식물병연구

Res. Plant Dis. 28(4): 248-251 (2022)

Note | Open Access

https://doi.org/10.5423/RPD.2022.28.4.248

*Podosphaera xanthii*에 의한 좀돌팥 흰가루병 발생

Occurence of Powdery Mildew Caused by *Podosphaera xanthii* on *Vigna nakashimae* in Korea

***Corresponding author**
Tel: +82-41-330-1204
Fax: +82-41-330-1200
E-mail: plant119@kongju.co.kr
ORCID
https://orcid.org/0000-0001-6654-7939

민경구[1] · 박태민[1] · 박윤진[2] · 장명준[1]*

[1]공주대학교 식물자원학과, [2]두과녹비자원연구센터

Kyung-Gu Min[1], Tae-Min Park[1], Youn-Jin Park[2], and Myoung-Jun Jang[1]*

[1]Department of Plant Resources, Kongju National University, Yesan 32439, Korea
[2]Kongju National University Legumes Green Manure Resource Center, Yesan 32439, Korea

Received November 23, 2022
Revised December 22, 2022
Accepted December 22, 2022

In October 2022, common Asian cowpea (*Vigna nakashimae*) powdery mildew disease was investigated at Yesan-gun, Chungcheongnam-do, Korea (36°40'12.7"N,126°51'36.4"E). The disease mainly occurred on the front of the leaves, and weak powdery mildew disease occurred on the back side of leaf. The chasmothecia was identified on the back side of the leaf. Analysis of the internal transcribed spacer rDNA sequence and 28S large subunit sequence, along with the morphological characteristics of the anamorph and teleomorph of the causal fungus identified as *Podosphaera xanthii*. This is the first time in Korea to report common Asian cowpea (*Vigna nakashimae*) powdery mildew disease caused by *Podospaera xanthii*.

Keywords: *Erysiphaceae*, *Podosphaera xanthii*, Powdery mildew, *Vigna nakashimae*

좀돌팥(*Vigna nakashimae*)은 제주도를 제외한 전국에 분포하며 볕이 잘 드는 저지대에 주로 서식하며 새팥(*Vigna angularis* var. *nipponensis*)보다 흔하게 발생하는 일년생 덩굴성 식물이다(Lee 등, 2006). 좀돌팥은 한국에서 재배되고 있는 팥(*Vigna angularis*)과 근연종들의 유전적 관계 분석에 사용되었다(Yoon 등, 2007). 그리고 콩바구미과(bruchid) 저항성 유전자를 팥으로 전이하기 위해 좀돌팥을 사용하였다(Somta 등, 2006). 이렇듯 유용한 유전자원으로 이용되는 좀돌팥에 2022년 10월 충청남도 예산군(36°40'12.7"N, 126°51'36.4"E)에서 흰가루병이 발생하였다. 흰가루병에 감염된 식물체의 조직은 고사하지 않으나, 병원균에 의해 기주식물은 양분을 빼앗기고, 광합성이 감소된다(Nam 등, 2012). 전 세계적으로 좀돌팥에 흰가루병을 일으키는 병원균은 보고되지 않았으며(Farr과 Rossman, 2022), 국내에도 보고되지 않았다(The Korean Society of Plant Pathology, 2022). 시료를 채집하여 병원균의 균학적 특성 및 DNA 염기서열을 분석한 결과 *Podosphaera xanthii*으로 동정되었다. 따라서 본 연구는 좀돌팥 흰가루병의 병징, 균학적 특징 및 염기서열 분석결과를 보고하고자 한다.

병원균의 발병 및 병징. 좀돌팥에서 발생한 흰가루병은 주로 잎의 앞면에 발생하였으며 흰가루병은 잎전체로 확산되었다. 발병된지 오래된 잎들은 차츰 말라가며 담갈색으로 변화하였으며(Fig. 1A), 이는 녹두 흰가루병에서 보고된 증상(Lee 등, 2002)과 유사하였다. 잎 뒷면에는 흰가루병이 약하게 발생하였으며(Fig. 1B) 자낭구가 형성되는것을 확인하였다(Fig. 1C).

Research in Plant Disease
eISSN 2233-9191
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.

