

국내 무화과나무의 *Badnavirus fici* 검출 및 동정Detection and Identification of *Badnavirus fici* on *Ficus communis* in South Korea***Corresponding author**

Tel: +82-54-912-0769

Fax: +82-54-912-0654

E-mail: southkorea@korea.kr

ORCID

<https://orcid.org/0009-0007-4658-9737>이현수^{1,2*} · 최은진¹ · 이시영¹ · 이현직¹ · 이흥식¹ · 이종호¹¹농림축산검역본부 식물검역부 식물방제과, ²충북대학교 농업생명환경대학 식물의학과**Hyunsu Lee^{1,2*} , Eunjin Choi¹, Siyoung Lee¹, HyunJik Lee¹, Heung-Sik Lee¹, and Jong-Ho Lee¹**¹Department of Plant Quarantine, Animal and Plant Quarantine Agency, Gimcheon 39660, Korea²Department of Plant Medicine, College of Agriculture, Life & Environment Sciences, Chungbuk National University, Cheongju 58644, Korea

This study was conducted to investigate the status of *Badnavirus fici* infection in domestic fig trees, more than 80 samples were randomly collected from experimental fields and farm fields in major fig producing areas in Korea. Thereafter, the collected samples were used for polymerase chain reaction diagnosis and nucleotide sequence analysis. As a result, *B. fici* was identified from domestic fig trees. It was confirmed that all collected samples were infected with *B. fici*. The virus detection rate was found to be 100%. As a result of nucleotide sequence analysis of *B. fici* detected in domestic fig trees. The sequences showed very high nucleotide identity (up to 100%) with *Badnavirus fici* isolates reported from Iran and the USA. This paper is expected to be used as basic data for the production of fig tree virus disease-free seedlings, and this paper reports the detection and identification of report on *B. fici* discovered from fig trees in Korea.

Keywords: Badnavirus, *Badnavirus fici*, FBV-1, Fig tree

Received November 30, 2025

Revised December 12, 2025

Accepted December 12, 2025

서론

무화과나무(*Ficus carica* L.)는 뽕나무과(*Moraceae*) 무화과나무속에 속하는 낙엽관목이며, 전 세계적으로 열대 지역 및 아열대 지방에 걸쳐 널리 재배되고 있다(Bakewell-Stone, 2024). 농림축산식품부의 농림업생산지수에 따르면(Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs, 2024), 무화과는 2023년 기준으로 생산액 349억으로 조사되어 경제적으로 중요한 과실류

중 하나로 알려져 있다.

전 세계적으로 무화과나무에는 균류와 바이러스 등에 의한 12종의 병이 알려져 있으며(EPPO, 2025), 국내에서는 균류 등에 의한 14종의 병이 보고되어 있다(The Korean Society of Plant Pathology, 2024). 한편 무화과에서는 황화, 기형, 생육 불량 등 다양한 이상 증상이 발생하고 있지만, 이와 관련한 바이러스병에 관한 연구는 매우 미흡한 실정이다. 한편, 미국의 여러 주에서 채집한 무화과나무 시료 중 병징이 나타난 나무와 무병징 나무, 정단조직 배양 식물 및 유묘에서 *Badnavirus fici* (FBV-1)가 모두 검출되었다(Laney 등, 2012). 최근 무화과나무는 미국에서 FBV-1이 무화과의 계놈으로 통합되어 상업적으로 이용 가능한 모든 무화과나무 및 유묘, 정단조직배양 식물에서 검출된다고

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.

보고되었다(Preising 등, 2021). ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses)에서는 2022년에 *Fig badnavirus 1*을 *Badnavirus fici* (FBV-1; family Caulimoviridae; genus Badnavirus)로 정의하였다(ICTV, 2024). 국내 무화과나무에서 FBV-1의 감염에 대해서는 알려진 바가 없으며, 2024년 농림축산검역본부에서 실시한 무화과나무 격리재배검역 2건에서 FBV-1이 검출되어 잠정규제병해충으로 폐기 조치하였다.

본 연구에서는 국내 미보고된 잠정병해충 FBV-1의 국내 발생 여부를 확인하기 위하여 무화과 주산지 6개 시군인 전남 영암군 및 신안군, 경남 밀양군 및 고성군, 제주특별자치도 서귀포시 및 제주시 소재에서 총 62개 무화과 농가 등에 대한 조사를 실시하였다. 무화과나무에 감염된 바이러스를 탐색하기 위하여 polymerase chain reaction (PCR) 분석을 활용하였다. Reverse transcription (RT)-PCR 진단을 실시하여 FBV-1의 감염 실태 및 바이러스의 활동성을 조사하고자 하였다. 이를 통하여 국내 무화과 바이러스 무병묘 생산을 위한 기초 자료로 활용코자 하였다.

