

2

왜 세계적으로 중요한 바이러스인가?

인도에서는 1998년(Jain et al, 1998), 태국에서는 2008년(Chiemsoombat et al, 2008), 인도네시아에서는 2009년(Pappu and Druffel, 2009), 중국의 연남지역에서 2011년(Rao et al, 2011, 2013), 필리핀에서는 2012년(Relevante et al, 2012)에 보고 되었다.

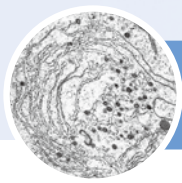
수박은색모틀바이러스는 일본이 원산지이며 아시아 국가들에서 확산을 하는 바이러스인데, 아메리카 대륙의 미국에서는 2010년에 미시시피 지역에서 발생을 보고하였다(Ali et al, 2012). 또한, 일부 남아메리카에서 발생한다는 보고가 있으나 정확하지 않다 (EPPO, 2016).

우리나라는 원산지 국가인 일본과 가장 가까운 국가이므로 최근의 농산물 수출입이 많이 이루어지므로 우리나라에 유입하여 발생할 가능성이 매우 높은 바이러스이기 때문에 국경검역에서 면밀하게 다루어져야 하고 농업현장에서도 수박 바이러스 발생 상황에 관심을 가져야 할 것이다.

3장

얼마나 진화하고 있는가?

1. 세계 발생 오소토스포바이러스의 유전자 군
2. 오소토스포바이러스들은 미주, 유라시아, 아시아 대륙 원산지로 구분
3. 우리나라 토마토반점위조바이러스TSWV의 진화
4. 봉선화괴저반점바이러스INSV의 유전적 분화
5. 중국 발생 고추 감염 수박은색모틀바이러스WSMoV 계통분화
6. 오소토스포바이러스의 혈청학적 구분



1. 세계 발생 오소토프바이러스의 유전자 군

오소토프바이러스(*Orthotospovirus*)들의 외피 단백질 유전자(nucleocapsid protein)의 분화를 유전자 염기서열 유연성으로 분석하여 보면 5개 군으로 구분이 되며 (Peng et al, 2014), 토마토반점위조바이러스(TSWV) 군과 수박은색모틀바이러스(WSMoV) 군이 가장 많이 분화하면서 진화하고 있다. 봉선화괴저반점바이러스(NSV)는 토마토반점위조바이러스 군과 별도로 분화하고 있으나 매우 밀접하다 (그림 III-1).

오소토프바이러스의 5개 분화 군 중에서 수박은색모틀바이러스 군과 토마토반점위조바이러스 군에는 각각 8종의 바이러스가 포함되어서 가장 분화가 많이 일어나는 바이러스군으로 중요한 바이러스들이라는 것을 알 수 있다. 다음은 각 군에 포함하는 바이러스 종을 표시하였다 (바이러스 한글명은 표 I-1 참조).

토마토반점위조바이러스 군 : TSWV, *Tomato spotted wilt virus* D13926, GRSV, *Groundnut ringspot virus* L12048, ANSV, *Alstroemeria necrotic streak virus* GQ478668, PNSV, *Pepper necrotic spot virus* HE584762, TCSV, *Tomato chlorotic spot virus* S54325, CSNV, *Chrysanthemum stem necrosis virus* AB600873, ZLCV, *Zucchini lethal chlorosis virus* AF067069, MeSMV, *Melon severe mosaic virus* EU275149,

봉선화괴저반점바이러스 INSV, *Impatiens necrotic spot virus* NC_003624

수박은색모틀바이러스 군 : WSMoV, *Watermelon silver mottle virus* U78734, WBNV, *Watermelon bud necrosis virus* EU249351, GBNV, *Groundnut bud necrosis virus* U27809, CaCV, *Capsicum chlorosis virus* NC_008301, CCSV, *Calla lily chlorotic spot virus* AY867502, TZSV, *Tomato zonate spot virus* NC_010489, MYSV, *Melon yellow spot virus*

AB038343, TNRV, *Tomato necrotic ringspot virus* FJ489600

붓꽃황화반점바이러스 군 : IYSV, *Iris yellow spot virus* AF001387, TYRV, *Tomato yellow ring virus* AY686718, HCRV, *Hippeastrum chlorotic ringspot virus* KC290943, PolRSV, *Polygonum ringspot virus* EF445397
콩엽맥 괴저바이러스 군 : SVNaV, *Soybean vein necrosis-associated virus* JF808214, BeNMV, *Bean necrosis mosaic virus* NC_018071

땅콩황화반점바이러스 군 : GYSV, *Groundnut yellow spot virus* AF013994, GCFSV, *Groundnut chlorotic fan-spot virus* AF080526

