

RESEARCH ARTICLE

콩 시들음병에 관여하는 *Fusarium*균의 다양성 및 병원학적 특성

최효원^{1,*}, 김승노², 홍성기¹¹국립농업과학원 작물보호과, ²태안군 농업기술센터

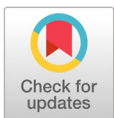
Diversity and Pathogenic Characteristics of *Fusarium* Species isolated from Wilted Soybeans in Korea

Hyo-Won Choi^{1,*}, Seungnoh Kim², and Sung Kee Hong¹¹Crop Protection Division, National Institute of Agricultural Sciences, Wanju 55365, Korea²Taeon Agricultural Technology Center, Taeon 32144, Korea

*Corresponding author: hyon338@korea.kr

ABSTRACT

Wilted soybean plants were collected from soybeans cultivation fields in Korea from 2014 to 2016. *Fusarium* spp., *Colletotrichum* spp., *Rhizoctonia* spp., *Macrophomina* sp., *Phytophthora* spp., and *Calonectria ilicicola* were obtained from the infected samples. Out of these, *Fusarium* spp. were the dominant species (79.1%). In total, 53 isolates were identified as *F. solani* species complex, *F. oxysporum* species complex, *F. graminearum* species complex, and *F. fujikuroi* species complex based on mycological characteristics. Sequence typing analysis was conducted using translation elongation factor 1 alpha (TEF) to confirm the identification of isolates. All isolates were identified as *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. commune*, *F. asiaticum*, and *F. fujikuroi* based on phylogenetic analysis of TEF sequences. Pathogenicity of 44 isolates was tested on three cultivars of soybean using the root dip inoculation method. Out of 5 *Fusarium* species, only *F. asiaticum* could not cause the symptoms or be weak. Ten isolates were selected based on pathogenic characters and species identification to investigate the host range and screen soybean cultivars for resistance. *Fusarium solani*, *F. oxysporum*, and *F. commune* were aggressive only to soybean, and *F. fujikuroi* was aggressive to kidney bean, yellow cowpea, black cowpea, adzuki bean as well as soybean. All 13 Korean soybean cultivars were susceptible to *F. commune* and *F. fujikuroi*. Out of 13 cultivars, cv. Janggi, cv. Poongsannamul, and cv. Socheongja were resistant to *Fusarium* wilt, while cv. Hwanggeumol and Chamol were susceptible to *Fusarium* wilt.

Keywords: *Fusarium* wilt, soybean, *Fusarium* species complex

OPEN ACCESS

pISSN : 0253-651X
eISSN : 2383-5249Kor. J. Mycol. 2020 September, 48(3): 297-312
<https://doi.org/10.4489/KJM.20200029>**Received:** September 01, 2020**Revised:** September 22, 2020**Accepted:** September 23, 2020

© 2020 THE KOREAN SOCIETY OF MYCOLOGY.



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.

서론

콩(*Glycine max* (L.) Merr.)은 세계 5대 주요 작물 중 하나로 단백질 함량이 매우 높고, 식물성 기름을 생산하는 등 영양학적, 식품산업적으로 매우 중요한 작물이다[1]. 농림어업통계에 따르면 국내 콩 생산량은 2013년 154,000톤을 정점으로 지속적으로 감소하다가 2017년 이후 다시 증가하는 추세로서 2019년 국내 콩 생산량은 105,340톤, 재배면적은 58,537 ha로 조사되었다[2]. 세계 최대 콩 생산국인 미국의 경우 1996년부터 2016년까지의 데이터를 다각적으로 분석한 결과, 콩 씨스트선충, charcoal rot, *Fusarium* sp. 등에 의한 유묘 병해가 콩 생산에 있어 경제적으로 큰 피해를 주는 병으로 나타났다[1]. 국내의 경우, 콩 점무늬병, 탄저병 및 세균병인 불마름병 발생이 수량에 미치는 영향 등 일부 병에 대해서 단편적으로 연구가 수행되었을 뿐, 병 발생과 콩 생산량에 관한 체계적인 연구는 미흡한 실정이다[3-5]. 이와 같이 전세계적으로 콩 수량 손실에 영향을 주는 주요 병해로는 콩씨스트선충, *Fusarium virguliforme*에 의한 sudden death syndrome, *Phytophthora* spp.에 의한 역병, *Macrophomina phaseolina*에 의한 charcoal rot, *Sclerotinia sclerotiorum*에 의한 균핵병, *Fusarium* spp.에 의한 시들음 및 뿌리썩음병, 그리고 *Fusarium* sp., *Rhizoctonia* sp., *Pythium* sp., *Phomopsis* sp. 군에 의한 유묘 병해(seedling disease) 등이 알려져 있다[6]. Sudden death syndrome을 제외한 나머지 병해는 국내에서 이미 발생한다고 보고되었으며, *M. phaseolina*에 의한 charcoal rot 병은 균핵마름병으로 명명되어 2020년에 처음으로 보고된 바 있다[7].

전 세계적으로 콩에서 분리된 *Fusarium*균은 *F. oxysporum*, *F. solani*, *F. virguliforme*를 비롯하여 최소 19종이 알려져 있고, 주로 시들음, sudden death syndrome, 모잘록 및 뿌리썩음 증상에 관여하며, 종에 따라 병원성에 차이가 있다고 보고된 바 있다[8-10]. 국내에는 *F. oxysporum* f. sp. *tracheiphilum*, *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*, *F. solani* f. sp. *glycines* 등 2종, 3분화형이 시들음병에 관여하는 것으로 알려져 있으며, 최근 *F. fujikuroi*와 *F. graminearum*이 각각 콩시들음병균, 콩뿌리·줄기썩음병균으로 새롭게 보고되었다[11,12]. *Fusarium*균이 일으키는 시들음 증상은 *Phytophthora*, *Macrophomina*, *Rhizoctonia*균과 복합적으로 감염되어 있는 경우도 있고, 각각의 병징이 매우 유사하여 쉽게 구분할 수 없으며, 방제도 매우 어려운 것으로 알려져 있다[9,10]. 저항성 품종을 재배하는 것이 가장 이상적인 방제법이지만, 국내 콩 재배 포장에 분포하는 *Fusarium*균에 대한 정확한 분류, 동정과 병원학적 특성 조사는 거의 이루어지지 않은 실정이다. 따라서 본 연구에서는 국내 콩 재배 포장에서 발생한 시들음 증상으로부터 균을 분리하여 병원균의 분리 빈도를 조사하였고, 그 중 *Fusarium*균을 대상으로 균학적 특성과 염기서열분석에 기반한 분류, 동정을 통해 다양성을 확인하였으며, *Fusarium*균의 종별로 기주범위와 품종저항성 등 병원학적 특성에 대한 분석 결과를 보고하고자 한다.

재료 및 방법

콩 시들음 증상 발생 조사 및 균 분리

2014년부터 2016년까지 경북 안동시와 문경시, 전북 김제시와 익산시, 충남 태안군, 청양군, 홍성군 및 논산시 소재 콩 재배 포장에 발생한 시들음 증상을 조사하고, 총 82개의 병든 시료를 채집하였다. 병원균을 분리하기 위하여 병든 콩의 줄기를 자르고 갈변된 도관 부위를 5×5 mm 크기로 잘라 그 조각을 1% 차아염소산나트륨(NaOCl) 용액으로 1분간 표면살균하고, 멸균수로 3회 세척한 후 물기를 제거하여 물한천 배지(water agar, WA)에 치상하였다. 3-5일 후, 시료 절편에서 자라난 균총을 현미경으로 관찰하여 검출된 균을 속(Genus) 수준에서 동정하였고, 이 중 *Fusarium* 균은 단포자 분리하였다. 순수 분리된 균주는 감자한천배지(potato dextrose agar, PDA) 사면배지에 배양하고, 10°C에 보존하면서 실험에 사용하였다.

