

국내 수박, 멜론 감염 Zucchini Yellow Mosaic Virus, Watermelon Mosaic Virus, Melon Necrotic Spot Virus의 현황 조사 및 유전적 연구

Survey and Genetic Identification of Zucchini Yellow Mosaic Virus, Watermelon Mosaic Virus, and Melon Necrotic Spot Virus Infecting Watermelon and Muskmelon in South Korea

*Corresponding author

Tel: +82-2-3408-4378

Fax: +82-2-3408-4318

E-mail: cjpark@sejong.ac.kr

ORCID

<https://orcid.org/0009-0003-1562-5468>

<https://orcid.org/0000-0002-2586-8856>

[†]These authors contributed equally to this work.

정아람^{1†} · 이현지^{2†} · 권오규^{1†} · 이금표³ · 신령⁴ · 박창진^{1,2*}

¹세종대학교 분자생물학과, ²세종대학교 바이오산업자원공학과, ³중앙대학교 식물생명공학과,

⁴수원대학교 바이오공학 및 마케팅

A-Ram Jeong^{1†}, Hyunji Lee^{2†}, Oh-Kyu Kwon^{1†}, Gung Pyo Lee³, Ryoung Shin⁴, and Chang-Jin Park^{1,2*}

¹Department of Molecular Biology, Sejong University, Seoul 05006, Korea

²Department of Bioresources Engineering, Sejong University, Seoul 05006, Korea

³Department of Plant Science and Technology, Chung-Ang University, Anseong 17546, Korea

⁴Department of Biotechnology, The University of Suwon, Hwaseong 18323, Korea

Watermelon (*Citrullus lanatus*) and muskmelon (*Cucumis melo*), both members of the Cucurbitaceae, are economically important fruit crops in Korea. Various viruses cause major diseases, significantly reducing their production. In this study, we investigated the incidence of zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), watermelon mosaic virus (WMV), and melon necrotic spot virus (MNSV) by collecting symptomatic watermelon and muskmelon leaves from nine cities (65 fields) across Korea between 2019 and 2023. At least one of the viruses was detected in 125 samples, with ZYMV, WMV, and MNSV identified in 74, 27, and 52 samples, respectively. Most ZYMV and WMV isolates were classified as subgroup III of ZYMV group A and subgroup I of WMV group A, respectively. MNSV isolates were clustered into two distinct groups: the muskmelon group and the watermelon group. This report will help farmers develop effective viral disease management strategies for watermelon and muskmelon crops in Korea.

Keywords: Melon necrotic spot virus, Muskmelon, Watermelon, Watermelon mosaic virus, Zucchini yellow mosaic virus

Received October 10, 2024

Revised November 4, 2024

Accepted November 6, 2024

수박(*Citrullus lanatus*)과 멜론(*Cucumis melo*)은 전 세계적으로 수요가 높은 박과 식물의 주요 작물이다. 국내 수박과 멜론의 재배면적은 2022년 기준 각각 11,762 ha, 1,767 ha로 전체 과

채류 재배면적의 24.8%, 3.7%를 차지하고 있으며, 수박과 멜론의 생산량은 각각 487,167톤, 48,389톤으로 전체 과채류 생산량의 23.4%, 2.3%를 점유하고 있다(Korean Statistical Information Service, 2022).

박과 식물은 동일한 장소에서 지속해서 작물을 재배하는 특성상, 바이러스에 노출될 경우 여러 환경적 요인에 의해 온실 내에서 쉽게 확산되어 큰 피해를 입는다. 그러나 효과적인 바

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.

이러스 방제 대책이 부족하여 재배 농가들이 어려움을 겪고 있다(Choi 등, 2004; Park 등, 1996). 국내 수박과 멜론에서 보고된 주요 바이러스는 zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), watermelon mosaic virus (WMV), melon necrotic spot virus (MNSV), cucumber green mottle mosaic virus, cucumber mosaic virus, cucurbit aphid-borne yellows virus, cucurbit chlorotic yellows virus, papaya ringspot virus 등이 있다(Han 등, 2023; Jin 등, 2023; Kim 등, 2012; Ko 등, 2004). 지금까지는 박과에서 발병하는 바이러스들의 개별적인 보고가 주를 이루고 있다(Choi 등, 2010; Kwak 등, 2015; Lee와 Lee, 1981).

