

국내 귀리의 *Fusarium*속 균의 다양성 및 독소 화학형Identification and Chemotype Profiling of *Fusarium* Species in Korean Oat***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>최정혜¹ · 나주영¹ · 진현숙¹ · 임수빈¹ · 백지선¹ · 이미정¹ · 장자영¹ · 이데레사¹ · 홍성기² · 김점순^{1*}¹국립농업과학원 유해생물팀²국립농업과학원 작물보호과**Jung-Hye Choi¹, Ju-Young Nah¹, Hyun-Suk Jin¹, Su-Bin Lim¹, Ji-Seon Paek¹, Mi-Jeong Lee¹, Ja-Yeong Jang¹, Theresa Lee¹, Sung Kee Hong², and Jeomsoon Kim^{1*}**¹Microbial Safety Team, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea²Crop Protection Division, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

This study aimed to assess the incidence and distribution of toxigenic fungi in Korean oat. Toxigenic fungi were isolated from oat samples collected from 12 oat fields from heading to harvest in 2017 and 2018. A total of 745 fungal colonies were isolated based on morphology and identified using marker genes. About 92% of the fungal isolates were *Fusarium* spp. and others were *Penicillium* (5.9%) and *Aspergillus* (2.1%). *Fusarium* isolates comprised mostly of *F. asiaticum* (83.1%), followed by *F. incarnatum* (5.4%), *F. proliferatum* (3.5%), *F. fujikuroi* (2.8%), *F. tricinctum* species complex (FTSC) 11 (1.5%) and *F. graminearum* (1.0%). About 97% of *F. asiaticum* was nivalenol type, and 3-acetyl deoxynivalenol (3.2%) and 15-acetyl deoxynivalenol (0.4%) types also were found. Pathogenicity test of the selected *Fusarium* isolates revealed that *F. asiaticum* isolates have a wide range of virulence depending on the tested plants. *F. graminearum* and FTSC 11 isolates from blighted spikelets were the most virulent in naked oat. All *Fusarium* isolates ($n=18$) except one (FTSC 11) produced nivalenol (0.2–7.6 $\mu\text{g/g}$), deoxynivalenol (0.03–6.1 $\mu\text{g/g}$), and zearalenone (0.1–27.0 $\mu\text{g/g}$) on rice medium. This study is first report that *F. asiaticum* causes *Fusarium* head blight disease of oat in Korea. These findings demonstrate the dominance of *F. asiaticum* in oat agroecosystems as in rice, wheat and barley in Korea.

Keywords: *Fusarium asiaticum*, *Fusarium* head blight (FHB), Korean oat, Tricothecene, Zearalenone

Received November 17, 2019

Revised December 11, 2019

Accepted December 14, 2019

서론

귀리(*Avena sativa* L.)는 옥수수, 벼, 밀, 보리, 수수와 더불어 세계적으로 재배되는 작물 중의 하나이다. 유럽, 아메리카 등

이 주 재배지이며, 대부분 사료용으로 재배되나, 일부 식용으로 재배되고 있다. 2018년 현재 세계 귀리 총생산량은 지난 20년 동안 30% 감소하였고, 지속적으로 감소하고 있는 추세이다 (Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2017). 그러나 한국의 경우 2014년 이후 귀리 종자 및 생산품의 수입량이 10배 이상 급격히 증가하고 있으며(Korea Agro-Fisheries and Food Trade Corporation, 2018), 국내 재배지

Research in Plant Disease

pISSN 1598-2262, eISSN 2233-9191

www.online-rpd.org

면적 및 생산량이 전년 대비 2배 가량 증가하여 2019년 현재 3,600톤 정도로 추정되고 있다. 이는 귀리가 '슈퍼푸드'로 알려지면서 국내에서 소비가 늘고 있기 때문이다. 귀리는 필수아미노산, 칼슘의 함량이 높고, 섬유질(β -glucan), 폴리페놀, 비타민, 불포화지방산 등 다양한 기능성물질을 함유하고 있다(Charalampopoulos 등, 2002; Juvonen 등, 2009; Maki 등, 2003).