Fusarium 분리균주의 균학적 특성 조사

단포자 분리한 *Fusarium* 균의 균학적 특성은 PDA 배지와 carnation leaf agar (CLA) 배지, synthetic low nutrient agar (SNA) 배지에 배양하여 조사하였다. PDA 배지에서의 균사생육속도, 기중균사 특성 및 색소 형성 등 배양적 특성과 SNA, CLA 배지에서의 대형분생포자의 모양과 크기, 소형분생포자의 형성 유무, 모양 및 크기 및 후벽(후막)포자의 형성 유무, 경자(phialide)의 형태 등의 균학적 특성은 이전 연구자들의 기준에 따라 조사하였다[13,14].

Fusarium 균주의 DNA 추출 및 염기서열 분석

단포자 분리한 53개 *Fusarium* 균주의 genomic DNA를 추출하기 위하여 각각의 균주를 potato dextrose broth (PDB) 배지에 접종하고, 25°C에서 5일간 배양하였다. 균사체를 1겹의 miracloth로 회수하여 동결 건조시킨 후, 곱게 마쇄하여 Choi 등[15]의 방법으로 genomic DNA를 추출하고, -20°C에 보관하면서 실험에 사용하였다.

DNA 염기서열 분석은 O'Donnell 등[16]의 방법을 참고하여 translation elongation factor 1 alpha (TEF) 유전자를 대상으로 실시하였다. PCR 증폭을 위하여 EF1/EF2 프라이머쌍을 사용하였다[16]. PCR 반응액은 100 ng·μL⁻¹의 template DNA를 포함하여 10×Taq buffer, 2 mM dNTPs, 10 pmole·μL⁻¹의 프라이머쌍, 0.5 unit의 Taq DNA polymerase를 총량 50 μL로 만들었다. PCR 조건은 94°C, 45초, 58°C, 45초, 72°C, 1분으로 총 35 cycle을 반복하여 수행한 뒤, 증폭된 밴드를 1% agarose gel에 전기영동하여 관찰하였다. PCR 산물은 Wizard SV Gel & PCR Clean-up System kit (Promega, San Luis Obispo, CA, USA)를 사용하여 정제한 후, direct sequencing을 통해 염기서열을 분석하였다. 분석된 염기서열은 Clustal W 소프트웨어를 이용하여 정렬하였고, 염기서열의 유사도를 계산하여 MEGA 6.0 프로그램을 이용하여 neighbor-joining법으로 계통수를 작성하였으며, Kimura's 2-parameter distance model과 1,000 bootstrap replicates을 이용하였다[17]. 계통수는 각 종 복합체(species complex)별로 분석하였으며, 각 계통수의 outgroup은 *F. solani* 종 복합체와 *F. graminearum* 종 복합체는 *F. oxysporum* NRRL25097 (JF740724), *F. oxysporum* 종 복합체는 *F. subglutinans* NRRL22016 (HM057336), *F. fujikuroi* 종 복합체는 *F. oxysporum* f. sp. *dianthi* ATCC 64922 (AY337416)를 대상으로 하였다.

병원성 검정

분리한 *Fusarium* 균주의 병원성 검정을 위하여 태광콩, 우람콩, 대원콩을 대상으로 병원성 검정을 수행하였다. 직경 14 cm의 플라스틱 포트에 콩 종자를 파종하여 온실에서 2-3주간 재배하여 본엽이 1-2엽 전개되었을 때 접종에 사용하였다. 접종원은 각 균주를 PDA 배지에 7-10일간 배양하여 멸균수를 붓고 균총을 끓어 1점의 miracloth로 걸러 회수하였고, 포자현탁액의 농도는 hemacytometer를 이용하여 1×10^6 conidia·mL⁻¹로 조정하였다. 포트에서 자란 콩을 뽑아 뿌리 부분을 수돗물로 씻어주고, 멸균한 가위를 이용하여 뿌리 끝을 약 0.5 cm 정도 절단하였다. 품종 별로 7개의 식물체를 포자현탁액에 1시간 침지 접종하였고, 접종 후 각각의 식물체는 멸균된 토양이 담겨있는 직경 14 cm 플라스틱 포트에 다시 정식하였다. 대조구는 멸균된 가위로 뿌리 끝을 자른 뒤 멸균수에 동일한 시간 침지하였다. 접종 10일 후, 이병주율을 조사하였고, 병든 식물체 지체부에서 병원균의 재분리 여부를 조사하였다.

병원성 *Fusarium* 분리균주의 기주범위 및 품종 저항성 조사

병원성이 미미하거나 없는 것으로 확인된 *F. graminearum* 중 복합체를 제외한 나머지 3개의 중 복합체 중 병원성이 중간 내지 강한 것으로 조사된 *F. oxysporum* 4균주, *F. solani* 4균주, *F. fujikuroi*, *F. commune* 각 1균주를 선발하여 기주범위와 콩 품종별 저항성 정도를 조사하였다. 기주범위 조사는 태광콩을 포함하여 콩과에 속하는 강낭콩, 알팔파, 클로버, 완두콩, 황동부콩, 흑동부콩, 팥 및 화본과에 속하는 옥수수를 대상으로 하였다. 또한 국내에서 재배 중인 콩 품종 13개를 대상으로 저항성 정도를 조사하였다. 대상 품종은 태광콩, 우람콩, 미소콩, 장기콩, 풍산나물콩, 소청자콩, 청자 3호, 참울콩, 황금울콩, 대풍콩, 연풍콩, 진풍콩 및 대원콩을 사용하였다. 접종은 위에 기재한 병원성 검정방법과 동일한 방법을 사용하였고, 침지접종시간을 2시간으로 하였으며, 발병정도 조사는 지상부와 지하부 병징을 조사하여 0-4 scale의 발병지수(disease index)로 나타내었다(Fig. 1). 발병



Fig. 1. Disease index of *Fusarium* wilt in legume and maize plants. 0, no symptom; 1, necrosis of less than 20% of root tissue and discoloration of the vascular; 2, 21-50% necrosis of root tissue and discoloration of the vascular; 3, more than 51% necrosis of root tissue and discoloration/necrosis of the vascular; 4, complete necrosis of root tissue and plants death.

지수에 대한 설명은 다음과 같다. 0: 병징 없음, 1: 뿌리 조직의 20%이하 괴사 및 도관 변색, 2: 뿌리 조직의 21-50% 괴사 및 도관 변색, 3: 뿌리조직의 51% 이상 괴사와 도관 변색 및 괴사, 4: 뿌리 조직 완전 괴사 및 지상부 고사.

결과

콩 시들음병 발생 조사 및 *Fusarium* 균주 수집

2014년부터 2016년까지 충남, 전북, 경북 지역의 주요 콩 재배지에서 병 발생을 조사한 결과, 모든 지역에서 시들음 증상이 관찰되었으며, 지역별로 재배 포장에 따라 발병 정도는 차이가 있었다. 특히 2015년 충남 태안의 농가포장에서는 최고 약 70%의 발병주율을 나타냈다. 대부분 생육 중기 이후인 7월에서 9월경 고온기에 병 증상이 나타났으며, 줄기의 도관부가 흑갈색으로 썩거나 찢개지면서 지상부가 시드는 증상을 나타내었고, 뿌리 생육이 부실하거나 썩는 증상을 보였다(Fig. 2). 이와 같은 시들음 증상이 있는 콩에서 총 67개의 진균을 분리한 결과, *Fusarium* spp., *Colletotrichum* spp., *Rhizoctonia* spp., *Macrophomina* sp., *Phytophthora* spp. 및 *Calonectria ilicicola* 등이 분리되었으며, 이 중 *Fusarium*균은 총 53개로 79.1%의 비율로 조사되었다(Fig. 3). 시료에 따라 *Fusarium* sp.균만 분리되는 경우도 있었으나 대부분 24개의 균이 동시에 분리되기도 하였다.