본 연구는 박과의 주요 바이러스 중에서 ZYMV, WMV, MNSV를 대상으로 한다. ZYMV와 WMV는 *Potyviridae*과 *Potyvirus* 속에 포함되는 바이러스로 양성 단일 가닥 RNA를 genome으로 가지고 있고, 진딧물을 통해 감염된다(Gal-On, 2007; Glasa 등, 2011). MNSV는 *Tombusviridae*와 *Gammacarmovirus* 속에 포함되는 바이러스로 양성 단일 가닥 RNA를 genome으로 가지고 있으며 토양균류인 *Olpidium bornovanus*에 의해 씨앗으로 전달되는 종자 감염이 된다고 알려져 있다(Zhan 등, 2019). 이들 바이러스는 박과 작물에서 높은 발병률을 보이며, 심각한 경제적 손실을 초래한다(Choi 등, 2010; Jin 등, 2009). 그러나 이들 바이러스의 발병 양상이나 유전적 동정에 관한 최근 연구는 부족한 상황이며, 기존에 보고된 바이러스들과 현재 발병 중인 바이러스들의 계통학적 근연관계 분석도 거의 이루어지지 않았다.

따라서 본 연구를 통해 2019년부터 2023년까지 수박 및 멜론에서 ZYMV, WMV, MNSV의 감염률과 발생 현황을 조사하고, 바이러스 isolate들의 염기서열에 기초한 계통학적 분석을 수행하여 기존 보고된 바이러스들과의 근연관계를 파악하고자 하였다.

바이러스 진단 및 계통수 분석. 바이러스 감염이 의심되는 수박 및 멜론 시료에서 FavorPrep™ Tri-RNA reagent (FAVROGEN, Ping-Tung, Taiwan)를 이용하여 RNA를 추출하고, M-MLV reverse transcriptase (RT) (Promega, Madison, WI, USA)를 이용하여 역전사 반응을 통해 cDNA를 합성하였다. Reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) 반응 조건은 초기 변성 95°C 3분, 이후 변성 95°C 15초, 각 primer 별 결합 15초(ZYMV-CP-285F_LK/ZYMV-CP-782R_LK, 60°C; WMV_CP_F/WMV_CP_R, 51°C; MNSV5/MNSV6, 53°C), 신장 72°C 1분의 과정을 35회 반복하고, 마지막 신장 단계를 72°C 7분간 수행하였다. PCR 반응액은 10× reaction buffer 2 µl, 5×Q-solution 4 µl, dNTP mix 0.2 µl (200 µM), FIREPol® DNA polymerase 0.1 µl (0.5 units) (Solis BioDyne, Tartu, Estonia), 바이러스별 forward/reverse primer 각 1 µl (10 µM), cDNA 1 µl

(약 100 ng) 및 10.7 µl의 멸균증류수로 조제하였다. ZYMV, WMV, MNSV 바이러스의 진단을 위하여 특이적 primer로 ZYMV는 coat protein (CP) 특이적 primer로 ZYMV-CP-285F_LK (5'-GGGGATCCAGCGTCTCATCAGCAATTCG-3')와 ZYMV-CP-782R_LK (5'-GGGGATCCGTGTGCCGTTCAAGTGTCTTC-3')를 사용하였고(Kaldis 등, 2018), WMV는 CP 특이적 primer로 WMV_CP_F (5'-AACACACAACCAAGTGAATT-3')와 WMV_CP_R (5'-TAACGACCCGAAATGCTAACT-3')을 사용하였으며(Ali 등, 2012), MNSV는 RNA dependent RNA polymerase (RdRp) 특이적 primer로 MNSV5 (5'-AGGTTAGCAATGGATACTGG-3')와 MNSV6 (5'-TCTCGTTTGATGTGGAAGAC-3')를 사용하였다(Herrera-Vásquez 등, 2010). RT-PCR 실험의 비교군으로는 수박 transcriptional elongation factor-1α (*EF-1α*)로 SIEF-1α-F (5'-ACAGTCATTGATGCTCCCG-3')와 SIEF-1α-R (5'-GGTGACAAC-CATACCAGGCT-3')를 사용하였다(Bi 등, 2019). 각 바이러스의 특이적인 primer를 이용한 RT-PCR 증폭 산물을 RedSafe™ Nucleic Acid Staining Solution (20,000×) (Intronbio, Seongnam, Korea)을 넣은 0.8% agarose gel에서 전기영동을 수행하였다. UV 하에서 결과를 확인하고(ZYMV-CP-285F_LK/ZYMV-CP-782R_LK, 493 bp; WMV_CP_F/WMV_CP_R, 980 bp; MNSV5/MNSV6, 575 bp), FavorPrep™ GEL/PCR Purification Kit (FAVROGEN)를 사용해 분리 정제하여 Sanger sequencing 분석을 수행하였다(Macrogen, Seoul, Korea). 각각의 염기서열을 미국의 국립생명공학정보센터(National Center for Biotechnology Information)에서 Basic Local Alignment Search Tool 분석하여 isolate들을 최종 동정하였다. 바이러스 isolate들의 계통수 분석은 MEGA 11 프로그램(Tamura 등, 2021)을 이용하여 기존에 보고된 ZYMV (Coutts 등, 2011), WMV (Wang 등, 2017), MNSV (Herrera-Vásquez 등, 2010) reference strain들의 염기서열들과 비교하여 진행하였다.

