

台灣木瓜疫病菌配對型之分佈

安寶貞^{1,*} 蔡志濃² 王姻婷³

摘要

安寶貞、蔡志濃、王姻婷。2014。台灣木瓜疫病菌配對型之分佈。台灣農業研究 63(4):267–273。

自 1977 年至 2011 年於 13 縣市 39 地區之 106 處木瓜果園，採集罹病果實及根、莖、葉組織，共計分離到 278 株疫病菌。經鑑定所有菌株均為 *Phytophthora palmivora* (Butler) Butler，其中屬於 A¹ 配對型的菌株有 262 株，A² 配對型的僅有 16 菌株。如果以果園來區分，106 個果園中，僅有 2 處果園完全出現 A² 菌株，有 101 處果園完全出現 A¹ 菌株，有 3 處果園同時出現 A¹ 與 A² 菌株，但 A¹ 菌株為優勢，A² 菌株在各果園僅有 1 株。如果將木瓜菌株分離的年代區隔成 3 個不同時段，包括 1977–1980 (早年)、1988–2000 (中年) 及 2001–2011 (近年)，則 1980 年以前分離的 13 個菌株均為 A² 配對型；1988–2000 年分離的 164 個菌株中 161 個菌株均為 A¹ 配對型，僅有 3 菌株為 A² 配對型；2000 年以後 (2001–2011) 分離的 101 個菌株均為 A¹ 配對型。資料顯示，A¹ 菌株為目前台灣木瓜園內的絕對優勢種。

關鍵詞：木瓜、疫病菌、*Phytophthora palmivora*、配對型。

前言

番木瓜 (*Carica papaya* L.) 又稱木瓜，是番木瓜科 (Caricaceae) 水果。木瓜原產於熱帶美洲，目前在台灣的栽培面積約 2,600 ha (102 年農業統計年報)，為台灣重要的經濟果樹之一。依據台灣植物病害名彙記載，為害木瓜的病原菌有許多種 (Hsu *et al.* 2002)，疫病菌 (*Phytophthora* spp.) 為其中之一。Huang *et al.* (1976) 研究指出為害台灣木瓜的疫病菌為 *Phytophthora palmivora* (Butler) Butler，但菌株間無法配對產生卵孢子，因此亦無法知曉木瓜疫病菌的配對型 (mating type)。本研究室多年來收集木瓜疫病菌株，並測定該等菌株的配對型，本研究將報告我國木瓜疫病菌的種類及配對型的變異。

材料與方法

病菌之分離與保存

採集罹患疫病的木瓜發病組織 (包括果實、根系及幼苗全株)，先將罹病組織洗淨、以紙巾瀝乾水分。將罹病果實與幼苗葉片上病斑與健康區間之組織切成 7 mm × 7 mm 小塊，罹病根系或幼苗莖部組織切成 10 mm 長小片段，經 0.5% NaClO 溶液表面消毒 30 s，再以紙巾吸乾，移置於分離疫病菌之 5% CVA (Clarified V-8 juice agar) 半選擇性培養基 (Ko *et al.* 1978) 上。半選擇性培養基的製作為先配製 5% CVA [5% Clarified V-8 juice agar; 將 5% V-8 vegetable juice (Campbell, New Jersey, USA) 與 0.2% CaCO₃ 混合後，經 1,500 rpm 低速離心 5 min，取上層液，再加入 2% Bacto agar (Difco, Maryland, USA)，於滅菌後加入

投稿日期：2014 年 7 月 31 日；接受日期：2014 年 8 月 20 日。

* 通訊作者：pjann@tari.gov.tw

¹ 農委會農業試驗所植物病理組研究員兼組長。台灣 台中市。

² 農委會農業試驗所植物病理組副研究員。台灣 台中市。

³ 農委會農業試驗所植物病理組研究助理。台灣 台中市。

ampicillin 100 mg L⁻¹、PCNB (Pentachloro-nitrobenzene) 10 mg L⁻¹ 及 mycostatin 50 mg L⁻¹。經 1–2 d 後，即可見菌絲陸續自罹病組織長出。切取前端菌絲，接種於新配製之 5% VA (5% V-8 vegetable juice agar，將 5% V-8 vegetable juice 與 0.02% CaCO₃ 混合後，加入 2% Bacto agar 後滅菌) 上。分離出之疫病菌 (表 1) 經單孢囊 (sporangia) 或游走子 (zoospores) 分離後，再移置於 5% VA 上，在 24°C 下無光照培養 3–5 d，切取前端菌絲塊 (10 mm × 5 mm × 5 mm)，保存於 20–24°C 下含無菌水之試管中 (Boesewinkel 1976)。