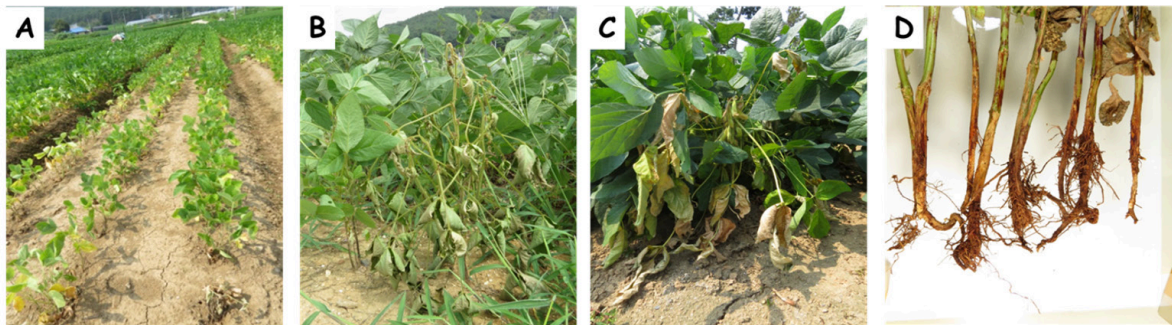


Fig. 2. Various symptoms of wilted soybean plants in the fields. A, Chungnam Taean; B, Chungnam Hongseong; C, Gyeongbuk Mungyeong; D, Jeonnam Haenam.

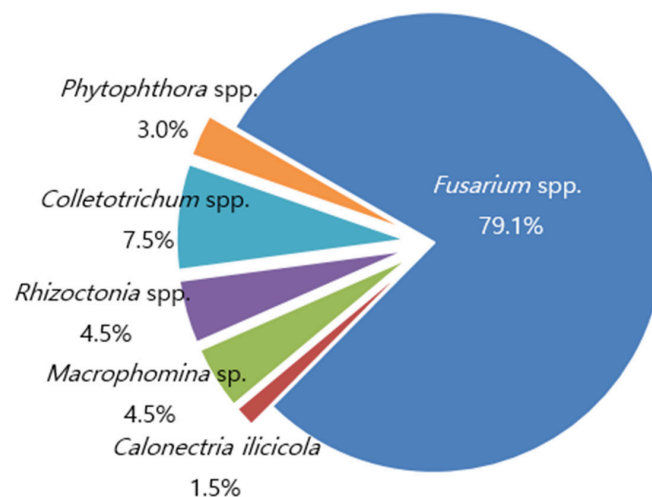


Fig. 3. Genus level-frequency of fungal strains isolated from wilted soybean plants in the fields during 2014-2016.

수집한 *Fusarium* 균주의 균학적 특성

분리된 53개 *Fusarium* 균을 대상으로 대형, 소형 분생포자 및 후벽포자의 특징을 조사한 결과, 균학적 특성에 의해 총 4개의 종 복합체를 확인할 수 있었다(Table 1). 총 53개 분리균 중 23개 균주(44.2%)는 곧은형의 두툼하며 5-7개의 격벽을 가진 대형포자와 타원형(ellipsoid) 혹은 신장형(reniform)의 소형포자를 가진 *Fusarium solani* species complex (FsSC)로 동정되었다. 약 40.4%인 21개 균주는 직선형이지만 약간 굽은 형태의 3-5개의 격벽을 가진 대형포자와 난형(oval) 혹은 타원형의 소형포자를 가진 *F. oxysporum* species complex (FoSC)로 조사되었다. 또한 5개 균주(9.6%)는 PDA배지에서 붉은 색소를 형성하면서, 가늘고 긴 직선형의 5개 격벽을 가진 대형포자를 형성하고, 소형포자는 형성하지 않는 *F. graminearum* species complex (FgSC)로 동정되었고, 나머지 4개 균주(7.7%)는 소형분생포자가 연쇄상(chain)으로 형성되며, 가늘고 직선형인 대형포자를 형성하고 후벽포자를 형성하지 않는 특징을 가진 *F. fujikuroi* species complex (FfSC)로 조사되었다. 각 종 복합체 별 자세한 형태적, 배양적 특성은 Table 2에 기술하였다.

염기서열분석

균학적 특성에 의해 4개의 *Fusarium* 종 복합체로 분류된 53개 균주의 정확한 종 동정을 위하여 TEF 유전자 염기서열을 분석하고, 종 복합체 별로 구분하여 계통수로 나타내었다(Fig. 4). *Fusarium solani*로 조사되었던 23개 균주는 모두 *F. solani* NRRL25100 균주와 한 그룹으로 묶였고, 미국 등에서 콩에 병을 일으키는 것으로 알려진 *F. solani* 종 복합체에 속하는 다른 종과는 명확하게 구분되었다(Fig. 4A). 이와는 달리 *F. oxysporum* 종 복합체에 속한 균주는 염기서열 분석 결과, 크게 3개의 그룹으로 구분되었으며, 특히 NC15397등 3개 균주는 같은 종 복합체에 속한 다른 종인 *F. commune*으로 나타났다(Fig. 4B). DNA 염기서열 분석에 의해 여러 종이 혼재되어 있는 것으로 알려진 *F. graminearum* 종 복합체와 *F. fujikuroi* 종 복합체에 속한 5개, 4개 균주는 각각 *F. asiaticum*, *F. fujikuroi*와 같은 그룹으로 나타났다(Fig. 4C and 4D). 따라서 본 연구에서 분리한 국내 콩 시들음 증상 관련 *Fusarium*균은 *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. commune*, *F. asiaticum*, *F. fujikuroi* 등 총 5종인 것으로 확인되었다.

Table 1. Identification of *Fusarium* isolates collected from wilted soybean plants based on mycological characteristics.

Fusarium species complex ^a	Mycological characteristics ^b				Number of isolates
	Macroconidia	Microconidia	Chlamydoconidia	Conidiophore	
FsSC	Wide, straight, stout robust (5-7 septate)	Oval, ellipsoid, reniform, fusiform (0-2 septate)	Present, globose, single, in pairs or chain	Long monophialides	23 (44.2%)
FoSC	Straight to slightly curved, slender (3-5 septate)	Oval, ellipsoid, kidney shaped (0 septate)	Present, intercalary or terminal	Short monophialides	21 (40.4%)
FgSC	Slender, thick-walled, curved to straight (5 septate)	Absent	Scarce	-	5 (9.6%)
FfSC	Slender, medium length with no curvature (3-5 septate)	Clavate with a flattened base, false heads and chains (0-1 septate)	Absent	Mainly monophialides, often polyphialides	4 (7.7%)
Total					53

^a FsSC: *F. solani* species complex; FoSC: *F. oxysporum* species complex; FgSC: *F. graminearum* species complex; FfSC: *Fusarium fujikuroi* species complex.