GenBank accession number. ZYMV (CC203-4, PQ541585; GR211-9, PQ541586; GR212-7, PQ541587; GR212-30, PQ541588; YI192-5, PQ541589; YG211-2, PQ541590; YP211-6, PQ541591), WMV (CC191-1, PQ541592; CC191-2, PQ541593; GC192-7, PQ541594; GC192-10, PQ541595; GC192-11, PQ541596; GC192-16, PQ541597; GC192-17, PQ541598; YP215-1, PQ541599; YP217-13, PQ541600; YP218-12, PQ541601), MNSV (CA201-30, PQ541568; CA211-14, PQ541569; CA212-4, PQ541570; CA216-2, PQ541571; CA222-7, PQ541572; CA222-9, PQ541573; CA224-1, PQ541574; CA226-1, PQ541575; CY203-1, PQ541576; CY203-13, PQ541577; CY203-20, PQ541578; MNSV-CC-NW,

PQ541579; CW213-1, PQ541580; YP191-10, PQ541581; YP216-10, PQ541582; YP231-3, PQ541583, MNSV-NS-NW; PQ541584).

수박 및 멜론 재배 농가에서 바이러스 발병 조사. 2019년부터 2023년까지 수박 및 멜론에 병을 일으키는 ZYMV, WMV, MNSV의 발생 현황을 조사하기 위하여 9개 지역(고령, 고창, 양구, 양평, 용인, 창원, 천안, 청양, 춘천)을 방문하였다. 이 기간 동안 65곳의 수박과 멜론 재배 농가에서 총 258개의 바이러스 감염 의심 시료를 채집하였다. 바이러스 병징에 따른 분류와 RT-PCR과 염기서열 분석을 통해 125개의 시료에서

ZYMV, WMV, MNSV를 발견하였다. 방문한 농가 중 비교적 많은 바이러스 감염 의심 시료를 얻고 높은 감염률을 보인 곳은 2019년 7월 고창(14/19개, 73.7%), 2020년 5월 청양(25/26개, 96.2%), 2021년 5월 천안(9/14개, 64.3%), 2022년 5월 천안(14/25개, 56.0%), 2022년 7월 양평(14/19개, 73.7%)이었다(Table 1). 병징은 각 바이러스마다 일부 차이가 있었지만 공통적으로는 심각한 잎 모자이크, 황변, 생장 저하, 잎말림 그리고 괴저가 관찰되었다(Fig. 1).

ZYMV 발병 조사 및 계통수 분석. 바이러스 감염 의심 시료 258개 중 RT-PCR을 통해 확인된 ZYMV 감염 시료는 총 74개(수

Table 1. Occurrence of viruses in watermelon and muskmelon

Year/ month	Origin (city/country)	No. of samples	Infection samples	Virus						
				ZYMV	WMV	MNSV	ZYMV+WMV	ZYMV+MNSV	WMV+MNSV	Non detection
2019		27	22 (81.5)	21 (77.8)	9 (33.3)	1 (3.7)	9 (33.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (18.5)
2019/05	Yongin	1	1 (100.0)	1 (100.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
2019/06	Yangpyeong	3	3 (100.0)	2 (66.7)	0 (0.0)	1 (33.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
2019/07	Gochang	19	14 (73.7)	14 (73.7)	5 (26.3)	0 (0.0)	5 (26.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (26.3)
2019/08	Chuncheon	4	4 (100.0)	4 (100.0)	4 (100.0)	0 (0.0)	4 (100.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
2020		75	38 (50.7)	35 (46.7)	0 (0.0)	19 (25.3)	0 (0.0)	16 (21.3)	0 (0.0)	37(49.3)
2020/05	Cheongyang	26	25 (96.2)	22 (84.6)	0 (0.0)	17 (65.4)	0 (0.0)	14 (53.8)	0 (0.0)	1 (3.8)
2020/06	Cheonan	17	6 (35.3)	6 (35.3)	0 (0.0)	2 (11.8)	0 (0.0)	2 (11.8)	0 (0.0)	11 (64.7)
2020/06	Chuncheon	10	4 (40.0)	4 (40.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (60.0)
2020/06	Yongin	22	3 (13.6)	3 (13.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	19 (86.4)
2021		107	35 (32.7)	18 (16.8)	4 (3.7)	14 (13.1)	0 (0.0)	1 (0.9)	0 (0.0)	72 (67.3)
2021/03	Goryeong	26	13 (50.0)	13 (50.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	13 (50.0)
2021/03	Changwon	36	4 (11.1)	3 (8.3)	0 (0.0)	1 (2.8)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	32 (88.9)
2021/05	Yangpyeong	6	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	6 (100.0)
2021/05	Cheonan	14	9 (64.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	9 (64.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (35.7)
2021/07	Yanggu	4	3 (75.0)	2 (50.0)	0 (0.0)	2 (50.0)	0 (0.0)	1 (25.0)	0 (0.0)	1 (25.0)
2021/07	Yangpyeong	15	5 (33.3)	0 (0.0)	4 (26.7)	1 (6.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	10 (66.7)
2021/09	Cheonan	6	1 (16.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	1 (16.7)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	5 (83.3)
2022		44	28 (63.6)	0 (0.0)	14 (31.8)	16 (36.4)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (4.5)	16 (36.4)
2022/05	Cheonan	25	14 (56.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	14 (56.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	11 (44.0)
2022/07	Yangpyeong	19	14 (73.7)	0 (0.0)	14 (73.7)	2 (10.5)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (10.5)	5 (26.3)
2023		5	2 (40.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (40.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (4.5)	3 (60.0)
2023/07	Yangpyeong	5	2 (40.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (40.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	3 (60.0)
Total		258	125 (48.4)	74 (28.7)	27 (12.0)	52 (20.2)	9 (3.5)	17 (6.6)	2 (0.8)	133 (51.6)