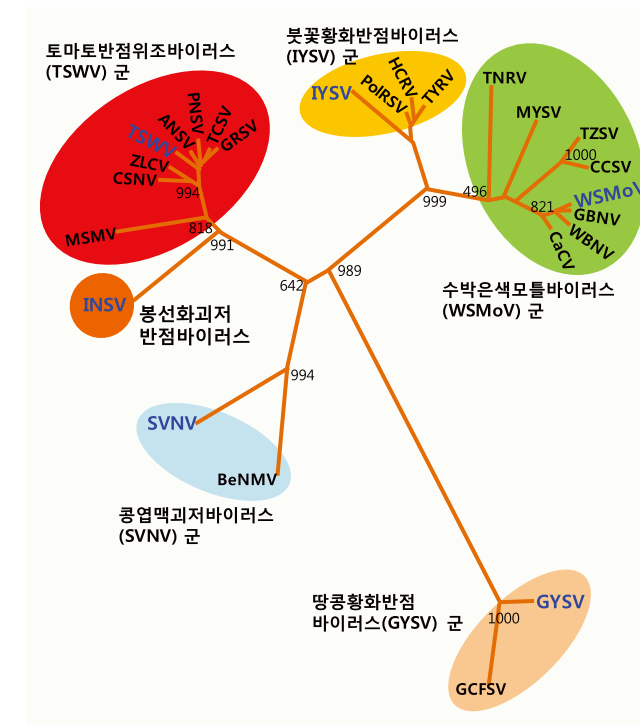
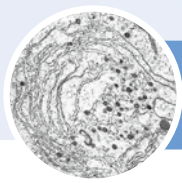


그림 III-1. 오소토프바이러스 *Orthotospovirus*의 유전자 N gene 분화 군과 유연성 바이러스 약어 한글명 표 I-1 참조



2. 오소토스포바이러스들은 미주, 유라시아, 아시아 대륙 원산지로 구분

오소토스포바이러스(*Orthotospovirus*)들의 진화를 보면 가장 먼저 발견된 토마토반점위조바이러스(*TSWV*)는 원산지가 호주이고, 봉선화괴저반점바이러스(*INSV*)는 처음 보고된 미국이 원산지이나, 이전에 호주(Samuel et al, 1930) 또는 뉴질랜드로 알려져 있다(Chamberland and Taylor, 1936). 또한 최근 수박은색모틀바이러스(*WSMoV*)는 1982년에 일본에서 처음 발견되었다(Iwaki et al, 1984). 오소토스포바이러스들에 대한 외피단백질 유전자(nucleocapsid protein)의 아미노산 염기서열 유연성을 보면(Hassnani-Mehraban et al, 2011), 발생 지역별로 미주대륙, 유라시아대륙, 아시아대륙으로 분화하는 것을 알 수 있다(그림 III-2).

토마토반점위조바이러스는 오세아니아 대륙, 봉선화괴저반점바이러스는 아메리카가 원산지이고, 수박은색모틀바이러스는 아시아 대륙이 원산지로 최초 발생 대륙이 전혀 다름에도 불구하고, 아시아 대륙에서는 수박은색모틀바이러스를 비롯하여 8종이 분화 원산지이며, 미주대륙에서는 호주가 원산지인 토마토반점위조바이러스를 비롯하여 8종이 분화 원산지이고, 유라시아 대륙에서는 붓꽃황화반점바이러스 등 3종이 분화 원산지로 구분된다. 모든 생물들의 진화와 마찬가지로 오소토스포바이러스 들도 대륙 별 분화와 진화가 일어나는 것을 알 수 있다.

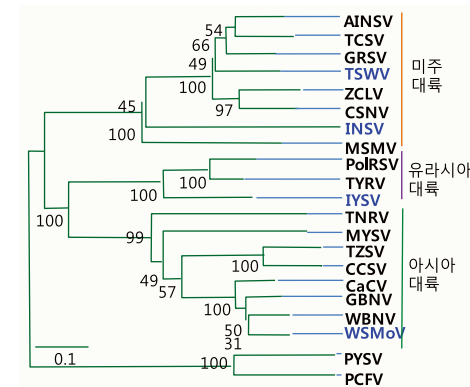


그림 III-2. 오소토스포바이러스(*Orthotospovirus*)의 유전자 유연성과 대륙 별 분화. PYSV/Peanut yellow spot virus, PCFV/Peanut chlorotic fan-spot virus. 바이러스 약어 한글명 표 1-1 참조.

3. 우리나라 토마토반점위조바이러스(*TSWV*)의 진화

토마토반점위조바이러스(*TSWV*) 발생 초기인 2003년 충남 예산 파프리카에 처음 발생한 후 2004년 ~ 2006년 경기 안양지역에서 대 발생하였고 충남 지역을 중심으로 확산되었다. 초기에 발생한 토마토반점위조바이러스의 경기 안양과 당진 지역에서 감염 기주 식물 별 바이러스의 유전적 유연성을 보면(Cho et al, 2009).

바이러스의 유전자 분화는 외피단백질의 아미노산 염기서열 분석에서는 감염 식물과 관계없이 발생 지역 별로 유전자 유연성이 안양과 당진 지역이 별도로 분화된 것을 알 수 있으며, 또한 2003년 최초 발생한 예산 분리주도 별도로 분화된 것을 알 수 있다.

