**곰팡이 분리.** 2017년과 2018년 9월부터 10월까지 단양(35)과 영월(21) 일대의 농가 포장에서 무작위로 수수 이삭을 500 g 씩 채집하였다. 수수 이삭에서 알곡을 분리하여 표면소독(1% NaOCl)하고 무작위로 100립을 스트렙토마이신(600 µg/ml)이 첨가된 감자한천배지(potato dextrose agar, PDA)에 치상하였다. 분리된 균주들은 균종의 형태와 색에 따라 *F. fujikuroi* 종 복합체(*F. fujikuroi* species complex, FFSC)와 *F. incarnatum-equiseti* 종 복합체(*F. incarnatum-equiseti* species complex, FIESC)로 예상되는 균은 PDA에 5일, *F. sambucinum* 종 복합체(*F. sambucinum* species complex)와 *F. tricinctum* 종 복합체(*F. tricinctum* species complex, FTSC)로 예상되는 균은 카네이션 잎배지(carnation leaf agar)에 14일 동안 재배양하여 포자를 형성시켰다. 이후 물한천배지(water agar, WA)를 이용하여 단포자를 PDA에 배양하였다. 분리된 균주는 4°C에 보관하면서 실험에 사용하였고 병원성 검정 등 추가 실험을 위해 20% glycerol 용액으로 포자현탁액을 만들어 -80°C에 보관하였다.

**동정 및 독소화합물 분석.** 분리된 균주의 genomic DNA는 Chi 등(2009)의 방법을 응용하여 추출하였다. PDA에서 5일 동안 배양한 균사체를 lysis buffer (EDTA 10 mM, Tris-HCl 100 mM, KCl 500 mM)와 pestle을 이용하여 균사체를 분쇄 후, 동량의 phenol:chloroform:isoamyl-alcohol (25:24:1)을 넣어 균질화하고 12,000 rpm에서 5분 동안 원심분리 후 상등액을 취하여 isopropanol 침전을 실시하였다. 추출된 DNA는 *Fusarium* 속의 종간 구별을 위한 유전적 마커로 EF1/EF2 (O'Donnell 등, 1998)와 fRPB2-7cF/fRPB2-11aR (Liu 등, 1999) 프라이머를 이용하여 각각 translation elongation factor 1-alpha (*TEF-1a*)와 RNA polymerase II (*RPB2*, second-largest subunit) 유전자를 증폭하였고 염기서열 분석을 실시하였다. 각 유전자의 염기서열은 DNASTAR (Lasergene 15)로 교정하고, CLUSTAL X를 사용하여 배열하였다. *TEF-1a* (630bp)와 *RPB2* (797 bp) 유전자의 염기서열은 결합하여 한 개의 서열로 취급하였다. 전체 염기서열은 염기서열 간 유사도 분석을 통해 대표 서열을 선발하고, MEGA X (Kumar 등, 2018)를 이용하여 maximum-likelihood 계통수를 작성하였다.

분리된 균주들 중 FFSC에 속하는 균주들에 대한 푸모니신(fumonisin, FBs) 생성 가능성을 확인하기 위해 rp32/rp33 (Proctor 등, 2004) 프라이머를 이용하여 polyketide 생합성 유전자인 *FUM1*을 증폭하였다. *Fusarium sambucinum* species complex (FSAMSC)와 FIESC에 속하는 균주들은 데옥시니발

레놀(deoxynivalenol, DON), DON의 아세틸 유도체(3-acetyl DON, 15-acetyl DON [15ADON])와 니발레놀(nivalenol, NIV) 등의 트라이코페신 독소화합물을 분석하기 위해서 트라이코페신 생합성 유전자 유래 *TRI12* (Ward 등, 2002) 프라이머를 이용하여 증폭하였다.

**병원성 검정.** 분리된 균주들 중 오염률이 높은 9종(*F. asiaticum*, *F. graminearum*, *F. vorosii*, *F. equiseti*, *F. incarnatum*, *F. fujikuroi*, *F. proliferatum*, *F. thapsinum*, FTSC 11)에 대해 1균주씩 선발하여 병원성을 검정하였다. 수수(품종: 소담찰) 종자는 표면소독 후 0.6% WA에서 발아시켜 곰팡이와 세균의 감염이 없는 것을 골라 포트에 1립씩 파종하고 온실에서 재배하였다. 선발된 균주들은 carboxymethyl cellulose 액체배지에 5일 동안 배양하여 포자 농도가  $1 \times 10^5$  spores/ml가 되도록 현탁액을 만들었다. 개화가 50% 정도 진행되었을 때 포자현탁액을 각각 2주씩의 수수에 접종하고 플라스틱 봉지를 3일 동안 씌워 수분을 유지하였다. 대조구로는 Tween 20 1% 용액을 사용하였다. 접종 3주 후에 이삭을 잘라 알곡을 수확한 뒤 PDA에 치상하여 접종 대상균을 확인하였으며 전체 알곡에 대한 발병 알곡의 비율로 발병 정도를 조사하였다. 병원성 검정에 이용한 9종의 균주는 농업유전자원정보센터(Korean Agricultural Culture Collection: 기탁번호 KACC 48816-48823, 48829)에 기탁하였다.