재료 및 방법

무화과나무 시료 채집. 무화과나무의 바이러스 감염 실태를 조사하기 위하여, 잎에 모자이크 증상 등과 같은 이상 증상을 나타내는 잎 또는 무증상 잎 시료 82점을 채취하였다(Fig. 1). 구체적으로 2024년 11월 전남 영암군 소재 31개 무화과 농가의 Masui Dauphine 품종에서 31점의 시료를 채집하였으며, 같은 해 12월에 제주특별자치도 서귀포시 5개 무화과 농가에서 Masui Dauphine 품종에서 5점의 시료를 채집하였고, 제주특별자치도 제주시 11개 무화과 농가의 Masui Dauphine 품종에서

11점의 시료를 채집하였으며, 전남 신안군 1개 농가의 Masui Dauphine 품종에서 1점의 시료를 채집하였고, 경남 고성군 2개 무화과 농가의 Bordissot negra RIMADA 품종에서 2점을 채집하였으며, 경남 밀양시 2개 농가의 Masui Dauphine 품종에서 2점의 시료를 채집하였다. 2025년에 제주시 인가 1개소에서 3점을 채취하였고, 서귀포시 인가 8개소에서 24점을 채취하였으며, 경북 경주시 인가 1개소에서 3점을 채취하였다.

무화과나무 시료 내 핵산 추출. 무화과나무에 감염된 바이러스 및 바이러스의 활동성을 탐색하기 위하여 2024-2025년 농가포장 등에서 채집한 시료 82점의 개별 시료를 사용하여 conventional PCR (cPCR) 및 RT-PCR 분석을 수행하였다. 무화과나무 잎 시료 82점을 개별 실험구로 진행하였으며, 각 실험구별로 각각 1개 내외의 잎에서 5 cm² 채취하여 하나로 모은 후(pooling), Homogenization working solution를 첨가한 후 균질기에 넣고 마쇄하였다. 1.5 ml tube에 혼합된 마쇄시료 600 µl와 lysis buffer 300 µl를 혼합하고 1초간 voltex 및 상온에서 10분간 정치 후, 원심분리기로 12,000 rpm에서 5분간 원심분리하였고, 상층액을 핵산 추출용 시료로 사용하였다. Maxwell® RSC Plant DNA kit (Cat. No. AS4500; Promega, Madison, WI, USA)와 Maxwell® RSC Plant RNA kit (Cat. No. AS1500; Promega)를 이용하여 제조사에서 권장한 방법대로 DNA 및 RNA를 추출하였으며, 핵산추출기(Maxwell® RSC 48 Instrument; Promega)의 Maxwell® RSC 48 Instrument software plant DNA (Promega) 및 RNA 프로그램을 활용하였다. 추출된 핵산을 원심분리기로 12,000 rpm으로 3분간 원심분리 후 상층액을 추출하였다.

PCR 진단. 추출한 전체 핵산은 PCR 및 RT-PCR로 진단하였

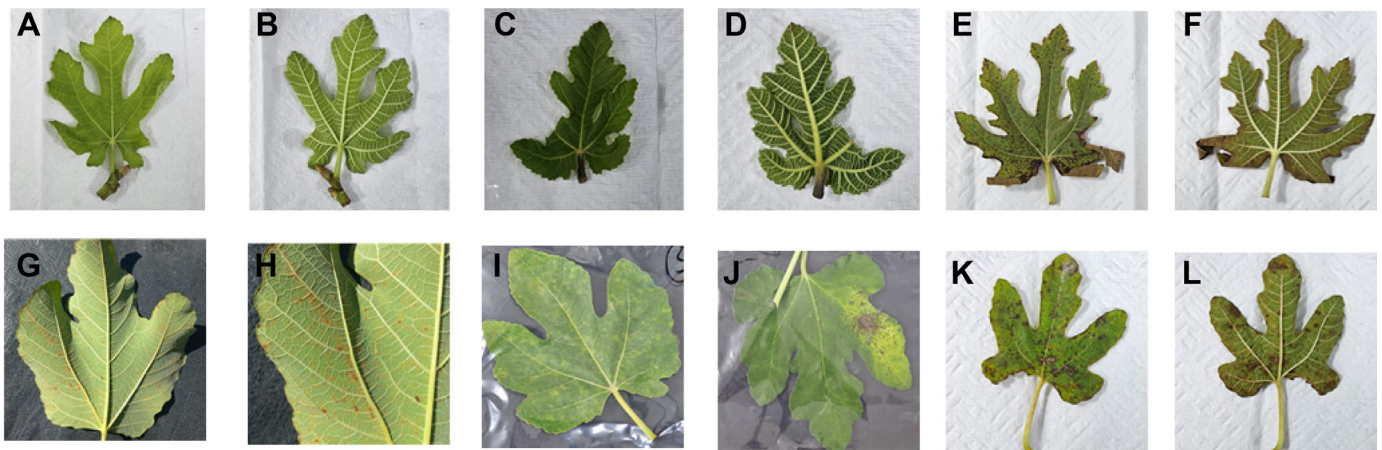


Fig. 1. Viral symptoms of *Ficus carica*. Samples are collected from asymptomatic or symptomatic individuals. (A-D) Typical appearance of asymptomatic samples. (E-L) Various appearance of symptomatic samples.

