

보도 시점 2026. 10. 19.(월) 11:00
10. 20.(화) 조간

배포 2026. 10. 19.(월) 06:00

농촌진흥청, 우리나라 식물 탄저병균 유전자 분석으로 재정리

- 농업미생물은행(KACC) 보존 균주 재분석·문헌 비교
- 우리나라 식물 탄저병균 61종 확인… 120종 식물과 203개 조합 이뤄
 - 신종 2종, 국내 미기록종 14종도 찾아
- 식물 탄저병 전염 과정 해석이나 방제에 기반 자료로 활용

농촌진흥청(청장 이승돈)은 우리나라에서 보고된 식물 탄저병균을 유전자 분석으로 재정리해 61종을 확인했으며, 이들이 120종 식물에서 분리돼 203개의 ‘탄저병균-식물’ 조합을 이루고 있음을 밝혔다.

우리나라는 1916년 일제강점기 일본인 학자들에 의해 목화, 강낭콩 등에서 탄저병균이 처음 기록된 이래, 국립생물자원관 국가생물종목록에 66종, 한국식물병리학회 한국식물병명목록에 60종이 등록돼 있다. 하지만, 대부분이 현미경으로 본 형태와 기주식물에 따라 구분한 것이라, 유전자 분석에 기반한 최신 분류체계에 맞춰 재정리할 필요가 있었다.

이에 농촌진흥청 농업미생물은행(KACC)은 1990년대부터 보존해 온 탄저병균 237균주를 다수유전자의 염기서열을 함께 비교하는 최신 분류법(다수유전자 계통분석법)으로 재분석했다. 이를 국가생물종목록, 한국식물병명목록, 관련 문헌 등과 비교해 정리했다.

그 결과, 농업미생물은행이 보유한 균주는 52종이었다. 이 가운데 14종은 국내에서 처음 확인된 것이며, 매듭풀과 환삼덩굴에서 분리한 2종은 세계에서 처음 보고된 신종이다.

1916년 이후 국내에 보고된 식물 탄저병균은 모두 86종인데, 다수유전자 분석으로 최종 확인된 종은 61종이었다. 이 61종은 120종의 식물에서 분리된 것이다. 문헌에서 확인한 결과, 국내에는 203개의 탄저병균-식물 조합이 있는 것으로 확인됐다.

기존에는 탄저병균을 기주식물과 현미경으로 관찰한 형태에 따라 ‘고추 탄저병균’, ‘사과 탄저병균’과 같이 큰 묶음으로 구분했다. 이 체계는 발병 조건과 약제 반응이 서로 다른 종들이 섞여 있어 정밀 방제가 어려웠다.

그러나 이번 분석 결과, 고추에서 확인된 탄저병균은 13종, 사과 탄저병균은 10종이었다. 고추에는 스코빌레이탄저병균이, 사과에는 시아멘세탄저병균과 프룩티콜라탄저병균이 가장 많았다. 이에 따라 발병 조건, 약제 반응이 비슷한 군끼리 세분화해 탄저병 정밀 방제가 가능해졌다.

농촌진흥청은 이번에 세분화해 동정한 식물 탄저병균주를 씨앗은행 누리집(genebank.rda.go.kr)에서 제공해 식물 탄저병균의 정확한 동정과 약제 반응 연구 등에 활용토록 하고 있다.

이번 연구 결과는 국제학술지 The Plant Pathology Journal (IF 2.6)에 실려 학술적으로 인정받았다.

농촌진흥청 농업미생물과 한상현 과장은 “우리나라 식물 탄저병을 유전자 분석에 기반해 새로운 분류체계로 정립한 것은 학문적으로나 실용적으로 매우 중요하다.”라며, “이번 연구 결과는 식물 탄저병 전염 과정 해석이나 방제에 크게 도움이 될 것이다.”라고 말했다.

한편, 식물 탄저병을 일으키는 탄저병균(*Colletotrichum*)은 곰팡이로, 사람과 가축에 탄저병을 일으키는 세균인 탄저균(*Bacillus anthracis*)과는 전혀 다른 미생물이다. 하지만 식물병원 곰팡이 가운데 경제적 중요도 8위로 꼽히며, 고추에서만 한 해 1억 달러 이상의 피해를 주는 것으로 추정될 만큼 영향이 크다.

붙임. 관련 사진, 게재 논문 표지

담당 부서	국립농업과학원 농업미생물과	책임자	과 장	한상현 (063-238-3021)
		담당자	연구관	홍승범 (063-238-3025)
	농촌진흥청에서 연구·개발한 농업의 모든 것 농사로			





사과의 시아멘세탄저병균(한국식물병리학회 제공)

Plant Pathol. J. 42(3) : 360-383 (2026)
https://doi.org/10.5423/PPJ.RW.07.2026.0100
eISSN 2093-9280

Review Open Access

The Plant Pathology Journal
©The Korean Society of Plant Pathology

Diversity and Host Associations of the Genus *Colletotrichum* in Korea

Le Dinh Thao^{1,2}, Hyorim Choi¹, Jae Sung Lee¹, Ambazhagan Mageswari¹, Donghun Kang¹, Daseul Lee¹, In-Young Choi¹, Hyeon-Dong Shin¹, Ulrike Damm³, and Seung-Beom Hong^{1,*}

¹Korean Agricultural Culture Collection, Agricultural Microbiology Division, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

²Department of Plant Medicine, Jeonbuk National University, Jeonju 54896, Korea

³Division of Plant Pathology and Phyto-Immunology, Plant Protection Research Institute, Ha Noi 100000, Vietnam

⁴Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

⁵Senckenberg Museum of Natural History Görlitz, Görlitz 02806, Germany

(Received on July 30, 2026; Revised on August 18, 2026; Accepted on August 18, 2026)

Colletotrichum is one of the most economically important genera of plant pathogenic fungi worldwide, yet its species diversity and host associations remain incompletely understood in many regions. In Korea, historical records based largely on morphological identification have underestimated species diversity and obscured host-association patterns. In this review, we provide an integrative reassessment of *Colletotrichum* diversity and host associations in Korea, combining published literature with recent taxonomic re-evaluations of 237 *Colletotrichum* isolates preserved in the Korean Agricultural Culture Collection. Of the 86 *Colletotrichum* species reported in Korea, 73 are currently accepted species worldwide; 61 are supported by DNA sequence data and belong to 15 species complexes and one singleton lineage, whereas the remaining records require taxonomic verification. Among the KACC isolates, 52 species are represented, comprising 36 species previously reported from Korea, 14 species newly

recorded in Korea, and two newly described species. Our synthesis reveals extensive historical misidentification uncovered by multilocus re-evaluation. The 61 molecularly identified species are associated with 120 plant species across 102 genera and 54 families, forming 203 validated fungus-host combinations. Among the recorded species complexes, the *C. gloeosporioides* and *C. acutatum* complexes have the largest numbers of host associations in Korea. Major crops associated with *Colletotrichum* include pepper, apple, grape, persimmon, strawberry, peach, and ginseng, each often harboring multiple distinct *Colletotrichum* species. These findings underscore how advances in molecular systematics have substantially reshaped our understanding of *Colletotrichum* diversity and host associations in temperate agroecosystems.

Keywords : anthracnose, fungus-host associations, species complex

게재 논문(The Plant Pathology Journal)