

국내 주요 버섯류의 병해 발생과 재배사의 미생물 밀도 조사

안유나 · 장보라 · 김면수 · 원항연¹ · 전창성² · 천세철*

건국대학교 분자생명공학과, 농촌진흥청 유전자원센터¹, 농촌진흥청 국립원예특작과학원 인삼특작부 버섯과²

Occurrences of Major Mushroom Diseases and Microbial Densities of Mushroom Cultivation Facilities

Yu Na An, Bo Ra Jang, Myun Soo Kim, Hang Yeon Weon¹, Chang Sung Jhune² and Se Chul Chun*

Department of Molecular Biotechnology, Konkuk University, Seoul

¹The Center for National Genetic Resources, RDA, Suwon 441-853

²Department of Mushroom, Division Ginseng and Specialty Crop, National Institute of Horticulture and Specialty Crop Sciences, RDA, Suwon 441-707

(Received October 16, 2009. Accepted December 8, 2009)

ABSTRACT: The occurrences of the major diseases and the densities of air-born microbes were surveyed in the cultivation facilities for oyster mushroom (*Pleurotus ostreatus*), king oyster mushroom (*Pleurotus eryngii*), and enoki mushroom (*Flammulina velutipes*) in different areas of Korea. Green mold disease was most often developed in oyster mushroom bed cultivation with the disease incidence rate of approximate 10% while the disease incidences from bottle and plastic envelop cultivation were less than 1-2%. In the bed cultivation, the major air-born microbes in the growth room were *Aspergillus*, *Penicillium*, *Trichoderma*, and *Curvularia* with the total fungal population density of 567~1,297 CFU/m³. However, only *Trichoderma* and *Penicillium* were detected in the growth rooms and inoculation rooms of bottle and plastic envelop cultivation with the densities of 350~700 CFU/m³ and 160~260 CFU/m³, respectively. The bacterial diseases become evident in the growth rooms of bottle and plastic envelop cultivation with the approximate incidence rate of 10%. The identified bacterial species were *Brevibacillus levelkil*, *Rhizobium radiobacter*, *Brevundimonas vesicularis*, *Pseudomonas mosselii*, *Microbacterium testaceum*, *Sphingomonas panmi*, *Sphingomonas yabuuchiae*, *Paracoccus denitrificans*, *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* and some unidentified bacteria with the densities of 40~6,359 CFU/m³ in the growth rooms and 9 CFU/m³ in the inoculation room. This study indicated that the green mold disease by fungal strains was the major mushroom disease in the bed cultivation and suggested that the contamination of bacteria and fungi together in the growth media could result in severe production loss. The plastic envelope and bottle cultivation were evidenced to be less susceptible to such contaminations.

KEYWORDS: Bed cultivation, Green mold disease, Oyster mushroom, *Trichoderma* species

최근 느타리 버섯의 생산량은 증가추세에 있지만 단위면적 당 수확량은 감소 추세에 있다. *Trichoderma* spp.에 의한 푸른곰팡이병은 특히 느타리버섯의 균상 재배시 많은 피해를 주고 있는 것으로 버섯 재배 과정의 모든 단계에 감염이 되지만 특히 균상에 발생하여 느타리 버섯의 발이에 지장을 주어 버섯 생산을 크게 감소시킨다. 감염 초기에는 백색이나 불완전세대의 분생 포자가 형성되면서 푸른색을 나타내어 푸른곰팡이병으로 불리고 있다 (Felegg, et al., 1985; 차 등 1989). 이 병을 일으키는 *Trichoderma* 속을 Rifi(1969)는 *T. longibrachiatum*, *T. hazianum*, *T. hamatum*, *T. viridae*, *T. polysporum*, *T. koningii*, *T. pseudokoningii*, *T. aueroviridae*, *T. piluliferum* 등 9 종으로 분류하였다. 전 (2002)은 국내 느타리 버섯 재배시에 발생하는 *Trichoderma*로서 *T. virens* (*Gliocladium virens*), *T. viridae*, *T. hazianum*, *T. koningii* 등을 분리하고 형태적