**곰팡이 독소 분석.** 오염률이 높은 9개 종에서 2균주씩 선발하여 국내에 관리기준이 있는 FBs, DON, zearalenone (ZEA) 독소와, 관리기준은 없으나 우리나라와 유럽 등에서 발생 보고가 많은 NIV 독소의 균주별 생산능을 조사하였다. 멸균된 쌀배지(Lee 등, 2012)에 균을 접종한 다음 25°C에서 21일 동안 배양하였다. 쌀배지 배양체는 실온에서 5일 동안 말린 뒤 ball mill로 마쇄하여 독소 분석에 사용하였다. DON, NIV, ZEA는 식품공전 분석법을, FBs는 QuEChERS 방법(Lehotay 등, 2005)과 Jang 등(2018)의 방법에 따라 분석하였다.

**수수 알곡의 곰팡이 발생.** 수수 시료에 오염이 가장 높은 곰팡이는 *Fusarium*속( $36.4 \pm 22.9\%$ )이었으며, 그 다음은 *Cladosporium* ( $26.3 \pm 21.5\%$ ), *Alternaria* ( $22.2 \pm 19.7\%$ ), *Actinomyces* ( $15.8 \pm 23.3\%$ ), *Epicoccum* ( $13.1 \pm 14.4\%$ ), *Penicillium* ( $2.1 \pm 3.8\%$ ), *Curvularia*속( $1.38 \pm 3.12\%$ ) 순으로 나타났다(Fig. 1). 그 외에 *Rhizopus*, *Nigrospora*, *Aspergillus*, *Clonostachys*, *Colletotrichum*, *Phoma*, *Trichoderma*, *Microdochium*속 균들도 관찰되었다. 계통수 분석 결과 대부분의 균주들이 FSAMSC, FFSC, FIESC, FTSC 등 4개 종 복합체 내에서 유전적 그룹을 형성하였

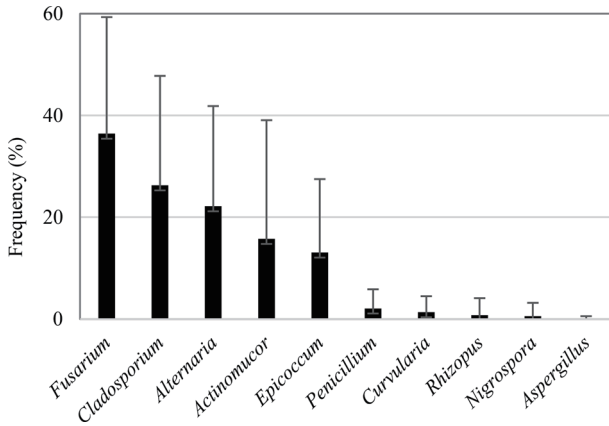


Fig. 1. Frequency of fungal genera isolated from sorghum in Korea.

