

森林病害的挑戰與契機

◎林業試驗所森林保護組·劉則言(tyliu@tfri.gov.tw)、張東柱

◎林業試驗所育林組·吳家禎

序言

森林病理學(Forest Pathology)，主要在探討森林樹木的病害，特別是真菌、卵菌、線蟲等病原微生物在樹木生長過程中所帶來的威脅。隨著林業多元發展，人類活動也為森林帶來了許多不同層面的衝擊，從森林病理學的角度來看，病害的發生常與人類行為密切相關。舉例來說，人類的移動可能會加速病原菌的傳播，大規模的人工造林亦可能帶來非預期的病害發生；此外，氣候變遷影響植被及病原菌的地理分布及生命週期，更加劇森林或是樹木病害的發生，這些都將是今後全球森林所必須面臨的挑戰。

一般在植物種植或農業上遭遇病害時，常直接透過人為防治措施，來降低植物病害所造成的經濟損失。森林是陸地生態系中最重要基石，為自然環境提供多面向的生態系服務與公益功能，加上天然林中蘊含豐富的生物多樣性，也使森林在遭遇病害的威脅時，不能單從人的角度來思考，即僅著重於病害的發生會造成多少珍貴樹木的衰亡及木材產量的損失，更必須考慮到，病害在森林演替的過程中所扮演的角色，以及其發生對自然資源保存的影響。因此，森林病理學家在擬定病害防制策略之前，必須對於森林有著宏觀且全面的認知。本文將從生態的角度出發，探討造成森林病害的原因，以及面對森林病害時，該從哪些方向來釐清問題，並提出病原菌生態調查與監測、林木病原菌檢疫、生物防治、樹木抗病育種等概念在森林病害防治的重要性。

病原菌的生態、多樣性及生物地理

森林的環境因子相當複雜，內含的植物種類數量，更遠高於一般農業生態系統，也因為這樣異質性的環境特徵，導致森林病害很難因人為防治措施的導入(如水分的供給、肥料的施用、乃至化學藥劑的使用來進行病蟲害防治)，而產生預期中的效果。傳統上，森林病害的防治，是建立在對有害生物因子(即病原菌)正確的風險評估之上；並配合育林和造林的需求，提供其所需的幫助。從歷史來看，森林或植物病害的發生，常與外來物種的入侵密切相關。Blackwell(2011)提出，在亞洲、非洲、中美洲等地區，有許多不曾記錄或未被詳加描述的真菌，不會對原始寄主植物產生嚴重的影響，但當這些病原菌進入非原生的區域時，極有可能會造成大規模病害發生。在全球化的今日，唯有對這些潛在病原菌的生態棲位、地理分布、生物特性等方面詳加了解，才能提出合適的病害因應策略。然而，依據Hawksworth等人(2017)推測，我們所知的真菌種類，大約僅占該物種的2.5至4.4%，顯示對於這些可能會造成森林病害的微生物，所知仍相當有限。

隨著生物科技的進步，將有助於我們了解這些病原菌的分類、多樣性與親緣關係。Queloz等人(2011)，就透過核酸序列的比對發現，造成英國95%的白蠟樹損失的白蠟樹枯梢病(Ash dieback)，其病原真菌應為亞洲種*Lambertella albida*，而非原生於歐洲的*Hymenoscyphus albidus*；隨後*L. albida*又在進