특성을 보고하였다. *Trichoderma*에 의한 병징은 종균 접종후 3-5일 후 육안에 의하여 병 발생이 확인 가능하며, 배지 상태가 불량하거나 균상 관리가 잘 못 되었을 때 발생이 심하다고 하였다 (전, 2002). *Trichoderma* 속 균들은 느타리 버섯 뿐만 아니라 새송이, 양송이, 표고 등에도 병을 일으키는 것으로 보고되었으며 (Lelley, 1987; Kligman, 1950), 푸른곰팡이병에 대한 느타리 버섯의 병저항성은 현재 까지 보고되지 않았다 (전, 2000). 푸른곰팡이 균은 공기, 토양, 물, 유기물 등에 다양하게 분포하고 있는 것으로 일반적인 전파방법은 퇴비에 의한 것으로 보고된 것이 최초였으며 (Staunton, 1987; Seaby, 1987), 양송이에서의 주된 전파경로는 공기 중의 먼지이며, 그 외에 차량, 기계, 작업복, 트레일러이며, 또한 전달 매개자로는 버섯파리, 응애, 쥐 (Seaby, 1996b), 그리고 고추 응애 (Terra, 1995) 등으로 보고되었다.

본 연구자들이 아는 한에 있어서는 버섯재배사의 미생물의 밀도에 대한 연구 자료를 보고한 것은 없다. 따라서 동일 재배사

*Corresponding author <E-mail : scchun@konkuk.ac.kr>

건물에서 수년에서 길게는 20여 년간 재배하는 버섯재배사의 특성상 재배 중에 축적된 잠재적 병원성 미생물의 밀도가 어느 정도가 되는지 그리고 그것이 버섯 재배에 얼마나 영향을 줄 수 있는지에 대한 기초적 연구는 매우 절실하다고 판단되었다.

본 연구의 목적은 국내 주요 버섯에 대한 병해 발생 현황 및 재배사 내의 공기 중의 미생물의 종류와 밀도 등을 조사하여 버섯 병충해 발생의 예방과 방제에 대한 기초 자료를 얻기 위하여 수행되었다.

재료 및 방법

버섯병해발생 조사

경기 가평 북면의 균상 재배사, 경기 양평의 병재배사, 충북 음성의 팽이 버섯 재배사, 충남 아산 지역의 큰느타리 재배사의 생육실에서의 푸른곰팡이병, 세균성 갈반병 등에 대한 병해 발생율을 육안 조사하였다. 병충해 발생율은 균상의 경우에는 동별 재배 면적당 발생 면적을 측정하였으며, 병재배의 경우 동별 발생 입병수를 계산하여 결정하였다. 전체 균상 재배사의 크기는 한 동의 크기가 60평이 정도였으며, 병재배사는 하루 입병량이 7,000~10,000병 정도의 버섯재배사의 크기였다. 팽이버섯 재배사는 하루 입병량이 약 100,000병 정도에 해당하는 완전 자동화 설비를 갖춘 곳이었다.

버섯 생산 각 단계의 미생물 밀도 조사

탈병실(냉각실), 접종실, 배양실, 생육실에서 Air sampler (MAS-100 Eco, Merck Inc., Darmstadt, Germany)를 이용하여 100L의 공기를 plate에 포집하여 영양배지(nutrient agar)와 potato dextrose agar를 사용하여 샘플링한 플레이트를 28°C에 세균은 2일간, 곰팡이는 3일간 배양하여 계수하고, 곰팡이에 대해서는 현미경하에서 속 수준에서 동정하였으며, 세균에 대해서는 샘플 플레이트에서 콜로니의 모양과 형태, 색깔 등에 따라 4~5개씩 순수 분리하여 16S rDNA의 염기서열을 분석하여 분류 동정하였다.