Values are presented as number (%).
ZYMV, zucchini yellow mosaic virus; WMV, watermelon mosaic virus; MNSV, melon necrotic spot virus.

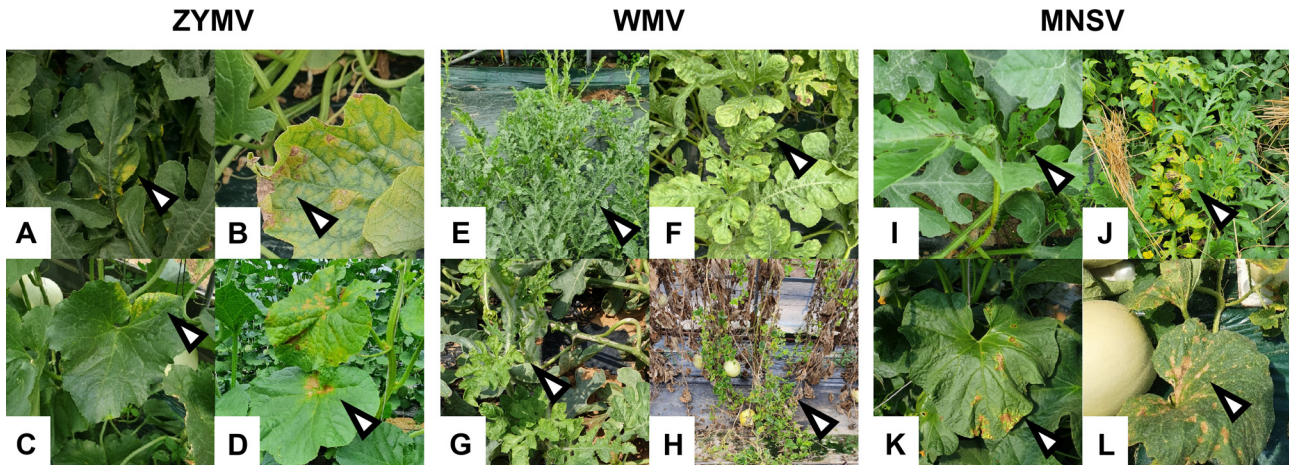


Fig. 1. Virus symptoms of watermelon and muskmelon in naturally infected fields. Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) (A: YI192-5; B: GR212-7; C: CC203-4; D: YG211-2); watermelon mosaic virus (WMV) (E: YP215-1; F: YP221-6; G: GC192-16; H: CC191-2); melon necrotic spot virus (MNSV) (I: YP191-10; J: YP231-3; K: CY203-20; L: CA222-7). Arrowheads indicate major symptom of each virus.