다(Fig. 2). 기존에 *RPB2* 유전자만을 이용한 분석(O'Donnell 등, 2018)과 비교해 FFSC와 FTSC가 그룹을 형성했다. *Fusarium*속에서는 총 17종이 분리되었고, *F. graminearum*이 30.4%로 가장 많이 검출되었으며, *F. proliferatum* (20.9%), *F. thapsinum* (18.6%), *F. incarnatum* (9.4%), *F. asiaticum* (8.7%), *F. fujikuroi* (3.3%), FTSC 11 (3.2%), *F. vorosii* (3.1%) 순으로 나타났다(Fig. 3). 그 밖에 *F. equiseti*, *F. concentricum*, *F. lacertarum*, *F. miscanthi*, *F. tricinctum*, *F. verticillioides*, FTSC 2, FTSC 3, *F. andiyazi*가 분리되었다. 영월과 단양 지역 간 *Fusarium* 분리균의 종 및 빈도 유형은 매우 유사하였으나, *F. incarnatum*, *F. asiaticum*, FTSC 11, *F. vorosii*, *F. equiseti*, *F. concentricum*은 단양지역에서 더 많이 분리되었다. 미국의 경우 수수에서 *Alternaria*, *Fusarium*, *Cladosporium*, *Epicoccum*속 균들이 우점하는 것으로 보고되었다(Melake-Berhan 등, 1996). 인도의 수확기 수수에서는 *F. thapsinum*이 51%로 우점하였고, *F. proliferatum* 19%, *F. andiyazi* 16%, *F. equiseti* 10%, *F. sacchari* 5%의 순으로 분리되었다(Thakur 등, 2003). 푸에르토리코산 수수에서도 *F. semitectum*이 가장 높은 빈도로 분리되었으며, *F. verticillioides*, *F. thapsinum* 등과 *Cladosporium* 속 균들도 많이 오염되어 있는 것으로 보고되었다(Erpelding과 Prom, 2006). Choi 등(2013)도 국내 수수에서 *F. thapsinum* 46%, *F. proliferatum* 26%, *F. graminearum* 13%, *F. incarnatum* 6%, *F. equiseti* 3%의 순으로 검출되었다고 보고하였다. 이는 수수 알곡에 *Fusarium* 균이 주로 오염되어 있음을 보여주는 결과이며 본 연구결과와 유사하였다.

*FUM1* 및 *TRI* 유전자를 이용하여 *Fusarium* 분리균의 독소 생성 가능성을 평가한 결과, 수수에서는 *F. graminearum*-15ADON 화학형과 *F. asiaticum*-NIV 화학형 균들이 우점하였다(Table 1). *F. vorosii*는 36점의 균주 모두 NIV 화학형이었으며, *F. incarnatum*과 *F. equiseti* 또한 NIV 화학형이 우세한 것으로 나

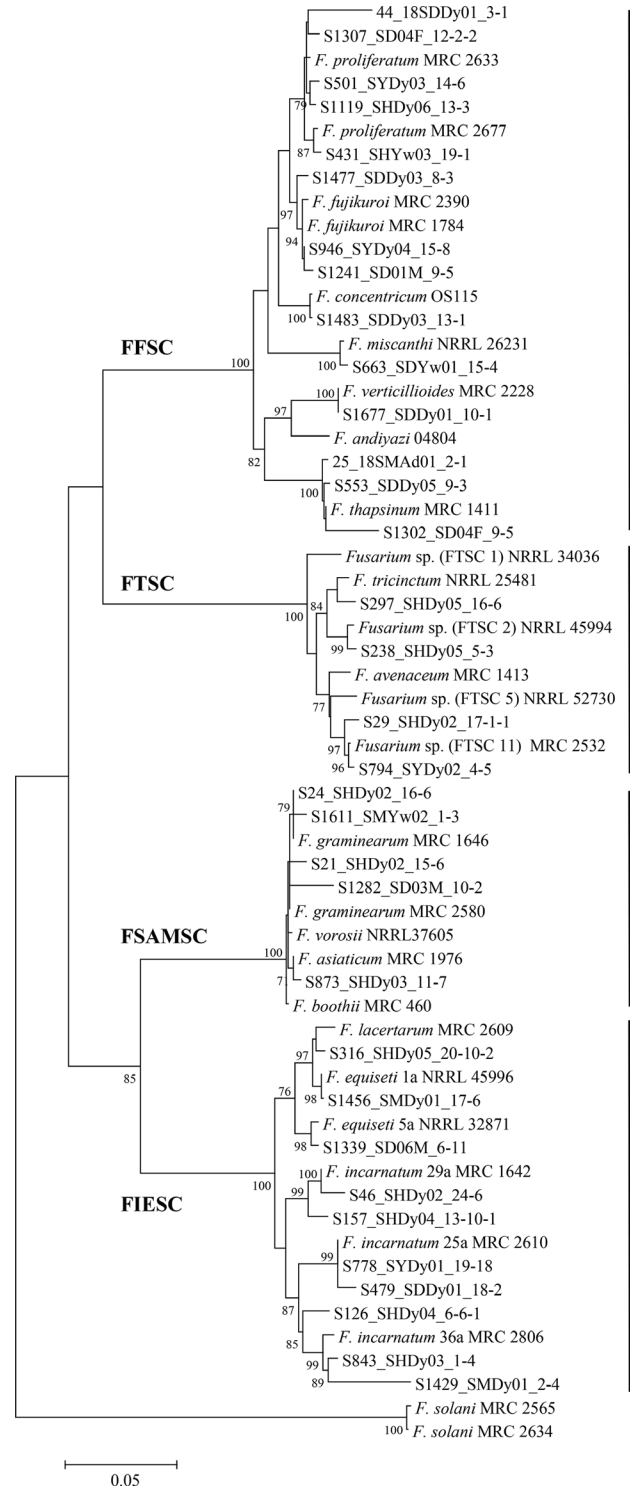
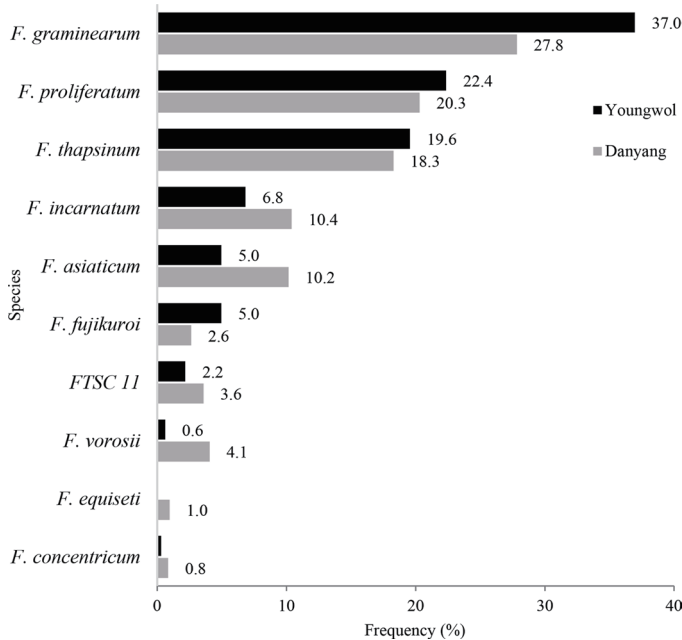