세균의 16S rDNA PCR 증폭

단콜로니를 분리하여 R2A (Difco, USA) 액체배지 300 µl가 들어진 96 well 플레이트에 접종하고 28°C, 10,000 rpm으로 진탕 배양하였다. 게놈 DNA를 추출하기 위하여 콜로니의 현탁액을 5회에 액체질소로 용해시키고 65°C에 녹인 후 최종적으로 원심 분리하였다. 원심분리 조건은 상등액의 분획 (1~3 µl)을 16S rRNA 유전자 증폭을 위한 주형 DNA로 사용하였다. Forward 프라이머는 universal primers fD1 (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3')을 reverse 프라이머는 rP2 (5'-ACGGCTACCTTGTACGACTT-3')을 사용하였다 (Weisburg *et al.*, 1991). 16S rDNA 증폭을 위한 반응물은 100 pmol 프라이머 fD1 및 rP2, 2.5 mM dNTP, x10 Taq polymerase buffer로 구성되었다. PCR 반응혼합물의 최종 volume은 20 µl의 3차 증류수, 0.25 unit of Taq polymerase

(Solgent Co., Ltd., Korea)을 첨가함으로써 조정되었다. 중합연쇄반응기로서는 Tgradient Thermoblock (Biometra® GmbH)이 사용되었다. PCR반응은 95°C에 4분, 그리고 95°C에 1분간, 58°C에 1분, 72°C에 1분간으로 구성된 34회의 반응, 그리고 최종적으로 72°C에 8분간으로 구성되었다. PCR 생성물은 1% 아가로스에 전기영동하고 EtBr로 염색하여 PCR 산물을 검출하였다.

16S rDNA의 염기서열 분석

PCR 산물은 제조사의 사용 지침에 따라 Montage PCR 96 Cleanup kit (Montage, U.S.A.)을 사용하여 순수분리한 후 783R primer (5'-GTGGACTACCAGGTATCTA-3')를 사용하여 Applied Biosystems 3100 sequencer (Applied Biosystems)로 직접 염기서열을 분석하였다 (Hiraishi, 1992). DNA염기분석은 RDP (rdp. cme. msu. edu)와 DNASTAR software program (Altschul *et al.*, 1997)을 사용하여 수행하였다. 염기서열은 CLUSTAL W program (Thompson *et al.*, 1994)을 사용하여 선택한 세균속의 대표 균주 그룹의 염기서열과 비교하였다. 데이터 세트에 대한 계통유전학적 도식을 MEGA version 3.1 (Kumar *et al.*, 2004)을 사용하여 Saitou and Nei (1987)의 neighbor-joining 방법으로 추론하여 만들었고 관계도에 대한 신뢰성은 1000개의 리샘플링에 기초한 neighbour-joining data의 bootstrap 분석을 통하여 평가되었다.

결과 및 고찰

느타리의 경우는 주로 균상 재배사에 많은 병이 발생하였는데, 균상 재배사에 따라 차이는 있었지만 주로 푸른곰팡이병이 10% 정도로 발생하였으며, 가평의 한 느타리 버섯 재배사의 한 동의 균사가 균상배지에 충분히 자란 후 발이가 되지 않았다 (Table 1, Fig. 1). 그러나 봉지와 병

Table 1. Pest incidence of oyster mushroom (*Pleurotus ostreatus*) in bed cultivation

Region ^a	Type of pest	Incidence rate ^b
Kapyung A (Cultivation room A)	<i>Trichoderma</i> spp.	n. a. ^c
	Unknown	100%
	Mushroom fly	n. a.
	mite	n. a.
Kapyung A (Cultivation room B)	<i>Trichoderma</i> spp.	10%
	Bacterial blotch	1%
	Mushroom fly	none
	mite	none

^aTwo cultivation room of bed cultivation of Kapyung A. Each room was 198 m².