오늘날의 농업 생태계에서 독성곰팡이는 경제적 손실 및 인체에 유해성으로 인해 지속적인 연구와 관심의 대상이다. *Fusarium*, *Penicillium* 그리고 *Aspergillus*는 대표적인 독성곰팡이 속이다. 특히, *Fusarium*의 일부 종들은 밀, 보리, 벼, 귀리 등의 곡물에 붉은곰팡이병을 일으키는 것이 전 세계적으로 보고되고 있다(Nganje 등, 2004). 붉은곰팡이병을 일으키는 원인균은 17종 이상이 보고되고 있으며, 그 중 *F. sambucinum* 복합체(*F. sambucinum* species complex, FSAMSC)와 *F. tricinctum* 복합체(*F. tricinctum* species complex, FTSC)에 속하는 종들이 가장 주요한 병원균들이다(Parry 등, 1995; Yli-Mattila, 2010). 최근 귀리에서 붉은곰팡이병 발병이 증가하고 있으며, *F. acuminatum*, *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. poae*와 *F. langsethiae*가 캐나다(Xue 등, 2019), 북유럽(Schöneberg 등, 2019) 등지에서 원인균으로 보고된 바 있다. 대부분의 붉은곰팡이병 연구는 밀, 보리에서 *F. graminearum*의 생화학적 특성 분석에 집중되어 있다.

국내의 경우 귀리는 벼의 윤작 작물로서 밀, 보리가 재배되는 지역에서 동일한 시기에 재배되어, 벼, 밀, 보리에서 발생하는 붉은곰팡이병의 발생이 우려된다. 따라서 본 연구에서는 2017년과 2018년 귀리 재배지에서 귀리를 수집하여 *Fusarium* 균주를 분리 동정하였고, 독소생성 및 병원성검정 등을 통해 우점종인 *F. asiaticum*의 국내 귀리에서의 생화학적 특성을 평가하였다.

재료 및 방법

시료채집 및 붉은곰팡이 분리. 2017년과 2018년 4월부터 6월까지 강진과 정읍의 귀리 재배지 12개 포장에서 생육단계에 따라 출수기, 개화기, 유숙기, 황숙기, 수확기에 귀리 종실을 수집하였다. 총 101개의 시료는 1% NaOCl 용액으로 2분간 표면 소독, 2회 멸균수 세척, 멸균 여과지로 수분을 제거하였다. 100립을 무작위로 취하여 potato dextrose agar (PDA; streptomycin 600 μ g/ml)에 치상하여 25°C 항온기에서 5일 동안 배양 후 곰팡이 감염 현황을 조사하였다. 단일 colony를 형성한 *Fusarium* 속 균주를 귀리 종실로부터 분리하여 포자형성을 위해 carnation leaf agar에 균총을 접종 후 near ultraviolet이 12시간/1일 조사되는 25°C 항온기에서 2주간 배양하였다. 형성된 분생포자는 water agar에 도말 후 실체현미경을 이용하여 단

포자 분리를 실시하였다.

균 동정 및 독소화학적 분석. *Fusarium* 균주 배양체로부터 genomic DNA를 Chi 등(2009)의 방법을 이용하여 추출하였다. 균 동정 및 다양성 분석을 위해 translation elongation factor 1-alpha (*TEF-1a*) (O'Donnell 등, 1998), internal transcribed spacers regions (White 등, 1990), RNA polymerase II (*RPB2*) (Liu 등, 1999) 유전자 염기서열을 분석하였다. *TEF-1a* (634 bp)와 *RPB2* (860 bp) 유전자 염기서열은 DNASTAR (Lasergene 15, Madison, WI, USA)를 이용하여 교정 후 MOTHUR (v.1.35.1) 프로그램을(Schloss 등, 2009) 이용하여 동일한 염기서열(99% 유사도)을 가지는 것을 대표균주로 MEGA-X 프로그램을(Kumar 등, 2018) 사용하여 maximum likelihood법으로 계통수를 작성하였다. Trichothecene은 *TRI12*와 *TRI13* 유전자(Ward 등, 2008)를 이용하여 *Fusarium* 균주의 독소화학적 분석을 실시하였다. 계통수 작성에 이용된 대표균주 염기서열은 GenBank (accession number MN810528–MN810557)에 등록하였다.

