命名及鑑定植物病原真菌

陳羿秀 [1]　歐玠皜 [1]　陳啟予 [1,*]

中興大學植物病理學系。 台灣 台中

摘要

植物病理學家經常會對真菌學名之複雜性而感到困惑，甚至會覺得真菌之命名及分類方式不易理解。誠然，由於真菌之特殊性質，造就了生物學中獨一無二的雙名制(dual nomenclature)之命名制度，但這個制度雖不符合自然分類的理論，卻實施了上百年。隨著 DNA 序列廣泛的被應用在真菌之分類，早期不得不使用雙名制之權宜背景已不復存在，因而自 2013 年 1 月 1 日起，將真菌之命名回歸和其他生物之命名一致，一個生物只有一個學名，在真菌就是“一真菌一學名(one fungus one name)”。對其他生物是理所當然的事，但在真菌卻掙扎的上百年才獲得這樣的命名條件，但這樣的改變卻必須面對、及解決早期雙名制留存下來的命名問題，這會是很複雜，卻是有脈絡可循的，只要能清楚其邏輯脈絡，就可以清楚掌握這樣的轉變，並能正確的使用學名。在此將說明實施雙名制之原因、雙名制之操作方式、一真菌一學名之原理、及實行一真菌一學名對既有學名之影響，循序漸進的說明真菌命名演進的來龍去脈，此觀念之理解，將有助於正確的命名及鑑定植物病原真菌。而對於真菌鑑定已不可或缺之 DNA 條碼，有一些執行上需注意之關鍵，如能正確且有效的運用 DNA 條碼，將能使真菌之鑑定更為便利。

關鍵字：真菌命名、雙名制、一真菌一學名、DNA 條碼

前言

世界上已被發現的真菌種類約 12 萬種，然而有更多種尚未被發掘，推估實際應該存在有 220 萬至 380 萬種真菌(Hawksworth & Lücking 2017)，面對如此龐大的數目，正確之學名是科學上交流、及實務應用之首要關鍵，學名中可以衍伸物種的分類、形態、生理生化特性、分布範圍等資訊，而對於植物病原真菌更包含了寄主範圍、潛在風險、管理方

*論文聯繫人
E-mail: chiyu86@dragon.nchu.edu.tw

法等重要資訊，這在防、檢疫之工作上尤其重要，若使用不正確的名稱可能不慎引入病原菌，錯誤名稱也可能在病害管理上做出錯誤的判斷(Crous *et al* 2021)。真菌的學名有其特有之複雜性，造就了雙名制的特有規範，而如今面對雙名制之廢止，採取新的一真菌一學名之原則，造成了眾多學名之改變，尤其是當植物病理學者面對長久熟悉的植物病原菌學名之更動，經常感到困惑。在此從源頭說明雙名制在歷史上之必然，延伸至現今一真菌一學名之不得不然，希望能對學名的使用有知其所以然的清晰。再者，普遍應用來輔佐鑑定之 DNA 序列，有基本需要注意之關鍵，特別提出來，希望能有助於提高鑑定之精準。