^b Mycological characteristics were investigated on carnation leaf agar (CLA) and synthetic low nutrient agar (SNA) medium incubated in alternating cycles of 12 h near ultraviolet (NUV) light and 12 h darkness at 25°C for 2 weeks.

Table 2. Comparison of cultural and morphological characteristics between the present isolates obtained from wilted soybean plants and *Fusarium* species described previously.

Structure ^a	Characteristics ^b					
	FsSC	<i>Fusarium solani</i>	NC14329	FoSC	FgSC	FfSC
Growth rate (mm·day ⁻¹)	NC14307	Fast, 9.1-10	6.0	7.5	Very fast, 15-16	Fast, 7-9
Aerial mycelium	9.4	Usually rather sparse, felt-like	Usually rather abundant	Usually rather abundant	Abundant, whitish with yellow tips	Abundant whitish to pale pink
Pigmentation	Cream	Rather variable, cream to buff	-	-	Red	Buff to rust brick
Microconidia	Oval, ellipsoid to subcylindric	Oval, ellipsoid to subcylindric, on the average larger than in <i>F. oxysporum</i>	Oval, elliptical or kidney-shaped	Oval, elliptical or kidney-shaped	Absent	Clavate with a flattened base, 0-septate
Size (μm)	7.2-12.5×3.2-4.0	5.0-17.0×2.8-5.0	5.8-9.6×1.6-3.8	5.9×2.4-3.0	-	5-13×2.1-4.7
Macroconidia	Thick-walled, only slightly curved	Rather thick-walled, subcylindric, predominantly 3-septate	Straight to slightly curved	Straight to slightly curved	Falcate, long and slender, mostly 5- to 6-septate	Slender, straight
Size (μm)	27-50×4.2-6.0	22.0-58.0×3.5-7.0	34.9-41.9×4.7-5.4	27-42×3.0-4.7	38-72.5×4.8-5.5	22-65×2.5-4.7
Phialides	Monophialidic, very long and slender	Monophialidic, those producing microconidia very long and slender	Short monophialides	Short monophialides	Monophialidic, cylindric	Monophialides, sometimes polyphialides
Size (μm)	-	15.0-40.0×2.0-3.0	-	-	-	12-32×2.2-4.0
Chlamydospores	Smooth walled, globose, 8.0-11.0 μm diameter	More or less abundant, smooth walled, globose, single, in pairs, chains or clusters, 8.0-11.0 μm	Smooth walled, intercalary or terminal, 6.6-7.5 μm	Smooth walled, intercalary or terminal, 7-11 μm	Usually rather scarce	Absent

^a Growth rate, aerial mycelium and pigmentation were investigated on PDA plates incubated in darkness at 25°C for a week. Other structures were investigated on carnation leaf agar (CLA) and synthetic low nutrient agar (SNA) plates incubated in alternating cycles of 12 h near ultraviolet (NUV) light and 12 h darkness at 22°C for 2 weeks.

^b FsSC: *F. solani* species complex; FoSC: *F. oxysporum* species complex; FgSC: *F. graminearum* species complex; FfSC: *Fusarium fujikuroi* species complex. *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. graminearum* and *F. fujikuroi* described by Gerlach et al. (1982)[13].

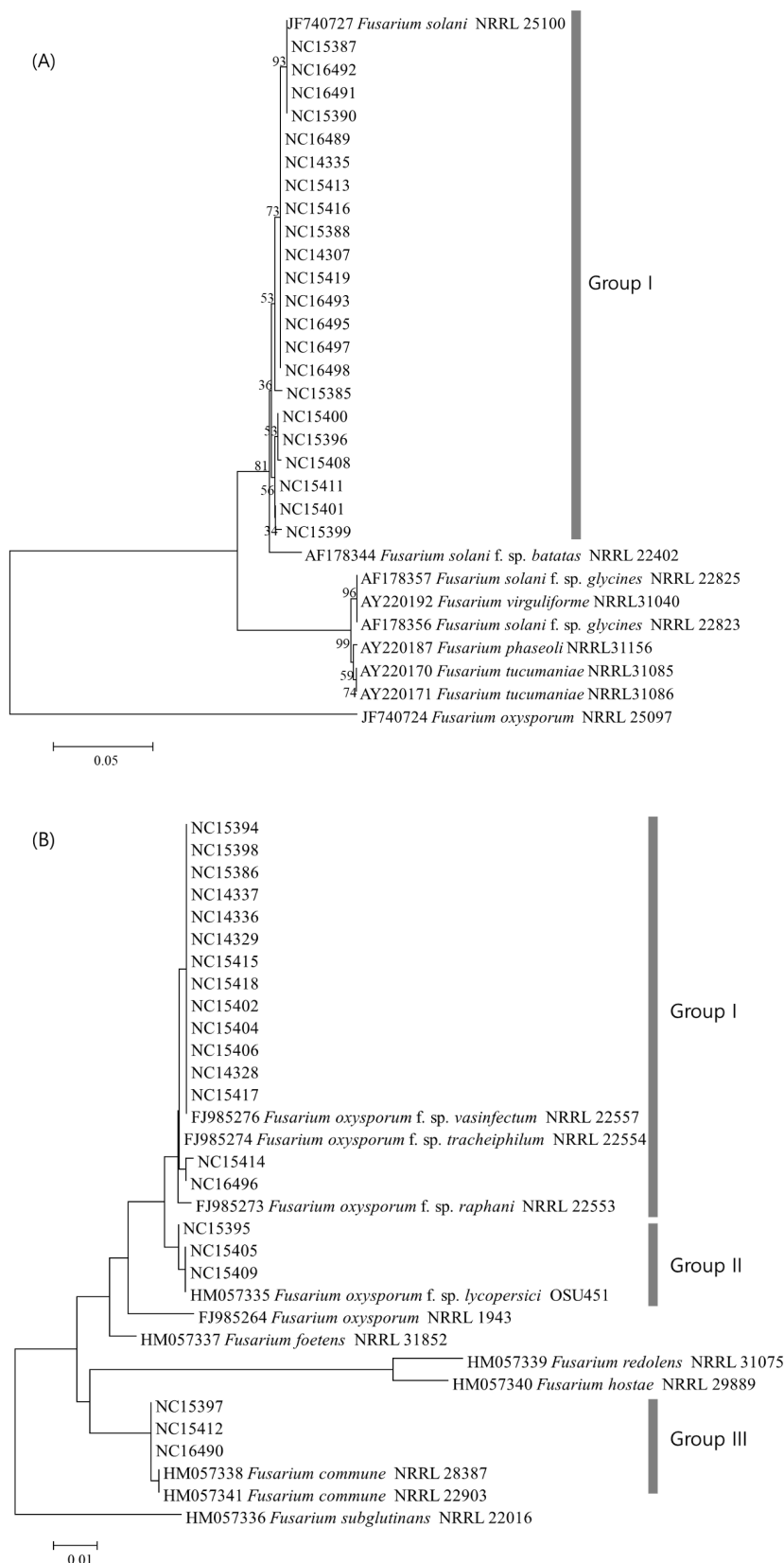


Fig. 4. Phylogenetic trees of *Fusarium* species obtained from wilted soybeans plants in Korea. The trees were generated using Neighbor-Joining analysis of translation elongation factor 1alpha (TEF) gene sequences. The number in each branch indicates supporting values obtained after a bootstrap test with 1,000 replications. The scale bar represents 0.05 and 0.01 nucleotide substitution per site, respectively. (A), *Fusarium solani* species complex; (B), *F. oxysporum* species complex; (C), *F. graminearum* species complex; (D), *F. fujikuroi* species complex.