박 34개, 멜론 40개)이며 감염률은 28.7%로 나타났다(Table 1). 기존에 보고된 ZYMV strain들은 부분적 CP 염기서열을 기반으로 한 계통학적 분석 결과 A, B, C의 3개의 group으로 분류되며, 그중 group A은 다시 subgroup I, II, III, IV로 세분화된다(Coutts 등, 2011). 본 연구에서는 ZYMV로 판명된 isolate들 중에서 7개 isolate들의 부분적 CP 염기서열을 선행 연구에서 보고된 ZYMV strain들(Coutts 등, 2011)과 상동성 및 계통학적 분석을 통해 비교한 결과, 모든 isolate들(CC203-4, GR211-9, GR212-7, GR212-30, YI192-5, YG211-2, YG211-6)이 group A의 subgroup III에 속하는 것으로 확인되었다(Fig. 2A). 기존에 한국에서 분리되었던 ZYMV strain들(Coutts 등, 2011; Kwon 등, 2005; Yoon과 Choi, 1998)을 함께 분석해 보면 AB369279, AF062518, AY278998, AY278999, AY279000은 group A의 subgroup III에 속하였다. 따라서 한국에서 발생하는 ZYMV는 group A의 subgroup III가 주를 이루는 것으로 보인다. 싱가포르(AF014811, X62662), 폴란드(EF178505, EU561045), 베트남(DQ925447, DQ925448, DQ925449, DQ925450, DQ925451) 등에서 분리된 reference strain들이 속한 group B와 group C에는 기존에 한국에서 분리 보고된 ZYMV strain들과 본 연구의 ZYMV isolate들이 포함되지 않았다.

WMV 발병 조사 및 계통수 분석. 확보한 바이러스 감염 의심 시료(258개) 중에서 WMV가 확인된 시료는 총 27개(수박 23개, 멜론 4개)이며 감염률은 12.0%였다(Table 1). 기존에 보고된 WMV strain들은 부분적 CP 염기서열 분석을 통해 A, B, C의 3개의 group으로 분류되어 있으며 그중 group A은 subgroup I, II, III, IV로 세분화된다(Wang 등, 2017). 본 연구에서는 10개

의 WMV isolate들의 부분적 CP 염기서열을 선행 보고된 WMV strain들(Wang 등, 2017)과 상동성 및 계통학적 분석을 실시하였다. 그 결과 본 연구의 10개의 isolate들 모두 group A에 속하는 것으로 밝혀졌다(Fig. 2B). 9개의 isolate들(CC191-1, CC191-2, GC192-10, GC192-11, GC192-16, GC192-17, YP215-1, YP217-13, YP218-12)은 group A의 subgroup I으로, isolate GC192-7은 group A의 subgroup II로 분류되었다. Group A의 subgroup I은 중국(AY464948, EF122501, EF127832, JX079685)과 미국(JX028594, JX028595)에서 분리된 strain들로 이루어져 있으며, 본 연구에서 분리된 9개의 isolate들이 이들과 같은 그룹을 형성하는 것을 통해 근연관계가 높다는 사실을 확인할 수 있었다.

MNSV 발병 조사 및 계통수 분석. 확보된 바이러스 감염 의심 시료 중 MNSV 감염이 확인된 시료는 총 52개(수박 12개, 멜론 40개)이며 감염률은 20.2%로 나타났다(Table 1). 기존에 보고된 MNSV strain들의 부분적 RdRp 염기서열을 토대로 진행된 계통학적 분석에 따르면, MNSV는 EU-LA genotype, JP melon genotype, JP watermelon genotype group의 3개의 group으로 분리되어 있다(Herrera-Vázquez 등, 2010; Mackie 등 2020). 본 연구에서는 MNSV로 확인된 isolate들 중 17개 isolate들의 부분적 RdRp 염기서열을 선행 보고된 MNSV strain들(Herrera-Vázquez 등, 2010)과 상동성 및 계통학적 분석을 진행하였다. MNSV isolate들 중 멜론에서 분리된 12개(CA201-30, CA211-14, CA212-4, CA216-2, CA222-7, CA222-9, CA224-1, CA226-1, CY203-1, CY203-13, CY203-20, MNSV-CC-NW)는 일본의 멜론에서 분리된 reference strain들(AB044291, AB044292, AB250684, AB250685, AB250686, AB250687)과 같은 JP mel-