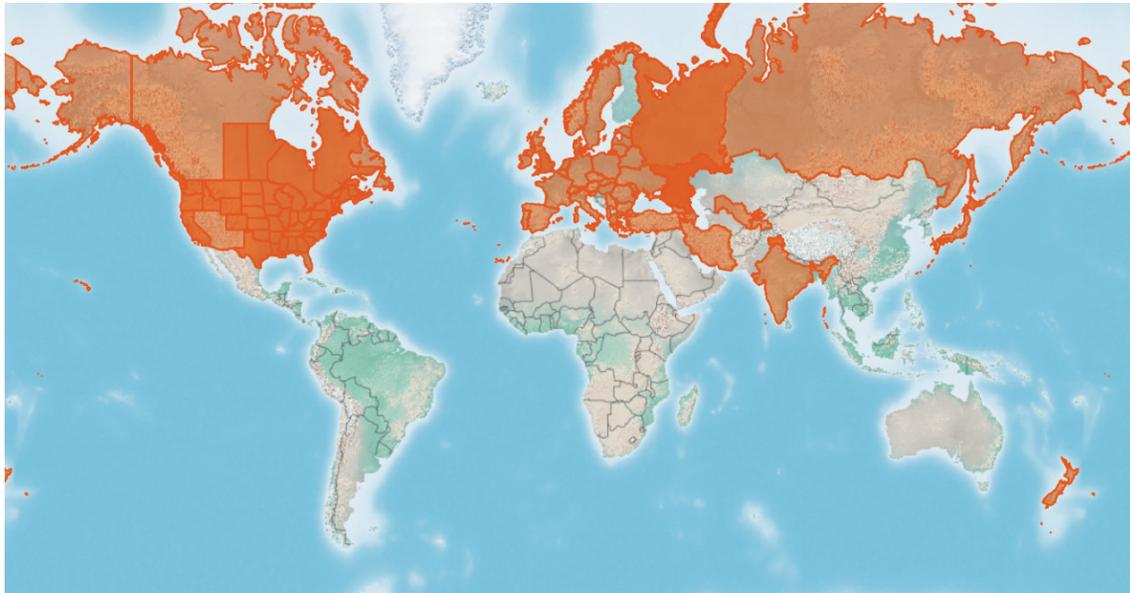


圖1 造成荷蘭榆樹病之病原真菌的地理分布資訊(來源：<https://www.cabi.org/>)。

一步被Zhao等人(2013)經由親緣分析證實其應為*H. albidus*的同屬不同種真菌*Hymenoscyphus pseudoalbidus*。此外，透過核酸的鑑定也有助於我們發現過去未注意，會在同一樹種上造成相同病害的隱蔽種(cryptic species)病原真菌。Mougou等人(2008)透過此方法，釐清造成橡樹白粉病(oak powdery mildew)的病原真菌，包含*Erysiphe alphitoides*、*Erysiphe quercicola*、*Erysiphe hypophylla*和*Phyllactinia roboris*四種。科技拓展我們對病原菌的認知，有助於釐清病原菌在其原生地的生態棲位，以及當病原菌入侵非原生地區後，可能會對那些樹種產生威脅。若能進一步結合這些病原菌及各森林樹種的地理分布資料(圖1)，將協助我們推測這些森林病原菌未來的可能影響範圍，並作為森林病害防治的預警。

病原菌與寄主樹木的共演化

森林中病原菌的演化，主要在探討病原菌如何適應其寄主樹木。當病原菌和寄主植物長時間存在於同一時空背景中，代表兩者間經歷了長期的共同演化，病原菌常不會對寄主樹木造成嚴重的危害，此時病原菌對寄主樹木造成影響，通常不容易被肉眼所觀察到。從演化的觀點來看，多數的時候我們所見到的樹木病害，起因於病原菌演化所需的時間較短，而樹木演化所需的時間較長，所以病原菌得以在樹木演化出抗病品種或品系之前，成功對樹木造成危害。從另一個角度來看，病原菌的存在可視為自然界對樹木的選汰壓力，會篩選出對該病原菌具有較佳耐抗病性的樹種。由此可知，森林病害的發生，常來自於森林被過去未曾接觸過的病原菌入侵；在缺少共同演

化的情況下，樹木本身不具有對該病害的耐抗病性基因，使得病原菌得以快速在森林中拓展其族群，並造成森林的減損。

另有研究顯示，病原菌會傾向優先感染與原寄主親緣關係較近的樹種。栗樹枝枯病菌 *Cryphonectria parasitica* 在傳入歐美的過程中，被報導主要會危害兩種栗樹 *Castanea dentata* 與 *Castanea sativa*；之後又發現相較於其他樹種，該病原菌感染栗樹 (*Castanea* spp.) 的種類和數量較多。荷蘭榆樹病亦被發現在病原真菌 (*Ophiostoma ulmi* and *Ophiostoma novo-ulmi*) 傳入歐洲的過程中，除了透過小蠹蟲 *Scolytus multistriatus* 來傳播病原菌外，亦會優先危害多種與其原寄主親緣接近的榆樹 (*Ulmus* spp.)。De Vienne 等人 (2009) 也透過實驗證實，新寄主與原生寄主的親緣關係越相近，病原菌就有更高的機會去感染新寄主。針對這樣的現象，Altizer 等人 (2003) 提出了一個假說，即病原菌感染親緣關係較近的寄主植物時，需要經過演化的歷程較短，所以當新寄主和原寄主親緣關係越接近，病原菌就得以更快去適應新的寄主。

森林病害的防治

面對病原菌的威脅，如何減少病害對森林的衝擊，是我們必須面對的議題，而所有病害的防治，均建立在對病原菌完善的認知上。對病害正確的診斷鑑定，搭配病原菌的族群調查，從生態的角度分析病原菌的物種多樣性、親緣關係、寄主範圍、地理分布等資訊，都有助於我們提出一套有效的森林病害防治策略。目前對於森林病害的防治，國際上以阻絕病原菌入侵、生物防治、篩選耐抗病樹種等為