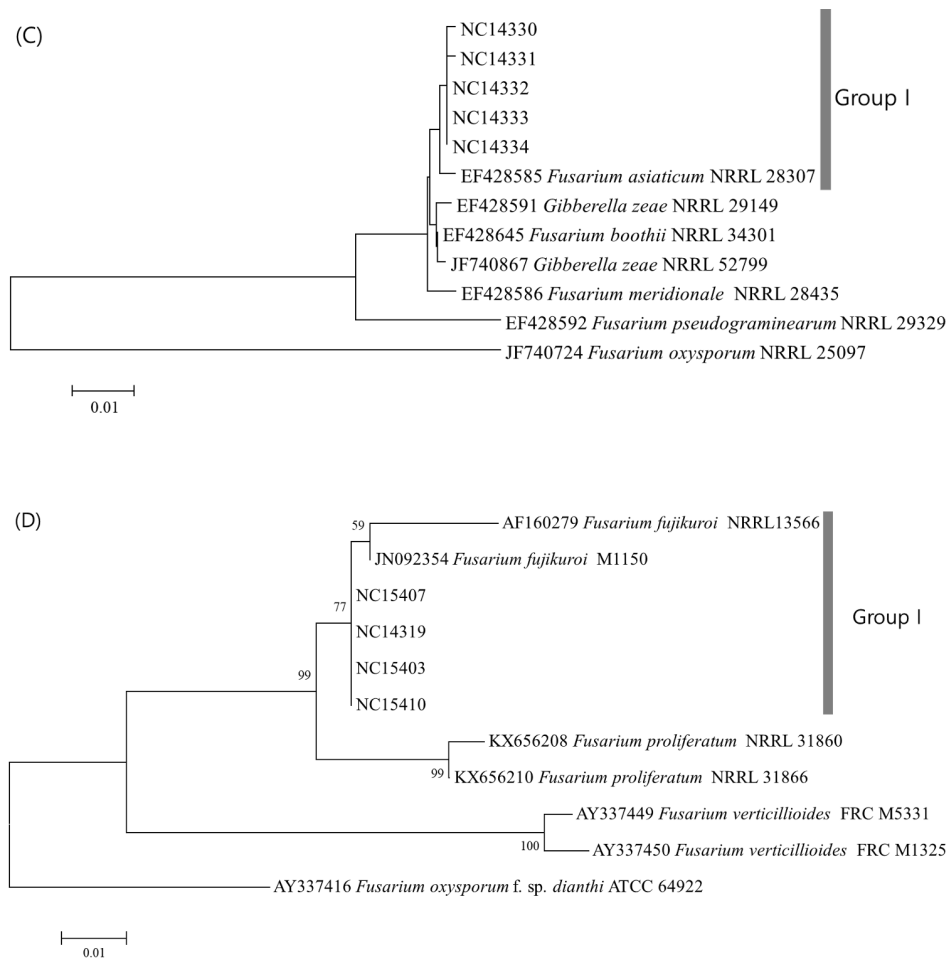


Fig. 4 (continued). Phylogenetic trees of *Fusarium* species obtained from wilted soybeans plants in Korea. The trees were generated using Neighbor-Joining analysis of translation elongation factor 1alpha (TEF) gene sequences. The number in each branch indicates supporting values obtained after a bootstrap test with 1,000 replications. The scale bar represents 0.05 and 0.01 nucleotide substitution per site, respectively. (A), *Fusarium solani* species complex; (B), *F. oxysporum* species complex; (C), *F. graminearum* species complex; (D), *F. fujikuroi* species complex.

병원성 검정

수집한 53개 *Fusarium* 균주 중 44개 균주를 대상으로 3개의 콩 품종에 대한 병원성 검정을 수행한 결과, 같은 종에 속하더라도 균주에 따라 병원성 정도가 다른 것으로 조사되었다(Table 3). 태광콩, 우람콩, 대원콩 등 3개의 품종에 모두 40% 이상의 이병주율을 나타내어 병원성이 강하다고 판단되는 균주는 *F. solani* 2균주, *F. oxysporum* 5균주, *F. commune* 1균주, *F. fujikuroi* 2균주였고, 2개 품종에서 이병주율 40% 이상인 균주는 *F. solani* 1균주, *F. oxysporum* 2균주로 나타났다. 이 중 *F. asiaticum* 5개 균주는 3개 콩 품종 모두에 대해 병원성이 없거나 미미한 것으로 나타나 이후 기주 범위 조사와 품종 저항성 시험에서는 제외하였다.

Table 3. Pathogenicity of *Fusarium* species collected from wilted soybeans in three soybean cultivars by artificial inoculation.

Species	Isolate	Percent of diseased seedlings (%)		
		Taegwang	Wooram	Daewon
<i>Fusarium solani</i> species complex				
<i>F. solani</i>	NC14307	20.0	100.0	56.7
	NC14335	16.7	50.0	0.0
	NC15385	0.0	0.0	6.7
	NC15387	40.0	0.0	6.7
	NC15388	80.0	13.3	0.0
	NC15390	40.0	80.0	80.0
	NC15396	40.0	0.0	6.7
	NC15399	40.0	100.0	53.3
	NC15400	0.0	16.7	6.7
	NC15401	0.0	40.0	0.0
	NC15408	20.0	20.0	0.0
	NC15411	40.0	6.7	0.0
	NC15413	0.0	40.0	0.0
	NC15416	0.0	0.0	26.7
	NC15419	26.7	0.0	10.7
<i>Fusarium oxysporum</i> species complex				
<i>F. oxysporum</i>	NC14328	0.0	26.7	8.3
	NC14329	100	100	66.7
	NC14336	20.0	66.7	26.7
	NC14337	100.0	100.0	80.0
	NC15386	60.0	40.0	0.0
	NC15394	0.0	6.7	0.0
	NC15395	13.3	53.3	20.0
	NC15398	26.7	20.0	20.0
	NC15402	100.0	100.0	40.0
	NC15404	40.0	13.3	40.0
	NC15406	0.0	0.0	20.0
	NC15409	40.0	100.0	53.3
	NC15414	60.0	0.0	0.0
	NC15415	0.0	6.7	40.0
	NC15417	20.0	0.0	60.0
	NC15418	0.0	100.0	20.0
	<i>F. commune</i>	NC15397	60.0	66.7
NC15412		20.0	0.0	16.7
NC16490		0.0	6.7	40.0
<i>Fusarium graminearum</i> species complex				
<i>F. asiaticum</i>	NC14330	0.0	0.0	0.0
	NC14331	0.0	0.0	0.0
	NC14332	0.0	6.7	0.0
	NC14333	6.7	0.0	20.0
	NC14334	0.0	0.0	0.0
<i>Fusarium fujikuroi</i> species complex				
<i>F. fujikuroi</i>	NC14319	66.7	60.0	60.0
	NC15403	100.0	60.0	80.0
	NC15407	80.0	0.0	20.0
	NC15410	0.0	0.0	40.0
Control		0.0	0.0	0.0

병원성 *Fusarium* 균주의 기주범위 및 품종 저항성

콩에서 수집한 *Fusarium*균의 균학적, 유전적, 병원학적 특성을 고려하여 선발된 10개의 대표균주는 Table 4에 기술하였다. 이들 대표균주를 이용하여 콩과와 화본과에 속하는 9가지 작물을 대상으로 기주범위를 조사한 결과, *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. commune*의 모든 균주는 콩 (cv. 태광콩) 이외의 콩과 작물과 옥수수에 병을 일으키지 않았다 (Table 5). 반면 *F. fujikuroi* NC14319 균주는 태광콩을 비롯하여 강낭콩, 황동부콩, 흑동부콩 및 팥에 시들음 및 뿌리썩음 증상을 나타냈으며, 특히 태광콩, 강낭콩, 팥에는 지상부를 완전히 고사시키는 정도의 강한 병원성을 나타냈으나 알팔파, 클로버, 완두콩에는 병을 일으키지 않았다.