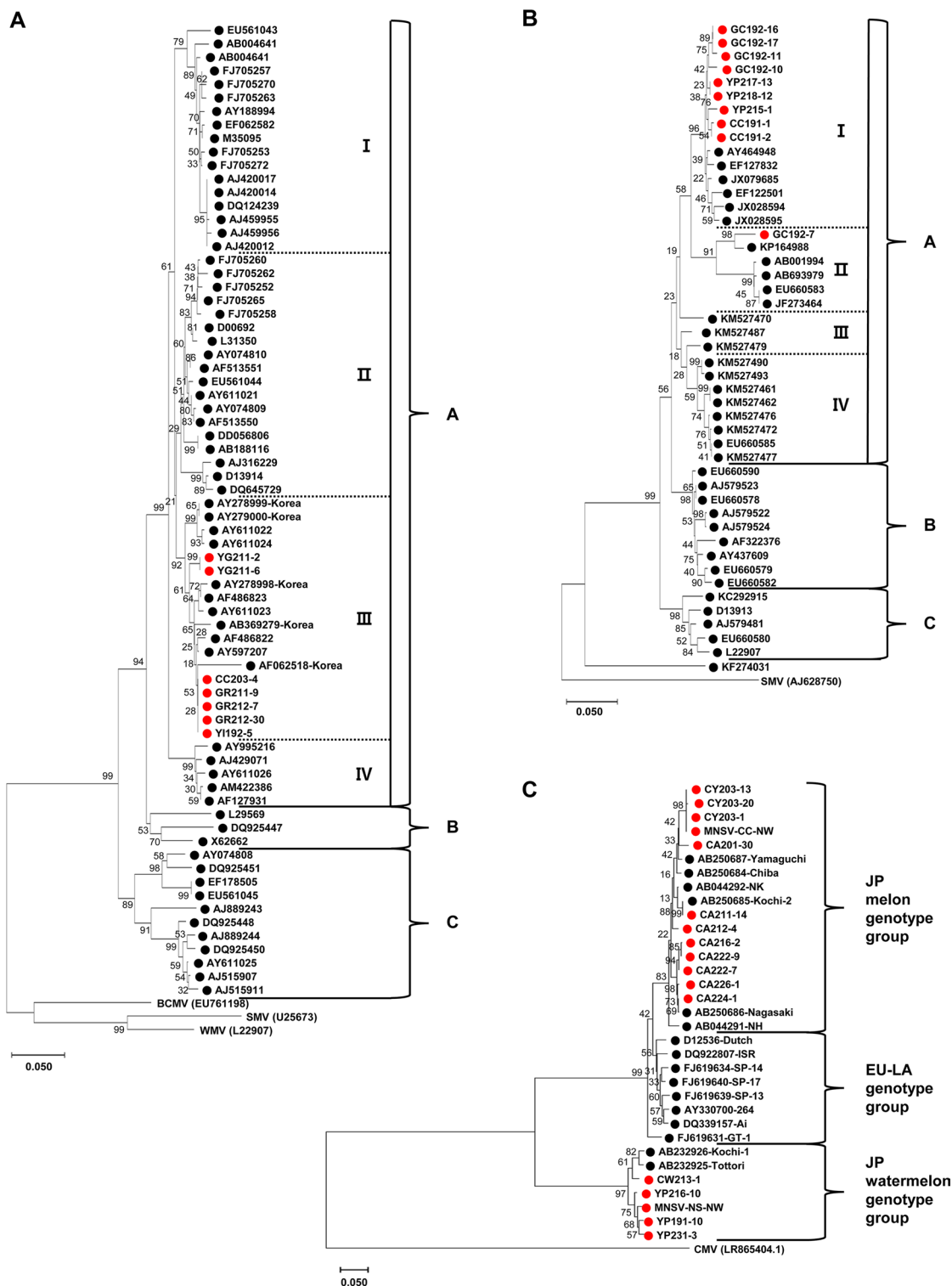


Fig. 2. Phylogenetic tree of zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), watermelon mosaic virus (WMV), and melon necrotic spot virus (MNSV) isolates. The phylogenetic tree was constructed with MEGA 11 program using the neighbor-joining method with 1,000 bootstrap replicates. GenBank accession numbers of all reference strains are shown at the end of nodes. (A) Partial coat protein (CP) from seven ZYMV isolates and 65 reference strains were analyzed. Red circles, ZYMV isolates from this study; black circles, ZYMV references; bean common mosaic virus (BCMV), soybean mosaic virus (SMV), and WMV, outgroups. (B) Partial CP from 10 WMV isolates and 37 reference strains were analyzed. Red circles, WMV isolates from this study; black circles, WMV references; SMV, outgroup. (C) Partial RNA dependent RNA polymerase (RdRp) from 17 MNSV isolates and 16 reference strains were analyzed. Red circles, MNSV isolates from this study; black circles, MNSV references; cucumber mosaic virus (CMV), outgroup.

on genotype group으로 분류되었고, 수박에서 분리된 5개의 isolate들(CW213-1, YP191-10, YP216-10, YP231-3, MNSV-NS-NW)은 일본의 수박에서 분리된 reference strain들(AB232925, AB232926)과 같은 JP watermelon genotype group으로 분류되었다(Fig. 2C). EU-LA genotype group에 속하는 isolate는 없었다. 이 결과는 일본에서와 마찬가지로 한국에서 분리된 MNSV isolate들이 감염하는 기주에 따라 구분됨을 시사하였다.