菌落形態觀察

將供試菌株的新鮮菌絲塊接種於含有 5% CVA 與 PDA (馬鈴薯葡萄糖瓊脂，每公升培養基中含有 200 g 煮沸過、切碎、未去皮的馬鈴薯塊莖濾液、20 g 葡萄糖、2% Bacto agar) 的培養皿 (直徑 9 cm) 中，於室溫 (24–28°C) 下培養 4–6 d。

疫病菌之產孢

將分離之木瓜新鮮菌絲塊先在 5% VA 上於 24°C 下培養 3–5 d，將先端的菌絲切成 5 mm × 5 mm × 3 mm 小塊，移植於含有 20 mL 無菌水的玻璃培養皿 (直徑 6 cm, Pyrex, New York, USA) 中，再經光照 1–3 d，觀察有無孢囊產生。量取孢囊大小時，則依 Hwang *et al.* (1975) 研發的方法，讓供試菌株產生大量孢囊。孢囊長出後，在顯微鏡下觀察與測量其大小，每菌株測量 100 個孢囊。此外，檢視培養基，觀察有無厚膜孢子 (chlamydozoospores) 產生。

配對型的測定

將供試菌株的新鮮菌絲塊 (在 5% VA 上無光照培養 3–5 d) 切成 2 mm × 2 mm × 2 mm 小塊，移入含有 10 mL 新配製 10% VA 之培養皿 (直徑 6 cm, Pyrex) 的中央，每皿放置單一菌株之菌絲塊 3–4 塊，在 24°C 無光照培養 6–10 d，再在顯微鏡下鏡檢有無卵孢子 (oospores) 產生，以判斷供試菌株是否屬同絲型 (homothallic)。如果單一菌株不會形成卵孢子，再

將供試菌株分別與標準菌株 [*Phytophthora nicotianae* Breda de Haan (= *Phytophthora parasitica* Dastur)] p991 (A¹) 和 p731 (A²) 對峙培養，以測定供試菌株的配對型。配對時，每皿各放置測試菌株與標準菌株各 4 塊，兩者相距 1 cm，置於無光照環境下培養 6–10 d，再在顯微鏡下觀察有無卵孢子形成。可與 A¹ 配對產生卵孢子者為 A² 型；可與 A² 配對形成卵孢子者為 A¹ 型。

核醣體內轉錄區間 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 的 DNA 定序

DNA 抽取：將生長 3–5 d 的新鮮菌絲塊 (ca. 3 mm × 3 mm × 2 mm)，接種於覆蓋一層玻璃紙的 5% VA 培養皿的中央，在 24°C 無光照培養 5–7 d 後，刮取玻璃紙上的菌絲，經無菌水漂洗後冷凍乾燥。將約 20 mg 冷凍乾燥的疫病菌菌絲加入少許液態氮後磨成粉末。依照製造商的操作步驟，利用 Genomic DNA Purification Kit (GeneMark, Taichung, Taiwan) 抽取疫病菌的 DNA。

PCR 聚合酶連鎖反應與 DNA 定序：核醣體內轉錄區間 [ribosomal internal transcribed spacer (ITS) regions] 的 DNA 序列，包括 ITS1、ITS2、5.8S rRNA 基因，及部份 18S rRNA 與 28S rRNA 基因之序列，以供試菌株 genomic DNA 為模板 (templates)，利用通用引子對 (the universal primers) ITS5 與 ITS4 (White *et al.* 1990) 進行 PCR，將 PCR 增幅產物委託昕穎生物科技公司 (Seeing Bioscience, Taipei, Taiwan) 直接進行定序，使用的引子對包括 ITS5、ITS4、5.8S2-1 (5'-TCGCACATC-GATGAAGAACG-3') 及 5.8S2-2 (5'-TACGGA-CACTGATACAGGCAT-3')。