토마토반점위조바이러스의 핵단백질 유전자 염기서열을 비교하여 보면, 경기와 충남의 지역적 분화는 외피단백질 아미노산 염기서열과 동일하였다. 그러나 안양지역에 발생한 토마토반점위조바이러스는 일본산 바이러스와 동일군에 속하는 것을 알 수 있으며, 충남 당진과 예산 발생 바이러스는 유럽산 바이러스와 동일군으로 볼 수 있기 때문에 우리나라에 유입된 바이러스는 일본과 유럽에서 유입된 후 지역별로 분화하는 것을 알 수 있다(그림 III-3).

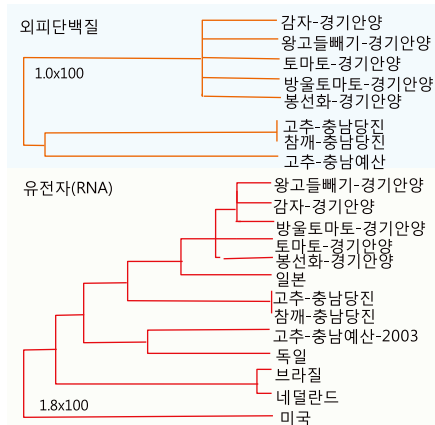
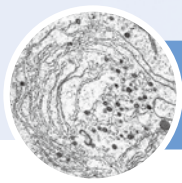


그림 III-3. 우리나라 발생 초기 2003~2005년 토마토반점위조바이러스 TSWV의 유전자 분화.

우리나라 토마토반점위조바이러스 급속 확산기의 분화 : 2008년부터 2011년까지의 바이러스 유전자 분화는 초기 발생과 비교하여 흥미로운 진화 연구이다(Choi et al, 2012). 우리나라 초기 발생 시기의 토마토반점위조바이러스 TSWV 유전자 분화는 일본과 유럽에서 유입 후 발생 지역 별로 일어났으나(그림 III-3), 급속 확산 시기에는 발생 지역별 뿐만 아니라 감염 식물의 종류에 함께 바이러스가 분화하고 있는 것을 알 수 있다(그림 III-4). 토마토반점위조바이러스가 최초 발생한 충남 지역은 예산, 서산 지역과 청양 지역으로 분화하고 있으며, 서산과 예산 지역의 바이러스들은 기주 종류와 상관없이 동일한 군에 속한다. 2008년 ~ 2011년 우리나라의 토마토반점위조바이러스 총 13개 분리주에 대한 전체 RNA염기서열을 분석한 결과 크게 3개의 그룹으로 분화하였다. 그룹 A의 경우 RNA 염기서열 결과와 동일하게 총 8개의 분리주로 구성되었고 충남, 전남, 경남 지역의 분리주가 포함되었으며, Group B의 2개 분리주는 전남지역이며, Group C의 3개 분리주는 전남과 충남지역이다. 지역별 분화를 보면 충남, 전남 지역의 분리주들이 유전적 분화를 많이 하고 있고 이 지역들은 토마토반점위조바이러스의 발생 시기와 발생량이 많은 지역이었기 때문이다.

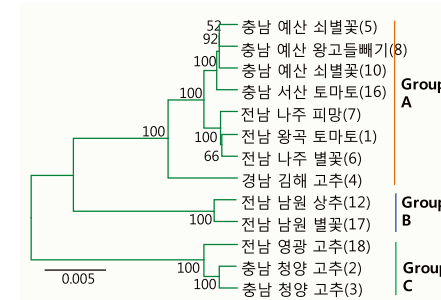


그림 III-4. 우리나라 발생 토마토반점위조 바이러스 TSWV 분리주의 전체 RNA 염기서열의 유전자 유연성 (2008~2011).

우리나라 전국 지역별로 수집한 13개 토마토반점위조바이러스 분리주의 유전자 분화를 splitstree 프로그램을 이용하여 계통수를 보면(그림 III-5), 전남 지역에 발생한 바이러스들의 경우에도 나주와 왕곡, 남원, 그리고 영광 지역으로 발생 지역별로 분화하고 있으며, 감염 기주 종류를 보면 나주와 왕곡의 피망, 별꽃, 남원의 상추와 별꽃, 영광의 고추로 구분되어 진화하고 있음을 알 수 있다(Choi et al, 2012).

경남 김해의 고추 감염 토마토반점위조바이러스는 별도의 진화를 하고 있는데, Group C는 고추 단독, Group A는 고추 감염주가 별도로 진화를 하고 있다. 토마토, 피망, 잡초류 분리주들은 Group A의 아군으로 분화하고 있는 것으로 보인다. 남원지역의 별꽃과 상추 분리주는 Group B로 별도로 분화하고 있다.