Fig. 2. A maximum likelihood tree derived from combined sequences of *EF-1a* and *RPB2* genes of *Fusarium* species. Bootstrap values (1,000 replicates) >70% are shown next to branches. *F. solani* strain MRC 2565 and *F. solani* strain MRC 2634 were used as an outgroup. FFSC, *Fusarium fujikuroi* species complex; FTSC, *Fusarium tricinctum* species complex; FSAMSC, *Fusarium sambusinum* species complex; FIESC, *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex.



**Fig. 3.** Frequency of *Fusarium* species from sorghum grains based on molecular analysis (*EF-1α* and *RPB2* genes).

타났다. 이러한 *F. graminearum*과 *F. asiaticum*균의 발생과 생성하는 트라이코세신 독소화학형은 지역과 작물에 따라 분포의 차이를 보이는데 *F. graminearum*-DON형(특히 15ADON)은 북미와 유럽의 밀, 옥수수에서 우점하는 반면, *F. asiaticum*-NIV형은 중국과 일본의 보리와 밀, 브라질과 미국의 벼에서 우점하는 것으로 보고되었다(van der Lee 등, 2015). Lee 등(2010)은 우리나라의 벼에서 분리된 95% 이상의 균이 *F. asiaticum*-NIV형

**Table 2.** Number of fumonisin producing FFSC isolates from sorghum

FFSC	No. of isolates		
	Danyang	Youngwol	Total
<i>F. andiyazi</i>	-	0/1 (0)	0/1 (0)
<i>F. concentricum</i>	1/7 <sup>a</sup> (14.3)	1/1 (100)	2/8 (25.0)
<i>F. fujikuroi</i>	16/22 (72.7)	15/16 (93.8)	31/38 (81.6)
<i>F. proliferatum</i>	130/170 (76.5)	54/72 (75.0)	184/242 (76.0)
<i>F. thapsinum</i>	0/153 (0)	0/63 (0)	0/216 (0)
<i>F. verticillioides</i>	1/2 (50.0)	-	1/2 (50.0)
Total	148/354 (41.8)	70/153 (45.8)	218/507 (43.0)

Values are presented as number (%).

FFSC, *Fusarium fujikuroi* species complex; -, not detected.

<sup>a</sup>Number of producer/tested.