이들 대표균주를 13개 콩 재배품종에 접종하여 품종 저항성을 비교한 결과, 태광콩, 참울콩, 황금울콩, 대풍콩, 대원콩 등 5개 품종은 접종한 모든 균주에서 병을 일으켰으며, 우람콩, 연풍콩은 1개 균주에서는 병을 일으키지 않았고, 미소콩과 진풍콩은 2개 균주에, 청자 3호는 3개 균주에 대해 병을 일으키지 않았으며, 풍산나물콩은 7개 균주, 장기콩과 소청자콩은 8개 균주의 접종구에서 병을 일으키지 않았다 (Table 6). 즉, *F. solani*와 *F. oxysporum*은 품종에 따라 발병정도가 다르게 나타난 반면, *F. commune*은 모든 품종에서 0.3~3.0의 발병지수를 나타냈고, *F. fujikuroi*는 모든 품종에서 2.0~4.0의 발병지수를 나타냈다. 균주 별로 보면 *F. oxysporum* NC15409 균주는 평균 발병지수가 0.5로 병원성이 가장 약했고, *F. fujikuroi* NC14319는 평균 발병지수가 3.6으로 가장 병원성이 강한 균주로 나타났다. 이와 같이 10개의 대표균주를 대상으로 저항성 품종을 탐색한 결과, 13개 콩 품종 중 장기콩, 풍산나물콩, 소청자콩은 평균 발병지수가 0.3~0.4로서 *Fusarium* 시들음병에 대해 저항성 품종인 것으로 보이며, 황금울콩과 참울콩은 평균 발병지수가 2.4로서 가장 감수성 품종인 것으로 판단된다.

Table 4. List of pathogenic *Fusarium* isolates selected to investigate the host range and cultivar resistance of soybean.

Species complex ^a	Species	Isolate	Region	Pathogenicity
FsSC	<i>F. solani</i>	NC14307	Chungnam Taean	+++
	<i>F. solani</i>	NC15388	Chungnam Taean	+
	<i>F. solani</i>	NC15399	Chungnam Taean	+++
	<i>F. solani</i>	NC15390	Chungnam Taean	+++
FoSC	<i>F. oxysporum</i>	NC14329	Jeonbuk Jeonju	+++
	<i>F. oxysporum</i>	NC14337	Jeonbuk Jeonju	+++
	<i>F. oxysporum</i>	NC15406	Chungnam Cheongyang	+++
	<i>F. oxysporum</i>	NC15409	Chungnam Hongseong	+
	<i>F. commune</i>	NC15397	Chungnam Taean	+++
FfSC	<i>F. fujikuroi</i>	NC14319	Jeonnam Haenam	+++

^a FsSC: *F. solani* species complex; FoSC: *F. oxysporum* species complex; FfSC: *Fusarium fujikuroi* species complex.

Table 5. Disease index (0-4 scale) of plant species inoculated with *Fusarium* species isolated from wilted soybean plants by root dip inoculation.

Species	Isolate	Means of disease index on hosts ^a								
		Glycine max	Phaseolus vulgaris	Medicago sativa	Trifolium repens	Pisum sativum	Vigna unguiculata (yellow)	Vigna unguiculata (black)	Vigna angularis	Zea mays
<i>Fusarium solani</i>	NC14307	1.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	NC15388	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	NC15390	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	NC15399	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	NC14329	1.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
<i>F. oxysporum</i>	NC14337	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	NC15406	1.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	NC15409	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
<i>F. commune</i>	NC15397	2.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
<i>F. fujikuroi</i>	NC14319	4.0	4.0	0.0	0.0	0.0	2.0	2.0	4.0	0.0
Control		0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

^a Disease index 0: No symptoms; 1: Necrosis of less than 20% of root tissue and discoloration of the vascular; 2: 21-50% necrosis of root tissue and discoloration of the vascular; 3: More than 51% necrosis of root tissue and discoloration/necrosis of the vascular; 4: Complete necrosis of root tissue and plants death.

Table 5. Disease index (0-4 scale) of plant species inoculated with *Fusarium* species isolated from wilted soybean plants by root dip inoculation.

Species	Isolate	Means of disease index on soybean cultivars ^a												
		Tagwang	Woo ram	Miso	Janggi	Poongsanmamul	Socheongja	Cheongja 3 ho	Chamol	Hwanggeumul	Daepoong	Yeonpoong	Jinpoong	Daewon
<i>Fusarium solani</i>	NC14307	1.5	1.9	1.7	0.0	0.4	0.0	1.0	3.0	2.3	1.5	1.6	2.6	2.7
	NC15388	2.2	1.3	0.6	0.0	0.0	0.0	2.3	3.1	2.0	0.7	0.7	0.7	0.9
	NC15390	2.0	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0	3.1	2.1	1.7	1.1	0.9	0.3	0.3
	NC15399	1.8	1.0	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	3.2	1.3	1.4	1.3	0.1	1.0
	NC14329	1.3	1.4	0.3	0.0	0.0	0.0	0.3	0.7	2.7	1.4	0.4	1.9	3.0
<i>F. oxysporum</i>	NC14337	2.2	1.6	0.9	0.0	0.0	0.0	0.0	2.7	2.5	2.0	2.4	1.9	2.6
	NC15406	1.0	0.9	2.0	0.0	0.0	0.0	2.4	0.9	1.8	0.4	1.0	0.0	0.6
	NC15409	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.9	2.2	1.0	0.0	0.0	0.3
	NC15397	2.8	1.9	1.7	0.4	0.3	0.5	2.4	3.0	3.0	1.0	2.7	1.9	2.9
<i>F. commune</i>	NC14319	4.0	4.0	4.0	2.3	3.0	2.0	3.7	3.6	4.0	4.0	4.0	3.9	4.0
<i>F. fujikuroi</i>														
Control		0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

^a Disease index 0: no symptoms; 1: Necrosis of less than 20% of root tissue and discoloration of the vascular; 2: 21-50% necrosis of root tissue and discoloration of the vascular; 3: More than 51% necrosis of root tissue and discoloration/necrosis of the vascular; 4: Complete necrosis of root tissue and plants death.