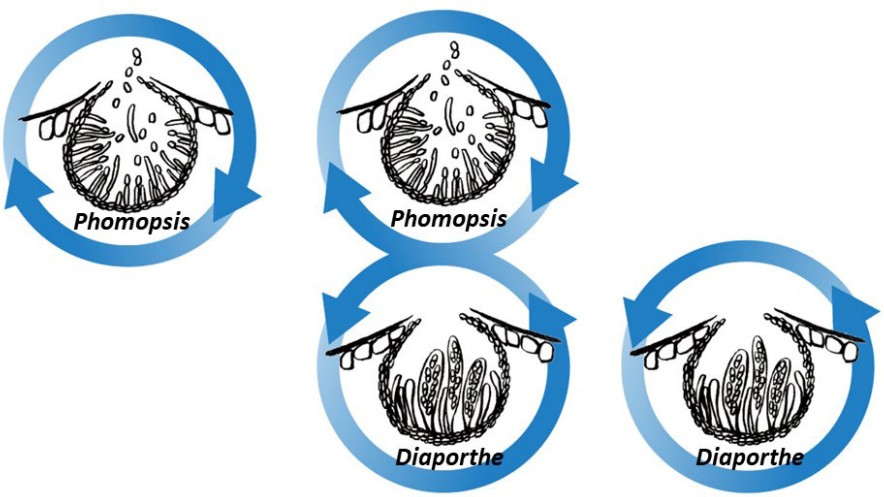
高等真菌(子囊菌、擔子菌)分類所遭遇之難題

自以顯微鏡觀察、並將各種真菌賦予學名起始，對具有子囊、產生子囊孢子之真菌種類給予學名(這是有性繁殖之結構、及孢子)，也對於“直接自菌絲上產生分生孢子(conidium)”之真菌命名(這是無性繁殖之孢子)。起初，只是分別對大自然中之菌種，根據不同的孢子型式進行分類與命名，尚不知道那些以分生孢子命名的種類，其實是歸屬於子囊菌的無性繁殖。逐漸的，許多真菌是根據子囊菌之有性繁殖來命名；而許多真菌的是根據子囊菌之無性繁殖來命名。直到 Tulasne (1851)證明了這些無性繁殖命名的真菌，只是子囊菌生活史之一部分，才開始明白這兩類以前被視為不同的真菌，是同類群的。此時，直接面對的難題就是：這時子囊菌同時並存著兩套分類的規則、及其所衍伸的學名—一個是根據有性繁殖、一個是根據無性繁殖。而有時候，同一個子囊菌就具有有性、無性兩個學名，如 de Bary (1854)就發現 *Aspergillus glaucus* (L.) Link 和 *Eurotium herbariorum* (Weber ex F.H. Wigg.) Link ex Nees 是相同的真菌，卻分別被根據無性繁殖(前者)、及有性繁殖(後者)命名。並存兩套命名規則的難題，就這樣的一直困擾著真菌學者，但這也是真菌學歷史的必然過程，因為當真菌學家在採集子囊菌時，有超過 90%以上之機會僅發現其有性繁殖、或無性繁殖，因為許許多多種類的只存在有性繁殖、或只存在無性繁殖，在此種狀況下，無法用單一的分類規則(或形態特性)來對所有子囊菌進行分類。隨後也發現擔子菌亦存在有性繁殖、無性繁殖獨自存在之現象，也同樣面臨兩套分類規則的難題，但相對子囊菌而言，擔子菌較少困擾分類學者，因為多數擔子菌僅存在有性繁殖，只有少數存在無性繁殖，也就是說，用有性繁殖的形態特徵，即可以將大多數的擔子菌進行分類與命名。

以子囊菌 *Diaporthe*、*Phomopsis* 為例之生活史

Diaporthe 屬為 1867 年依據有性繁殖形態所建立之屬，是以子囊、及子囊孢子為特徵；*Phomopsis* 為 1905 年依據無性繁殖形

態所建立之屬，是以分生孢子為特徵。自然界中，有些真菌種類同時具有 *Diaporthe*、及 *Phomopsis* 的形態(圖一、中)，但多數種類只存在有性繁殖(sexual reproductive stage 或 sexual morph) *Diaporthe*、或只存在無性繁殖形態(asexual reproductive stage 或 asexual morph) *Phomopsis* (圖一、左，右)。所以這兩個屬雖然被視為相同，但在命名的難題存在時，將此二屬分別用來命名有性繁殖、及無性繁殖形態，為權宜不得不然的措施。在圖一中，有性繁殖、及無性繁殖的生活使分別以單獨的圓圈表示，圓圈表示“迴旋 cycle”，代表可以在同一個圈中不斷重複，而不必然要進入到下一個圈，也就是說，可以一直在有性繁殖、或無性繁殖的圓圈中打轉。這和“世代交替 (alternation of generation)”是不同的觀念，世代交替的生活史包括有性世代(sexual generation)、及無性世代(asexual generation)，但此兩個世代是在同一個“圓圈”上，在真菌界中，只有低等真菌壺菌類的芽枝黴菌門 (Blastocladiomycota) 之 *Allomyce* 及 *Coelomomyces* 屬具有世代交替，合計種類不超過 150 種。而子囊菌 *Diaporthe* 是“有性態”的屬；*Phomopsis* 是“無性態”的屬，迴異於有性世代與無性世代。



圖一、子囊菌有性繁殖之 *Diaporthe* 屬、及無性繁殖之 *Phomopsis* 屬之生活史。有些種類只有無性繁殖(左)、有些種類只有有性繁殖(右)、有些種類兩者都有(中)。

Fig. 1. Life cycle of ascomycetes with sexual and asexual stages, exemplified by telemorphic genus *Diaporthe* and anamorphic genus *Phomopsis*. Some species have only sexual stage (left); some species have only asexual stage (right); some species have both stages (middle).

