The Korean Journal of Microbiology, Vol. 45, No. 3, September 2009, p. 251-256
Copyright©2009, The Microbiological Society of Korea

RT-PCR법을 이용한 백합 바이러스 LSV, LMoV, CMV의 검출

임지현 · 배은혜 · 이용진 · 박성한 · 이규준 · 김새로미 · 정용태*
단국대학교 첨단과학대학 미생물학과

2008~2009년에 강원, 충남, 제주 지역의 백합 재배 농가에서 바이러스감염 증상을 보이는 백합의 잎과 구근을 채취하였으며 RT-PCR 방법으로 *Lily mottle virus* (LMoV), *Lily symptomless virus* (LSV), *Cucumber mosaic virus* (CMV) 등 3 종류의 바이러스를 검출 하였다. LSV 12주, LMoV 20주, CMV 1주가 검출 되었으며 LSV에 감염된 12개의 식물체 중 7개에서는 LMoV도 검출되어 복합 감염된 것을 확인하였다. LMoV와 LSV에 의한 복합 감염은 엽맥투명화, 잎말림, 반점, 모자이크, 황화 줄무늬 등 단독 감염보다 심각한 병징을 나타내었으며 좋지 않은 환경에서 저장된 구근에서도 복합 감염이 관찰되었다. 채집된 식물체는 LMoV 감염이 가장 많았으며 *Lily virus X* (LVX)에 의한 감염은 검출되지 않았다. 7개 분리주의(LMoV 4주, LSV 2주, CMV 1주) 외피 단백질 유전자를 증폭한 후 염기서열을 분석하여 국내에서 발표된 백합 바이러스 염기서열(LSV:AJ516059, CMV: AJ296154)과 비교하였으며 LMoV는 국내에서 처음으로 염기서열을 결정하여 기존에 보고된 염기서열(AJ564636)과 비교하였다. 분리주는 기존에 보고된 바이러스와 95~99%의 뉴클레오티드 염기서열 유사성을 보였으며, 이들 분리주의 분자생물학적 특성을 밝히고 신속하고 정확한 바이러스 진단을 위해서는 전체 염기 서열 분석이 필요한 것으로 판단되었다.

Key words □ **epidemic, imported bulb, nucleotide sequence, quarantine, virus detection**

1980년 이후 국민소득이 높아지고 화훼산업이 발달하면서 백합 종구 수입량이 크게 증가하고 있다. 백합 종구는 수입 의존도가 높으며 값비싼 종구를 수입하기 때문에 절화 생산농가에게 큰 부담이 되어 왔다. 또한 수입 구근은 바이러스에 감염되어 있는 경우가 많아 절화 생산에 어려움이 있다. 따라서 바이러스병이 없는 우량 백합 종구의 획득이 백합 재배농가의 현안 문제다. 신속하고 정확하게 바이러스 감염 여부를 진단할 수 있는 기술의 개발이 우량 구근의 국내 생산을 확대하고 백합의 수출 증대에 기여할 것이다.

백합 재배에서 가장 문제가 되는 병해는 바이러스이며 전 세계적으로 약 20여 종이 알려져 있으며 특히 *Lily symptomless virus* (LSV), *Cucumber mosaic virus* (CMV), *Lily mottle virus* (LMoV), *Lily virus X* (LVX) 등이 흔히 발견된다(2, 4, 6, 9). 이들 바이러스들이 단독 또는 복합 감염되어 큰 피해를 주고 있으며 병징은 주로 모자이크 증상이 잎에 나타난다. 그 외에도 황화현상, 백색괴사 반점, 꽃잎의 위축, 잎의 기형, 식물체의 왜화, 퇴록반점 황화줄무늬 등의 증상이 나타난다. 국내에서 경제적으로 심각한 피해를 일으키는 백합 바이러스는 CMV, LSV, LMoV등이다(3, 13). CMV는 Bromoviridae 과, Cucumovirus 속이며 3개의 single stranded plus-sense RNA로 구성되어 있다. RNA 1과 2는 1a, 2a 단백질을 만들며 replicase complex를 이루는데 관여한다. RNA 3는 3a 단백질을 만들며 viral movement protein (MP)으로 알려져 있다(5, 7). LSV는 Carlavirus 속이며 길이가 610~690 nm, 지름이 12~15 nm이다. 게놈은 7.4~8.5 kb, single-stranded plus-sense RNA로 구성되어 있다(1, 6). LMoV는 Potyviridae 과, Potyvirus 속이며 single stranded plus-sense RNA로 구성되어 있다. 길이가 700 nm이며 게놈은 10 kb이다(18).