병원성 검정. 붉은곰팡이병 증상을 나타낸 귀리에서 분리된 균주들 중 12개의 *Fusarium* 균주를 선발하여 쌀귀리(조양), 걸귀리(삼한), 밀(금강), 보리(다향)에 대하여 병원성 검정을 실시하였다. 이전 연구를 통해, 밀, 보리, 벼, 옥수수에서 분리된 *Fusarium* 6개 균주를 선발하여 대조구로 교차실험을 실시하였다. 선발된 균주는 carboxymethyl cellulose 액체배지에서 5일간 현탁배양하여 포자를 형성시킨 후 원심분리를 이용하여 포자를 포집하였다. 포자현탁액은 농도 1×10^5 spores/ml로 적정 후 개화기 식물체에 분무하였다. 접종 후 식물체는 비닐을 덮어 3일간 수분을 유지하였으며, 20일 동안 온실에서 유지시킨 후 이병률을 평가를 통해 병원성을 조사하였다. 병원성 검정에 이용한 *F. asiaticum* (P4, P8, P14), FTSC 11 (O121), *F. graminearum* (O517), *F. vorosii* (S33) 등 6개 대표균주는 농업유전자원정보센터(Korean Agricultural Culture Collection: 기탁번호 KACC 48824–48829)에 기탁하였다.

독소분석. 병원성 실험에서 선발된 18개 균주는 쌀배지에서 생성되는 독소를 분석하였다. PDA에 5일간 배양한 균주는 cork borer (직경 5 mm)로 잘라 멸균된 쌀배지(장립종 쌀 30 g, 물 18 ml)에 접종하여 25°C에서 3주간 배양하였다. Nivalenol (NIV), deoxynivalenol (DON), zearalenone (ZEA)은 면역친화성 컬럼(immune-affinity column)법을 이용하여 전처리하였으며, liquid chromatography–mass spectrometry를 이용하여 독소를 정량분석하였다(Jang 등, 2018). DON, NIV, ZEA의 정량 한계는 각각 0.05, 0.01, 0.05 μ g/기이다.

결과 및 고찰

곰팡이 종 다양성. 강진과 정읍에서 귀리 성장단계에 따라 종실을 수집하여 곰팡이 감염률을 조사한 결과 *Alternaria*, *Epicoccum*, *Cladosporium*, *Fusarium*속 순으로 우점하였다. *Alternaria*, *Epicoccum*, *Cladosporium*속 균은 채집된 모든 시료에서 검출되었으며, 각 속의 발생빈도는 시료의 74.2±22.7% (mean±standard deviation), 46.9±29.1%, 33.5±34.0%로 나타났다. 주요 독성곰팡이인 *Fusarium*, *Aspergillus*, *Penicillium*속의 경우, 각각 80%, 15.6%, 31.2%의 귀리시료가 감염된 것으로 나타났다. 각 귀리 시료에서 종실 100립 중 3개 속들에 의한 감염율은 *Fusarium*속이 19.3±25.0%, *Aspergillus*속이 1.8±1.0%, *Penicillium*속은 2.0±1.7%로 나타났다. 그 외에 *Arthrinium*, *Mucor*, *Nigrosora*, *Phomopsis*, *Rhizopus*, *Schizophyllum* 등 다양한 속의 균들도 검출되었다. 또한 총 745개의 곰팡이 균주를 분리, 동정하였다. 분리된 곰팡이의 약 92%가 *Fusarium*속 균주였고, *Penicillium*속(5.9%)과 *Aspergillus*속(2.1%) 순으로 분리되었다(Supplementary Table 1).

***Fusarium* 균주의 다양성 및 독소화학형.** 귀리 시료로부터 분리한 총 685개의 *Fusarium* 속 균주들의 *TEF-1a* 유전자

Table 1. Species diversity and composition of *Fusarium* isolated from Korean oat

<i>Fusarium</i>	No. of isolates (%)
<i>F. asiaticum</i>	569 (83.1)
<i>F. incarnatum</i>	37 (5.4)
<i>F. proliferatum</i>	24 (3.5)
<i>F. fujikuroi</i>	19 (2.8)
<i>F. avenaceum</i>	10 (1.5)
<i>F. graminearum</i>	7 (1.0)
<i>F. miscanthi</i>	6 (0.9)
<i>F. equiseti</i>	7 (1.0)
<i>F. concentricum</i>	2 (0.3)
<i>F. poae</i>	2 (0.3)
<i>F. kyushuense</i>	1 (0.1)
FTSC 11	1 (0.1)
Total	685 (100)

FTSC, *Fusarium tricinatum* species complex.