DNA 序列的接合 (assembly) 與 GenBank 資料庫搜尋：利用 Vector NTI 軟體 (Vector NTI software v. 10.0, InforMax, California, USA) 整理上述獲得的 DNA 序列後獲得完整的 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 區間序列，而多型部位 (polymorphic sites) 則依照 IUPAC ambiguity codes 予以標示。定序後的疫病菌 DNA 序列上載到 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)

網站，利用 BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) 軟體從 GenBank 資料庫尋找序列最相近的疫病菌種類 (species) 與菌株。此外，並將具代表性的疫病菌 DNA 序列登錄在 GenBank 資料庫。

疫病菌之鑑定

形態、生理特性比較：依據供試菌株之菌落形態、孢囊形態與大小、卵孢子與厚膜孢子 (chlamydo spores) 形成與否、再依疫病菌之分類文獻 (Waterhouse 1963, 1970; Stamp *et al.* 1990)，予以鑑定之。同時上 NCBI 網站，比對核糖體內轉錄區間 (ITS1-5.8S rDNA-ITS2) 的 DNA 序列，尋找最相近的疫病菌與菌株。

結果

木瓜疫病菌之分離

自 1977 年至 2011 年共計採集 13 縣市 39 地區 106 處罹病木瓜果園的罹病果實與根莖組織，共計分離到 278 株疫病菌 (表 1)，分離地點包括桃園 (楊梅)、新竹 (竹東)、苗栗 (南庄、頭屋)、南投 (南投市、集集、名間、埔里)、台中 (台中市、霧峰)、彰化 (二水)、雲林 (林內)、嘉義 (嘉義市、中埔、竹崎、民雄、太保、新港)、台南 (六甲、鹽水、柳營、大內、玉井)、高雄 (鳳山、大樹、旗山、六龜)、屏東 (高樹、鹽埔、里港、新園、麟洛)、台東 (台東市、鹿野、太麻里、關山、卑南) 及花蓮 (瑞穗、玉里) 等。

木瓜疫病菌之菌落與孢囊形態觀察

所分離到的 278 株木瓜疫病菌菌株，均經過菌落形態與孢囊形態觀察，這些菌株在 5% CVA 生長時的菌落形態略具放射狀，在 PDA 生長時則無特殊花紋，或呈現不明顯花紋，產生少許氣生菌絲。所有菌株，在光照情形下，在固態 5% VA 上會形成少許孢囊；但當菌絲塊移入無菌水中光照時或以礦物鹽液漂洗處理 (Hwang *et al.* 1975) 後，則可形成大量孢囊。孢囊著生為單假軸式，每一孢囊梗可著生 5–12 個孢囊。孢囊為橢圓形、長橢圓形、檸檬形或卵圓形，兩側大致對稱；孢囊亦具顯著

的半球型乳突 (papilla)。孢囊易脫落，脫落率 100%，脫落的孢囊具甚短的孢囊柄 (pedicels)，長度 0.5–5 μm 。測定 14 株供試菌株的孢囊大小，平均為 40.5–54.7 μm × 27.2–33.9 μm ，孢囊長寬比值平均為 1.44–1.76 (表 2)。所有菌株在無光照培養情形下均可形成厚膜孢子。

配對型的測定

所有 278 株木瓜菌株在單獨培養時，均不會形成卵孢子，故非同絲型。但絕大部分菌株 (262 株) 與標準菌株 (*P. nicotianae*) p731 (A¹) 對峙培養時可以形成卵孢子，為 A¹ 配對型；僅有少數菌株 (16 株) 與標準菌株 p991 (A¹) 對峙培養時可以形成卵孢子，為 A² 配對型。如果以果園來區分，106 個果園中，僅有 2 處果園完全出現 A² 菌株，有 101 處果園完全出現 A¹ 菌株，有 3 處果園同時出現 A¹ 與 A² 菌株，但 A¹ 菌株為優勢，A² 菌株在各果園僅有一株。如果將木瓜菌株分離的年代區隔成三個不同時段，包括 1977–1980 (早年)、1988–2000 (中年) 及 2001–2011 (近年)；則 1980 年以前分離的 13 個菌株均為 A² 配對型；1988–2000 年分離的 164 個菌株中 161 個菌株均為 A¹ 配對型，僅有 3 菌株為 A² 配對型；2000 年以後 (2001–2011) 分離的 101 個菌株均為 A¹ 配對型，顯示 A¹ 菌株為目前台灣木瓜園內的絕對優勢種。