국내에서는 이들 바이러스에 대한 염기서열이나 분자 생물학적 특성에 대한 연구가 제한적으로만 이루어지고 있는 실정이다(3, 10, 11, 13). 백합재배 농가의 시료를 대상으로 국내에 유입된 이들 바이러스의 염기서열을 규명함으로써 유전적 변화 정도와 차이점을 이미 외국에서 염기서열 분석이 완료된 strain과 비교하는 것이 필요하다.

백합바이러스를 진단하는 방법은 1) TEM (Transmission Electron Microscopy) 2) DTBIA (Direct Tissue Blotting Immuno Assay), 3) ELISA (Enzyme Linked Immunosorbent Assay), 4) RT-PCR (Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction) 등이 있으며 각각 장단점이 있다. 최근에는 Real-time RT-PCR, Macroarray 방법, 새로운 primer 제조로 동시에 두 종류 이상의 바이러스를 검출하는 등 식물 바이러스를 간단하고 신속, 정확하게 검출할 수 있는 새로운 기술이 개발되고 있다(8, 14, 16).

지금까지 바이러스 검정법으로 ELISA와 같은 혈청학적 방법이 주로 이용되어 왔으나(12, 17), 비특이적인 반응으로 인하여 진단의 어려움이 있어 왔다. 따라서 본 연구에서는 극소량의 바이러스 RNA도 검출 가능한 RT-PCR을 이용하여 현재 우리나라에서 재배되고 있는 백합에 어떤 종류의 바이러스가 존재하는지

*To whom correspondence should be addressed.
Tel: 82-41-550-3453, Fax: 82-41-550-3409
E-mail: yjung@dankook.ac.kr

알아보고자 하였으며 염기 서열 분석을 통해 향후 좀 더 민감하고 신속한 백합 바이러스 검출 기술 개발을 위한 기초 자료로 활용하고자 하였다.

재료 및 방법

식물 재료

2008년 9월부터 2009년 4월까지 충남 태안, 강원도 강릉, 제주도 지역을 중심으로 재배되고 있는 백합 생산 단지에서 육안 관찰에 의해 바이러스 병징(엽맥의 투명화, 잎의 모자이크 증상, 엽맥 사이의 황색 줄무늬 등)을 나타내는 백합을 유묘기, 생육중기, 개화기 등 전 생육기간을 통하여 바이러스 존재 유무를 조사하였다. 또한 육안 관찰에 의해 바이러스에 감염된 것으로 의심되는 구근에서도 어떤 종류의 바이러스가 존재하는지 조사하였다.

Total RNA 추출

바이러스의 감염이 의심되는 백합으로부터 total RNA를 추출하였다. 백합 잎과 구근을 마쇄한 분말(50~100 mg)에 trizol reagent를 1 ml 넣고 200 µl chloroform을 처리하였다. 4°C에서 15분간 원심 분리해 상층액을 얻어 다른 튜브로 옮겼다. 500 µl isoprophanol을 처리하고 4°C에서 15분간 원심 분리 후 상층액을 제거하였다. 75% ethanol 1 ml 처리 후 다시 한번 원심 분리하여 상층액(ethanol)을 제거하였다. Ethanol을 모두 휘발시켜 RNA pellet만 남겨두고 DEPC 처리된 증류수로 녹여 사용하였다.

RT-PCR용 primer 제작

백합으로부터 LSV, LMoV, CMV 및 LVX를 검정하기 위하여 기존에 보고된 이들 각 바이러스의 외피 단백질 유전자의 염기서열 안에서 IDT SciTools PrimerQuest Program (Integrated DNA Technologies, USA)을 이용해 RT-PCR용 primer를 제작하였다(Table 1). 외피 단백질에 변이가 많이 일어나기 때문에 이들 유전자를 primer 제작의 표적으로 삼았다.

RT-PCR

바이러스를 검출하기 위해 Maxime RT-PCR PreMix kit (Intron Biotechnology, Korea)를 이용하여 RT-PCR을 수행하였다. Maxime RT-PCR PreMix에 total RNA 1 µl와 forward primer, reverse primer (10 pmol/µl)를 각각 1 µl를 첨가하여 total reaction양을 20 µl로 맞추었다. RT-PCR 반응조건은 42°C에서 45분간 반응시킨 RT 반응액을 95°C 4분간 1 cycle, 95°C 30초, 50°C 1분, 72°C 30초간 30 cycle, 72°C 7분간 1 cycle의 조건으로 수행하였다. 이렇게 하여 얻은 RT-PCR 산물을 agarose gel 전기영동으로 확인하였다.

염기서열 분석

태안, 아산, 제주에서 채취한 백합에서 검출된 LSV, LMoV 및 CMV의 외피단백질유전자의 염기서열을 분석하기 위해 각 PCR 산물을 TA cloning vector (RBC)에 cloning한 후 염기서열 분석을 의뢰하였다(Macrogen, Korea).