우리나라 토마토반점위조바이러스 발생 초기의 분리주들과 유전자 분화 분석이 되지 못하여 이쉽지만, 앞으로 많은 토마토반점위조바이러스 분리주들에 대하여 지역별, 기주별 유전자 분화 연구가 이루어 진다면 흥미로운 진화 양상을 명확히 알 수 있을 것이다.

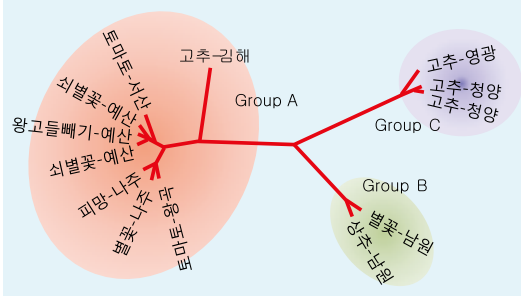
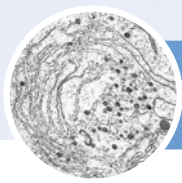


그림 III-5. 토마토반점위조바이러스 TSWV의 지역 및 기주 별 분리주의 유전자 분화(2008~2011).

우리나라 토마토반점위조바이러스의 부모 바이러스 : 우리나라 발생 토마토 반점위조바이러스 TSWV 분리주들에 대하여 유전자 재조합 *recombination*을 총 4개의 프로그램 RDP, GENECONV, Bootscan, 3Seq으로 분석하였다(Choi et al, 2012). 충남 청양 고추 TSWV 2, 3 분리주에 재조합 염기서열이 존재하였고, 전남 남원 별꽃과 상추 TSWV-17, 12 분리주에 재조합 염기서열이 존재하였다 (표 III-1).

토마토반점위조바이러스 유전자 분화의 부모 염기서열 *parental sequence*은 충남 예산 쇠별꽃 TSWV 10과 전남 왕곡 토마토 TSWV 1, 경남 김해 고추 TSWV 4인 것을 알 수 있다. 따라서 우리나라에 발생하는 토마토반점위조바이러스는 초기 2003년 ~ 2005년의 결과인 지역적 분화 아래에서 기주 식물 별 분화하였고, 이와 같은 분화 현상은 최근 2008년 ~ 2011년에 발생한 분리주들의 유전자 분화와 동일하였다(Choi et al, 2012). 우리나라 토마토반점위조바이러스의 최초 발생지인 충남, 그리고 확산지인 전남, 경남으로 지역적인 유전자 분화를 하고 있으며, 고추에 감염하는 토마토반점위조바이러스 들은 유전적 분화가 다양하게 일어나고 있다는 것을 알 수 있다.

표 III-1. 우리나라 토마토반점위조바이러스 TSWV의 유전자 분화의 부모 바이러스 발생지역과 감염 식물 종류의 영향

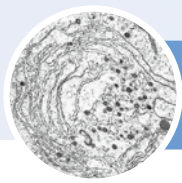
구분	GENE CONV	Boot scan	Max chi	Chimera	Siscan
Major parental sequence	전남 나주 별꽃	충남 예산 쇠별꽃	경남 김해 고추	경남 김해 고추	충남 예산 쇠별꽃
Minor parental sequence	전남 남원 별꽃	전남 남원 별꽃	충남 청양 고추	충남 청양 고추	전남 남원 별꽃
Recombinant sequence	충남 청양 고추	충남 남원 별꽃	전남 남원 별꽃	전남 남원 별꽃	충남 청양 고추

4. 봉선화괴저반점바이러스 NSV의 유전적 분화

최초 발생지인 뉴질랜드에서 분화는 1936년 뉴질랜드에서 존재 가능성이 이미 보고 되었으며 Chamberland and Taylor, 또한 1930년에는 이웃나라인 호주에서 존재 가능성을 제기한 바 있다(Samuel et al, 1930). 뉴질랜드에서 처음 발생 후 70년 후인 2009년 뉴질랜드에서 전국에 걸쳐 감염 시료를 채집하여 유전자 분화와 진화를 보았다(Elliott et al, 2009).

뉴질랜드에서 식물 별 감염한 봉선화괴저반점바이러스 NSV 분리주들의 분화는 아마 리리스 등 대부분의 식물에 감염한 바이러스들은 동일한 범위에서 유전자 분화를 하고 있었으나, 뉴질랜드 내에서도 기주가 다른 봉선화 감염 바이러스는 유전자 분화가 다르게 나타나는 것을 알 수 있고 오히려 봉선화괴저반점바이러스는 최초 발생지인 미국의 봉선화, 스키잔서스의 감염 바이러스와 동일한 분화를 하고 있어서, 원산지가 뉴질랜드라는 것을 뒷받침하고 있다(그림 III-6).

또한 뉴질랜드에 발생하는 봉선화괴저반점바이러스는 일본, 이탈리아, 네덜란드 등 유럽과 아시아에서 발생하는 바이러스와 유사하게 분화하는 것을 알 수 있다.