Table 1. List of primers used in cPCR, RT-PCR for *Badnavirus fici*

Virus	Primers	Primer sequences (5'-3')	Amplified product (bp)	Reference
FBV-1	1094F 1567R	ACCAGACGGAGGGAAGAAAT TCCTTGCCATCGGTTATCTC	474	Latinović et al. (2019)

cPCR, conventional polymerase chain reaction; RT-PCR, reverse transcription-polymerase chain reaction.

다. 진단 프라이머는 기 보고된 프라이머(Latinović 등, 2019) 서열을 이용하였다(Table 1). Table 2에서 보듯이, 2024년과 2025년에 채취한 82점 중 82점 시료 모두에 대하여 RT-PCR 진단하여 감염 실태를 조사하였으며, 44점의 시료에 대해 cPCR 진단을 실시하였다.

cPCR 진단을 위한 반응액을 HS Prime taq premix (Genet Bio, Daejeon, Korea) 10 µl, 전체 DNA 1 µl, 정방향 및 역방향 프라이머 각 1 µl (10 pmol/µl), 증류수 7 µl와 혼합하여 20 µl로 조제하였으며, PCR 과정으로 94°C에서 10분, 94°C에서 30초와 56°C에서 30초 및 72°C에서 30초를 35회 반복하고 72°C에서 5분간 처리하였다.

RT-PCR 진단을 위한 반응액을 SuprimeScript RT-PCR Premix 2X (Genet Bio) 10 µl, 전체 RNA 1 µl, 정방향 및 역방향 프라이머 각 1 µl (10 pmol/µl), 증류수 7 µl와 혼합하여 20 µl로 조제하였다. 조제한 반응액을 역전사(RT) 과정으로 42°C에서 60분 및 95°C에서 15분간 처리하였으며, PCR 과정으로 94°C에서 45초, 55°C에서 1분, 72°C에서 1분을 35회 반복하고 72°C에서 5분간 처리하였다.

이후 E-Gel™ Power Snap PLUS Electrophoresis System (Thermo Fisher Scientific Inc., Seoul, Korea)을 사용하여 PCR 반응산물을 확인하였다.

바이러스 염기서열 분석. cPCR로 진단으로 검출된 FBV-1을 검증하기 위하여 PCR 증폭 산물에 대한 염기서열 분석을 실시하였다. 2024년 채취한 무화과 시료 14점의 cPCR 반응산물과 2025년 채취한 무화과 시료 30점의 cPCR 반응산물을 합친 총 44점에 대한 염기서열 분석을 Macrogen (Daejeon, Korea)에 의뢰하였다. 이에 대해 염기서열을 결정하였으며, National Center for Biotechnology Information (NCBI) Basic Local Alignment Search Tool for Nucleotide sequences (BLASTn)를 이용하여 상동성을 분석하였다.

RT-PCR 진단으로 검출된 FBV-1을 검증하기 위하여 PCR 증폭 산물에 대한 염기서열 분석을 실시하였다. 2024년과 2025년에 채취한 무화과나무 시료 82점의 RT-PCR 반응산물 중, Table 2처럼 지역별로 골고루 나누어 총 시료 47점에 대한 염기서열 분석을 Macrogen에 의뢰하여 염기서열을 결정하였다. cPCR 및

RT-PCR로 결정된 염기서열에 대해, NCBI BLASTn을 이용하여 상동성을 분석하였다.

염기서열의 유연관계는 MEGA 7 software program (Kumar et al, 2016)을 활용하여 조사하였으며, 구체적으로 1,000 bootstrap 방식의 Maximum Likelihood 통계 방법과 Kimura 2-parameter model을 활용하였다. 이번 조사에서 확보된 염기서열 중 중복된 서열을 제외한 17점(Table 2 참조)과 NCBI에서 조사한 FBV-1 43점의 염기서열에 대해 유연관계를 분석하였다.

결 과

바이러스 cPCR 진단 결과. 국내 무화과나무의 FBV-1의 감염 여부를 조사하기 위하여 채집한 시료 44점에 대하여 cPCR 진단을 실시하였다. 진단을 위하여 종 특이적 프라이머 FBV-1 (1094F/1567R)을 사용하였다. 증폭된 cPCR 산물의 전기영동 결과, 44점 모두 동일한 크기의 증폭 산물을 확인할 수 있었다.

바이러스 RT-PCR 진단 결과. 국내 무화과나무의 FBV-1의 감염 및 활동성 여부를 조사하기 위하여 2024년 채집한 시료 52점에 대하여 RT-PCR을 실시하였다. 진단을 위하여 종 특이적 프라이머 FBV-1 (1094F/1567R)을 사용하였다. 증폭된 PCR 산물의 전기영동 결과, 2024년 채집한 52점 모두 동일한 크기의 증폭 산물을 확인할 수 있었다(Figs. 2, 3).

2025년 채집한 시료 30점에 대하여 RT-PCR 및 cPCR을 실시하였다. 진단을 위하여 종 특이적 프라이머 FBV-1 (1094F/1567R)을 사용하였다. 증폭된 PCR 산물의 전기영동 결과, 2025년 채집한 30점 모두 동일한 크기의 증폭 산물을 확인할 수 있었다(Figs. 4, 5).