이였으며, 옥수수가 주로 재배되는 강원도 지역의 옥수수 분리균은 *F. graminearum*-DON형이, 벼가 많이 재배되는 충청북도 지역의 옥수수 분리균은 *F. asiaticum*-NIV형이 우점으로 나타나 *F. asiaticum*은 벼를 기주로 더 선호한다고 보고하였다. 본 연구에서 *F. graminearum*이 *F. asiaticum*보다 많이 검출된 것 또한 수수 채집지가 벼보다 옥수수가 많이 재배되는 영월, 단양과 안동의 산간지역이기 때문으로 추정되며, 이러한 결과는 밀과 옥수수가 윤작되는 지역에서는 *F. graminearum*이 주로 분포하고, 밀과 벼가 윤작되는 지역에서는 *F. asiaticum*이 주로 분포한다는 보고와(Zhang 등, 2010) 유사하였다.

**Table 1.** Trichothecene chemotypes of *Fusarium* species isolated from sorghum

Species	Trichothecene chemotypes				Total
	15ADON	3ADON	NIV	ND	
FSAMSC					
<i>F. asiaticum</i>	4 (4.0)	1 (1.0)	72 (71.3)	24 (23.8)	101
<i>F. graminearum</i>	281 (79.8)	8 (2.3)	12 (3.4)	51 (14.5)	352
<i>F. vorosii</i>	-	-	36 (100)	-	36
Total	285 (58.3)	9 (1.8)	120 (24.5)	75 (15.3)	489
FIESC					
<i>F. equiseti</i>	-	-	2 (25.0)	6 (75.0)	8
<i>F. incarnatum</i>	6 (5.5)	2 (1.8)	22 (20.2)	76 (72.5)	109
<i>F. lacertatum</i>	-	-	1 (33.3)	2 (66.7)	3
Total	6 (5.1)	2 (1.7)	25 (21.4)	87 (71.8)	120

Values are presented as number (%).

15ADON, 15-acetyl deoxynivalenol; 3ADON, 3-acetyl deoxynivalenol; NIV, nivalenol; ND, not detected; FSAMSC, *Fusarium sambusinum* species complex; FIESC, *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex.

**Table 3.** Level of mycotoxin production and pathogenicity of *Fusarium* species isolated from Korean sorghum

Species	Isolate	Mycotoxin concentration ( $\mu\text{g/g}$ )					FHB severity (%)
		FB1	FB2	NIV	DON	ZEA	
<i>F. asiaticum</i>	S904	-	-	3.64 $\pm$ 0.13	-	-	-
	S45	-	-	2.31 $\pm$ 0.69	-	9.79 $\pm$ 0.69	4
<i>F. graminearum</i>	S1159	-	-	-	4.32 $\pm$ 0.22	19.49 $\pm$ 0.52	-
	S550	-	-	-	tr	-	2
<i>F. vorosii</i>	S1620	-	-	4.27 $\pm$ 0.34	-	23.36 $\pm$ 3.65	0.5
	S33	-	-	4.04 $\pm$ 0.29	-	21.01 $\pm$ 0.21	-
<i>F. equiseti</i>	S1311	-	-	1.92 $\pm$ 0.75	-	-	-
	S1329	-	-	1.09 $\pm$ 0.24	-	10.66 $\pm$ 0.16	1.5
<i>F. incarnatum</i>	S46	-	-	-	-	33.01 $\pm$ 2.22	-
	S778	-	-	-	-	-	27.5
<i>F. fujikuroi</i>	S855	3,830 $\pm$ 4.8	8,496 $\pm$ 7.5	-	-	-	-
	S1209	13,963 $\pm$ 2.2	17,353 $\pm$ 3.8	-	-	-	32.5
<i>F. proliferatum</i>	S1119	1,465 $\pm$ 1.0	2,658 $\pm$ 1.0	-	-	-	84.5
	S70	3,700 $\pm$ 6.1	4,243 $\pm$ 4.1	-	-	-	-
<i>F. thapsinum</i>	S11	-	-	-	-	-	64.5
	S1674	-	-	-	-	-	-
FTSC 11	S638	-	-	-	-	-	-
	S656	-	-	-	-	-	2

Values are presented as mean $\pm$ standard deviation.

FB1, fumonisin B1; FB2, fumonisin B2; NIV, nivalenol; DON, deoxynivalenol; ZEA, zearalenone; FHB, *Fusarium* head blight; -, not detected; tr, trace (<100 ppb); FTSC, *Fusarium tricinctum* species complex.