와 *RPB2* 유전자 염기서열을 병합하여 계통수를 작성한 결과 대부분의 균주들이 FSAMSC, *F. incarnatum-equiseti* 종 복합체(*F. incarnatum-equiseti* species complex, FIESC) 그리고 *F. fujikuroi* 종 복합체 내에서 유전적 그룹을 형성하였다(Fig. 1). 분리된 *Fusarium* 속 균주는 *F. asiaticum*이 83.1% (569 균주)로 가장 우점하였으며, *F. incarnatum*, *F. proliferatum*, *F. fujikuroi*, FTSC 11, *F. graminearum* 순으로 분리되었다(Table 1). FIESC 내에서는 3개 균주만이 *F. equiseti* clade 내에서 그룹을 형성하였고, 나머지 42개의 균주들은 *F. incarnatum* clade 내에서 3개의 subclades를 형성하였다. FTSC의 경우, 11개 균주 모두 FTSC 11로 동정되었다. 그 밖에 *F. miscanthi*, *F. equiseti*, *F. concentricum*, *F. poae*, *F. kyushuense* 등이 분리되었다. 이러한 결과는 이전의 귀리 연구결과들과는 큰 차이가 있는 것으로, 오히려 국내에서의 벼, 밀, 보리에서의 균 다양성 연구들과 유사한 결과를 보여 주었다. 귀리의 주요 산지인 북유럽의 경우 *F. poae*와 *F. langsethiae*가 가장 많이 분리되며 *F. avenaceum*, *F. tricinatum*, *F. culmorum*, *F. graminearum* 등이 보고되었으며, 캐나다 등지에서는 *F. graminearum*, *F. poae*, *F. sporotrichioides* 등의 *Fusarium* 종들이 주로 분리되었다. 이와 달리, 중국, 일본, 한국을 비롯한 아시아 지역의 벼, 밀, 보리에서는 *F. asiaticum*이 우점종으로 분리되었다(van der Lee 등, 2015).

귀리에서 분리된 *Fusarium*속 균주의 독소화학형을 분석한 결과 국내의 귀리는 NIV 화학형의 *F. asiaticum*이 96.4%의 높은 비율로 우점하였다(Table 2). 3-Acetyl deoxynivalenol (3ADON)과 15-acetyl deoxynivalenol (15ADON) 화학형의 *F. asiaticum*은 각각 3.3%와 0.4% 비율로 분포하였다. 그 밖에, *F. graminearum*의 경우 15ADON ($n=4$), 3ADON ($n=2$), NIV ($n=1$) 순서의 독소화학형 분포를 보였고, *F. incarnatum*은 NIV ($n=18$), 15ADON ($n=7$), 3ADON ($n=2$) 순으로 나타났다. *F. graminearum* 종 복합체 내에서 NIV 화학형의 *F. asiaticum*은 Asian clade의 대표적인 특징으로 보고되고 있으며(Shin 등, 2018), 이는 본 연구의 결과와 일치하였다.

병원성 검정. 붉은곰팡이병을 나타낸 귀리에서 분리한 12개 *Fusarium* 균주와 다른 식물체에서 분리된 6개의 대조 균주를 선발하여 병원성 검정을 실시하였다. 병원성 검정에 사용된 균주는 *F. asiaticum*, *F. graminearum*, *F. vorosii*, FTSC 11 등 4개 *Fusarium* 종이다. 접종 20일 후 종실의 갈변이 확인되었으며, 심한 경우 균체가 응집되거나 종실이 고사하였다(Fig. 2). 병원성 검정 결과, 귀리에서 분리된 *F. asiaticum*가 실험에 사용된 모든 식물체에서 다양한 범위의 병원성을 나타내었다(Table 3). 귀리에서 분리된 *F. asiaticum* 10개 균주는 쌀귀리에서 강한 병원