只有高等真菌(子囊菌、及擔子菌)會遭遇分類難題

為何只有高等真菌？因為低等真菌(包括類真菌之卵菌、及壺菌、接合菌)，除了極少數例外，都以無性繁殖為主，反而不常看到有性繁殖，所以用無性繁殖的形態作為歸類依據，即可以對所有低等真菌進行分類。因而只有高等真菌(子囊菌、及擔子菌)在環境中經常僅有有性、或僅有無性之形態，會有命名上之困擾。

雙名制的由來

真菌之命名規則是和植物命名一致，所以真菌同樣遵循植物命名規約(ICBN；International Code of Botanical Nomenclature；於 2018 年以更名為 International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants)之規定，真菌與植物的命名，主要不同點，就在於需因應高等真菌所具有的“有性態”、“無性態”的多型性(polymorphism)，且這兩種型態經常單獨存在的現象，而必須在植物命名規約中訂定特別的法則(Article)來規範這個特殊情況。1905 年於維也納舉辦的國際植物學大會(International Botanical Congress, IBC)中，制定允許根據有性繁殖的形態(teleomorph)、及無形繁殖形態(anamorph)分別命名(Weresub & Pirozynski 1979)，這導致縱使已知道該真菌無性態之名稱，若發現其有性型態，仍會給予另一個學名，這是在植物分類外之特許規則，就是後來大家所熟知之命名規約 Article 59 中所闡述的雙名制(dual nomenclature)(生物之學名包含屬名、種小名，稱為為二名法 binary nomenclature，和雙名制是完全不同的)，這特許規定只存在於高等真菌(子囊菌、及擔子菌)。縱使如此，由於迥異於一般的植物學家對學名的觀念，所以植物學家也總困惑於為何真菌會有獨特的雙名制。而此雙名制一直實行至 2012 年 12 月 31 日止。在雙名制的制度下，大多數高等真菌仍只有一個名字，為有性態、或無性態之學名，只有部分種類同時具有此二者形態，也才有二者之學名，而多數子囊菌類之植物病原菌種類是具有兩個形態、兩個學名的，這是因為病原菌在生態適應上之需要，無性繁殖孢子為主要傳播、及二次感染之來源；而有性繁殖之孢子做為田間殘存、及初次感染之來源。舉“蘋果黑星病菌”為例，它同時就具有“有性”、及“無性”繁殖形態之兩個學名，而在一般病害描述的文章中，此兩個學名經常都並列，如：有性態(teleomorph)：*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter 1875。無性態(anamorph)：*Fusicladium pomi* (Fr.) Lind 1913。要強調的是，此雙名制之兩個學名間，並不是“同物異名(synonym)”的關係，在雙名制之制度下，有性態學名有自己的同物異名、無性態學名有自己的同物異名，是雙軌獨立的兩個命名體系。