바이러스 복합 감염 분석. 현장에서 채집한 전체 시료 258개 중 ZYMV, WMV, MNSV 간의 바이러스 복합 감염은 28개 시료에서 나타났으며, 감염률은 ZYMV+MNSV 6.6%, ZYMV+WMV 3.5%, WMV+MNSV 0.8%로 나타났다(Table 1). 감염률이 가장 높은 ZYMV+MNSV의 경우 2020년 5월에 청양 지역에서 채집한 시료에서 많았으며 총 14개가 복합 감염이었다. 반면 WMV+MNSV의 복합 감염은 거의 관찰되지 않아 2022년 7월에 양평 지역에서 채집한 2개의 시료에서만 발견되었다. ZYMV, WMV, MNSV가 모두 복합 감염된 시료는 확인되지 않았다.

본 연구에서 ZYMV, WMV, MNSV의 복합 감염 병징은 각 바이러스의 단독 감염에 의한 병징과 두드러진 차이를 보이지 않아 육안 상으로의 구별에는 어려움이 있었다. 바이러스 사이의 상호작용에 의해서 종종 예측 불가능한 생물학적 병징이 나타나기도 하므로(Syller, 2012; Zhang 등, 2001), 향후 박과 작물 바이러스들의 상호작용을 통한 병징 상승 혹은 약화를 이해하기 위해서는 더 많은 연구가 필요할 것으로 보인다.

요 약

2019년부터 2023년까지 9개 지역의 수박, 멜론 농가에서 ZYMV, WMV, MNSV의 감염이 의심되는 시료들을 확보하였다. 각 바이러스의 특이적 primer들을 이용한 RT-PCR을 통해 총 125개의 시료에서 바이러스 감염이 확인되었다. 감염률은 ZYMV가 28.7%로 가장 높았으며, MNSV와 WMV가 각각 20.2%와 12.0%로 나타났다. ZYMV isolate들의 유전적 분석 결과, 계통수에서 7개의 isolate들 모두 group A로 속했으며, 기존에 보고된 한국 reference strain들과 함께 subgroup III에 포함되었다. WMV isolate들 중 9개의 isolate들은 group A의 subgroup I에 속하였고 나머지 1개는 group A의 subgroup II에 포함되었다. MNSV는 수박에서 분리된 isolate들과 멜론에서 분리된 isolate들이 계통학적으로 구분되었다. 본 연구의 결과, 지역별 바이러스들의 감염률을 확인하고 계통학적 분석을 수행하여 수박, 멜론에 해를 가하는 세 바이러스에 대한 중요한 정보를 보고할 수 있었다.

Conflicts of Interest

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

Acknowledgments

This study was carried out with the support of the "Cooperative Research Program for Agriculture Science & Technology Development [Project No. PJ01421303 (C.J.P) and No. PJ01421302 (G.P.L)]" Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Ali, A., Mohammad, O. and Khattab, A. 2012. Distribution of viruses infecting cucurbit crops and isolation of potential new virus-like sequences from weeds in Oklahoma. *Plant Dis.* 96: 243-248.
- Bi, X., Li, X., Yu, H., An, M., Li, R., Xia, Z. et al. 2019. Development of a multiplex RT-PCR assay for simultaneous detection of *Cucumber green mottle mosaic virus* and *Acidovorax citrulli* in watermelon. *PeerJ* 7: e7539.
- Choi, G.-S., Cho, J.-D., Chung, B.-N., Cho, I.-S. and Kwon, S.-B. 2010. Some characteristics of melon necrotic spot virus-Me and resistance screen to the virus in melon cultivars. *Res. Plant Dis.* 16: 254-258. (In Korean)
- Choi, G.-S., Kim, J.-H. and Kim, J.-S. 2004. Soil transmission of cucumber green mottle mosaic virus and its control measures in watermelon. *Res. Plant Dis.* 10: 44-47. (In Korean)
- Coutts, B. A., Kehoe, M. A., Webster, C. G., Wylie, S. J. and Jones, R. A. 2011. Zucchini yellow mosaic virus: biological properties, detection procedures and comparison of coat protein gene sequences. *Arch. Virol.* 156: 2119-2131.
- Gal-On, A. 2007. Zucchini yellow mosaic virus: insect transmission and pathogenicity -the tails of two proteins. *Mol. Plant Pathol.* 8: 139-150.
- Glasa, M., Bananej, K., Predajňa, L. and Vahdat, A. 2011. Genetic diversity of watermelon mosaic virus in Slovakia and Iran shows distinct pattern. *Plant Dis.* 95: 38-42.
- Han, J.-W., Park, Y.-U., Youn, C.-K., Lee, S.-H., Jeong, T.-G., Choi, H.-S. et al. 2023. Incidence of virus diseases in major cultivated areas of watermelon and melon in Chungbuk province. *Res. Plant Dis.* 29: 88-93. (In Korean)
- Herrera-Vásquez, J. A., Córdoba-Sellés, M. C., Cebrián, M. C., Rosselló, J. A., Alfaro-Fernández, A. and Jordá, C. 2010. Genetic diversity of melon necrotic spot virus and oospidium isolates from different origins. *Plant Pathol.* 59: 240-251.
- Jin, T., Kwak, H.-R., Choi, H.-S., Cha, B., Han, J.-W. and Kim, M. 2023.