Table 1. List of primers for RT-PCR for the detection of Lily viruses from infected leaves and bulbs

Primer name	Sequence (5'-3')	Product size (bp)
LSV1	5'-CACATATGCAATCAAGACCAGCAC-3'	876
LSV2	5'-GAGGATCCTCATCCATTATTTGCGTATC-3'	
LMoV1	5'-GCAAATGAGACACTCAATGCTG-3'	651
LMov2	5'-CGTGCGTGAAGTAACTTCATAG-3'	
CMV3	5'-GAGTCATGGACAAATCTGAATC-3'	668
CMV4	5'-GGAACACGGAATCAGACTGG-3'	
LVX1	5'-GAAACTGCACTGTGGCCCCG-3'	411
LXV2	5'-CACCCTAGACACCAATAACCG-3'	

결과 및 고찰

국내에서 심각한 경제적 피해를 입히는 백합 바이러스는 LMoV, LSV, CMV 등이나 이들 바이러스에 대한 염기서열이나 분자 생물학적 특성에 대한 연구가 제한적으로만 이루어지고 있는 실정이다(1, 3, 6, 7, 10, 11, 13). 본 연구에서는 백합재배 농가의 시료를 대상으로 국내에 유입된 이들 바이러스의 염기서열을 규명함으로써 유전적 변화 정도와 차이점을 외국에서 이미 염기서열 분석이 보고된 strain과 비교하고자 하였으며, 최근 칠레에서 수입한 구근을 재배한 식물체에서 바이러스 감염 여부를 조사 하고자 하였다.

2008년 9월부터 2009년 4월까지 충남 태안, 강원도 강릉, 제주도 지역의 백합 생산 단지에서 바이러스 병징(엽맥의 투명화, 잎의 모자이크 증상, 엽맥사이의 황색의 줄무늬 등)을 보이는 백합의 잎에서 각각 LSV 4주(4/18), LMoV 11주(11/18), CMV 1주(1/18)가 검출되었다. 또한 저장된 구근 중에서도 육안으로 바이러스에 감염된 것으로 의심되는 구근에서 LSV 8주(8/33),

Table 2. Detection of lily viruses from total RNAs of infected leaves and bulbs

Origin of isolates	Viruses			
	LSV	LMoV	CMV	LVX
Leaves (18[b])				
Chung-nam	1[a]	3	-	-
Gang-won	-	-	-	-
Jeju	3	8	1	-
Bulbs (33[c])				
Chung-nam	6	5	-	-
Gang-won	-	-	-	-
Jeju	2	4	-	-

[a] The number of samples that were positive by RT-PCR
[b,c] The total number of tested leaves and bulbs, respectively

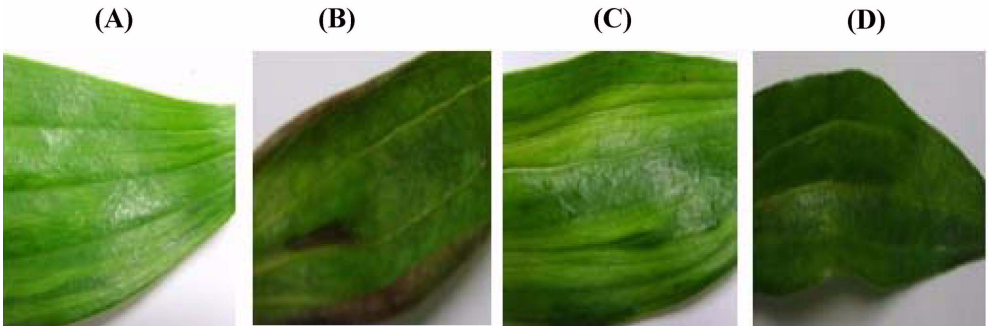

Fig. 1. The leaves of lily "Le Reve" and "Siberia" showing mosaic, vein clearing, curling, mottling, and yellow streaking. (A), (B) "Le Reve"; (C), (D) "Siberia"

LMoV 9주(9/33)가 검출 되었다(Table 2). Fig. 1은 제주도 신촌 백합 재배단지에서 재배한 Le Reve (A, B)와 Siberia (C, D) 품종에서 보이는 전형적인 바이러스 병징이며, 이들 시료를 대상으로 RT-PCR 방법으로 바이러스를 검출한 결과 Fig. 2에서 보는 것 같이 칠레에서 수입한 Le Reve 품종에서 LMoV가 검출 되었고(Fig. 2B: lane 3 and 4) Siberia 품종에는 LSV, LMoV, CMV 등 세 종류의 바이러스가 복합 감염되어있는 것을 확인하였다(Fig. 2A and B: lane 10, C: lane 11). Le Reve B에서는 바이러스 병징을 보였으나(Fig. 1B) RT-PCR 결과 바이러스가 검출 되지 않았다. 이는 바이러스 농도가 낮거나 다른 종류의 바이러스에 감염되었기 때문인 것으로 판단된다.