따라서 봉선화괴저반점바이러스의 분화는 원산지에서 진화를 하면서, 또한 대륙 별 감염 기주 식물 종류와 함께 분화와 진화를 하는 것을 알 수 있다. 한편, 토마토반점위조바이러스TSWV와 봉선화괴저반점바이러스는 유전자 유연성이 매우 다르다.

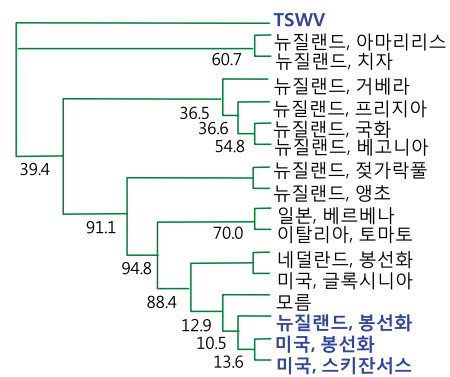


그림 III-6. 뉴질랜드 발생 봉선화괴저반점바이러스의 유전자 분화.

미국 캘리포니아는 미국의 상추 소비 물량의 77%를 생산하는 중요한 지역인데, 캘리포니아 사리나스 Salinas 지역의 상추에서 그 동안 토마토반점위조바이러스TSWV만이 발생하였으나 2006년에 봉선화괴저반점바이러스INSV가 발생하기 시작하여 6년 후인 2012년에 매우 심각하게 발생하였다. 두 종의 바이러스 발생 양상을 보면 토마토반점위조바이러스는 지역적 분포가 한정되어 있으나 봉선화괴저반점바이러스는 광범위하게 발생하여 경제적 피해가 매우 컸다. 봉선화괴저반점바이러스의 핵단백질 외피 유전자의 염기서열과 세계에서 보고된 봉선화괴저반점바이러스와의 유전자 분화를 비교하였다 (Kuo et al, 2014).

캘리포니아에서 재배되는 상추에 감염된 봉선화괴저반점바이러스 상추 감염주인 상추-L1, L-Beck, L-Gonzales, L-Benedix는 다른 지역과 달리 별도의 군을 형성하여 바이러스 유전자가 기주 종류 및 지역적으로 분화하는 것을 알 수 있다.

또한 중국과 일본 분리주는 매우 유연관계가 먼 것을 알 수 있으며, 이탈리아 발생 분리주는 중국과 일본 분리주와 오히려 유연성이 높아 바이러스의 이동성이 큰 것을 알 수 있다 (그림 III-7).

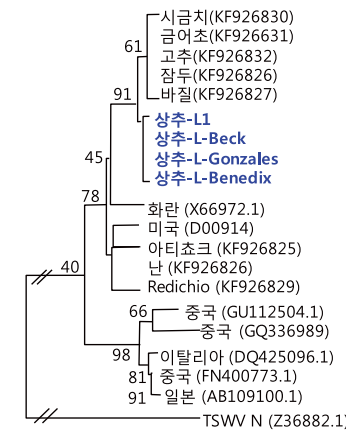
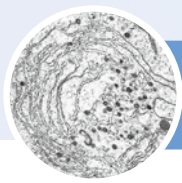


그림 III-7. 미국 캘리포니아 상추 발생 봉선화괴저반점바이러스INSV의 유전자 분화.

5. 중국 발생 고추 감염 수박은색모틀바이러스WSMoV 계통분화

수박은색모틀바이러스WSMoV은 수박, 박 등 박과작물에 주로 발생하지만, 가지과 작물인 고추에서 처음으로 2014년 중국에서 발생하였다. 고추의 감염 증상은 잎에 괴저, 퇴록 원형반점을 일으키므로 토마토반점위조바이러스의 증상과 거의 동일하다(Tang and He, 2015).

2014년 중국 광둥성의 고추에서 발생한 수박은색모틀바이러스의 유전자L RNA 염기서열 분석 결과, 중국 광주에 발생한 바이러스와 유전자 염기서열의 상동성이 97.5%로 가장 유사하였다 (그림 III-8). 중국에서 발생한 수박은색모틀바이러스는 타이완과 러시아에서 발생한 바이러스와 유사성이 그 다음으로 높다.



다른 오소토프바이러스 *Orthotospovirus* 들은 각각 별도의 유전자 유연성을 갖고 있으며, 수박은색모틀바이러스는 일본이 원산지이기 때문에 일본 분리주와 유사성 검정을 하지 않아 이렇지만 중국은 대만 유입가능성이 높다.

중국에 2013년 처음 발생한 수박은색모틀바이러스는 박과작물에서 가지과 작물로 병원성 변이가 급속히 일어나 바이러스 진화가 활발하다는 것을 알 수 있다. 따라서 수박은색모틀바이러스가 우리나라에 유입될 경우 경제적으로 매우 중요한 박과 작물과 가지과 작물에 피해 발생이 우려된다.