- Phylogenetic analysis of cucurbit chlorotic yellows virus from melon in 2020 in Chungbuk, Korea. *Res. Plant Dis.* 29: 52-59. (In Korean)
- Jin, T.-S., Kim, S.-M., Ko, S.-J., Lee, S.-H., Choi, H.-S., Park, J.-W. et al. 2009. Occurrence of papaya ringspot virus infecting cucurbit crops in Korea. *Korean J. Pestic. Sci.* 13: 298-308.
- Kaldis, A., Berbati, M., Melita, O., Reppa, C., Holeva, M., Otten, P. et al. 2018. Exogenously applied dsrna molecules deriving from the zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) genome move systemically and protect cucurbits against ZYMV. *Mol. Plant Pathol.* 19: 883-895.
- Kim, J.-S., Lee, S.-H., Choi, H.-S., Kim, M.-K., Kwak, H.-R., Kim, J.-S. et al. 2012. 2007–2011 characteristics of plant virus infections on crop samples submitted from agricultural places. *Res. Plant Dis.* 18: 277-289. (In Korean)
- Ko, S.-J., Lee, Y.-H., Cha, K.-H., Park, J.-W., Lee, S.-H. and Yang, K.-Y. 2004. Virus diseases occurred on watermelon in Jeonnam province. *Res. Plant Dis.* 10: 39-43. (In Korean)
- Korean Statistical Information Service (KOSIS). 2022. Status of Greenhouse Facilities and Production of Vegetables. URL https://kass.mafra.go.kr/statHtml/statHtml.do?orgId=114&tblId=DT_114018_005&conn_path=I3 [13 November 2023]. (In Korean)
- Kwak, H.-R., Kim, J.-S., Cho, J.-D., Lee, J.-H., Kim, T.-S., Kim, M.-K. et al. 2015. Characterization of melon necrotic spot virus occurring on watermelon in Korea. *Plant Pathol. J.* 31: 379-387.
- Kwon, S.-W., Kim, M.-S., Choi, H.-S. and Kim, K.-H. 2005. Biological characteristics and nucleotide sequences of three Korean isolates of *Zucchini yellow mosaic virus*. *J. Gen. Plant Pathol.* 71: 80-85.
- Lee, S. H. and Lee, K. W. 1981. Incidence of watermelon mosaic virus in cucurbits. *Korean J. Plant Prot.* 20: 191-195. (In Korean)
- Mackie, J., Higgins, E., Chambers, G. A., Tesoriero, L., Aldaoud, R., Kelly, G. et al. 2020. Genome analysis of melon necrotic spot virus incursions and seed interceptions in Australia. *Plant Dis.* 104: 1969-1978.
- Park, S. D., Kwon, T. Y., Lim, Y. S., Jung, K. C. and Choi, B. S. 1996. Disease survey in melon, watermelon, and cucumber with different successive cropping periods under vinylhouse conditions. *Korean J. Plant Pathol.* 12: 428-431. (In Korean)
- Syller, J. 2012. Facilitative and antagonistic interactions between plant viruses in mixed infections. *Mol. Plant Pathol.* 13: 204-216.
- Tamura, K., Stecher, G. and Kumar, S. 2021. Mega11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.* 38: 3022-3027.
- Wang, D., Li, G. and Du, S. S. 2017. Occurrence of viruses infecting melon in Xinjiang of China and molecular characterization of watermelon mosaic virus isolates. *Eur. J. Plant Pathol.* 147: 919-931.
- Yoon, J. Y. and Choi, J. K. 1998. Nucleotide sequence of 3'-terminal region of zucchini yellow mosaic virus (cucumber isolate) RNA. *Korean J. Plant Pathol.* 14: 23-27. (In Korean)
- Zhan, B., Cao, M., Wang, K., Wang, X. and Zhou, X. 2019. Detection and characterization of *Cucumis melo* cryptic virus, *Cucumis melo* amalgavirus 1, and melon necrotic spot virus in *Cucumis melo*. *Viruses* 11: 81.
- Zhang, X. S., Holt, J. and Colvin, J. 2001. Synergism between plant viruses: a mathematical analysis of the epidemiological implications. *Plant Pathol.* 50: 732-746.