무화과나무 검출 바이러스 FBV-1 검증 및 상동성 분석. PCR 진단으로 검출된 바이러스를 검증하기 위하여 Table 2처럼 샘플에서 분리된 핵산들의 염기서열을 결정하였다. 결정한 염기서열은 미국에서 보고된 CA 37 P2 gene 분리주(JN050882) 및 이란에서 보고된 F15 분리주(KT809303) 등과 100%의 뉴클레오타이드 상동성을 나타내었다. 또한 동일 지역별로 중복되는 염기서열을 제외하고 MEGA 7 프로그램의 maximum likelihood method에 의

Table 2. Cultivars, availability of facilities, FBV-1 presence, symptom of *Ficus carica* samples from Yeongam-gun, Seogwipo-si, Jeju-si, Shinan-gun, Goseong-gun, Miryang-si in 2024 and Seogwipo-si, Jeju-si, Gyeongju-si in 2025

No.	Sample for 2024	Sample for 2025	Cultivar	Availability of facilities	PCR/sequencing/FBV-1 presence		Symptom
					cPCR	RT-PCR	
1	24YAFi01		Masui Dauphine	+		+	-
2	24YAFi02		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
3	24YAFi03		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
4	24YAFi04		Masui Dauphine	+	+/+/+	+	-
5	24YAFi05		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
6	24YAFi06		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
7	24YAFi07		Masui Dauphine	-		+	+
8	24YAFi08		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
9	24YAFi09		Masui Dauphine	-		+	-
10	24YAFi10		Masui Dauphine	+	+/+/+	+	-
11	24YAFi11		Masui Dauphine	-		+	-
12	24YAFi12		Masui Dauphine	-		+	-
13	24YAFi13		Masui Dauphine	-		+	-
14	24YAFi14		Masui Dauphine	-		+	-
15	24YAFi15		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
16	24YAFi16		Masui Dauphine	-		+	-
17	24YAFi17		Masui Dauphine	-		+	-
18	24YAFi18		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
19	24YAFi19		Masui Dauphine	-		+	-
20	24YAFi20		Masui Dauphine	-		+	-
21	24YAFi21		Masui Dauphine	-	+/+/+	+/+/+	-
22	24YAFi22		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
23	24YAFi23		Masui Dauphine	-		+	-
24	24YAFi24		Masui Dauphine	+		+	-
25	24YAFi25		Masui Dauphine	-		+	-
26	24YAFi26		Banane	-	+/+/+	+	-
27	24YAFi27		Masui Dauphine	-	+/+/+	+/+/+	-
28	24YAFi28		Masui Dauphine	-		+	-
29	24YAFi29		Masui Dauphine	-		+	-
30	24YAFi30		Banane	-		+	-
31	24YAFi31		Banane	-		+	-
32	24SGPFi01		Masui Dauphine	-		+	-
33	24SGPFi02		Masui Dauphine	-		+	-
34	24SGPFi03		Masui Dauphine	-		+	+

Table 2. Continued

No.	Sample for 2024	Sample for 2025	Cultivar	Availability of facilities	PCR/sequencing/FBV-1 presence		Symptom
					cPCR	RT-PCR	
35	24SGPFi04		Masui Dauphine	-		+	-
36	24SGPFi05		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
37	24JJFi01		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
38	24JJFi02		Masui Dauphine	-	+/+/+	+/+/+	-
39	24JJFi03		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
40	24JJFi04		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
41	24JJFi05		Masui Dauphine	+		+	-
42	24JJFi06		Masui Dauphine	-		+	-
43	24JJFi07		Masui Dauphine	-		+	-
44	24JJFi08		Masui Dauphine	-	+/+/+	+	-
45	24JJFi09		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
46	24JJFi10		Masui Dauphine	-		+/+/+	-
47	24JJFi11		Masui Dauphine	-	+/+/+	+/+/+	-
48	24SAFi01		Masui Dauphine	+		+/+/+	-
49	24GSGNFi01		Bordissot negra RIMADA	+		+/+/+	+
50	24GSGNFi02		Unknown	+		+/+/+	+
51	24MYFi01		Masui Dauphine	+		+/+/+	-
52	24MYFi02		Masui Dauphine	+		+/+/+	+
53		25SGPFi01-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
54		25SGPFi01-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
55		25SGPFi01-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
56		25SGPFi02-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
57		25SGPFi02-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
58		25SGPFi02-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
59		25SGPFi03-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
60		25SGPFi03-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
61		25SGPFi03-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
62		25SGPFi04-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
63		25SGPFi04-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
64		25SGPFi04-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
65		25SGPFi05-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
66		25SGPFi05-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
67		25SGPFi05-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
68		25SGPFi06-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
69		25SGPFi06-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-

Table 2. Continued

No.	Sample for 2024	Sample for 2025	Cultivar	Availability of facilities	PCR/sequencing/FBV-1 presence		Symptom
					cPCR	RT-PCR	
70		25SGPFi06-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
71		25SGPFi07-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
72		25SGPFi07-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
73		25SGPFi07-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
74		25SGPFi08-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
75		25SGPFi08-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
76		25SGPFi08-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
77		25JJFi01-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
78		25JJFi01-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
79		25JJFi01-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
80		25GJGBFi01-1	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
81		25GJGBFi01-2	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-
82		25GJGBFi01-3	Unknown	-	+/+/+	+/+/+	-