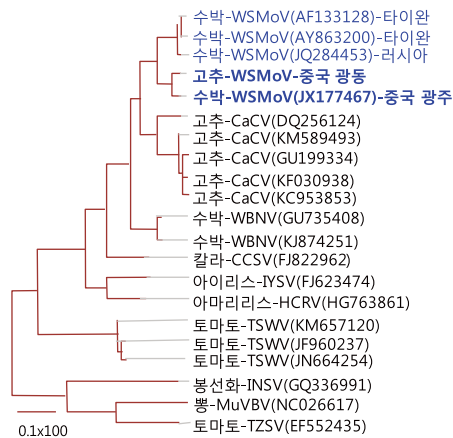


그림 III-8. 수박은색모틀바이러스 WSMoV의 중국 발생 분리주의 유전자 유연성.

6. 오소토프바이러스의 혈청학적 구분

식물 바이러스는 핵산과 이를 둘러싸고 있는 단백질로 구성되어 있으며, 혈청학적 구분은 바이러스 단백질 특이성의 차이를 나타내며, 각각의 군에 속한 바이러스들은 혈청학 방법으로 진단이 가능하다 (표 III-2).

오소토프바이러스 *Orthotospovirus* 중에서 토마토반점위조바이러스 TSWV는 항혈청 I 군 serogroup I 에 속하며, 토마토퇴록반점바이러스 TCSV와 땅콩 원형반점

바이러스 GRSV는 항혈청 II 군에 속하고, 봉선화괴저반점바이러스 INSV는 항혈청 III 군에 속하므로, 항혈청으로 바이러스 종 구분이 가능하다. 또한 TCSV와 GRSV는 각각 아 단위의 Type 1과 2로 구분되어 바이러스의 외피단백질 특성이 서로 다르다는 것을 알 수 있다 (Richard M. Elliott, 1990).

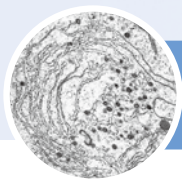
표 III-2. 오소토프바이러스 *Orthotospovirus*의 혈청학적 분류

바이러스 명	항혈청군	항혈청아군
토마토반점위조바이러스 TSWV	I	
토마토퇴록반점바이러스 TCSV	II	Type 1
땅콩원형반점바이러스 GRSV		Type 2
봉선화괴저반점바이러스 INSV	III	

6.1 혈청학적 분류 군과 핵산, 외피단백질 유연성

오소토프바이러스 *Orthotospovirus*의 유전자 분화군은 토마토반점위조바이러스군을 포함하여 5개 군과 봉선화괴저반점바이러스 INSV로 구분하는데 토마토반점위조바이러스 군에는 토마토반점위조바이러스 TSWV, 땅콩원형반점바이러스 GRSV, 토마토퇴록반점바이러스 TCSV 등 8종의 바이러스가 포함된다. 토마토반점위조바이러스 군에 속하는 TSWV, GRSV, TCSV 3종의 오소토프바이러스는 혈청학적 구분에서 TSWV는 항혈청 I군 이고, GRSV와 TCSV는 항혈청 II군이며, 유전자 유연성이 다른 봉선화괴저반점바이러스는 항혈청 III군이다 (Avila et al, 1993).

오소토프바이러스인 토마토반점위조바이러스, 땅콩원형반점바이러스, 토마토황화반점바이러스와 혈청학적 유연성과 유전자 유연성의 상관을 보면, 핵산 RNA의 비 번역 부위의 염기서열은 봉선화괴저반점바이러스가 48%(좌), 번역 부위의 염기서열은 57%이었으며(중), 외피단백질의 아미노산 염기서열은



55%이었다(우). 따라서 봉선화괴저반점바이러스는 유전자 유연성을 볼 때 48~55%로 다른 항혈청 군serotype의 Type I과 II의 외피단백질 특성이 매우 다르다 (그림 III-9).

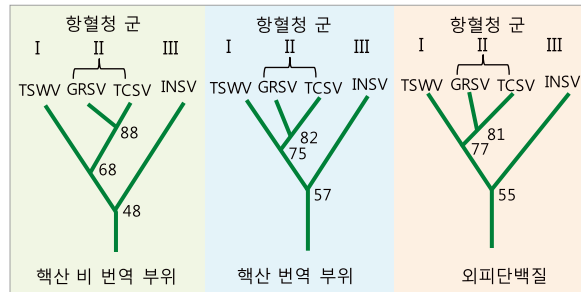


그림 III-9. 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus*의 항혈청 군과 유전자 분화.

오소토스포바이러스 *Orthotospovirus*들이 전세계적으로 발생함에 따라 유전적 특성과 항혈청 특성이 연구되어 왔으며(Kato et al, 2000), 항혈청 군과 유전자 분화 군(Peng et al, 2014)을 비교하여 설명한다 (그림 III-10 ~ III-13).

유전자 분화에서 토마토반점위조바이러스 군에는 토마토반점위조바이러스 *TSWV*가 항혈청 I군, 땅콩원형반점바이러스 *GRSV*와 토마토퇴록바이러스 *TCSV*가 항혈청 II군, 별도의 바이러스인 봉선화괴저반점바이러스 *INSV*가 항혈청 III군이다 (그림 III-10).