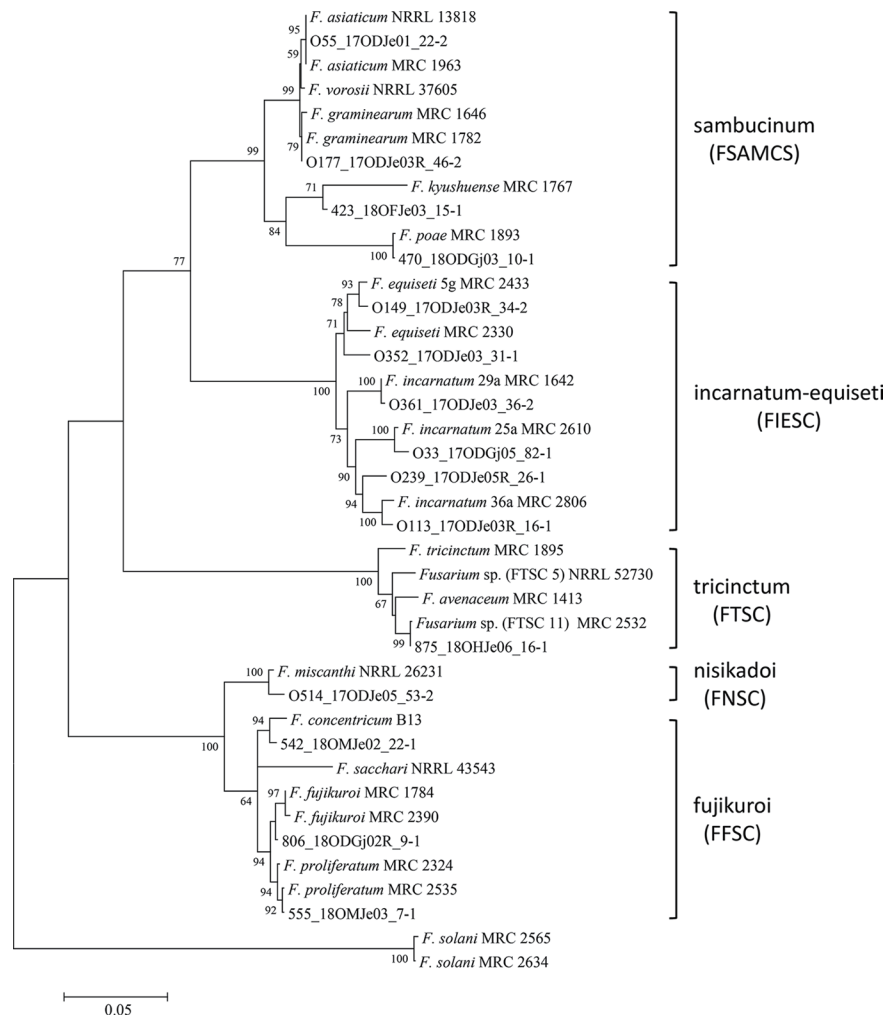


Fig. 1. A maximum likelihood tree of *Fusarium* species derived from combined sequences of *EF-1a* and *RPB2* genes. FSAMSC, *Fusarium sambucinum* species complex; FIESC, *F. incarnatum-equiseti* species complex; FTSC, *F. trinctum* species complex; FNCS, *F. nisikadoi* species complex; FFSC, *F. fujikuroi* species complex.

Table 2. Trichothecene chemotypes of *Fusarium* species isolated from Korean oat

<i>Fusarium</i> complex	Species	Trichothecene			
		15ADON	3ADON	NIV	ND
FSAMSC	<i>F. asiaticum</i>	1	10	497	59
	<i>F. graminearum</i>	4	2	1	-
	<i>F. kyushuense</i>	-	-	-	1
	<i>F. poae</i>	-	-	2	-
	Subtotal	5	12	500	60
FIESC	<i>F. equiseti</i>	2	2	-	2
	<i>F. incarnatum</i>	7	2	18	10
	<i>F. lacertarum</i>	-	-	1	-
	Subtotal	9	4	19	12

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

성을 나타내었고, 밀, 걸귀리, 보리 순이었다. 귀리에서 분리된 *F. graminearum* O517 균주와 FTSC 11 O121균주는 쌀귀리에 70% 이상의 이병종자율을 나타내었고, 걸귀리의 경우에도 O121 균주가 36.2%의 이병종자율을 나타내었다. 밀과 벼에서 분리된 *F. asiaticum* 2개 균주 Wh와 Rh는 보리에 대해 39.1%와 38.5%의 이병종자율을 나타냈다. 보리에서 분리된 *F. asiaticum* 인 Bh는 쌀귀리에서 병원성이 강했고, 다른 3개 식물체에 대해서는 비슷한 수준의 병원성을 확인하였다. 독소화학형에 따른 병원성의 차이를 비교한 결과, DON 화학형의 균주들이 NIV 화학형의 균주들과 비교해 모든 실험 식물체에서 강한 병원성을 나타내었다. 15ADON 화학형의 *F. graminearum* O517이 쌀귀리에 대해 81.9%, 밀에 대해 45.0%의 이병종자율을 보였다. 3ADON 화학형의 *F. asiaticum* P8 균주와 NIV chemotype의 *F. asiaticum* P4 또한 모든 실험 식물체에 대해 30% 이상의 이병종자율을 나타내었다. *F. graminearum*은 전 세계적으로 밀, 보리, 벼, 귀리 등의 곡류와 옥수수 등에 붉은곰팡이병을 일으키는 대표적인 병원성 원인균으로 알려져 있으며, 최근에는 *F. av-*