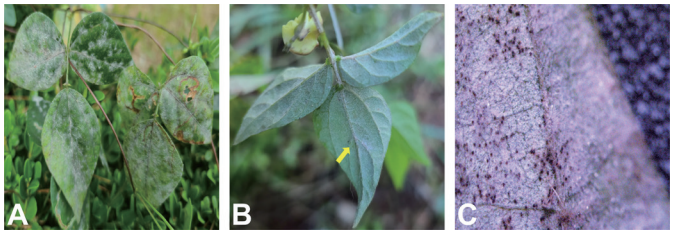

Fig. 1. Symptoms of powdery mildew on *Vigna nakashimae*. (A) Severe infections observed on *Vigna nakashimae*. (B) Powdery mildew symptoms on back side of the leaf (arrow). (C) Chasmothecia scattered on the back of the leaves.

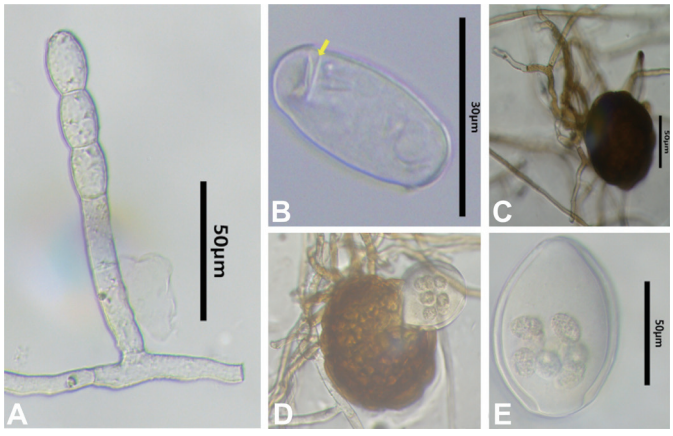

Fig. 2. Morphological characteristics of *Podosphaera xanthii* on *Vigna nakashimae*. (A) Conidiophores. (B) Conidia. Arrow indicates fibrosin body. (C) Chasmothecium. (D) Chasmothecium with one ascus containing mature ascospores. (E) Ascus containing eight ascospores.

병원균의 균학적 특징 및 염기서열분석. 좀돌팥 흰가루병균의 무성세대와 유성세대를 검경하였으며 분류학적 특징과 크기를 측정하기 위해 광학 현미경(KB-500, Korea Lab Tech Corp., Seongnam, Korea)을 이용하였다. 분생포자경은 표생균사의 윗 부분으로부터 발달하며, 크기는 102−219×9−13 μm이며, 3−8개의 세포로 구성되었다(Fig. 2A). 분생포자경의 기부세포는 아래쪽이 곧고, 길이는 23−77 μm였다. 분생포자는 무색의 단세포이며, 뚜렷한 피브로신체(fibrosin body)를 가지며, 타원형 내지 달걀형이며, 크기는 22−32×14−21 μm이다(Fig. 2B). 자낭구는 잎 뒷면에 형성되었으며, 직경은 89−100 μm이며, 1개의 자낭을 가졌다(Fig. 2C, D). 자낭은 타원형 내지 달걀형으로 크기는 70−87×60-69 μm이며 8개의 자낭포자를 지녔다. 자낭포자는 타원형 내지 달걀형이며 크기는 20−25×10−15 μm이며 무색이었다(Fig. 2E). 이러한 균학적 특징을 통해 좀돌팥 흰가루병은 *Podosphaera xanthii*와 일치하였다(Braun과 Cook, 2012)

좀돌팥 흰가루병균의 분자생물학적 동정을 위해 염기서열 기반의 계통학적 분석을 수행하였다. Genomic DNA는 잎 윗면에 형성된 흰가루병 균사체를 DNeasy Plant Kit (Qiagen, Hilden, Germany)을 이용하여 추출했다. 추출된 genomic DNA의 internal transcribed spacer rDNA (ITS) 영역과 28S large subunit (LSU) rDNA 영역의 염기서열을 분석하였다. ITS 영역은 ITS1와 ITS4 primer (White 등, 1990), LSU 영역은 PM3와 TW14 primer (Khodaparast 등, 2005)을 사용하여 polymerase chain reaction으로 증폭시켰다. 증폭된 산물은 SolGent (Daejeon, Korea)에 정제와 분석을 의뢰하였다. 분석된 염기서열은 National Center for Biotechnology Information (미국국립생물정보센터) BlastN을 통해 상동성을 확인하였다. 계통학적 분석을 위해 Multiple Alignment Fast Fourier Transform ver. 7 (Katoh와 Toh, 2010)을 사용하여 염기서열을 정렬하였으며, MEGA X program (Kumar 등, 2018) 을 이용하여 neighbor-joining 방법으로 수행하였다. 염기서열의 유전자거리는 Tajima-Nei parameter model로 계산하였고, bootstrap analysis은 1,000반복으로 수행하였다.