고찰

본 연구에서는 국내 콩 재배 포장에서 시들음 증상을 채집하고, 균을 분리하여 *Fusarium* spp., *Colletotrichum* spp., *Rhizoctonia* spp., *Macrophomina* sp., *Phytophthora* spp., *Calonectria ilicicola*가 시들음 증상에 관여하는 것으로 조사되었고, 이 중 *Fusarium* spp.균이 79.1%로 가장 우점종임이 확인되었다. 시들음 증상이 있는 시료에서 일부는 1종류의 균이 분리되었으나, 대부분 2-4종류의 균이 동시에 분리되었다. 이것은 2종 이상의 병원균이 복합적으로 침입하였거나 일부 부생성이 강한 균이 함께 분리되었을 것으로 추정된다. 2016년 7월부터 10월까지 경기 화성, 연천 지역의 시들음 증상을 나타내는 콩을 수집하여 균을 분리한 결과, *Phomopsis* sp.가 가장 많이 분리되었고, *Colletotrichum* spp., *Macrophomina phaseolina* 순으로 분리되었고, *Fusarium*균은 전혀 분리되지 않은 것으로 나타나 본 연구 결과와는 차이가 있었다[7]. 이는 시료 채집 지역의 차이와 2016년의 고온 건조한 기상조건 때문인 것으로 생각된다. 한편, 중국에서는 3개 지역에서 콩 생육기 별로 159개 시료를 수집하여 13개의 뿌리썩음병 관련 진균을 분리한 결과, 2-6개의 균이 동시에 분리된다고 하였고, 분리 빈도는 *Phytophthora sojae*, *Phomopsis longicolla*, *F. equiseti*, *Rhizoctonia solani*, *F. virguliforme* 순으로 분리되었으며, 이는 분리 지역의 특성보다는 콩 생육기 차이에 따라 분리 빈도에 차이가 있다고 하였다[18]. 이는 본 연구에서 2-4 종류의 균이 동시에 분리된 것과 일치하였으나, 본 연구에서는 주로 시들음 증상이 나타나는 생육 후기에 조사하였기 때문에 빈도에는 차이가 있는 것으로 생각된다. 따라서 우리나라의 경우, 생육 후기의 시들음 증상에는 주로 *Fusarium*균이 관여한다고 할 수 있으며, 향후 콩 생육 시기별로 시료를 채집하여 병원균 분리 빈도를 면밀히 조사할 필요가 있을 것으로 판단된다.

형태적, 배양적 특성과 TEF (translation elongation factor 1 alpha) 유전자 염기서열분석 결과를 기반으로 본 연구에서 분리한 *Fusarium*균을 동정한 결과, *F. solani* 23균주, *F. oxysporum* 18균주, *F. commune* 3균주, *F. asiaticum* 5균주, *F. fujikuroi* 4균주로 조사되었다. 2014년부터 2015년까지 중국 Sichuan성 3개의 지역에서 분리한 *Fusarium*균 78개 균주를 동정한 결과, 총 9개의 종이 분리되었다고 하였으며, 분리 빈도는 *F. equiseti*, *F. oxysporum*, *F. graminearum*, *F. proliferatum*, *F. solani*, *F. commune*, *F. verticillioides*, *F. avenaceum*, *F. fujikuroi* 순으로 나타났다[9]. 캐나다 오타와주에서 3년간 수집, 동정한 유사한 연구에서는 8개의 종이 분리되었는데, *F. oxysporum*의 분리빈도가 월등히 높았고, *F. equiseti*, *F. tricinctum*, *F. graminearum*, *F. solani* 등 다른 종은 10% 미만의 비슷한 수준으로 분리되었다[10]. 미국 South Dakota 지역의 경우, 총 1130개 균주를 확보하여 동정한 결과 *F. graminearum*의 빈도가 51%, *F. acuminatum*이 30%, *F. virguliforme*, *F. commune*은 2% 이하로 분리되었다[19]. 특히 *F. graminearum*의 분리 빈도가 높은 것은 콩 재배 전작으로 밀이나 옥수수를 재배하기 때문이라고 하면서 *F. graminearum*이 밀과 옥수수의 주요 병원균이기 때문에 잔재물에 남아 있던 균이 콩에 영향을 주는 것이라고 하였다. 우리나라에서도 최근 *F. graminearum*균이 콩 뿌리썩음병에 관여한다고 보고되었고[12], 최근 논콩의 재배가 증가하면서 맥류의 후작으로 콩을 재배하는 비율이 늘어나고 있기 때문에 향후 지속적인 병원균 분포 모니터링이 필요할 것으로 생각된다. 이와 같이 콩 시들음 및 뿌리썩음병에 관여하는 *Fusarium*균은 매우 다양하며, 이는 콩 재배 환경에 따라 영향을 받기 때문에 종 다양성을 조사하고 병원균의 특성을 파악하고 있는 것이 매우 중요하다고 할 수 있다.

한편, 본 연구에서 분리한 *Fusarium*균을 태광콩, 우람콩, 대원콩에 접종하여 병원성 검정을 수행한 결과, *F. solani*는 20% (3균주), *F. oxysporum*은 37.5% (6균주), *F. commune*은 33.3% (1균주), *F. fujikuroi*는 50% (2균주)가 2품종 이상에서 40%이상의 이병주율을 나타냈고, *F. asiaticum*은 병원성이 없거나 미미하였다. Farias와 Griffin [20]은 감염된 콩에서 분리한 *F. oxysporum*을 대상으로 접종 시험을 하였을 때 41%만이 병을 일으켰다고 하면서, 병원성은 균주에 의해 그 차이가 크다고 언급하였고, Okello 등[19]도 같은 종 내에서 균주별 병원성의 차이가 매우 크다고 하였는데, 이는 본 연구 결과와 일치하는 것으로 판단된다. 중국 Sichuan 지역에서 분리한 *Fusarium*균의 병원성 검정 결과, *F. equiseti*, *F. graminearum*이 병원성이 가장 강했고, *F. solani*와 *F. commune*은 병원성이 약했으며 *F. verticillioideis*와 *F. fujikuroi*는 콩에 병원성이 없다고 하였다[9]. 캐나다에서는 *F. avenaceum*, *F. graminearum*이 병원성이 가장 강했고, *F. equiseti*, *F. tricinctum*, *F. sporotrichioides*가 병원성이 약하다고 하였다[10]. 미국 South Dakota의 경우, *F. oxysporum*, *F. armeniacum*, *F. commune*이 병원성이 강하다고 하였고[19], Iowa의 경우에는 *F. graminearum*이 병원성이 가장 강하고, *F. proliferatum*, *F. virguliforme* 순으로 병원성이 강하다고 하였다[8]. 이러한 결과는 국가별, 지역별로 재배하는 콩 품종, 포장에서 우점하고 있는 *Fusarium*종의 차이, 콩 작부 체계 및 재배 환경 등의 복합적인 차이로 판단되며, 우리나라에서도 지역별, 작부체계 및 재배환경에 따른 심도 있는 조사가 필요할 것으로 생각된다.

또한 4종의 *Fusarium*균주 중 병원성이 강한 10개 균주를 선발하여 기주범위를 조사한 결과, *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. commune*은 콩 이외의 콩과 작물과 옥수수에 병을 일으키지 않았다. 반면, *F. fujikuroi*는 콩 외에도 강낭콩, 황동부, 흑동부, 팔에 시들음병을 일으켰는데, 특히 이 균은 벼 키다리병을 일으키는 병원균으로 알려져 있다. 콩에서 분리한 *F. fujikuroi* NC14319를 벼씨에 접종한 결과, 키다리병 증상을 나타낸 것을 확인하였고 따라서 이 균주는 콩, 강낭콩, 황동부, 흑동부, 팔 및 벼에 병원성이 있음을 확인하였다(데이터 미제시). Kolander 등[21]에 의하면 콩 sudden death syndrome을 일으키는 *F. virguliforme*의 기주범위를 조사한 결과, 병징을 나타내는 기주와 병징은 없으나 생체중이 감소되는 기주, 기주 뿌리에서 PCR에 의해 검출되는 병원균 DNA량 등을 고려하였을 때, 기주범위는 기존에 알려진 6종 보다 훨씬 넓은 15종 임을 보고하였다. 이와 같은 병원균의 기주범위에 대한 정보는 병 방제를 위한 돌려짓기에 활용될 수 있기 때문에 작부체계를 고려한 기주범위 탐색 연구가 필요할 것으로 생각된다. 선발된 10개의 대표균주를 접종하여 13개 콩 품종에 대한 저항성을 조사한 결과, *F. commune*과 *F. fujikuroi*는 모든 품종에 병을 일으켰으며, *F. solani*와 *F. oxysporum*은 균주와 품종에 따라 발병지수에 차이가 있는 것으로 나타나 향후 품종에 따른 race 존재 여부에 대한 연구도 필요할 것으로 생각된다. 또한 저항성 품종 육종을 위한 신뢰성, 재현성 있는 생물검정 체계 확립을 위하여 본 연구에서 저항성 품종으로 확인된 장기콩, 풍산나물콩, 소청자콩과 감수성 품종인 황금울콩, 참울콩 등은 향후 콩시들음병 저항성 품종 육종을 위한 기준품종으로 사용될 수 있을 것으로 생각된다. 국내에서 *Fusarium*에 의한 콩 시들음병의 병원균에 대한 정확한 동정이나 병원학적 특성 및 기주범위와 품종저항성에 대한 연구는 거의 이루어지지 않았다. 따라서 본 연구 결과는 향후 콩시들음병균의 특성 파악과 병원균 특성을 고려한 저항성 품종의 육종이나 돌려짓기 등의 재배적 방제법 및 약제선발 등 효율적인 관리방안 연구에 활용될 수 있을 것이다.