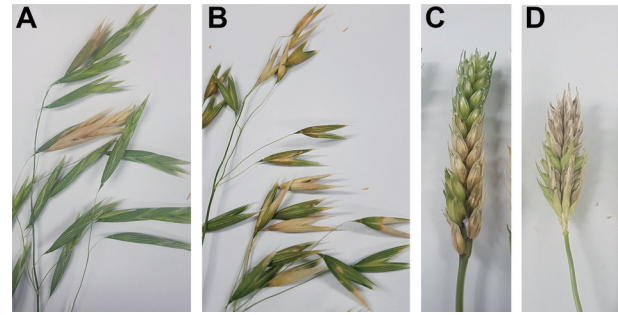


Fig. 2. *Fusarium* head blight symptom in naked oat (A), hulled oat (B), wheat (C), and barley (D).

*enaceum*과 FTSC 11이 밀, 보리, 귀리 등에서 발생빈도가 높고 *F. graminearum*과 비교될 정도의 높은 붉은곰팡이병 발병률이 보고된 바 있다(Fernandez와 Chen, 2005).

독소분석. 병원성 검정에 사용한 선발균주 18종에 대한 쌀배지에서의 DON, NIV, ZEA 독소생성능을 정량분석한 결과

Table 3. Pathogenicity of *Fusarium* species isolated from Korean oat

Host	Isolate ID	Species	Chemotype	FHB severity (%)			
				Naked oat	Hulled oat	Wheat	Barley
Oat	P2	<i>F. asiaticum</i>	NIV	35.6	25.6	28.6	3.9
	P3		NIV	12.9	4.1	23.7	27.2
	P4		NIV	30.5	31.5	41.8	33.7
	P6		NIV	12.5	6.1	22.9	0.0
	P7		NIV	17.9	2.7	9.9	6.9
	P8		3ADON	59.6	34.8	34.6	36.8
	P9		NIV	48.3	18.2	15.7	35.1
	P10		NIV	32.5	33.0	18.6	1.2
	P11		NIV	38.3	23.6	34.4	0.5
	P14		NIV	16.2	2.6	40.5	0.0
	Mean			38.1	20.7	27.8	16.5
	O121	<i>FTSC 11</i>	3ADON	70.3	36.2	17.5	28.4
	O517	<i>F. graminearum</i>	15ADON	81.9	29.6	45.0	24.1
	Barley	Bh	<i>F. asiaticum</i>	NIV	15.9	11.9	27.2
Maize	Ch		NIV	55.5	22.1	1.4	3.6
Rice	Rh		NIV	16.7	6.7	14.9	39.1
Wheat	Wh		3ADON	31.4	9.1	15.9	38.5
	PH-1	<i>F. graminearum</i>	15ADON	5.5	0.0	7.7	17.6
Sorghum	S33	<i>F. vorosii</i>	NIV	44.9	27.6	34.7	30.5

FHB, *Fusarium* head blight; NIV, nivalenol; 3ADON, 3-acetyl deoxynivalenol; 15ADON, 15-acetyl deoxynivalenol.