바이러스가 잎과 구근의 어느 쪽에 더 많이 분포하는지 밝히기 위하여 감염된 백합 채집 시 백합을 뿌리째 뽑아 잎과 구근에서 각각 total RNA를 얻어 RT-PCR로 분석하여 확인한 결과, Fig. 2B의 lane 3과 4(lane 3: 구근, lane 4: 잎), lane 7과 8(lane 7: 구근, lane 8: 잎), lane 9 와 10(lane 9: 구근, lane 10: 잎)에서 보는 바와 같이 잎에 바이러스가 더 많이 분포하고 있어 바이러스 감염 여부를 검정할 때 잎에서 RNA를 얻는 것이 효율적임을 알 수 있었다. 정확한 바이러스 농도 확인을 위해서는 최근에 식물 바이러스 검정에 많이 사용되는 Real-time RT-PCR (TaqMan)을 백합 바이러스 검출에 이용하는 것이 필요하다. 따라서 본 연구에서는 백합 바이러스 검출을 신속 정확하게 할

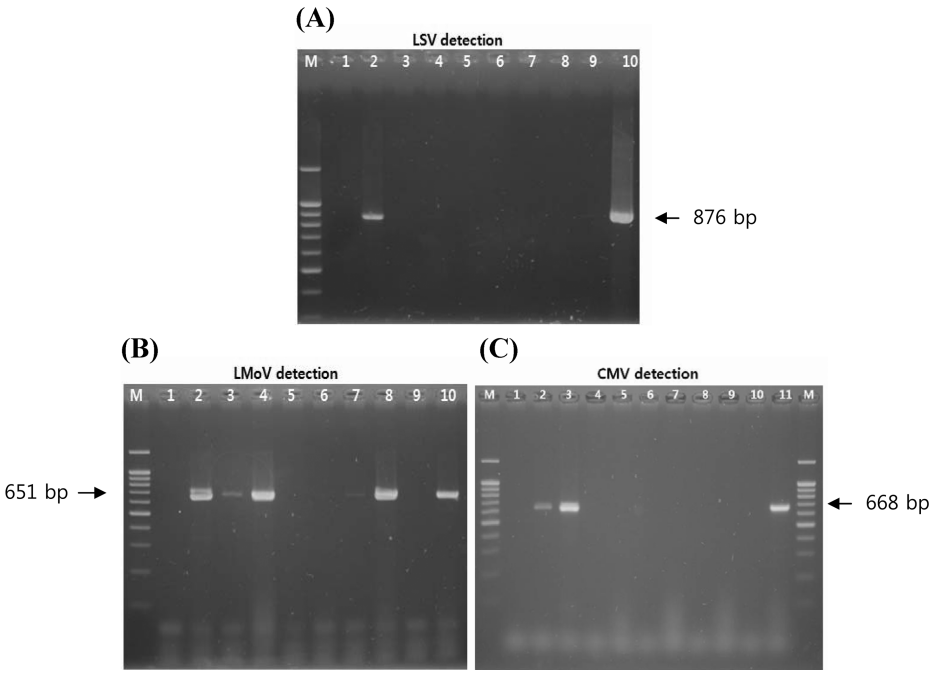

Fig. 2. RT-PCR based detection of *Lily symptomless virus* (LSV: A), *Lily mottle virus* (LMoV: B), and *Cucumber mosaic virus* (CMV: C) in lily plants from Jeju. The length of PCR products were 876 bp (A), 651 bp (B), and 668 bp (C), respectively. (A, B) Lanes: M, molecular size markers (1 kb ladder, Promega); 1, negative control; 2, positive control; 3,5, bulbs from lily "Le Reve"; 4,6, leaves from lily "Le Reve"; 7,9, bulbs from lily "Siberia"; 8,10, leaves from lily "Siberia". (C) Lanes: M, molecular size markers (1 kb ladder, Promega); 1, negative control; 2,3, positive control; 4,6, bulbs from lily "Le Reve"; 5,7, leaves from lily "Le Reve"; 8,10, bulbs from lily "Siberia"; 9,11, leaves from lily "Siberia".