台灣木瓜疫病 *Phytophthora* 之傳統鑑定

經比對 Waterhouse (1963, 1970)、Stamp *et al.* (1990) 的分類文獻，由菌落形態、孢囊著生方式與形態、孢囊脫落性等特徵、可以形成厚膜孢子及菌絲生長溫度 (本試驗未顯示) 等特性，顯示本試驗中自木瓜罹病組織分離得到的疫病菌，無論為 A¹ 或 A² 菌株均屬於 Waterhouse 分類群 group II，鑑定為 *Phytophthora palmivora* (Butler) Butler，且均為典型菌株 (typical type)。

核糖體內轉錄區間 ITS1-5.8S rDNA-ITS2

分析從台灣木瓜疫病菌分離得到的 8 個代表性的疫病菌菌株 (包括 7 個 A¹ 菌株及 1 個 A² 菌株) 的 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 (簡稱 ITS)

表 1. 台灣木瓜園內疫病菌 *Phytophthora palmivora* 之分離情形。Table 1. A list of *Phytophthora palmivora* isolates obtained from papaya orchards in Taiwan from 1977 to 2011.

Isolate no.	Mating type	No. orchards	Location	Year
7701-06	6 A ²	1	Chiayi city	1977
8001-07	7 A ²	1	Zhongpu, Chiayi	1980
8823, 8824-25, 8826-27, 8875	6 A ¹	4	Chiayi city; Zhuqi, Chiayi; Liujia, Tainan; Yanshui, Tainan	1988
8927-30, 8980-84, 8985-89, 8990-93, 8994, 8995-97, 8998-100, 89101, 89102-104, 89105, 89106, 89108-109, 89110, 89111, 89113, 89118-20, 89121-23, 89124, 89125-26, 89127, 89132-135, 89136-38, 89139-40, 89141-42, 89143-44, 89145, 89146-49, 89150-51, 89152, 89155-56, 89157, 89158-60, 89161-62, 89163-66, 89167-70, 89171, 89172-74, 89175-76, 89177, 89178, 89179, 89183-84, 89185, 89186-88, 89189-92	95 A1 : 3A ²	44	Nanchuang, Miaoli; Jiji, Nantou; Linnei, Yunlin; Liuying, Tainan; Minsyong, Chiayi; Taibao, Chiayi; Singang, Chiayi; Chiayi city; Yanshui, Tainan; Danci, Tainan; Dashu, Kaohsiung; Neiman, Kaohsiung; Gaoshu, Pingtung; Yanpu, Pingtung; Ligang, Pingtung; Sinyuan, Pingtung	1989
90069-72, 90073-75, 90076-79, 90080-83, 90084, 90087, 90088, 90089, 90090-91, 90092, 90093-95, 90096-98,	30A ¹	12	Taitung city; Luye, Taitung; Taimali, Taitung; Guanshan, Taitung; Rueisuei, Hualien; Yuli, Hualien	1990
92182-83	2A ¹	1	Minsyong, Chiayi	1992
96062-67, 96068-69, 96070-73, 96074, 96075-78, 96101-102, 96103-104	20A ¹	7	Yangmei, Taoyuan; Zhudong, Hsinchu; Mingjian, Nantou; Nantou city; Ershui, Changhua	1996
97040-41, 97071-74	6A ¹	2	Mingjian, Nantou; Nantou city	1997
98108-109	2A ¹	1	Nantou city	1998
201162-65	4A ¹	1	Nantou city	2001
204217-18	2A ¹	1	Touwu, Miaoli	2004
206271-74, 206276-79, 206280-83, 206284-87, 206288-91, 206292-95, 206296-96, 206309-10, 206311-13, 206313-15, 206335-37, 206338-41, 206342-43, 206344-47, 206348-51	52A ¹	15	Linnei, Yunlin; Cishan, Kaohsiung; Gaoshu, Pingtung; Ligang, Pingtung; Taitung city; Beinan, Taitung; Luye, Taitung	2006
208201-02, 208203-04, 208205, 208206-07, 208252-53, 208254-55	11A ¹	6	Zhongpu, Chiayi	2008
209197-200	4A ¹	1	Linluo, Pingtung	2009
210253-56, 210257-60, 210317-18, 210331-32, 210337-40, 210341-44	20A ¹	6	Linnei, Yunlin; Yujing, Tainan; Fongshan, Kaohsiung; Liouguei, Kaohsiung	2010
211055-57, 211149-52, 211167	8A ¹	3	Puli, Nantou; Wufeng, Taichung; Kaohsiung city	2011
Total	262A ¹ : 16A ²	106		