FBV-1, *Badnavirus fici*; PCR, polymerase chain reaction; cPCR, conventional polymerase chain reaction; RT-PCR, reverse transcription-polymerase chain reaction; YAFi, Yeongam-gun (Jeollanam-do); SGPFi, Seogwipo-si (Jeju-do); JJFi, Jeju-si (Jeju-do); SAFi, Shinan-gun (Jeollanam-do); GSGNFi, Goseong-gun (Gyeongsangnam-do); MYFi, Miryang-si (Gyeongsangnam-do); GJGBFi, Gyeongju-si (Gyeongsangbuk-do).

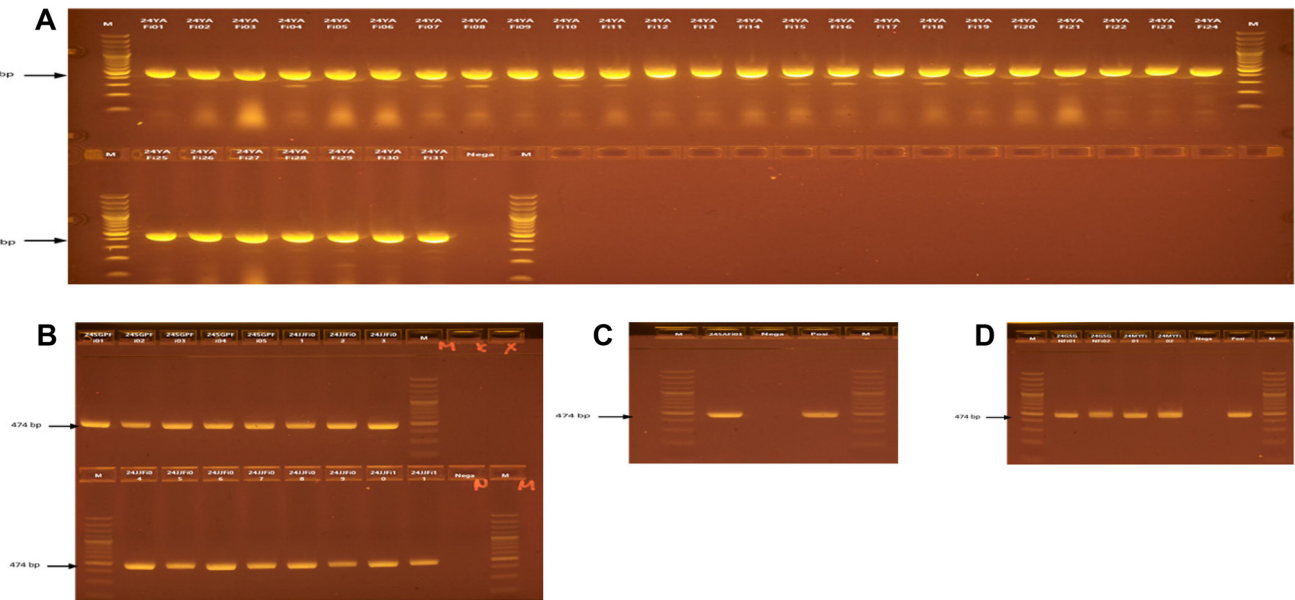


Fig. 2. *Badnavirus fici* (FBV-1) detection using the FBV-1 specific primer sets for reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) in 2024. Agarose gel electrophoresis of RT-PCR from fig tree using the specific primer sets of FBV-1. FBV-1 isolated (A) Yeongam-gun, (B) Seogwipo-si, Jeju-si, (C) Sinana-gun, and (D) Goseong-gun, Miryang-si. M: size marker (100 bp DNA ladder).