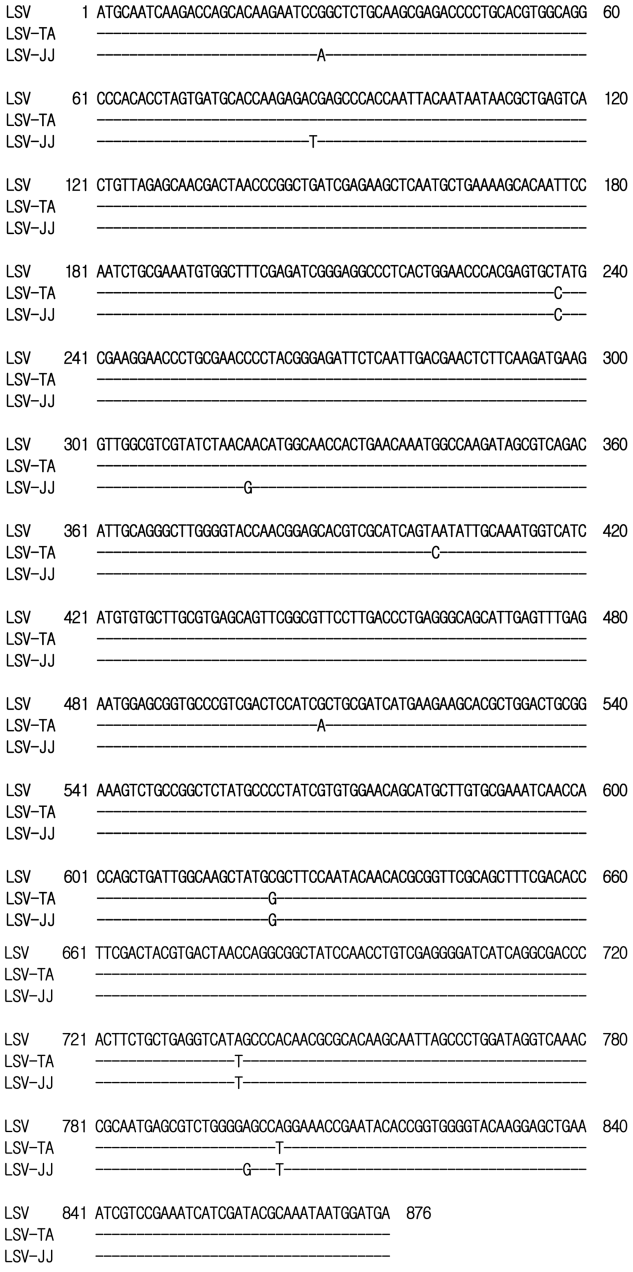

Fig. 3. Nucleotide sequence alignments of coat protein gene of two LSV isolates (clone LSV-TA, LSV-JJ). The LSV isolates coat gene sequences were compared with those of reference LSV (AJ516059). Dash means the same nucleotide as top.

내에 존재하는 바이러스들의 염기서열을 분석하고자 하였다. 이를 위해 Table 2에 나타낸 바와 같이 충남 지역에서 검출된 LMoV 3종과, LSV 1종, 제주 지역의 LMoV, LSV, CMV 각 1종의 coat protein 유전자 염기서열을 결정하여 reference 바이러스 유전자와 비교하였다(Fig. 3, 4, and 5). 충남과 제주에서 분리된 LSV와 CMV는 기존에 국내에 보고된 LSV (AJ 516059), CMV (AJ 296154)의 염기서열과 98~99%의 뉴클레오티드 유사성을 나타내어 바이러스의 변이가 크게 늘어난 것 같지 않았으