^bThe pest incidences were represented based on the rate of areas that had pests to the entire cultivation bed. The cultivation of mushroom was completely abandoned due to the unknown reason, possibly bacterial blotch. Bed was contaminated heavily with bacterial mat. The mushroom was not developed at all.

^cn.a.: not applicable.

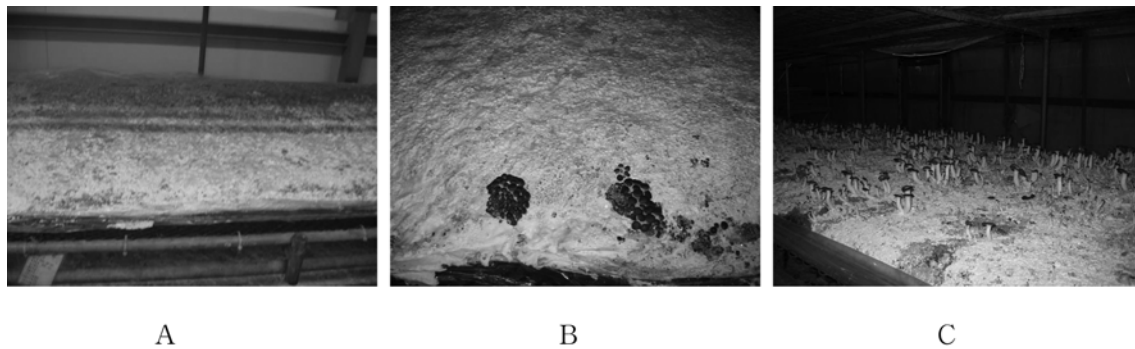


Fig. 1. Bacterial blotch in oyster mushroom bed. A and B, Development of oyster mushrooms was very severely damaged. C, Mushrooms were normally developed from mycelium mat.

재배에서는 배지의 소독, 탈병, 냉각, 접종, 배양 및 생육 단계가 잘 관리되어 푸른곰팡이병의 발생율이 1~2%로 비교적 적게 발생하였고 (Table 2, Table 3), 푸른곰팡이병 발생의 원인은 충분한 멸균이 잘 이루어지지 않았거나, 뚜껑이 잘 닫히지 않은 경우, 냉각실에서 음압의 발생에 의하여 푸른곰팡이균이 오염되는 것으로 생각되었다. 생육실에서는 주로 세균성 갈반병이 빈번히 발생하였지만 병 발생 버섯의 즉각적인 제거 등을 통하여 병의 확산을 방지하여 10% 정도의 피해로 줄이고 있었다. 또한, 버섯파리 등의 해충의 발생 피해는 없는 것으로 조사되었다 (Table 2, Table 3).

새송이 버섯은 재배환경이 온도 17°C (70~80%), 생육실 13°C (60~70%)로 유지하며 재배되고 있었는데 생육실에서는 세균성 갈반병이 주로 10% 정도로 발생하였고, 배

양실에서는 2% 정도로 푸른곰팡이 병이 발생하는 것으로 조사되었다 (Table 3).

팽이버섯 재배와 같은 경우의 대규모 배양소에서는 배지소독, 종균접종, 배양시설관리가 매우 우수하여 흰곰팡이병, 세균성 흑부병 등의 발생이 1~2%로 조사되어 재배, 환경 관리 기술이 우수하여 병 발생으로 인한 피해는 거의 없는 것으로 조사되었다 (Table 4).