적요

2014년부터 2016년까지 국내 콩 재배 포장에서 시들음 증상을 보이는 시료에서 진균을 분리한 결과, *Fusarium* spp., *Colletotrichum* spp., *Rhizoctonia* spp., *Macrophomina* sp., *Phytophthora* spp., *Calonectria ilicicola*가 분리되었고, *Fusarium*균이 79.1%로 가장 많이 분리되었다. 53개의 *Fusarium* 균을 균학적 특성에 의해 동정한 결과, *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. graminearum*, *F. fujikuroi* 등 4개의 종 복합체(species complex)로 동정되었다. 염기서열분석을 통한 종 동정을 위해 translation elongation factor 1 alpha (TEF) 유전자 부위를 계통분석한 결과, *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. commune*, *F. asiaticum*, *F. fujikuroi* 등 5종으로 확인되었다. 44개 *Fusarium*균주의 병원성을 확인하기 위하여 콩 3개 품종을 대상으로 유묘 침지 접종한 결과, *F. asiaticum*은 병원성이 없거나 미미한 것으로 나타났다. 병원성이 있는 10개 균주를 선발하여 기주범위를 조사한 결과, *F. solani*, *F. oxysporum*, *F. commune*은 콩에만 병원성이 있었고, *F. fujikuroi*는 콩, 강낭콩, 황동부콩, 흑동부콩 및 팥에 병원성을 보였다. 또한 13개 콩 품종을 대상으로 저항성 검정을 수행한 결과, *F. commune*과 *F. fujikuroi*는 모든 품종에 병을 일으켰다. 장기콩, 풍산나물콩, 소청자콩은 *Fusarium*에 의한 시들음병에 비교적 저항성이 것으로 나타났고, 황금울콩, 참울콩은 감수성 품종으로 확인되었다.

ACKNOWLEDGEMENTS

This study was supported by a grant (Project No. PJ010004) from Rural Development Administration, Republic of Korea.

REFERENCES

1. Bandara AY, Weerasooriya DK, Bradley CA, Allen TW, Esker PD. Dissecting the economic impact of soybean diseases in the United States over two decades. PLoS One 2020;15:e0231141. Doi:10.1371/journal.pone.0231141.
2. Korean Statistical Information Service. Statistical Database [Internet]. Daejeon: Korean Statistical Information Service; 2020 [cited 2020 Jun. 26]. Available from <http://kosis.kr/index/index.do>.
3. Moon YG, Lee JH, Choi JK, Kang AS, Han SS. Yield loss assessment and determination of economic thresholds limits against soybean anthracnose. Korean J Pestic Sci 2010;14:133-7.
4. Shim H, Lee JH, Lee YH, Myung IS, Choi HW. Establishment of economic threshold by evaluation of yield component and yield damages caused by leaf spot disease of soybean. Res Plant Dis 2013;19:196-200.
5. Hong SJ, Kim YK, Jee HJ, Shim CK, Kim MJ, Park JH, Han EJ, Lee BC. Influence of disease severity of bacterial pustule caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines* on soybean yield. Res Plant Dis 2011;17:317-25.
6. Allen TW, Bradley CA, Sisson AJ, Byamukama E, Chilvers MI, Coker CM, Collins AA, Damicone JP, Dorrance AE, Dufault NS, et al. Soybean yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2010 to 2014. Plant Health Prog 2017;18:19-27.

7. Ko YM, Choi J, Lee YH, Kim HT. First report of charcoal rot caused by *Macrophomina phaseolina* on *Glycine max* in Korea. *Res Plant Dis* 2020;26:29-37.
8. Diaz Arias MM, Leandro LF, Munkvold GP. Aggressiveness of *Fusarium* species and impact of root infection on growth and yield of soybeans. *Phytopathology* 2013;103:822-32.
9. Chang X, Dai H, Wang D, Zhou H, He W, Fu Y, Ibrahim F, Zhou Y, Gong G, Shang J, et al. Identification of *Fusarium* species associated with soybean root rot in Sichuan province, China. *Eur J Plant Pathol* 2018;151:563-77.
10. Zhang JX, Xue AG, Cober ER, Morrison MJ, Zhang HJ, Zhang SZ, Gregorich E. Prevalence, pathogenicity and cultivar resistance of *Fusarium* and *Rhizoctonia* species causing soybean root rot. *Can J Plant Sci* 2013;93:221-36.
11. Choi HW, Hong KS, Kim JS, Lee YK. First report of *Fusarium fujikuroi* causing Fusarium wilt on *Glycine max* in Korea. *Plant Dis* 2019;103:2469.
12. Kang IJ, Shim HK, Heu S, Kim KS. First report of soybean root and stem rot caused by *Fusarium graminearum* in South Korea. *Plant Dis* 2020;104:568.
13. Gerlach W, Nirenberg H. The genus *Fusarium*: A pictorial atlas. Berlin: Kommissionsverlag P. Parey; 1982.
14. Leslie JF, Summerell BA. The *Fusarium* laboratory manual. New York: John Wiley & Sons; 2006.
15. Choi HW, Kim JM, Hong SK, Kim WG, Chun SC, Yu SH. Mating types and optimum culture conditions for sexual state formation of *Fusarium fujikuroi* isolates. *Mycobiology* 2009;37:247-50.
16. O'Donnell K, Kistler HC, Cigelnik E, Ploetz RC. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proc Natl Acad Sci USA* 1998;95:2044-9.
17. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol Biol Evol* 2013;30:2725-9.
18. Ye W, Zeng D, Xu M, Yang J, Ma J, Wang Y, Zheng X. A LAMP-assay-based specific microbiota analysis reveals community dynamics and potential interactions of 13 major soybean root pathogens. *J Integr Agric* 2020;19:2056-63.
19. Okello PN, Petrovic K, Singh AK, Kontz B, Mathew FM. Characterization of species of *Fusarium* causing root rot of soybean (*Glycine max* L.) in South Dakota, USA. *Can J Plant Pathol* 2020. <https://doi.org/10.1080/07060661.2020.1746695>.
20. Farias GM, Griffin GJ. Roles of *Fusarium oxysporum* and *Fusarium solani* in Essex disease of soybean in Virginia. *Plant Dis* 1989;73:38-42.
21. Kolander TM, Bienapfl JC, Kurl JE, Malvick DK. Symptomatic and asymptomatic host range of *Fusarium virguliforme*, the causal agent of soybean sudden death syndrome. *Plant Dis* 2012;96:1148-53.