좀돌팥 흰가루병의 ITS 영역에 대한 GenBank 등록번호는 OP919509이며 Blastn search한 결과 *P. xanthii*로 등록된 MN833717, AB040340 등과 99% 이상 상동성을 보였다. 또한 LSU 영역에 대한 GenBank 등록번호는 OP919510이며 Blastn search한 결과 *P. xanthii*로 등록된 AB462784, AB462770, MK357445 등과 99% 이상의 상동성을 보였다. 계통수 작성 결과 좀돌팥 흰가루병원균의 ITS 염기서열과 LSU 염기서열은 *P. xanthii*과 같은 계통군에 속하였다(Figs. 3, 4).

전 세계적으로 좀돌팥에 발생하는 식물병원균으로 *Phialophora gregata*가 보고되었으나 흰가루병균에 대해서는 보고되지 않았다(Farr과 Rossman, 2022). 국내에서도 새팥과 팥 그리고 녹두와 동부에 흰가루병 발생과 병원균은 보고되어 있으나 좀돌팥 흰가루병에 대해서는 보고되어있지 않다(The Korean Society of Plant Pathology, 2022). 따라서 본 연구를 통해 좀돌팥에 발생하는 흰가루병의 원인균으로 *Podosphaera xanthii*를 국내에서 처음 보고하고자 한다

요 약

2022년 10월 충청남도 예산군(36°40'12.7"N, 126°51'36.4"E)에서 좀돌팥 흰가루병을 조사하였다. 병징은 주로 잎의 앞면에 발생하였으며 뒷면에는 흰가루병이 약하게 발병하였다. 흰가루병의 자낭구는 잎의 뒷면에서 확인하였다. 흰가루병균 무성세대 및 유성세대의 형태적 특징과 더불어 internal transcribed spacer

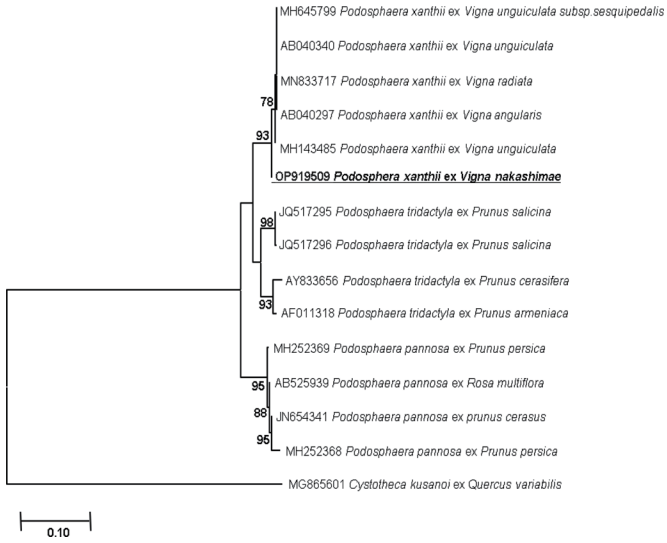

Fig. 3. Phylogenetic tree based on neighbor-joining method comparing the internal transcribed spacer of *Podosphaera xanthii* on *Vigna nakashimae* isolates and some reference isolates retrieved from GenBank. The bootstrap values over than 70% are shown at the nodes. The sequence of the strain used in this study is indicated in bold.