*F. proliferatum*과 *F. fujikuroi*는 분리균주 중 각각 76%와 81.6%가 FBs 생성 유전자를 가지고 있었으나, *F. thapsinum*은 단 한 균주도 확인되지 않았다(Table 2). 이는 FFSC에 속하는 *F. fujikuroi*, *F. globosum*, *F. proliferatum*, *F. nygamai*, *F. verticillioides*, *F. oxysporum*은 *FUM1* 유전자를 보유하며, FBs를 생성하지만, *F. thapsinum*은 FBs를 생성하지 않았다는 기존의 보고(Choi 등, 2018; Proctor 등, 2004)와 일치하였다. 국내에서는 수수 외에 울무 종자에서 *F. fujikuroi*와 *F. concentricum*의 발생이 보고되었다(An 등, 2016; Jeon 등, 2013).

**병원성 검정 및 독소분석.** 병원성 검정 결과, *Fusarium* 9종 중에서 *F. proliferatum*, *F. thapsinum*, *F. fujikuroi*, *F. incarnatum* 4종이 수수에 대한 병원성을 나타내었다(Table 3). 이 중 *F. proliferatum*과 *F. thapsinum*의 병원성이 높았고, *F. fujikuroi*와 *F. incarnatum*의 병원성은 낮은 것으로 나타났다. *F. graminearum*,

*F. asiaticum*, *F. vorosii*, FTSC 11은 병원성이 나타나지 않았다. *F. thapsinum*은 인도, 미국 등의 수수에서 발생하였으며, 남아프리카공화국 수수 종자에 높은 병원성을 보였고(Leslie 등, 2005) 수수 개화기에 감염하여 임실을 떨어뜨림으로써 알곡 수를 크게 감소시킨 것으로 보고되었다(Little과 Magill, 2009).

분리균주의 독소분석 결과, *F. graminearum* 균주 1점이 DON (4.32  $\mu\text{g/g}$ )을 생성하였고, NIV는 *F. asiaticum* (3.64와 2.31  $\mu\text{g/g}$ ), *F. vorosii* (4.27과 4.04  $\mu\text{g/g}$ ), *F. equiseti* (1.92와 1.09  $\mu\text{g/g}$ )가 생성하였다. ZEA는 *F. incarnatum* (33.01  $\mu\text{g/g}$ ), *F. vorosii* (23.36과 21.01  $\mu\text{g/g}$ ), *F. graminearum* (19.49  $\mu\text{g/g}$ ), *F. equiseti* (10.66  $\mu\text{g/g}$ ), *F. asiaticum* (9.79  $\mu\text{g/g}$ ) 순으로 생산량이 높았다. *F. equiseti*의 경우 오염된 보리, 밀, 귀리, 수수 등에서 트라이코세신 독소와 ZEA 생성이 보고되었다(Kosiak 등, 2005; Shotwell 등, 1980). Aoyama 등(2009)은 수수 종자의 높은 ZEA 오염이 *F. semitectum* (*F. incarnatum* 동균이명)에 의한 것이라고 하였고,

An 등(2016)은 우리나라의 울무 씨앗에서 분리한 *F. incarnatum*이 ZEA를 소량 생산하였다고 하였다. 이 연구에서는 국내 곡류에 많이 발생하는 FIESC (*F. equiseti*와 *F. incarnatum*)의 독소생성능이 *F. asiaticum*보다 높음을 처음으로 확인하였다. 앞으로 보다 많은 FIESC 균주의 분석을 통해 FIESC가 국내 곡류의 곰팡이독소 오염수준에 미치는 영향을 구명하는 것이 필요하다.

FBs는 FFSC에 속하는 *F. proliferatum*과 *F. fujikuroi*균에서만 검출되었다. *F. proliferatum* 두 균주는 각각 4,123과 7,942 µg/g의 FBs (FB<sub>1</sub>과 FB<sub>2</sub>)를, *F. fujikuroi* 두 균주는 12,326와 31,316 µg/g의 FBs를 생성하였다. FBs는 전 세계적으로 FFSC에 속하는 *Fusarium*균들에 의해 곡류에서 발생하는 것으로 보고되었으며, 특히 *F. verticillioides*, *F. proliferatum*, *F. fujikuroi*균이 단독 또는 복합적으로 옥수수, 벼, 밀 등에 생성되는 것으로 보고되었다. Choi 등(2018)은 2011–2015년 우리나라 옥수수와 쌀에서 분리된 FFSC균들 중 *F. proliferatum*의 96.3%, *F. verticillioides*의 94.1% 및 *F. fujikuroi*의 76.0%가 FBs를 생성하였고 벼 유래 *F. fujikuroi*는 최대 8,560.1 µg/g의 FBs (FB<sub>1</sub>과 FB<sub>2</sub>)을 생산했다고 보고하였는데 본 연구에서 분리한 수수 균주는 벼 균주보다 훨씬 높은 FBs 생성량을 나타내었다.