버섯 재배사의 공기 중의 미생물 밀도는 재배사 A동과 B동을 비교한 결과, 1 m³ 당 *Aspergillus* spp.는 442 CFU (colony forming unit), *Penicillium* spp. 627, *Curvularia* spp. 40, *Trichoderma* spp. 55, 기타 미동정 곰팡이 85개로 1 m³ 당 총 곰팡이는 1,249 CFU 었다. 재배사 나동에서는 1 m³ 당 *Aspergillus* spp.는 100 CFU (colony forming unit), *Penicillium* spp. 177, *Curvularia* spp. 0, *Trichoderma* spp. 245, 기타 미동정 곰팡이 45개로 1 m³ 당 총 곰팡이는 567 CFU 었다 (Table 5). 특별히 푸른곰팡이병으로 가장 널리 알려진 *Trichoderma* 속

Table 2. Pest incidence of oyster mushroom in bottle cultivation

Region	Type of pest	Incidence rate ^a
Yangpyoung	<i>Trichoderma</i> spp.	1%
	Bacterial blotch	10%
	Mushroom fly	none
	Mite	none
Kapyung	<i>Trichoderma</i> spp.	2%
	Bacterial blotch	1%
	Mushroom fly	none
	Mite	none
Kwangju	<i>Trichoderma</i> spp.	1%
	Bacterial blotch	10%
	Mushroom fly	none
	Mite	none

^aThe pest incidences were based on the number of bottle that had the mushrooms infested with pests.

Table 3. Pest incidence of king oyster mushroom(*Pleurotus eryngii*) in bottle cultivation

Region	Type of pest	Incidence rate ^a
Asan	<i>Trichoderma</i> spp.	2%
	Bacterial blotch	10%
	Mushroom fly	none
	Mite	none

^aThe pest incidence were based on the rate of areas that had pests to the entire cultivation bed.

Table 4. Pest incidence of enoki mushroom (*Flammulina velutipes*) in bottle cultivation

Region	Type of pest	Incidence rate ^a
Eumsung	White fungal disease	1%
	Bacterial dark rot	2%
	Mushroom fly	none
	Mite	none

^aThe pest incidences were based on the number of bottle that had the mushrooms infested with pests.

Table 5. Fungal density of the air of oyster mushroom bed cultivation (Kapyung A)

Fungus	CFU/m ³ of air	
	A room	B room
<i>Aspergillus</i> spp.	442	100
<i>Penicillium</i> spp.	627	177
<i>Curvularia</i> spp.	40	0
<i>Trichoderma</i> spp.	55	245
Unidentified fungi (non-spore forming fungi)	85	45
Total	1,249	567

Table 6. Bacterial density of the air of oyster mushroom bed cultivation (Kapyung A)

Bacteria ^a	CFU/m ³ of air	
	A Room	B room
<i>Brevibacillus levelkil</i> ,		
<i>Rhizobium radiobacter</i> ,		
<i>Brevundimonas vesicularis</i> ,	1,621	1,174
<i>Pseudomonas mosselii</i> ,		
<i>Microbacterium testaceum</i>		
and unidentified ones		

^aIdentification was determined based on the 16S rDNA analyses.

곰팡이는 발이가 거의 안 된 A동에서는 1 m³ 당 245개인 반면, 버섯이 발이된 재배 동에서는 55개로 작았다(Table 5).

전 (2002)은 푸른곰팡이병은 포자형성 후 푸른색을 나타내는 병해의 충칭으로서 *Trichoderma*, *Aspergillus*, *Pecillium* 속 균주들에 의해 발생한다고 보고하였으며, 느타리 균상 재배에서 가장 발생 빈도가 높은 것은 *Trichoderma*이며 *T. virens* (*Gliocladium virens*), *T. longibrachiatum*, *T. hazianum* 등이 주로 발생한다고 하였다. *T. virens*에 의한 병징은 종균 접종 후 10~15일 후 느타리버섯 균사가 생장한 후 연녹색의 포자로 주로 나타난다고 하였다. 그러나 *T. longibrachiatum*, *T. koningii*은 종균 접종 후 3-5일 후 빠르게 그 병징이 나타난다고 하였다 (전, 2002).