DNA 序列，結果這 8 個疫病菌的 ITS DNA 序列長度均為 786 bp，且序列完全相同。將該等基因序列 [代表者為 TARI 89148 (A²) GU111649 與 TARI 201164 (A¹) GU111661] 均上載到 NCBI 網站，利用 BLAST 搜尋軟體

與 GenBank 資訊庫收錄的 DNA 序列進行比對，對應到序列完全一致的菌種為 *P. palmivora*，登錄號為 KJ755111.1 等 40 菌株，相同度為 100%。本試驗結果顯示 *P. palmivora* DNA 序列的比對結果支持形態鑑定的可信度。

表 2. 台灣木瓜疫病菌 *Phytophthora palmivora* 的孢囊大小。Table 2. Size of the sporangia of *Phytophthora palmivora* isolated from papaya in Taiwan.

Isolate no.	Mating type	Sporangium			Location	Year
		Length (μm)	width (μm)	L/B		
7701	A ²	29-(48.2)-61.5	20-(33.2)-36	1.13-(1.45)-1.74	Chiayi city	1977
8823	A ¹	26-(40.5)-60	20-(28.1)-40	1.08-(1.44)-1.96	Zhuqi, Chiayi	1988
89148	A ²	25-(49.2)-54	20-(31.8)-35.5	1.0-(1.55)-2.08	Taibao, Chiayi	1989
96103	A ¹	42-(50.2)-60	24-(28.6)-34	1.4-(1.75)-2.15	Erhshui, Changhua	1996
96104	A ¹	38-(51.5)-60	26-(33.7)-42	1.18-(1.53)-2.08	Erhshui, Changhua	1996
97040	A ¹	30.5-(45)-55.5	21.5-(27.5)-35	1.19-(1.64)-2.08	Mingjian, Nantou	1997
97071	A ¹	30-(50.5)-67	24.5-(32.5)-42.5	1.22-(1.57)-2.22	Nantou city	1997
201164	A ¹	42.5-(53.9)-65	25-(31.6)-40	1.43-(1.71)-2.0	Nantou city	2001
206273	A ¹	45-(50.8)-60	25-(32.0)-40	1.25-(1.60)-2	Cishan, Kaohsiung	2006
206282	A ¹	45-(54.7)-65	30-(33.9)-40	1.43-(1.62)-1.86	Gaoshu, Pingtung;	2006
206295	A ¹	45-(50.9)-55	35-(31.5)-45	1.38-(1.63)-2.1	Ligang, Pingtung	2006
206309	A ¹	45-(53.5)-60	25-(32)-35	1.43-(1.76)-2.0	Linnei, Yunlin	2006
206338	A ¹	42.5-(48.7)-55	25-(27.2)-35	1.43-(1.72)-2	Beinan, Taitung	2006
206348	A ¹	50-(52.5)-60	30-(30.9)-40	1.43-(1.71)-2	Luye, Taitung	2006

討論

依據 Erwin & Ribeiro (1996) 收集的資料，為害木瓜的疫病菌有兩種，包括 *P. palmivora* 及 *P. nicotianae* (= *P. parasitica*)，主要為 *P. palmivora*。而在台灣，依據台灣植物病害名彙記載，為害我國木瓜的疫病菌有兩種，亦為 *P. palmivora* 及 *P. parasitica* (synonym *P. nicotianae*) (Hsu et al. 2002)。主要因早年的農業要覽 (Anonymous 1958) 中記載木瓜果實疫病由 *P. parasitica* 引起，根腐病由 *Phytophthora* sp. 等菌引起。而 Huang et al. (1976) 的研究報告中指出，為害台灣木瓜的疫病菌應為 *P. palmivora*，而非 *P. parasitica*。在作者的試驗中，近年來從木瓜上分離的疫病菌都是 *P. palmivora*，與 Huang et al. (1976) 的報告一致。在本試驗中，曾經從幼苗與土壤中分離到兩株 *P. nicotianae*，可能係污染所致，並未計算在內。