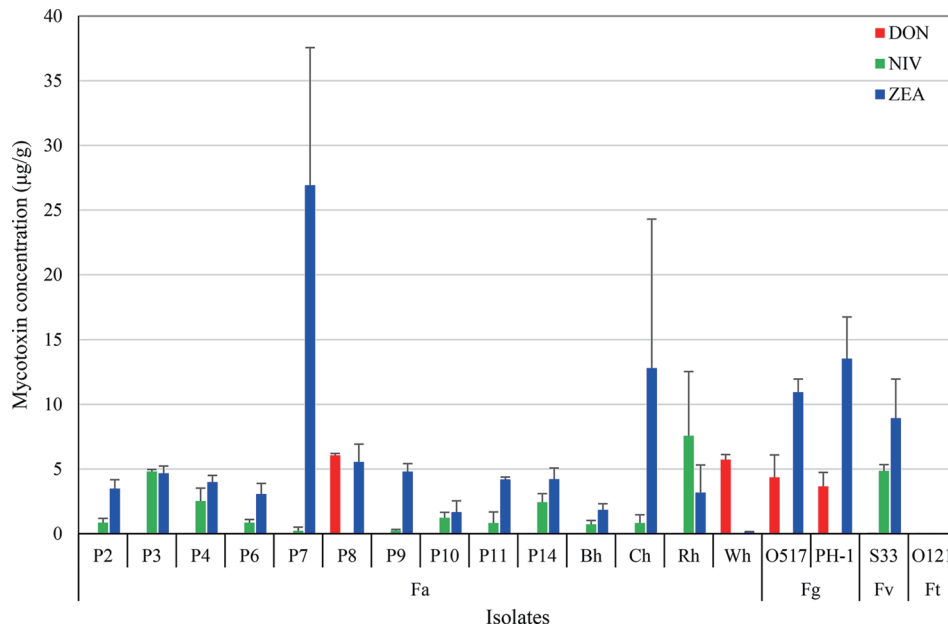


Fig. 3. Level of mycotoxin production of *Fusarium* species isolated from Korean oat. DON, deoxynivalenol; NIV, nivalenol; ZEA, zearalenone.

FTSC 11을 제외한 모든 균주가 독소를 생성하였다(Fig. 3). NIV 화학형의 13개 균주는 0.8–7.6 µg/g의 범위에서 NIV를 생성하였고, DON 화학형 4개 균주는 0.3–6.1 µg/g의 범위에서 DON을 생성하였다. 그리고 DON 또는 NIV를 생성하는 17개 균주 모두가 0.14–26.9 µg/g의 범위에서 ZEA를 생성하였다. DON과 ZEA는 식품과 사료에서의 최대 허용치가 EU 기준 1,250 µg/kg과 100 µg/kg으로 규정되어 있으며(Commission of the European Communities, 2006), 국내의 경우 식약처 고시 곰팡이독소 기준이 European Union과 비슷한 수준의 기준치로 설정되어 있다. 국내의 *Fusarium* 곰팡이 독소 기준은 DON, ZEA, FUM 3개의 독소에 대해서만 관리하고 있다. 이는 전 세계적인 *F. graminearum*의 분포 및 발생량에 따른 관심과 중요도가 *F. asiaticum*보다 높은 상황과 무관하지 않다. 그러나 본 연구 결과와 마찬가지로 국내 밀, 보리, 벼는 NIV 화학형의 *F. asiaticum*이 높은 빈도로 오염되어 있다. *F. asiaticum*이 생산하는 NIV의 독성은 DON과 비교해 10배 이상이며, 인축에 더 유해한 것으로 보고되고 있다(Ferriogo 등, 2016). 이와 같은 국내 생산 작물의 오염현황은 NIV 화학형 *F. asiaticum* 균의 지속적인 모니터링과 다양한 기주작물에까지 관리기준을 확대해야 할 필요성을 보여준다.

요 약

본 연구에서는 귀리에서 독성곰팡이 발생현황을 평가하기 위해 2017년 2018년 4월부터 6월까지 귀리 재배지 강진, 정읍을 정기적으로 모니터링 하였다. 총 745개의 곰팡이 균주를 형태학적

방법으로 분리한 후 마커 유전자 염기서열을 분석하여 동정하였다. 분리된 곰팡이의 약 92%가 *Fusarium*속 균주였고, *Penicillium*속(5.9%)과 *Aspergillus*속(2.1%) 순으로 분리되었다. *Fusarium*속 균주의 대부분이 *F. asiaticum* (83.1%)이었고, *F. incarnatum* (5.4%), *F. proliferatum* (3.5%), *F. fujikuroi* (2.8%), *F. tricinctum* species complex (FTSC) 11 (1.5%), *F. graminearum* (1.0%) 순으로 많이 분리되었다. *F. asiaticum*의 약 97%가 nivalenol 독소화학형이 있었고, 3-acetyl deoxynivalenol (3.2%) 독소화학형과 15-acetyl deoxynivalenol (0.4%) 독소화학형도 발견되었다. 선발된 *Fusarium* 균들의 병원성 실험결과 *F. asiaticum*이 실험에 사용된 모든 식물체에서 다양한 범위의 병원성을 나타내었다. 병증이 있는 종실에서 분리된 *F. graminearum* and FTSC 11 균주들은 쌀귀리에서 강한 병원성을 나타내었다. 또한 FTSC 11 균주를 제외한 모든 균주들이 쌀배지에서 nivalenol (0.2–7.6 µg/g), deoxynivalenol (0.03–6.1 µg/g), zearalenone (0.1–27.0 µg/g)을 생성하였다. 본 연구는 국내에서는 처음 보고되는 *F. asiaticum*에 의한 귀리의 붉은 곰팡이병 사례이다. 본 연구의 결과는 밀, 보리, 벼와 마찬가지로 *F. asiaticum*이 국내 귀리에서 우점종임을 보여준다.