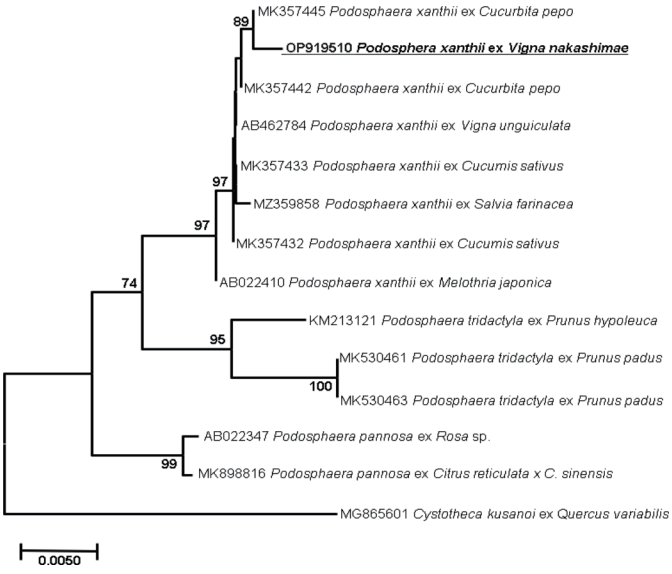

Fig. 4. Phylogenetic tree based on neighbor-joining method comparing the 28S large subunit sequences of *Podosphaera xanthii* on *Vigna nakashimae* isolates and some reference isolates retrieved from GenBank. The bootstrap values over than 70% are shown at the nodes. The sequence of the strain used in this study is indicated in bold.

rDNA, 28S large subunit 염기서열을 계통분석한 결과, 흰가루병균은 *Podosphaera xanthii*로 동정되었다. 이는 한국에서 *Podosphaera xanthii*에 의한 좀돌팥 흰가루병을 처음으로 보고한다.

Conflicts of Interest

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

Acknowledgments

This research was supported by Kongju National University Academic Research Support Project, 2022.

References

Braun, U. and Cook, R. T. 2012. Taxonomic Manual of the *Erysiphales* (powdery mildews). CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands. 707 pp.

Farr, D. F. and Rossman, A. Y. 2022. Fungal Databases, Systematic Mycology & Microbiology Laboratory, ARS, USDA. URL http://nt.arsgrin.gov/fungaldatabases/ [23 November 2022].

Katoh, K. and Toh, H. 2010. Parallelization of the MAFFT multiple sequence alignment program. *Bioinformatics* 26: 1899-1900.

Khodaparast, S. A., Takamatsu, S. and Hedjaroude, G. A. 2005. Phylogenetic analysis of Iranian powdery mildew fungi using nucleotide sequences of 28S ribosomal DNA. *J. Agric. Sci. Technol.* 7: 49-58.

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. and Tamura, K. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol*. 35: 1547-1549.

Lee, J., Baek, H.-J., Yoon, M.-S., Cho, G.-T. and Kim, C.-Y. 2006. Identification and use of correct scientific names of *Vigna angularis var. nipponensis* (Ohwi) Ohwi & Ohashi and *V. nakashimae* (Ohwi) Ohwi & Ohashi in Korea. *Korean J. Plant Taxon.* 36: 217-225.

Lee, S. Y., Hwang, S. J. and Lee, S. B. 2002. Occurrence of powdery mildew on mung bean (*Vigna radiatus* L.) caused by Sphaerotheca phaseoli. *Res. Plant Dis.* 8: 166-170.

Nam, M. H., Jeon, Y. N., Lee, H. C., Lee, H. D. and Kang, H. K. 2012. Comparative analysis between healthy and powdery mildew-infected plants of strawberry cultivar Seolhyang. *Res. Plant Dis.* 18: 80-85.

Somta, P., Kaga, A., Tomooka, N., Kashiwaba, K., Isemura, T., Chaitieng, B. et al. 2006. Development of an interspecific *Vigna linkage* map between *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi and *V. nakashimae* (Ohwi) Ohwi & Ohashi and its use in analysis of bruchid resistance and comparative genomics. *Plant Breed*. 125: 77-84.

The Korean Society of Plant Pathology. 2022. List of Plant Diseases in Korea. 6th ed. Korean Society of Plant Pathology, Seoul, Korea. 630 pp.

White, T. J., Bruns, T., Lee, S. and Taylor, J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phyloge-

netics. In: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, eds. by M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky and T. J. White, pp. 315-322. Academic Press, New York, USA.

Yoon, M. S., Lee, J., Kim, C. Y. and Baek, H. J. 2007. Genetic relationships among cultivated and wild *Vigna angularis* (Willd.) Ohwi et Ohashi and relatives from Korea based on AFLP markers. Genet. *Resour. Crop Evol.* 54: 875-883.