主要的趨勢，也為森林病害防治帶來新挑戰和契機。其中阻絕病原菌的入侵，絕對是降低森林病害發生風險的第一道防線 (圖2)，透過對病原菌及樹種分布地理區域的了解，配合國與國間的植物檢疫措施，可有效的將病原菌阻絕於境外，減少外來入侵的病原菌對當地森林造成的危害。生物防治在森林病害的應用上，最早的概念是源自於森林中發現的超寄生真菌，在演化的過程中，可寄生在樹木病原真菌上，造成病原菌不正常的生長，減少該病原菌族群的擴展。隨著這幾年各種生物防治方法在農業上的提出及應用，森林病理學家也嘗試將對病原菌具有拮抗能力的微生物施用於病木上，期能減緩樹木病害發生的情形，但目前在該領域的研究仍相當有限。關於耐抗病樹種的選育 (圖3)，則是一個漫長的歷程，在演化的過程中，大自然造就了樹種基因的多型性，如何保存物種的基因多型性並從中篩選對病原菌具有耐抗病性的樹種，是相當大的挑戰。這裡將提供如何結合分子生物技術進行林木的抗病育種的輪廓。



圖2 樹木輸入時的檢疫作業，可有效防堵外來病原菌的入侵 (劉則言 攝)



圖3 日本在育苗的過程中納入不同品系的苗木，並將結合優良性狀的篩選及耐抗病性評估(劉則言 攝)

分子技術應用於林木抗病育種

由於植物的防禦機制十分的複雜，包含一連串與植物病原菌彼此相互的辨識和攻防，進而產生防禦反應。除了過去篩選單一抗性基因(single major gene)的育種策略外，近年來也透過全基因體關聯性分析(genome wide association study, GWAS)，成功在糖松 (*Pinus lambertiana*)、挪威雲杉(*Picea abies*)、毛果楊 (*Populus trichocarpa*)等木本植物上，找出與抗病相關的基因位點。此外，透過比較基因體學(comparative genomics)，針對具有抗病相關的序列進行分析，如NRL序列(nucleotide-binding

and leucine-rich repeat)，或是進一步結合轉錄體學(transcriptomics)與蛋白質體學(proteomics)等，都為林木抗病育種帶來新的方向。以桉樹和病原真菌*Chrysosporthe austroafricana*的研究為例，即透過蛋白質體學發現，其在植物-病原菌相互作用過程中，桉樹的水楊酸信息傳遞、細胞凋亡等蛋白表現量皆明顯提升，提供了有別於核酸層次的木本植物抗病反應資訊。此外，巨觀基因組學(metagenomics)和代謝組學(metabolomics)也是近年關注的焦點。有研究團隊透過巨觀基因體學，發現植物的內生真菌可以轉變植物養分的吸收型態，進而減少病原菌的侵擾與增加植物抗病性。代謝組

學則是結合化學分析(LC/GC-MS, gas or liquid chromatography /mass spectrometry)，幫助我們進一步探索有那些代謝物質(如萜類化合物)有助於植物抵抗病原菌。

此外，亦有透過基因工程來進行抗病育種的實例，如桉樹經由基因轉殖，成功培育具有抗凍、增加生物量、提升生長性狀的轉基因植株，並成功商業化。未來透過基因編輯(genetic editing)技術，更有可能提升林木抗病育種的速度。目前國內唯一全解序的特有林木為牛樟，為國內相當具潛力進行分子抗病育種的樹種(圖4)，其基因體解序有助於分子遺傳的研究，加上牛樟可產生多種次級代謝物，若能從基因體分析出發，最終結合代謝體的分析，將有助於未來優良牛樟苗木的選育，並保存具優良的基因型的品系。雖然新技術的導入能提供林木育種新的線索並加快育種速度，但篩選出具有潛力的耐抗病品種後，是否能在自然界中展現預期的耐抗病能力，將是未來研究人員試驗的重點。



圖4 牛樟新植苗木苗期受病蟲害威脅情形。牛樟是國內特有種具有基因全解序的物種，適合進行深入的分子生物學研究(吳家禎 攝)

結語

隨著人類活動的多樣化，森林涵蓋的範疇也從天然林，人工林，到都市林，加上森林周邊的不同的聚落及農牧等土地利用型態，森林所面臨的潛在病害威脅，將比以往更加複雜。此外，全球化與氣候變遷，也是森林病害必須面對的課題和挑戰。全球化模糊了國與國的邊界，頻繁的貿易卻增加病原菌遠距傳播的可能性，使其有機會在非原生地建立族群，甚至造成大規模的森林流行病害。氣候的變化則改變病原菌地理分布的北界及海拔高度的限制，使其對森林造成的威脅比以往更加廣泛。面對外在環境快速且劇烈的變化，森林病理學家所面對的第一個課題，仍是必須去釐清造成樹木病害的生物因子，在衡量如何減少病原菌對森林帶來的衝擊時，則需要同時從森林生產與生態保存育的角度來思考，並在兩者間取得平衡，最終才能在擬定病害防制策略時，兼顧病害的防治、森林生產與森林中珍貴自然資源的保存。(參考文獻請逕洽作者)🌱