雙名制的終結

隨著 1990 年代分子技術出現，利用 DNA 序列進行分類，能跨越缺少共同形態特徵的障礙，從序列比對、及親緣分析中，可以將僅具有有性態、或無性態之種類連接起來，“具有共同的分類形態特徵”進行分類已不再是必要之條件，隨著分子序列應用在分類上越普遍，也越凸顯雙名制之矛盾。當在 BLAST 比對基因庫中序列之相似度時，結果出現兩個種名之序列完全相同，而一個是有性態之學名、一個是無性態之學名，如此容易造成困惑；當建構分子親緣演化樹時，在同一個支序群(clade)中同時包含有性、及無性態的屬、及種名，理論上這個支序群在演化上本應該歸屬於單一個屬，但因為雙名制，卻涵蓋了有性、及無性態兩個屬名，會讓人無所適從；當分子親緣分析獲得新的獨立支序群，在此新支序群中中包含有性態、及無性態之菌種，而要將此群命名新屬時，要以有性態建立新屬？或以無性態建立新屬？或建立兩個新屬？這都是雙名制下的為難。終於在 2011 年於澳洲墨爾本召開第 18 屆國際植物學大會中，通過決議取消雙名制，並自 2013 年 1 月 1 日起正式生效，終止了幾十年來雙名制的爭議，廢除第 59 條法則，取而代之的是一真菌物種僅能具有一正式名稱(one fungus one name)，自此真菌的分類邁向新的時代，而該使用哪個名稱作為正式學名，是接下來需要討論的問題，估計約 2,000–3,000 個屬名和 10,000–12,000 個種名需重新評估(Hawksworth 2012)，而需要重新評估之詳細的理由，將在以下依不同的情況個別介紹。

One fungus one name (一真菌一學名)(1F1N)

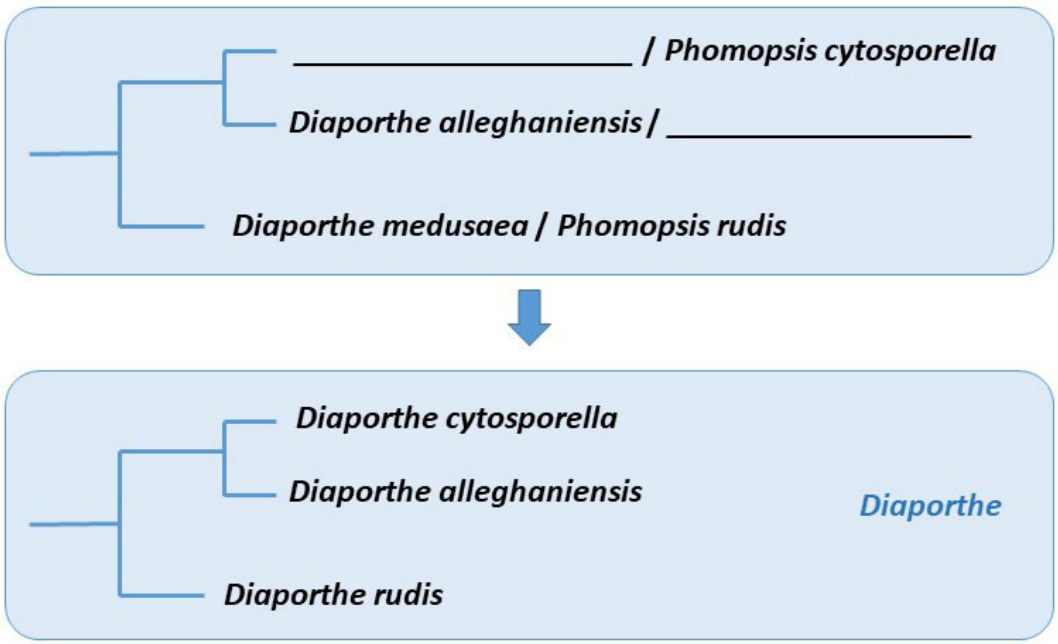
在早期之雙名制下，有些種類只有一個有性學名、有些種類只有一個無性學名、有些種類具有有性及無性兩個學名。但在此新制下，所有真菌只使用一個學名，但到底要使用有性？或無性學名？決定真菌應該使用哪個學名，現在必須回歸到與植物命名規約完全一致之原則：最先發表的名稱擁有優先權(priority)。因為學名的組成是“屬名+種小名”，所以首先要依優先權決定屬名(Rossman 2014)，再依優先權(oldest species epithet)定種名。如早期之有性屬 *Calonectria* 1867 及無性屬 *Cylindrocladium* 1892 為相互對應相同的菌、但卻以不同分類規則命名，兩者之間獨立、互不為同物異名。但當廢除雙名制，此二屬即成為同物異名，可以用等號來連結：*Calonectria* 1867 = *Cylindrocladium* 1892。接下來面臨的是要從中選擇一個代表的屬，依優先權，*Calonectria* 比較早建立，所以就是該被使用的屬名(這樣的改變，就是前述所謂 2,000–3,000 個屬名需評估的來由)。在選擇了以 *Calonectria* 為屬名後，其內種名的處理方式，有 3 種情況：1. 本來就是 *Calonectria* 屬內的種類維持原狀；2. 本來