無論在國際上 (Erwin & Ribeiro 1996) 或在國內 (Ho et al. 1995)，*P. palmivora* 與 *P. nicotianae* 均為分佈甚為廣泛的熱帶疫病菌，兩菌在形態上有些類似，經常發生鑑定錯誤的情形。兩種疫病菌均屬 Waterhouse (1963) 分

類系統中之 group II，兩者的孢囊均具有半球形的明顯乳突，均會形成厚膜孢子；兩者的有性世代亦甚類似，藏精器 (antheridia) 均為單生單室底著，且藏卵器 (oogonia)、卵孢子及藏精器的大小亦相近。此外，兩者均屬於高溫菌，*P. palmivora* 最高生長溫度可達 35°C，而 *P. nicotianae* 為 36–37°C，因此兩者之重疊性非常高。但該兩菌亦有相異之處，主要差別則為：(1) 典型 *P. palmivora* 的孢囊具有脫落性，脫落性 100%，脫落的孢囊具有極短的孢囊梗，長度在 5 μm 以下；而典型 *P. nicotianae* 的孢囊甚少脫落或完全不脫落。木瓜疫病菌的孢囊極易脫落，與 *P. palmivora* 較為一致。(2) 典型 *P. palmivora* 的孢囊較狹長，L/B 值大於 1.4；而典型 *P. nicotianae* 的孢囊較寬，L/B 值小於 1.4，一般為 1.2–1.3，兩者亦容易區別。但該特性有時亦有重疊的情形發生，不能單憑該特性來區分該兩種疫病菌。本試驗木瓜疫病菌孢囊的長寬比值 (L/B) 為 1.44–1.76，與 *P. palmivora* 相同。(3) 菌落形態：典型 *P. nicotianae* 培養在 5% CVA 上時，其菌落均具有嵌紋狀花紋 (mosaic pattern)，而 *P. palmivora* 或其他疫病菌則無此種特性。台灣木瓜疫病菌沒

有嵌紋狀的花紋，與 *P. nicotianae* 相去較遠。此外，*P. palmivora* 與 *P. nicotianae* 的 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 長度與序列差異甚大。本試驗供試的木瓜疫病菌的 ITS 序列與 GenBank 資訊庫收錄的 *P. palmivora* DNA 序列完全一致，與 *P. nicotianae* 則差異甚大。由以上形態與數據佐證，目前存在台灣的木瓜疫病菌應為 *P. palmivora* 無誤。

在木瓜疫病菌的配對型方面，雖然分離到的 278 個菌株中只有 16 個菌株為 A² 配對型，其餘 262 均為 A¹ 配對型，而且 A² 配對型僅存在 5 個果園中，其餘 101 個果園僅出現 A² 配對型。但如果將木瓜菌株的分離年代區隔成三個不同時段時，包括 1977–1980 (1980 以前)、1988–2000 及 2001–2011 (2000 以後)；則早年 (1980 年以前) 分離的 13 個菌株均為 A² 配對型；雖然分離點僅有兩個果園，可能無法代表所有果園的分佈情形，但與往後年代相比較，A² 分離的比率確實相對較高，顯示早年台灣木瓜園內可能的分佈為以 A² 為優勢。而 8 年以後，木瓜園內出現的 A² 菌株大幅度減少，在 1988–2000 年分離的 164 個菌株 (分佈於 13 縣市 30 鄉鎮市區 71 處果園) 中僅有 3 菌株為 A² 配對型，且分佈在 3 個不同的果園；而在 2000 年以後 (2001–2011) 分離的 101 個菌株 (分佈於 9 縣市 17 鄉鎮市區 33 處果園) 全為 A¹ 配對型，均無 A² 配對型存在。顯示 A¹ 菌株為目前台灣木瓜園內的絕對優勢種。