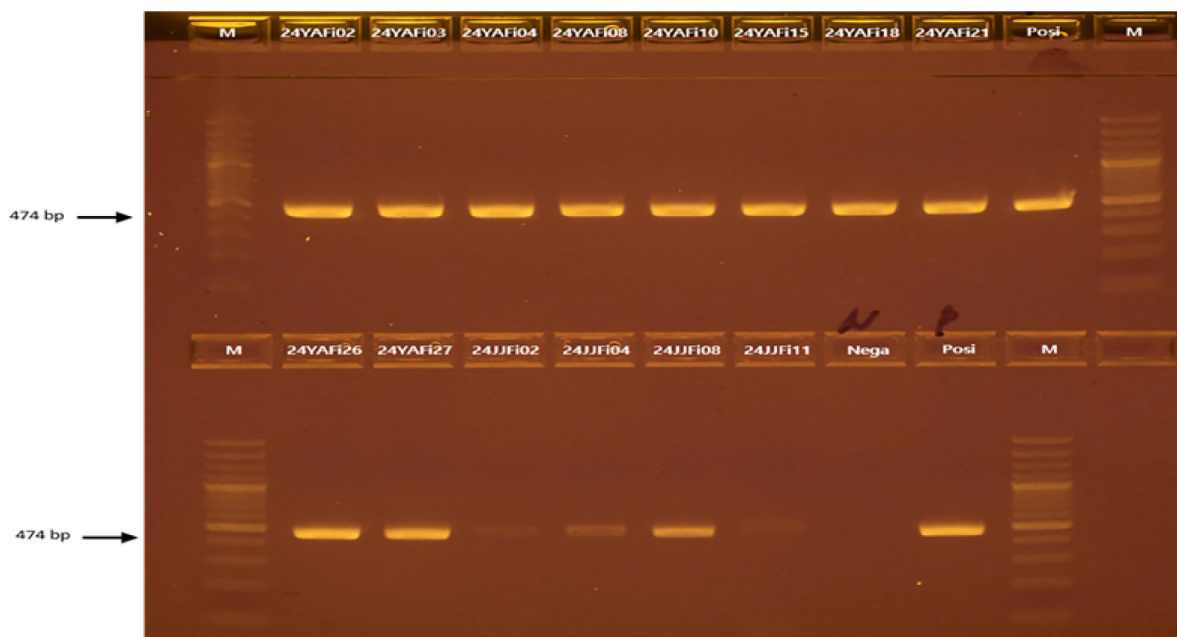


Fig. 3. *Badnavirus fici* (FBV-1) detection using the FBV-1 specific primer sets for conventional polymerase chain reaction (cPCR) in 2024. Agarose gel electrophoresis of cPCR from fig tree using the specific primer sets of FBV-1. FBV-1 isolated Yeongam-gun and Jeju-si. M: size marker (100 bp DNA ladder).

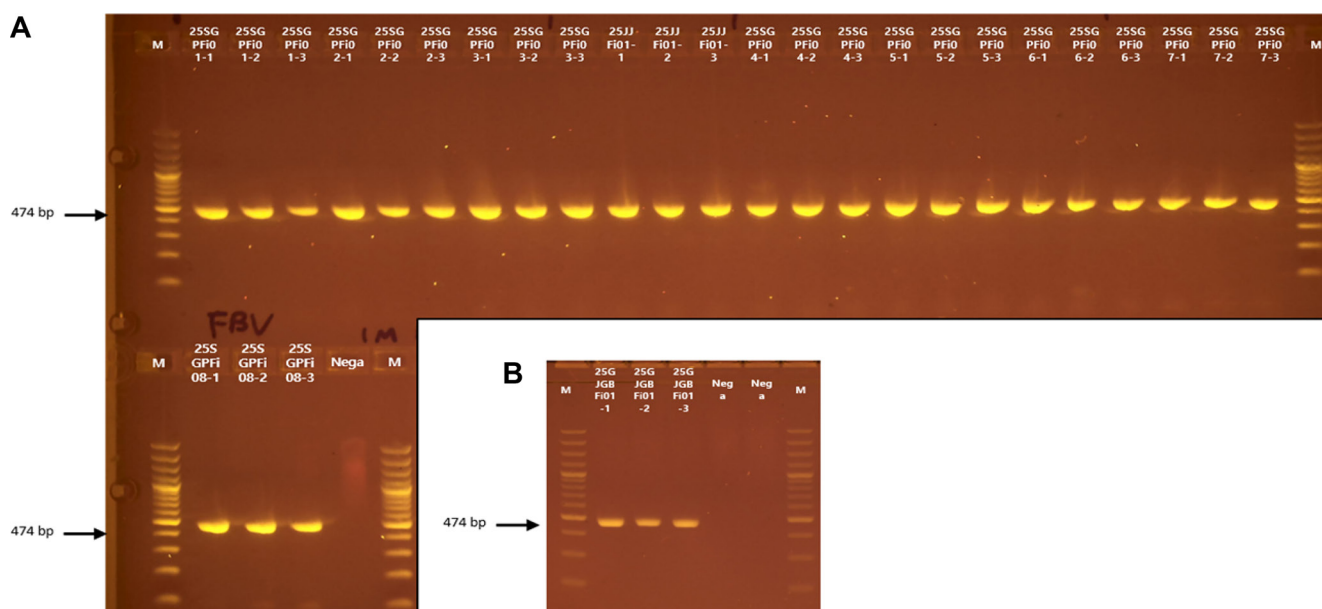


Fig. 4. *Badnavirus fici* (FBV-1) detection using the FBV-1 specific primer sets for conventional polymerase chain reaction (cPCR) in 2025. Agarose gel electrophoresis of cPCR from fig tree using the specific primer sets of FBV-1. FBV-1 isolated (A) Seogwipo-si and (B) Gyeongju-si. M: size marker (100 bp DNA ladder).

한 계통 분석 결과, 품종 미상인 시험구 및 Banane 품종 등을 제외한 Masui Dauphine 품종에서 검출된 FBV-1은 대부분 가까운 유연관계로 연결되는 것을 확인하였다(Fig. 6).