국내 수수에서 분리된 9종의 *Fusarium* 균주 중 *F. thapsinum*과 FTSC 11을 제외한 모든 종이 1종 이상의 독소를 생성하는 것으로 확인하였다. 따라서 수수에 발생하는 *Fusarium*균과 생성 독소에 대한 모니터링이 지속적으로 필요할 것으로 생각한다. 수수 이삭곰팡이는 수수 생산의 가장 큰 장애 요인으로 알려져 있는데 본 연구 결과 분리된 *Fusarium*을 포함한 다양한 곰팡이들이 수수의 수량과 품질에 복합적인 영향을 끼칠 것으로 판단된다. 특히 수수의 알곡이 여무는 시기(9월)의 고온다습한 환경이 이삭곰팡이의 발생을 조장할 것으로 보여 향후 이를 방제할 수 있는 약제 선발 및 관리방안 수립이 필요할 것으로 보인다.

## 요 약

2017년, 2018년에 단양과 영월에서 재배된 수수에서 1,159점의 *Fusarium* 균주를 분리하여 유전적, 독성학적, 병리학적 특성을 규명하였다. *TEF-1a*와 *RPB2* 유전자를 이용한 계통수 분석결과 수수는 17종의 *Fusarium* 종들로 오염되었으며, 이 중 *F. graminearum*, *F. proliferatum*, *F. thapsinum*, *F. incarnatum*, *F. asiaticum* 등이 주요 우점종이었다. *F. graminearum*과 *F. asiaticum* 중에는 *F. graminearum*-15-acetyl deoxynivalenol 화학형과 *F. asiaticum*-nivalenol 화학형 균들이 우점하였다. *F. thapsinum*

과 FTSC 11을 제외한 6개의 *Fusarium* 종이 하나 이상의 독소를 생성하였다. *F. proliferatum*과 *F. fujikuroi* 균주들 중 각각 76.0%와 81.6%가 *FUM1* 유전자를 가지고 있으며, 일부 균주는 고농도(1,000 µg/g 이상)의 푸모니신을 생성하였다. *F. proliferatum*과 *F. thapsinum*이 다른 종에 비해 높은 수수 병원성을 나타내었다. 이러한 결과는 수수의 *Fusarium*종들이 여러 종의 독소를 생성할 수 있다는 것을 시사한다.

## Conflicts of Interest

No potential conflict of interest relevant to this article was reported.

## Acknowledgments

This study was carried out with the support of Research Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ012485), National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Republic of Korea.

## References

- An, T. J., Shin, K. S., Paul, N. C., Kim, Y. G., Cha, S. W., Moon, Y. et al. 2016. Prevalence, characterization, and mycotoxin production ability of *Fusarium* species on Korean adlay (*Coix lacrymal-jobi* L.) seeds. *Toxins* 8: 310.
- Aoyama, K., Ishikuro, E., Nishiwaki, M. and Ichinoe, M. 2009. Zearalenone contamination and the causative fungi in sorghum. *J. Food Hyg. Soc. Jpn.* 50: 47-51.
- Chi, M.-H., Park, S.-Y. and Lee, Y.-H. 2009. A quick and safe method for fungal DNA extraction. *Plant Pathol. J.* 25: 108-111.
- Choi, H.-W., Hong, S. K., Lee, Y. K. and Kim, W. G. 2013. Diversity and pathogenicity of *Fusarium* species associated with grain mold of sorghum. *Korean J. Mycol.* 41: 142-148. (In Korean)
- Choi, J.-H., Lee, S., Nah, J.-Y., Kim, H.-K., Paek, J.-S., Lee, S. et al. 2018. Species composition of and fumonisin production by the *Fusarium fujikuroi* species complex isolated from Korean cereals. *Int. J. Food Microbiol.* 267: 62-69.
- Erpelding, J. E. and Prom, L. K. 2006. Seed mycoflora for grain mold from natural infection in sorghum germplasm grown at Isabela, Puerto Rico and their association with kernel weight and germination. *Plant Pathol. J.* 5: 106-112.
- Jang, J. Y., Kim, S., Jin, H. S., Baek, S. G., O, S., Kim, K. et al. 2018. Occurrence of toxigenic *Fusarium* spp. and zearalenone in scabby rice grains and healthy ones. *Res. Plant. Dis.* 24: 308-312. (In Korean)