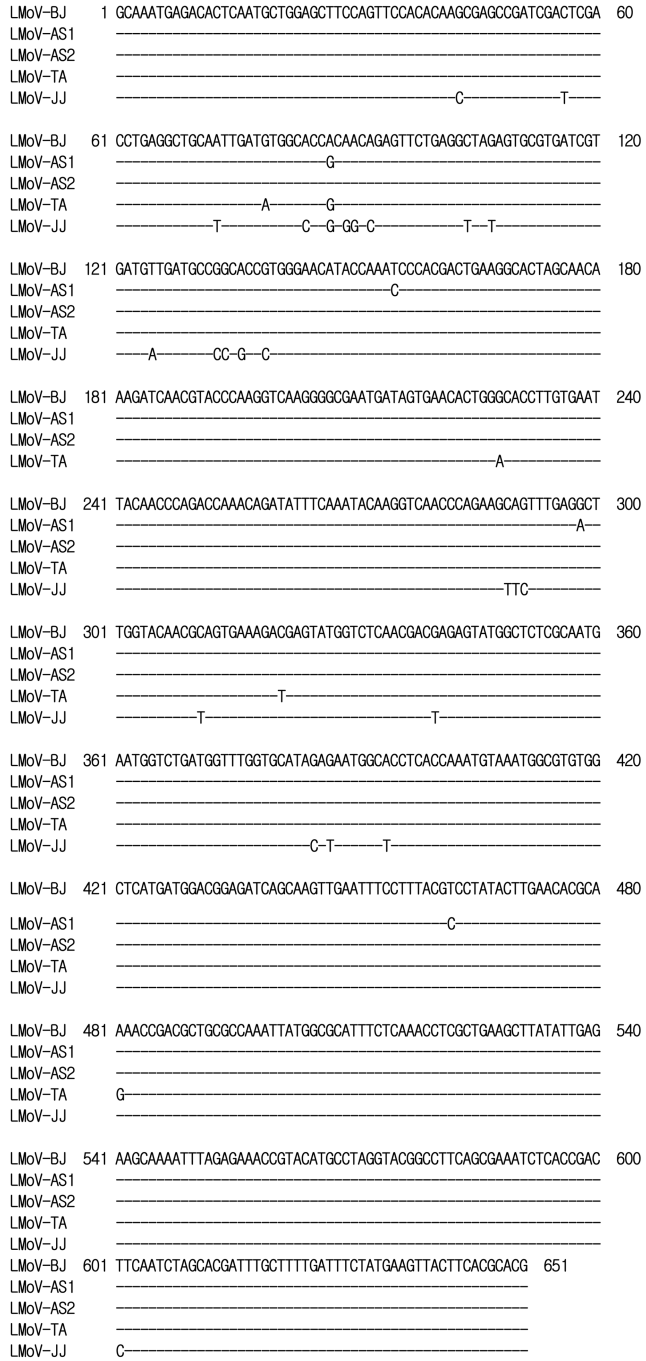

Fig. 4. Nucleotide sequence alignments of coat protein gene of four LMoV isolates (clone LMoV-AS1, LMoV-AS2, LMoV-TA, LMoV-JJ). The LMoV isolates coat gene sequences were compared with those of reference LMoV (AJ564636). Dash means the same nucleotide as top.

나 제주에서 분리된 CMV에서는 2개의 뉴클레오티드가 결실되어 있었다. 최근에 재조합 LSV가 보고 되었으나(15), 국내에서 분리한 LSV의 염기서열 분석 결과 국내에는 아직 재조합 LSV가 유행하지는 않는 것으로 판단 된다. 충남에서 분리된 LMoV는 네덜란드에서 수입한 구근을 재배한 백합에서 얻은 LMoV

```
CMV     1  AAGAAACTTGTTTCGCGCATTCAAATTCGAGTTAATCCTTTGCCGAAATTTGATTCAACC  60
CMV-JJ     ------G-----------------------------------------------------

CMV    61  GTGTGGGTGACAGTCCGTAAAGTTCCTGCCTCCTCGGACTTATCCGTTGCCGCCATCTCT  120
CMV-JJ     ------------------------------------------------------------

CMV   121  GCTATGTTTGCGGACGGAGCCTCACCGGTACTGGTTTATCAGTACGCTGCATCTGGAGTC  180
CMV-JJ     ----------------------------------------------C-----------T

CMV   181  CAAGCTAACAACAAACTGTTGTATGATCTTTCGGCGATGCGCGCTGATATAGGCGACATG  240
CMV-JJ     ------------------------------------------------------------

CMV   241  AGAAAGTACGCCGTCCTCGTGTATTCAAAAGACGATGCACTCGAGACAGACGAGTTAGTA  300
CMV-JJ     ----------------------------G-------------------------------

CMV   301  CTTCATGTTGACGTCGAGCACCAACGTATTCCCACATCCGGAGTGCTCCCAGTCTGATTC  360
CMV-JJ     ----------------------------------*-------------------------

CMV   361  CGTGTTCCCAGGACCCTCCCTCCATTTTTGGTGGGAGCTGAGTTGGCAGTATTGCTACAA  420
CMV-JJ     ------------------------------*---C-------------------------

CMV   421  ACTGTCTGAAGTCGTTAAATCAGTGTGTCATTGTACACATTATGGCGAACGGGTTGTCCA  480
CMV-JJ     ----------------------------------------G-------------------

CMV   481  TCCAGCTTACGGCTAAAATGGTCAGTCGTGGAGAAATCCACGCCAGTAGACTTACAAGTC  540
CMV-JJ     ------------------------------------------------------------

CMV   541  TCTGAGGCACCCTTGAAACCATCTCCTAGGTTTCTTCGGAAGGACTTCGGTCCGTGTACT  600
CMV-JJ     ------------------------------------------------------------

CMV   601  TCTAGCACAATGTGCTAGTTTAGAGTACGGGTGTCCCCCACTTTCGTGGGGCCTCCATAA  660
CMV-JJ     ------------------------------------------------------------A--

CMV   661  GGAGACCA  668
CMV-JJ     --------
```

Fig. 5. Nucleotide sequence alignments of coat protein gene of one CMV isolate (clone CMV-JJ). The CMV isolate coat gene sequence was compared with that of reference CMV (AJ296154). Dash means the same nucleotide as top. Asterisk indicates the position of base deletion relative to reference virus.