무화과나무의 FBV-1 감염 실태. 대한민국 무화과 주산지 등의 무화과나무 채취 시료 82점에 대해 FBV-1 진단 결과, 82점 모두 RT-PCR에서 동일한 증폭 산물을 확인하였으며, 이 중 지역별로 임의로 선정한 증폭 산물 47점 모두에서 FBV-1과 상동

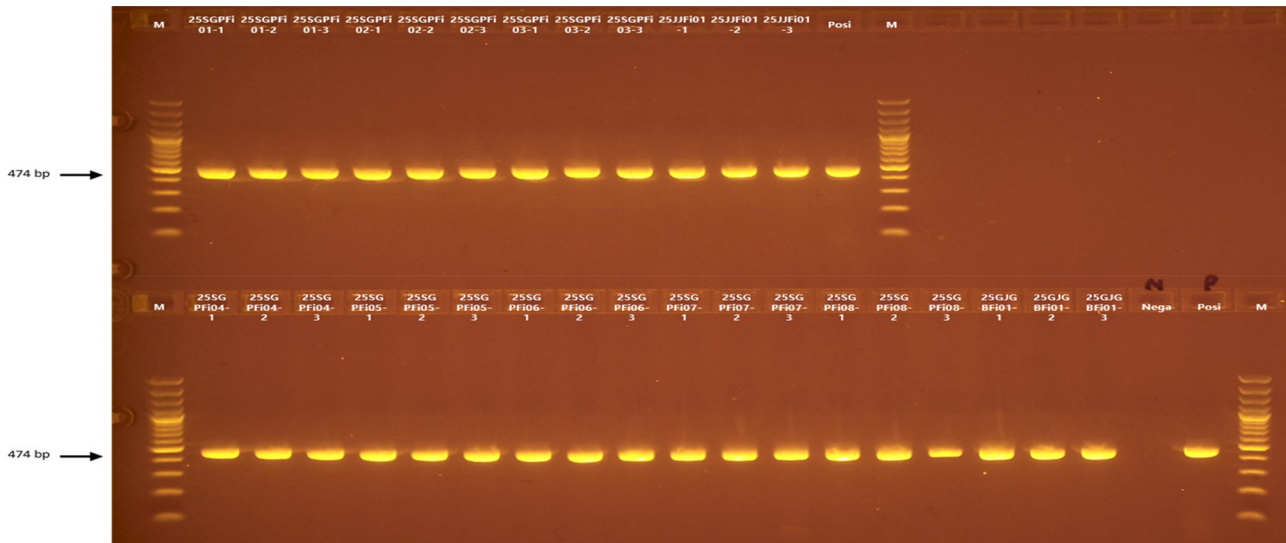


Fig. 5. *Badnavirus fici* (FBV-1) detection using the FBV-1 specific primer sets for reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) in 2025. Agarose gel electrophoresis of RT-PCR from fig tree using the specific primer sets of FBV-1. FBV-1 isolated Seogwipo-si and Gyeongju-si. M: size marker (100 bp DNA ladder).

성이 100%인 염기서열이 검출되었고, cPCR을 진행한 44개 시료 모두에서 *B. fici*와 상동성이 높은 염기서열이 검출되어, 국내에서 분석한 염기서열이 기존 FBV-1과 동일 클러스터에 속하는 것으로 나타났다. 따라서, 우리나라 무화과 주산지를 포함한 전남 영암군, 제주 서귀포시, 제주시, 전남 신안군, 경남 고성군과 밀양시, 경북 경주시 등의 모든 시료 채집 농가인 무화과 농가포장별로 상동성이 높은 FBV-1이 검출되는 것을 확인하였다.

고찰

국내 무화과나무에 발생하는 FBV-1의 감염 실태 및 활동성을 구명하기 위하여 국내 무화과 주산지인 전남 영암군을 포함한 제주 서귀포시, 제주시, 전남 신안군, 경남 고성군과 밀양시, 경북 경주시 등의 62개소 82점의 시료를 채집하여 cPCR 및 RT-PCR을 실시하였다. 무화과나무 시료 82점 중 44점에 대하여 cPCR 진단을 실시하고, 82점에 대하여 RT-PCR 진단을 수행한 결과, 국내 무화과 주산지를 포함한 7개 시군에 FBV-1에 감염되어 있는 것으로 추정된다.

샘플 채취된 무화과나무는 증상과 무증상에 상관없이 무작위 채취된 샘플로 구성되어 있으므로, 무화과의 FBV-1 피해 증상 유무에 상관없이 모든 무화과에 FBV-1이 감염되어 있는 것으로 볼 수 있다. 무화과나무의 병 감염 증상은 미국(Laney 등, 2012), 이란(Alishiri 등, 2018) 등에서 보고한 무병징과 유사하나, 이란(Alishiri 등, 2016)에서 보고한 바이러스의 병징인 모자이크, 퇴색성 얼룩 증상과는 다소 다르며, 거의 대부분 무증상

시료들이었다.