또한, 세균의 밀도 및 종류에서 보면, A동에서는 *Brevibacillus levelkil*, *Rhizobium radiobacter*, *Brevundimonas vesicularis* 및 기타 미확인 세균 등의 세균이 1 m³ 당 1,621 CFU 이었고, B동은 *Microbacterium testaceum*, *Pseudomonas mosselii* 및 기타 미확인 세균 등의 세균이 1,174 CFU 로서 두 동에서 세균의 밀도에 있어서 특별한 차이가 없었다(Table 6). 버섯 발이가 전혀 되지 않은 가평 A농가의 A동에서 푸른곰팡이병을 일으키는 주요 병원균인 *Trichoderma*가 B동에 비교하여 더욱 적게 검출되었는데, 이것은 재배사 공기 중의 이러한 균의 오염이 발이가 되지 않은 것에 대한 전적인 이유라고는 하기는 어렵다는 것을 암시하여 주었다. 2007년도 여름은 장마가 예년에 비하여 한달 이상 지속되었기 때문에 습도가 높아서 균사 mat에 세균이 감염한 것일 수도 있거나 장마로 인한 부적절한 온도 조절로 인한 생리적 원인 또는 재배사 공기에서 기인한 균상의 오염과 배지 재료의 불충분한 소독으로 인한 것으로 추론된다.

양평의 느타리 병 재배사의 공기 중의 오염은 *Trichoderma* spp.의 경우는 예냉실과 생육실에서 각각 790, 700 CFU/m³ 으로서 접종실 외부보다 많이 검출되었다 (Table 7). *Penicillium* spp.은 접종실 외부와 생육실에서 각각 260, 350 CFU/m³ 로서 예냉실의 60 CFU/m³ 보다 많이 검출되었다. 기타 미동정 곰팡이는 예냉실, 클린벤치안, 접종실 (클린벤치) 외부, 생육실에서 각각 80, 10, 50, 20 CFU/m³ 로서 *Trichoderma* spp., *Penicillium* spp.에 비교하면 매우 적게 검출이 되었다 (Table 7). 공기 중 세균의 밀도도 생육

Table 7. Fungal density of the air of oyster mushroom bottle cultivation (Yangpyung)

Fungus	CFU ^a /m ³ of air			
	Cooling room	Inside transfer hood	Outside transfer hood	Growth room
<i>Trichoderma</i> spp.	790	0	160	700
<i>Penicillium</i> spp.	60	0	260	350
Unidentified	80	10	50	20
Total	930	10	470	1,070

^aColony forming unit**Table 8.** Bacterial density of the air of oyster mushroom bottle cultivation (Yangpyung)

Bacteria ^a	CFU ^b /m ³ of air			
	Cooling room	Inside transfer hood	Outside transfer hood	Growth room
<i>Sphingomonas panmi</i> ,				
<i>Sphingomonas yabuuchiae</i>				
<i>Paracoccus dinitrificans</i>	280	1 ^c	8	6,350
<i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> and unidentified ones				

^aIdentification was determined based on the 16S rDNA analyses.^bColony forming unit.^c*Paracoccus dinitrificans*.

실에서 가장 높았는데 생육실에서는 6,350 CFU/m³로 검출이 되었으나 예냉실에는 280 CFU/m³로 검출이 되었다. 예상하는 바와 같이 접종실의 클린벤치(transfer hood) 내 외부에서는 각각 1 CFU/m³과 8 CFU/m³로서 세균의 밀도는 매우 낮았다 (Table 8).

새송이 재배에 있어서도 곰팡이는 *Trichoderma* spp.가 생육실 A과 B에서 1 m³당 각각 500, 350개로 검출이 되었으며, 예냉실, 접종실, 배양실에서는 *Trichoderma* spp., *Penicillium* spp., *Aspergillus* spp. 가 매우 적은 수로 검출되었으며, 미동정의 곰팡이가 말기 배양실에서 2,700개, 생육실 A에서 950개, 생육실 B에서 3,475개로 검출되었다 (Table 9). 또한, 전체 곰팡이의 밀도는 배양실 말기, 생육실 초기 및 말기에서 각각 1 m³당 2730, 1450, 3825개의 곰팡이가 검출되었고 (Table 9), 세균은 초기 생육실(발이초기)에서는 1 m³당 1710개의 세균이 검출되었으나 접종실 외부, 초기 및 말기 배양실, 후기 생육실(발이후기)에서는 1 m³당 60, 30, 10, 40 개로 매우 적은 수의 세균이 검출되었다 (Table 10). 세균은 *Brevibacillus* sp., *Microbacterium* sp., *Pseudomonas* sp. 등이 검출되었다 (Table 10).