是 *Cylindrocladium* 屬內的種類，則必須都要轉移至 *Calonectria* 屬(產生組合 combination 名)，這牽涉到學名的大量遷移(這樣的改變，就是前述所謂 10,000–12,000 個“種名”需評估的來由)；3. 本來就同時具有 *Calonectria* 及 *Cylindrocladium* 兩種形態之種名，如 *Calonectria ilicicola* Boedijn & Reitsma 1950，及 *Cylindrocladium parasiticum* Crous *et al.* 1993，當然就使用 *Calonectria ilicicola* 為正確之學名，而這兩個學名間的關係是同物異名可以用 *Calonectria ilicicola* Boedijn & Reitsma 1950 = *Cylindrocladium parasiticum* Crous *et al.* 1993 表示。在此提出一個假設之情況(非實際狀況)，假設上述兩個種名建立之時間(1950 與 1993)置換過來，*Calonectria ilicicola* Boedijn & Reitsma 1993 = *Cylindrocladium parasiticum* Crous *et al.* 1950，在優先權的條件下，需要將較早建立的 *Cylindrocladium parasiticum* Crous *et al.* 更改並組合為 *Calonectria parasiticum* (Crous et al.) Y.S. Chen, J.H. Ou & C.Y. Chen (假設是由我們進行更改)，才是正確之學名(這也是前述所謂 10,000–12,000 個種名需評估的來由之一)。有關此種名優先權之部分，較“屬名之優先權”複雜，植物病理學者也不會需要面對這樣的選擇，比較多的疑問都是在於“為何要選擇某個屬？”，也就是前述“2,000–3,000 個屬名需要重新評估”的原由。以下就分別以分子序列所建構之親緣演化樹，來說明在不同的幾個情況下，由“雙名制”轉變為“一真菌一學名”時，在學名使用上的影響。之所以以親緣演化樹來說明，是因為其最能凸顯雙名制存在的問題，以及“一真菌一學名”的合理性。

(1) 在親緣演化樹關係中：有性態屬與無性態屬在相同的支序群

以 *Diaporthe* 1867 (有性態)、*Phomopsis* 1905 (無性態)為例(圖二)。此二屬屬於相同的支序群(clade)，在這個例子的支序群中有 3 種(圖二、上)，*Diaporthe alleghaniensis* 只有有性態；*Phomopsis cytosporella* 只有無性態；另一真菌同時具有性態 *Diaporthe medusaea*、及無性態 *Phomopsis rudis*。在雙名制的規範下，*Diaporthe* 年代較早(1867)，具有優先權，所以應使用 *Diaporthe* 為此支序群之屬名名稱。結果是(圖二、下)：*Diaporthe alleghaniensis* 不變；*Phomopsis cytosporella* (Penz. & Sacc.) H.S. Fawc. & H.A. Lee 必須被轉移至 *Diaporthe*，而為 *Diaporthe cytosporella* (Penz. & Sacc.) Udayanga & Castl.；*Diaporthe medusaea*、及 *Phomopsis rudis* 兩個學名中，需使用前者(Gomes *et al.* 2013)(有一個前提是 *Diaporthe medusaea* 年代需早於 *Phomopsis*

rudis，否則就會遭遇同前述假設情況之"*Calonectria ilicicola* Boedijn & Reitsma 1993 = *Cylindrocladium parasiticum* Crous *et al.* 1950"的相同問題)。



圖二、雙名制下的 3 個 *Diaporthe*/*Phomopsis* 種(上)(有性態學名在前面、無性態學名在後面、空白底線表示無該形態)；及在一真菌一學名制度下之處置(下)。

Fig. 2. Three *Diaporthe*/*Phomopsis* species under the rule of dual nomenclature (above)(telemorph in front, anamorph behind. Blank underline represents the lack of one morph); Names after treatment of "one fungus one name" (below).