- Jeon, Y.-A., Yu, S.-H., Lee, Y. Y., Park, H.-J., Lee, S., Sung, J. S. et al. 2013. Incidence, molecular characteristics and pathogenicity of *Gibberella fujikuroi* species complex associated with rice seeds from Asian countries. *Mycobiology* 41: 225-233.
- Kosiak, E. B., Holst-Jensen, A., Rundberget, T., Jaen, M. T. G. and Torp, M. 2005. Morphological, chemical and molecular differentiation of *Fusarium equiseti* isolated from Norwegian cereals. *Int. J. Food Microbiol.* 99: 195-206.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Nnyaz, C. and Tamura, K. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.* 35: 1547-1549.
- Lee, S.-H., Lee, J., Nam, Y. J., Lee, S., Ryu, J.-G. and Lee, T. 2010. Population structure of *Fusarium graminearum* from maize and rice in 2009 in Korea. *Plant Pathol. J.* 26: 321-327.
- Lehotay, S. J., Mastovská, K. and Lightfield, A. R. 2005. Use of buffering and other means to improve results of problematic pesticides in a fast and easy method for residue analysis of fruits and vegetables. *J. AOAC Int.* 88: 615-629.
- Leslie, J. F., Zeller, K. A., Lamprecht, S. C., Rheeder, J. P. and Marasas, W. F. O. 2005. Toxicity, pathogenicity, and genetic differentiation of five species of *Fusarium* from sorghum and millet. *Phytopathology* 95: 275-283.
- Little, C. R. and Magill, C. W. 2009. The grain mold pathogen, *Fusarium thapsinum*, reduces caryopsis formation in *Sorghum bicolor*. *J. Phytopathol.* 157: 518-519.
- Liu, Y. J., Whelen, S. and Hall, B. D. 1999. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Mol. Biol. Evol.* 16: 1799-1808.
- Melake-Berhan, A., Butler, L. G., Ejeta, G. and Menkir, A. 1996. Grain mold resistance and polyphenol accumulation in sorghum. *J. Agric. Food Chem.* 44: 2428-2434.
- O'Donnell, K., Kistler, H. C., Cigelnik, E. and Ploetz, R. C. 1998. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 95: 2044-2049.
- Proctor, R. H., Plattner, R. D., Brown, D. W., Seo, J. A. and Lee, Y. W. 2004. Discontinuous distribution of fumonisin biosynthetic genes in the *Gibberella fujikuroi* species complex. *Mycol. Res.* 108: 815-822.
- Rural Development Administration. 2018. Handbook to Agricultural Technology 196: Sorghum. Rural Development Administration, Jeonju, Korea. 8 pp. (In Korean)
- Sharma, R., Thakur, R. P., Senthilvel, S., Nayak, S., Reddy, S. V., Rao, V. P. et al. 2011. Identification and characterization of toxigenic Fusaria associated with sorghum grain mold complex in India. *Mycopathologia* 171: 223-230.
- Shotwell, O. L., Bennett, G. A., Goulden, M. L., Plattner, R. D. and Heselstine, C. W. 1980. Survey for zearalenone, aflatoxin and ochratoxin in U.S. grain sorghum from 1975 and 1976 crops. *J. Assoc. Off. Anal. Chem.* 63: 922-926.
- Thakur, R. P., Rao, V. P., Navi, S. S., Garud, T. B., Agarkar, G. D. and Bhat, B. 2003. Sorghum grain mold: variability in fungal complex. *Int. Sorghum Millets Newsl.* 2003: 104-108.
- van der Lee, T., Zhang, H., Diepeningen, A. and Waalwijk, C. 2015. Biogeography of *Fusarium graminearum* species complex and chemotypes: a review. *Food Addit. Contam. Part A Chem. Anal. Control Expo. Risk Assess.* 32: 453-460.
- Ward, T. J., Bielawski, J. P., Kistler, H. C., Sullivan, E. and O'Donnell, K. 2002. Ancestral polymorphism and adaptive evolution in the trichothecene mycotoxin gene cluster of phytopathogenic *Fusarium*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 99: 9278-9283.
- Zhang, H., Zhang, Z., van der Lee, T., Chen, W. Q., Xu, J., Xu, J. S. et al. 2010. Population genetic analyses of *Fusarium asiaticum* populations from barley suggest a recent shift favoring 3ADON producers in southern China. *Phytopathology* 100: 328-336.