전(2002)은 재배사의 공기 중의 미생물의 밀도와 병 발생과의 상관관계에 대한 데이터를 제공하지는 않았지만 서로 간에 유의성이 없었다고 기술하였으며, 병 발생 조건은 병원균의 밀도, 병원성의 정도, 배지, 재배품종의 저항성 등 많은 요인이 관여되어 단요인에 의하여 병 발생의 정도가 좌우되기는 어렵다고 하였다.

Table 9. Fungal density of the air of king oyster mushroom bottle cultivation (Asan)

Fungus	CFU/m ³ of air						
	Cooling room	Inside transfer hood	Outside transfer hood	Early growth room	Late growth room	Growth room A (Development of mushroom, early period)	Growth room B (Development of mushroom, late period)
<i>Trichoderma</i> spp.	20	0	10	0	0	500	350
<i>Penicillium</i> spp.	0	10	0	0	0	0	0
<i>Aspergillus</i> spp.	0	0	0	0	3	0	0
Unidentified (no spore forming fungi)	0	100	30	85	2,700	950	3,475
Total	20	110	40	85	2,730	1,450	3,825

^aColony forming unit**Table 10.** Bacterial density of the air of king oyster mushroom bottle cultivation (Asan)

Bacteria ^a	CFU/m ³ of air						
	Cooling room	Inside transfer hood	Outside transfer hood	Early growth room	Late growth room	Growth room A (Development of mushroom, early period)	Growth room B (Development of mushroom, late period)
<i>Brevibacillus levelkil</i> , <i>Microbacterium testaceum</i> , <i>Pseudomonas mossellii</i> and unidentified ones	0	0	60	30	10	1,710	40

^aIdentification was determined based on the 16S rDNA analyses.

느타리 균상 재배는 병재배법에 비하여 생산 효율이 낮지만, 소규모 재배로 병재배나 봉지 재배법에 비하여 우수한 품질의 느타리 버섯을 생산하여 농가의 소득 증대에 많은 기여를 하고 있어, 아직도 경기도 가평 일대에는 느타리 균상 재배가 지속적으로 이루어지고 있는 현실이다. 그러나 버섯 재배사가 오래되어 수년 이상이 지속적으로 동일한 재배사에서 느타리 버섯이 재배되는 경우 수확량이 감소되는 것으로 알려져 있다. 재배사 내의 공기 중의 *Trichoderma*, *Penicillium* 등의 푸른곰팡이병원균의 밀도는 자동화 시설로 이루어지는 병 재배와 비교시 큰 차이가 없었는데, 이것은 균상에서의 수확량의 감소가 버섯 발아 후의 푸른곰팡이 병원균에 대한 감염보다는 균사 생육과정에서 불충분한 배지 소독 등으로 인한 균상 배지의 푸른곰팡이병원균이나 세균 등에 의한 감염이 주원인일 것으로 추론되었다.