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.

Electronic Supplementary Material

Supplementary materials are available at Research in Plant Disease website (<http://www.online-rpd.org/>).

References

- Charalampopoulos, D., Wang, R., Pandiella, S. S. and Webb, C. 2002. Application of cereals and cereal components in functional foods: a review. *Int. J. Food Microbiol.* 79: 131-141.
- 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.
- Commission of the European Communities. 2006. Commission Regulation (EC) No 1881/2006 of 19 December 2006 Setting Maximum Levels for Certain Contaminants in Foodstuffs. Commission of the European Communities, Brussels, Belgium. 364 pp.
- Fernandez, M. R. and Chen, Y. 2005. Pathogenicity of *Fusarium* species on different plant parts of spring wheat under controlled conditions. *Plant Dis.* 89: 164-169.
- Ferrigo, D., Raiola, A. and Causin, R. 2016. *Fusarium* toxins in cereals: occurrence, legislation, factors promoting the appearance and their management. *Molecules* 21: E627.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2017. FAOSTAT Database, Food and agriculture data. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.
- 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)
- Juvonen, K. R., Purhonen, A.-K., Salmenkallio-Marttila, M., Lähteenmäki, L., Laaksonen, D. E., Herzig, K.-H. et al. 2009. Viscosity of oat bran-enriched beverages influences gastrointestinal hormonal responses in healthy humans. *J. Nutr.* 139: 461-466.
- Korea Agro-Fisheries and Food Trade Corporation. 2018. Korea Agro-Fisheries & Food Trade Information. Korea Agro-Fisheries & Food Trade Corporation, Naju.
- 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.
- 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.
- Maki, K. C., Shinnick, F., Seeley, M. A., Veith, P. E., Quinn, L. C., Hallissey, P. J. et al. 2003. Food products containing free tall oil-based phytosterols and oat β -glucan lower serum total and LDL cholesterol in hypercholesterolemic adults. *J. Nutr.* 133: 808-813.
- Nganje, W. E., Bangsund, D. A., Leistriz, F. L., Wilson, W. W. and Tiapo, N. M. 2004. Regional economic impacts of *Fusarium* head blight in wheat and barley. *Rev. Agric. Econ.* 26: 332-347.
- 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.
- Parry, D., Jenkinson, P. and McLeod, L. 1995. *Fusarium* ear blight (scab) in small grain cereals: a review. *Plant Pathol.* 44: 207-238.
- Schloss, P. D., Westcott, S. L., Ryabin, T., Hall, J. R., Hartmann, M., Hollister, E. B. et al. 2009. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Appl. Environ. Microbiol.* 75: 7537-7541.
- Schöneberg, T., Kibler, K., Wettstein, F. E., Bucheli, T. D., Forrer, H. R., Musa, T. et al. 2019. Influence of temperature, humidity duration and growth stage on the infection and mycotoxin production by *Fusarium langsethiae* and *Fusarium poae* in oats. *Plant Pathol.* 68: 173-184.
- Shin, S., Son, J.-H., Park, J.-C., Kim, K.-H., Yoon, Y.-M., Cheong, Y.-K. et al. 2018. Comparative pathogenicity of *Fusarium graminearum* isolates from wheat kernels in Korea. *Plant Pathol. J.* 34: 347-355.
- van der Lee, T., Zhang, H., van 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., Clear, R. M., Rooney, A. P., O'Donnell, K., Gaba, D., Patrick, S. et al. 2008. An adaptive evolutionary shift in *Fusarium* head blight pathogen populations is driving the rapid spread of more toxigenic *Fusarium graminearum* in North America. *Fungal Genet. Biol.* 45: 473-484.
- White, T., Bruns, T., Lee, S. and Taylor, J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. 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, NY, USA.
- Xue, A. G., Chen, Y., Seifert, K., Guo, W., Blackwell, B. A., Harris, L. J. et al. 2019. Prevalence of *Fusarium* species causing head blight of spring wheat, barley and oat in Ontario during 2001-2017. *Can. J. Plant Pathol.* 41: 392-402.
- Yli-Mattila, T. 2010. Ecology and evolution of toxigenic *Fusarium* species in cereals in northern Europe and Asia. *J. Plant Pathol.* 92: 7-18.