誌謝

本文承蒙行政院農業委員會科技計畫 [101 農科-10.2.2-農-C1(1)] 補助試驗經費，及柯文雄教授修改英文，謹此誌謝。

引用文獻

- Anonymous. 1958. Papaya Phytophthora fruit rot and root disease. Agric. Rev. 4:247–248. (in Chinese).
- Boesewinkel, H. J. 1976. Storage of fungal cultures in water. Trans. Br. Mycol. Soc. 66:183–185.
- Erwin, D. and O. Ribeiro. 1996. *Phytophthora* Diseases Worldwide. APS press. St. Paul, MN. 562 pp.
- Ho, H. H., P. J. Ann, and H. S. Chang. 1995. The Genus *Phytophthora* in Taiwan. Acad. Sin. Mon. Ser. 15. Taipei. 86 pp.
- Hsu, S. T., T. C. Chang, C. A. Chang, J. L. Tsai, and T. T. Tsay. 2002. List of Plant Diseases in Taiwan. 4th ed. Taiwan Phytopathol. Soc. Pub. Taichung. 386 pp. (in Chinese)
- Huang, T. H., D. W. Cheng, and L. S. Leu. 1976. Phytophthora fruit and root rot of papaya in Taiwan. Plant Prot. Bull. 18:293–308.
- Hwang, S. C., W. H. Ko, and M. Aragaki. 1975. A simplified method for sporangial production by *Phytophthora cinnamomi*. Mycologia 67:1233–1234.
- Ko, W. H., H. S. Chang, and H. J. Su. 1978. Isolates of *Phytophthora cinnamomi* from Taiwan as evidence for an Asian origin of the species. Trans. Br. Mycol. Soc. 71:496–499.
- Stamp, D. J., G. M. Waterhouse, F. J. Newhook, and G. S. Hall. 1990. Revised Tabular Key to the Species of *Phytophthora*. Mycol. Pap. 162, Comm. Mycol. Ins. Kew Surrey. 28 pp.
- Waterhouse, G. M. 1963. Key to the Species of *Phytophthora* de Bary. Mycol. Pap. 92, CMI, Kew Surrey. 22 pp.
- Waterhouse, G. M. 1970. The genus *Phytophthora* de Bary: Diagnoses (or Descriptions) and Figures from the Original Papers. Mycol. Pap. 122. CMI, Kew Surrey. 59 pp.
- White, T. J., T. Bruns, S. Lee, and J. Taylor. 1990. Amplification and direct sequencing of ribosomal RNA genes for phylogenetics. p.315–322. in: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. (Innis, M. A., D. H. Gelfand, J. J. Snirsky, and T. J. White, eds.) Academic Press. San Diego, CA. 482 pp.

Mating Type Distribution of *Phytophthora palmivora* from Papaya in Taiwan

Pao-Jen Ann^{1,*}, Jyh-Nong Tsai², and Ien-Tien Wang³

Abstract

Ann, P. J., J. N. Tsai, and I. T. Wang. 2014. Mating type distribution of *Phytophthora palmivora* from Papaya in Taiwan. *J. Taiwan Agric. Res.* 63(4):267–273.

From 1977 to 2011, a total of 278 *Phytophthora* isolates were obtained from papaya diseased tissues, including fruit, roots, and young seedlings, which were collected from 106 papaya orchards located at 39 sites (districts, townships or cities) of 13 counties/cities. All isolates were identified as *Phytophthora palmivora* (Butler) Butler, of which 262 isolates were A¹ mating type and only 16 isolates were A² mating type. Isolates from 101 of 106 orchards were all of the A¹ mating type, while isolates from 2 orchards were all A² mating type. Isolates from the other three orchards contained both A¹ and A² mating types, but A¹ was dominant. Only one A² was found in each of the 3 orchards. All 13 isolates obtained before 1980 were A² mating type. Of the 164 isolates obtained during the periods from 1988 to 2000, 161 were A¹ mating type and only 3 were A² mating type. The 101 isolates obtained after 2000 (2001–2011) were all A¹ mating type. These results indicate that A¹ mating type of *P. palmivora* is currently the dominant *Phytophthora* pathogen in papaya orchards in Taiwan.

Key words: Papaya, *Phytophthora palmivora*, Mating type.

Received: July 31, 2014; Accepted: August 20, 2014.

* Corresponding author, e-mail: pjann@tari.gov.tw

¹ Research Fellow and Director, Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

² Associate Research Fellow, Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

³ Research Assistant, Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.