적요

경기도 가평 및 양평의 느타리버섯(*Pleurotus ostreatus*), 충남 아산의 새송이버섯(*Pleurotus eryngii*), 충북 음성의 팽이버섯(*Pleurotus eryngii*) 재배사에서 발생하는 주요 병충해의 발생에 대한 조사가 이루어졌다. 이외에도 버섯 재배사의 공기 중의 미생물의 밀도가 조사되었다. 푸른곰팡이병은 느타리버섯의 균상 재배에서 10%로 가장 종종 발생되었다. 그러나 느타리버섯의 병 및 봉지 재배에서는 1~2%로 균상재배에 비하여 매우 낮게 발생하였다. *Aspergillus*, *Penicillium*, *Trichoderma*,

Curvularia 등이 버섯생육실에서 검출되었는데 균상재배의 생육실에 따라서 이와 같은 진균의 전체 밀도는 567~1,297 CFU/m³로 나타났다. 느타리버섯 병과 봉지 재배에서 *Trichoderma*와 *Penicillium*는 접종실의 밀도가 각각 160 및 260 CFU/m³인 것에 비하여 생육실에서는 350~700 CFU/m³로 높게 나타났다. 느타리버섯 병과 봉지 재배의 생육실에서는 세균 병이 10% 정도 발생하였다. 검출된 세균은 *Brevibacillus levelkil*, *Rhizobium radiobacter*, *Brevundimonas vesicularis*, *Pseudomonas mossellii*, *Microbacterium testaceum*, *Sphingomonas panmi*, *Sphingomonas yabuuchiae*, *Paracoccus dinitrificans*, *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* 및 기타 미동정 세균으로 나타났는데 밀도는 접종실의 9 CFU/m³에 비하여 재배사의 생육실에 따라서는 밀도가 40~6,359 CFU/m³ 범위로 높게 나타났다. 본 연구는 느타리버섯 균상재배에서는 푸른곰팡이병의 발생율이 높았으며, 때때로 생육배지에 세균 및 진균 오염이 동시에 심할 때 생산량이 매우 감소할 수 있음을 가르쳐 주었다. 그러나 느타리버섯의 병과 봉지 재배, 그리고 새송이 및 팽이 버섯의 병 재배에서는 병충해의 발생율이 매우 낮았다.

감사의 글

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 과제 프로젝트 No. 20070401030008에 의하여 지원받아 수행되었습니다. 이에 감사를 표하는 바입니다.

참고문헌

- 전창성. 2002. 느타리버섯재배에서의 *Trichoderma* spp.와 *Hypocrea* sp. 균에 의한 병해 발생과 방제 연구. 건국대학교 박사학위논문.
- 차동열, 유창현, 김광포. 1989. 최신버섯재배기술. Pp 118-119.
- Altschul, S. F., Madden, T. L., Schffer A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller W. and Lipman D. J. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.
- Flegg, P. B., Spenser G. and Wood, D. A. 1985. The biology and technology of the cultivated mushroom. John Wiley & Sons, Ltd.
- Hiraishi, A. 1992. Direct automated sequencing of 16S rDNA amplified by polymerase chain reaction from bacterial cultures without DNA purification. *Lett. Appl. Microbiol.* 15:210-213.
- Kligman, A. M. 1950. Handbook of mushroom culture. J. B. Kennet Square Pennsylvania.
- Kumar, S., Tamura, K. and Nei, M. 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. *Brief. in Bioinform.* 5:150-163.
- Lelly, J. 1987. Disinfection in mushroom farming - possibilities and limits. *Mushroom J.* 174:181-187.
- Rifai, M. A. 1969. A revision of the genus *Trichoderma*. *Mycolog. Papers* 116:1-56.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 4:406-425.
- Seaby, D. A. 1996b. Differentiation of the *Trichoderma* taxa associated with mushroom production. *Plant Pathol.* 45:905-912.
- Staunton, L. 1987. *Trichoderma* green mould in mushroom compost. *Mushroom J.* 179:632-636.
- Terra, M. A., Hales, D. F. and Elliott, T. J. 1995. Red pepper mites are vectors of *Trichoderma*. *Mushroom Sci.* 14:485-490.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.* 22: 4673-4680.
- Weisburg, W. G, Barns, S. M., Pelletier, D. A. and Lane, D. J. 1991. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. *J. Bacteriol.* 173:697-703.