전체 염기서열(AJ 564636)의 coat protein 유전자 염기 서열과 98% 이상 상동성을 나타내었으나 제주에서 분리된 LMoV (LMoV-JJ)는 95%의 상동성을 나타내어 충남 지역의 바이러스와 유전적으로 차이가 있는 것으로 판단되나 확인을 하기 위해서는 다른 유전자 부위의 조사가 필요하다. 국내에서는 네덜란드에서 수입된 구근으로부터 유래된 LMoV가 많이 유행하고 있는 것으로 생각되며 칠레에서 수입된 구근에서도 LMoV가 검출되었는데 Fig. 6에서 보는 바와 같이 LMoV 한 종에 감염되어도 품종

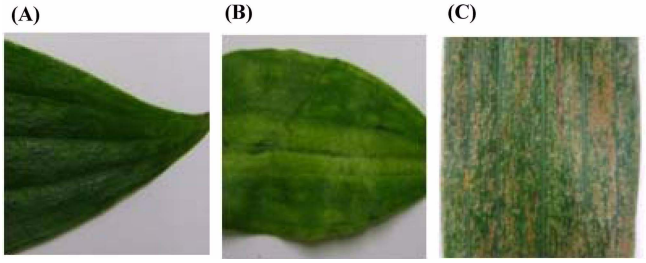

Fig. 6. The leaves of lily "Le Reve" (A), "Siberia" (B), and "Rialto" (C) infected by LMoV showing mosaic, vein clearing, mottling, and yellow streaking.

별로 다양한 증상을 나타내었다. 특히 칠레에서 수입된 "Rialto" 품종에서 LMoV가 검출 되었는데 기존의 바이러스 병징과는 많은 차이점이 발견되었다.

이상의 연구 결과로 국내에서 재배되는 백합에 LSV, LMoV, CMV가 품종에 관계없이 단독 혹은 복합 감염되어 있음을 알았으며, 특히 최근에 칠레에서 수입된 구근을 재배한 백합에서 기존의 증상과 다른 새로운 바이러스 증상이 발견 되었으며 LMoV 단독 혹은 LMoV와 LSV에 의한 복합 감염이 관찰되었다. 바이러스로 인한 백합 농가의 피해를 방지하기 위해서는 수입하는 구근에 대한 적절한 기준에 따른 검역이 필요하다.

감사의 말

본 연구는 농림 수산 식품부 농림기술개발 사업의 지원에 의해 이루어진 것임

참고문헌

1. Ahn, H.I., J.H. Ryu, J.K. Kim, S.Y. Lee, J.K. Choi, W.M. Park, and K.H. Ryu. 1999. Nucleotide sequence analysis of the 3'-terminal region of two Korean isolates of lily symptomless Carlavirus and expression of the coat protein in *E. coli*. *Mol. Cells* 9, 338-343.
2. Asjes, C.J. 2000. Control of aphid-borne *Lily symptomless virus* and *Lily mottle virus* in Lilium in the Netherlands. *Virus Res*. 71, 23-32.
3. Chang, M.U. and K.W. Kim. 1996. Virus diseases of ornamental flowering bulbs. *J. Kor. Flower Res. Soc.* 5, 21-31.
4. Chen, J., Y.H. Shi, M.J. Adams, and J.P. Chen. 2005. The complete sequence of the genomic RNA of an isolate of Lily virus X (genus Potexvirus). *Arch. Virol.* 150, 825-832.
5. Chen, Y.K., A.F. Derks, S. Langeveld, R. Goldbach, and M. Prins. 2001. High sequence conservation among cucumber mosaic virus isolates from lily. *Arch. Virol.* 146, 1631-1636.
6. Choi, S.A. and K.H. Ryu. 2003. The complete nucleotide sequence of the genome RNA of *Lily symptomless virus* and its comparison with that of other carlaviruses. *Arch. Virol.* 148, 1943-1955.
7. Choi, S.K., J.K. Choi, and K.H. Ryu. 2003. Involvement of RNA2 for systemic infection of *Cucumber mosaic virus* isolated from lily on zucchini squash. *Virus Res*. 97, 1-6.
8. Ha, C., S. Coombs, P.A. Revill, R.M. Harding, M. Vu, and J.L. Dale. 2008. Design and application of two novel degenerate primer pairs for the detection and complete genomic characterization of potyviruses. *Arch. Virol.* 153, 25-36.
9. Huang, C.H. and Y.C. Chang. 2005. Identification and molecular characterization of *Zantedeschia mild mosaic virus*, a new calla lily-infecting potyvirus. *Arch. Virol.* 150, 1221-1230.
10. Kim, J.Y., S.T. Choi, and H.T. Hsu. 1995. Comparision of detection efficiency of lily symptomless virus in lily bulbs by ELISA, DBIA and tissue blotting method. *J. Kor. Soc. Hort. Sci*. 36, 560-566.
11. Kwon, S.B., J.H. Ha, J.Y. Yoon, and K.H. Ryu. 2002. *Zantedeschia mosaic virus* causing leaf mosaic symptom in calla lily is a new potyvirus. *Arch. Virol.* 147, 2281-2289.
12. Niimi, Y., T. Gondaira, Y. Kutsuwada, and H. Tsuji. 1999. Detection by ELISA and DIBa tests of *lily symptomless virus* (LSV),