토마토반점위조바이러스 군에서 아직 확인되지 않은 바이러스들은 아마도 항혈청 I, II 군에 속할 것으로 생각되며, 특히 분화가 먼 멜론심한모자이크바이러스 *MSMV*는 별도의 항혈청 군일 가능성이 크다.

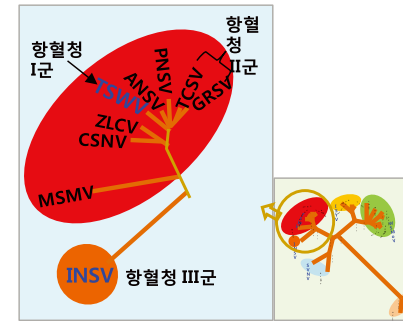


그림 III-10. 토마토반점위조바이러스 *TSWV* 항혈청 군(좌)과 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus* 유전자 분류군(우), 바이러스 약어 표기 참조.

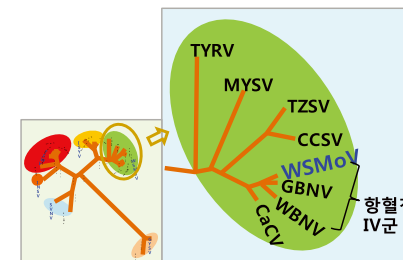


그림 III-11. 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus* 유전자 분류군(좌)과 수박은색모틀바이러스 *WSMoV* 항혈청 군(우), 바이러스 약어 표기 참조.

수박은색모틀바이러스 *WSMoV*는 항혈청 IV군으로 구분되는데, 이 바이러스의 유전자 분화군에서 가장 유연성이 높은 수박순괴저바이러스 *WBNV*와 땅콩순괴저바이러스 *GBNV*는 동일한 항혈청 IV군에 속한다 (그림 III-11).

수박은색모틀바이러스와 유전자 분화가 비교적 먼 토마토원형반점바이러스 *TZSV*와 칼라나리퇴록반점바이러스 *CCSV*, 멜론황화반점바이러스 *MYSV*, 그리고 토마토황화원형반점바이러스 *TYRV*는 3개의 항혈청 아군으로 구분될 것으로 보인다.

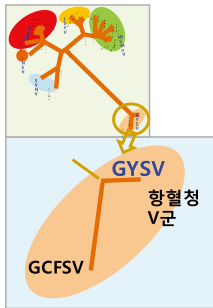
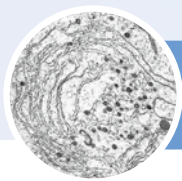


그림 III-12. 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus* 유전자 분류군(상)과 땅콩황화반점바이러스 *GYSV* 항혈청 군(하). 바이러스 약어 표 1-1 참조.

오소토스포바이러스 *Orthotospovirus* 유전자 분화에서 가장 거리가 먼 군인 땅콩황화반점바이러스 *GYSV*는 항혈청 V군에 속하며, 땅콩퇴록반점바이러스 *GCFSV*는 동일한 항혈청 군에 포함될 것으로 생각되나, 땅콩황화반점 바이러스와 유연관계가 멀어 추후 연구가 필요하다. 이 바이러스 유전자군에 2종만이 보고되었다 (그림 III-12).

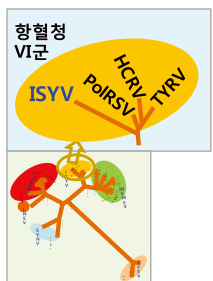


그림 III-13. 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus* 유전자 분류군(하)과 아이리스황화반점바이러스 *ISYV* 유전자 분화군(상). 바이러스 약어 표 1-1 참조.

오소토스포바이러스 *Orthotospovirus* 유전자 분화군에서 토마토반점위조 바이러스군과 수박은색모틀바이러스군의 중간 분화에 위치하고 있는 아이리스 황화반점바이러스 *ISYV* 유전자 분화군이 존재하며, 항혈청 VI군으로 분류된다 (그림 III-13).

아이리스황화반점바이러스 유전자 분화군에는 표준 바이러스 이외의 3종은 이 포함되며, 마디풀원형반점바이러스 *POIRSV*, 아마리리스원형반점바이러스 *HCRV*, 토마토황화원형바이러스 *TYRV*도 항혈청 VI군으로 보인다.

6.2 다클론 및 단클론 항체와 오소토스포바이러스 종 특이성

식물 바이러스의 다클론 항체 *polyclonal antibody*는 항체 형성 세포들의 집합으로 이루어진 항체이나 단클론 항체 *monoclonal antibody*는 특정 세포가 만든 항체이다. 토끼를 이용하여 생산한 다클론 항체와 쥐를 이용하여 생산한 NP 단백질에 대한 단클론 항체를 이용하여 바이러스의 혈청학적 유연성을 효소결합항체진단법 *ELISA*으로 비교하였다(Chen et al, 2010). 건전주는 담배 *N. benthamiana*를 사용하고 4반복 실험을 하였으며 색 밀도 *color density*는 405nm에서 측정하였다 (그림 III-14).