무화과나무에서 검출된 FBV-1의 매개체는 아직 밝혀지지 않았으나, *Badnavirus*속 바이러스는 보통 가루깍지벌레가 매개하고, 진딧물이 매개하는 경우도 보고되어 있다(Bhat 등, 2016; Laney 등, 2012). 무화과나무에서 FBV-1의 확산 방지와 무병묘 생산을 위하여 전염 양식 규명과 무병묘 검정이 신속하게 수행되어야 할 것으로 판단된다. FBV-1은 무화과나무의 게놈에 내재된 형태로 존재할 수 있고(Laney 등, 2012), 특정 조건에서 감염성 바이러스로 활성화될 수 있으므로 주의가 필요하다. 또한, 무화과에서 검출된 FBV-1의 cPCR 및 RT-PCR 결과가 반드시 무화과나무 세포 핵 내 염색체에 통합되었음을 의미한다거나 episomal 감염을 의미하는 것은 아니므로, 이에 대한 전체 게놈 시퀀싱 등 추가 연구가 필요하다.

본 연구에서 영암 등 무화과 주산지를 포함한 7개 시군의 82개 농가포장 모두에서 무화과나무의 FBV-1 바이러스 검출률이 100%인 것으로 보아, 국내 무화과나무에 널리 발생하고 있는 것으로 추정된다. 또한 국내 무화과나무에 널리 분포하고는 있고 무증상 작물이 대부분이나, 무화과 작물에 대한 피해 여부에 대해서는 추가 연구가 필요할 것으로 판단된다.

본 연구를 통하여 국내 무화과나무에 발생하고 있는 FBV-1의 감염 여부를 구명하였다. 이 연구는 국내 무화과나무의 FBV-1에 대한 검출 및 동정 보고이며, 무화과나무의 안정적 생산과 품질 향상에 기여할 수 있는 기초 자료로 이용될 수 있을 것으로 판단된다.

요약

본 연구는 국내 무화과나무의 *Badnavirus fici* 바이러스 감염 상태를 구명하기 위하여, 국내 무화과 주산지 등의 시험포장 및 농가포장 등에서 무작위로 시료 82점을 채집하였다. 이후 채집한 시료는 polymerase chain reaction 진단, 염기서열 분석에 사용하였다. 그 결과, 국내 무화과나무에서 *B. fici*를 동정하였다. 채집된 모든 시료는 *B. fici*에 모두 감염되어 있음을 확인하였다. 바이러스 검출률은 100%로 나타났다. 국내 무화과나무에서 검출된 *B. fici*의 염기서열 분석 결과, 이란과 미국에서 보고된 각각의 *B. fici* 분리주와 매우 높은 염색체 상동성(최대 100%)을 나타내었다. 본 논문은 국내 무화과나무에서 발견한 *B. fici*에 대한 검출 및 동정 보고이며, 무화과나무 바이러스 무병묘 생산을 위한 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대한다.

Conflicts of Interest

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

Acknowledgments

This work was supported by a grant (project no. PQ20234A014) from the Animal and Plant Quarantine Agency, Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs, Republic of Korea.

References

Alishiri, A., Rakhshandehroo, F., Jouzani, G. S. and Shams-Bakhsh, M. 2018. Exploring the genetic diversity and molecular evolution of fig badnavirus-1 from Iran. *J. Plant Pathol.* 100: 287-299.

Alishiri, A., Rakhshandehroo, F., Shams-Bakhsh, M. and Jouzani, G. S. 2016. Incidence and distribution of fig badnavirus 1 and mulberry badnavirus 1 on mulberry trees in Iran. *J. Plant Pathol.* 98: 341-345.

Bakewell-Stone, P. 2024. *Ficus carica* (common fig). CABI Compendium, Wallingford, England.

Bhat, A. I., Hohn, T. and Selvarajan, R. 2016. Badnaviruses: the current global scenario. *Viruses* 8: 177.

EPPO. 2025. EPPO Global Database. EPPO, Paris, France.

International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). 2024. International Committee on Taxonomy of Viruses. URL <https://ictv.global/> [13 August 2024].

Kumar, S., Stecher, G. and Tamura, K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol.*



Fig. 6. Phylogenetic analysis based on the nucleotide sequences of the movement protein generated using Maximum-likelihood method by MEGA 7 and bootstrap values on the branches represent the percentages out of 1,000 bootstrap replicates program. The Korean isolates are bolded and underlined.

- Biol. Evol.* 33: 1870-1874.
- Laney, A. G., Hassan, M. and Tzanetakis, I. E. 2012. An integrated badnavirus is prevalent in fig germplasm. *Phytopathology* 102: 1182-1189.
- Latinović, J., Radišek, S., Bajčeta, M., Jakše, J. and Latinović, N. 2019. Viruses associated with fig mosaic disease in different fig varieties in montenegro. *Plant Pathol. J.* 35: 32-40.
- Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA). 2024. Key Statistics of Agriculture, Food and Rural Affairs. MAFRA, Sejong, Korea. 11-1543000-000128-10.
- Preising, S., Borges, D. F., de Queiroz Ambrósio, M. M. and da Silva, W. L. 2021. A fig deal: a global look at fig mosaic disease and its putative associates. *Plant Dis.* 105: 727-738.
- The Korean Society of Plant Pathology. 2025. List of Plant Diseases in Korea. The Korean Society of Plant Pathology, Seoul, Korea.