tulip breaking virus-lily (TBV-L) and *cucumber mosaic virus* (CMV) in *Lilium* spp. grown in the field. *J. Japan Soc. Hort. Sci*. 68, 176-183.
13. Park, K.I., J.D. Choi, I.S. Park, S.J. Eum, and K.W. Kim. 2003. Virus-infected status in imported bulbs of Lilium oriental hybrids. *Kor. J. Hort. Sci. Technol*. 21, 57-61.
14. Schneider, W.L., D.J. Sherman, A.L. Stone, V.D. Damsteegt, and R.D. Frederick. 2004. Specific detection and quantification of *Plum pox virus* by real-time fluorescent reverse transcription-PCR. *J. Virol. Methods* 120, 97-105.
15. Singh, A.K., B.K. Mahinghara, V. Hallan, R. Ram, and A.A. Zaidi. 2008. Recombination and phylogeographical analysis of *Lily symptomless virus*. *Virus Gen*. 36, 421-427.
16. Sugiyama, S., C. Masuta, H. Sekiguchi, T. Uehara, H. Shimura, and Y. Maruta. 2008. A simple, sensitive, specific detection of mixed infection of multiple plant viruses using macroarray and microtube hybridization. *J. Virol. Methods* 153, 241-244.
17. Wu, J.X., C.K. Liu, J. Hong, W.H. Liu, and M.Q. Ye. 2005. Production of monoclonal antibodies to *Lily symptomless virus* and application in lily virus detection. *Wei Sheng Wu Xue Bao* 45, 580-583.
18. Zheng, H.Y., J. Chen, M.F. Zhao, L. Lin, J.P. Chen, J.F. Antoniw, and M.J. Adams. 2003. Occurrence and sequences of *Lily mottle virus* and *Lily symptomless virus* in plants grown from imported bulbs in Zhejiang province, China. *Arch. Virol*. 148, 2419-2428.

(Received July 6, 2009/Accepted August 3, 2009)

ABSTRACT : Detection of *Lily symptomless virus*, *Lily mottle virus*, and *Cucumber mosaic virus* from *Lilium* Grown in Korea by RT-PCR

Ji Hyun Lim, Eun Hye Bae, Yong Jin Lee, Sung- Han Park, Kyu Jun Lee, Sae Ro Mi Kim, and Yong-Tae Jung* (Department of Microbiology, and Institute of Basic Science, College of Advanced Science, Dankook University, Cheonan 330-714, Republic of Korea)

Leaf samples and bulbs showing characteristic symptoms of virus infection were collected from Gang-won, Chung-nam, and Jeju Province of Korea in 2008-2009. Three viruses, *Lily symptomless virus* (LSV), *Lily mottle virus* (LMoV), and *Cucumber mosaic virus* (CMV) were detected by RT-PCR. Virus-infected plant samples were identified; 12 plants with LSV, 20 plants with LMoV, and 1 plant with CMV. Of the twelve LSV infected samples, seven samples were found to be mix-infected with LMoV and LSV. Symptoms of LMoV and LSV mixed infection were fairly severe, like as vein clearing, leaf curling, leaf mottling, leaf mosaic, and yellow streaking. Mixed infection with LMoV and LSV was also found in lily bulbs which have been stored under unfavorable environmental conditions. LMoV predominated in our tests, whereas spread of *Lilyvirus X* (LVX) was not found. The nucleotide sequences of coat protein (CP) region of seven isolates (4 LMoV, 2 LSV, and 1 CMV) were compared with the corresponding regions of LMoV (AJ564636), LSV (AJ516059) and CMV(AJ296154). The nucleotide sequence homologies between reference viruses and seven isolates were 95-99%. Complete sequencing of seven isolates is necessary to obtain more information on the molecular characteristics of these viruses as well as to increase sensitivity and rapidity of viral detection.