수박은색모틀바이러스 *WSMoV*의 다클론 항체는 수박은색모틀바이러스에 대하여 특이적으로 반응하였다. 수박은색모틀바이러스의 단클론 항체는 항혈청 IV군인 땅콩순괴저바이러스 *PBNV*, 고추퇴록바이러스 *CaCV*, 수박순괴저바이러스 *WBNV*는 80% 정도의 유연성이 있었다. 멜론황화반점바이러스 *MYSV*의 다클론 항체는 멜론황화반점바이러스와 특이적으로 반응하였으나 수박은색모틀바이러스 등 3종과 유연성이 있었다. 단클론 항체의 경우에는 멜론황화반점바이러스와 특이적으로 반응하였고 다른 바이러스들과는 반응하지 않았다. 따라서 단클론 항체가 진단의 특이성이 항상 높은 것은 아니며 바이러스에 따라서 항혈청 특이성이 다른 것을 알 수 있다. 단클론 항체 생산을 위하여 얼마나 많은 종류의 클론을 만들었는지는 정확히 알 수 없으나 그 신뢰성을 제외한다면, 항혈청군 IV에 속하는 수박은색모틀바이러스의 핵단백질은 완전히 특성이 다르며, 항혈청군이 다른 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus*는 혈청학적 진단에 단클론 항체를 사용하면 진단의 신뢰성 확보가 어렵다는 것을 알 수 있다.

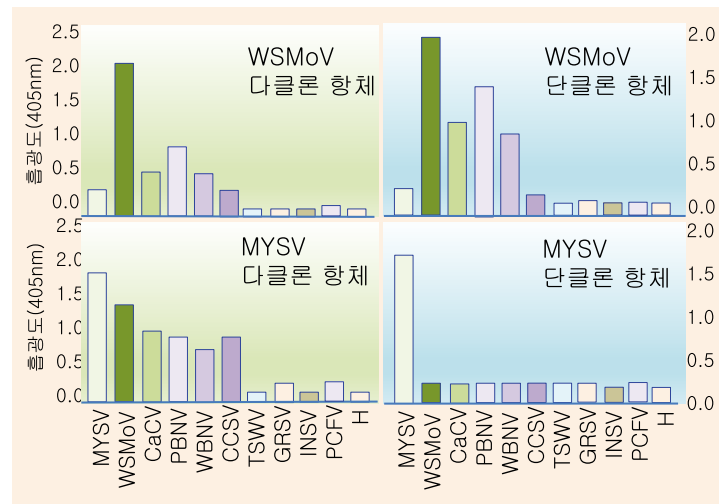
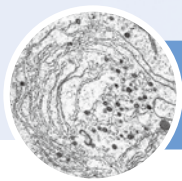


그림 III-14. 수박은색모틀바이러스WSMoV와 멜론황화반점바이러스MYSV의 다클론과 단클론 항체의 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus*들의 효소결합항체진단의 반응.

바이러스 단백질에 대한 항체 반응의 차이는 토마토괴저원형반점바이러스TNRV를 태국에서 새로 발견할 수 있는 단초를 제공하였다(Channarong Seepiban et al, 2011). 태국에서 발생하는 오소토스포바이러스 *Orthotospovirus*의 핵 단백질체 유전자를 세균 *E. coli*에 형질전환시켜 단클론 항체를 생산하였고, 다클론 항체 2종과 단클론 항체 4종으로 효소결합항체진단을 하였다.

다클론 항체의 경우 멜론황화반점바이러스MYSV와 수박은색모틀바이러스WSMoV의 복합 항혈청은 각각의 바이러스에 특이적 양성반응을 하였다. 그러나 토마토원형괴저반점바이러스TNRV, 수박은색모틀바이러스WSMoV와 고추퇴록바이러스CaCV와 높은 양성반응이 나타났다.

또한 고추퇴록바이러스CaCV의 다클론 항체는 멜론황화반점바이러스를 제외한 3종의 바이러스에 대하여 양성반응이 나타나 이 바이러스들은 서로 혈청학적 유연성이 높은 것을 알 수 있다 (그림 III-15).

단클론 항체의 경우 수박은색모틀바이러스의 항체는 수박은색모틀바이러스 보다 고추퇴록바이러스와 높은 특이성을 보였고, 고추퇴록바이러스 항혈청은 고추퇴록바이러스 뿐만 아니라 수박은색모틀바이러스와도 특이성이 인정되었다. 멜론황화반점바이러스는 다른 바이러스와 특이성이 없었다. 이와 같이 혈청학적 유연성은 다클론과 단클론 항체는 바이러스와 특이성이 다르게 나타나는 것을 알 수 있다.



그림 III-15. 수박은색모틀바이러스WSMoV의 다클론과 단클론 항체의 오소토스포바이러스들의 효소결합항체진단의 반응.