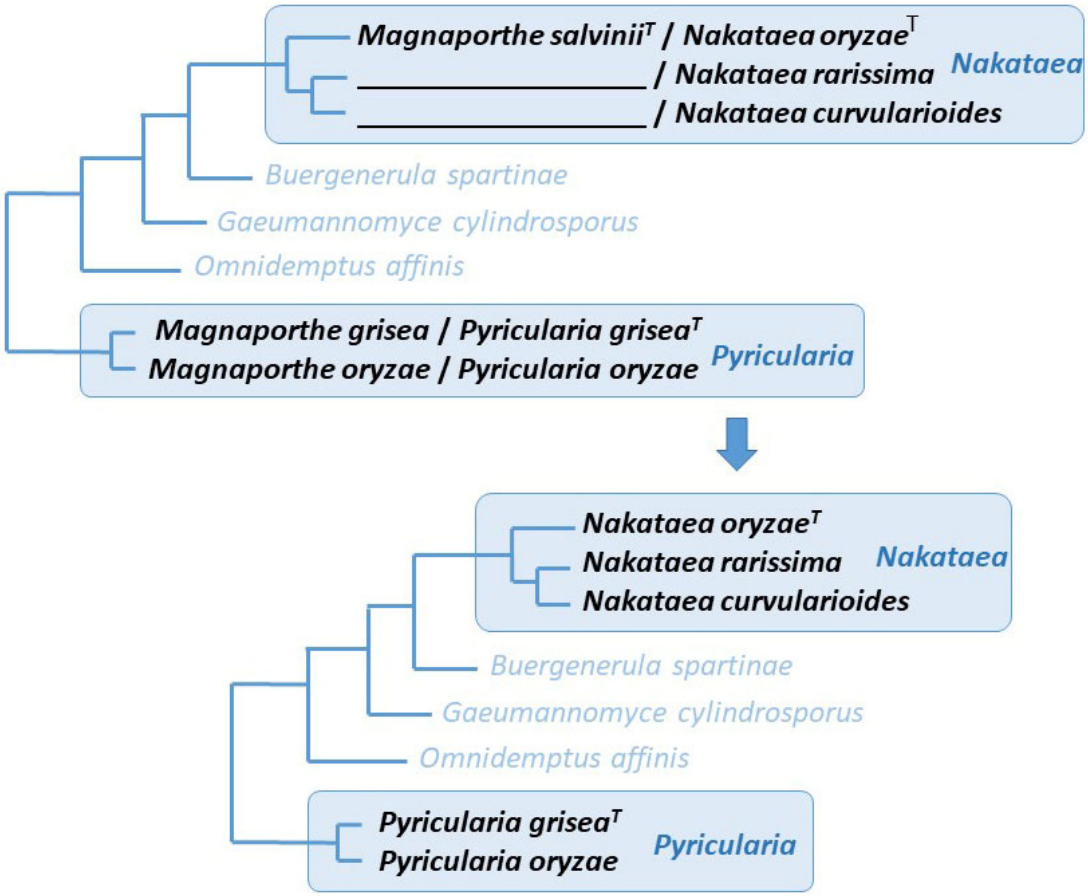
(2) 在親緣演化樹關係中：同一個真菌所對應的有性態屬與無性態屬，分別在不同之支序群

以稻熱病菌有性態 *Magnaporthe oryzae*、及無性態 *Pyricularia oryzae* 為例(圖三)。*Magnaporthe* 屬和 *Pyricularia* 屬在親緣關係上分別屬於不同的支序群，稻熱病菌所在之支序群屬於

Pyricularia 屬，因為 *Pyricularia* 屬之模式種(type species) *P. grisea* 在此支序群中，很重要之觀念，就是唯有“屬”的模式種所在之支序群，才是真正能代表該屬的所在位置。而 *Magnaporthe* 屬的模式種 *M. salvinii* 在另外一個支序群，其和 *Nakataea* 的模式種 *N. sigmoidea* (= *N. oryzae*) 歸在同一支序群，相較之下 *Nakataea* 1939 比 *Magnaporthe* 1972 年代早，所以此支序群需使用 *Nakataea* 屬名，而 *Magnaporthe* 成為 *Nakataea* 屬之同物異名(Klaubauf *et al.* 2014)。

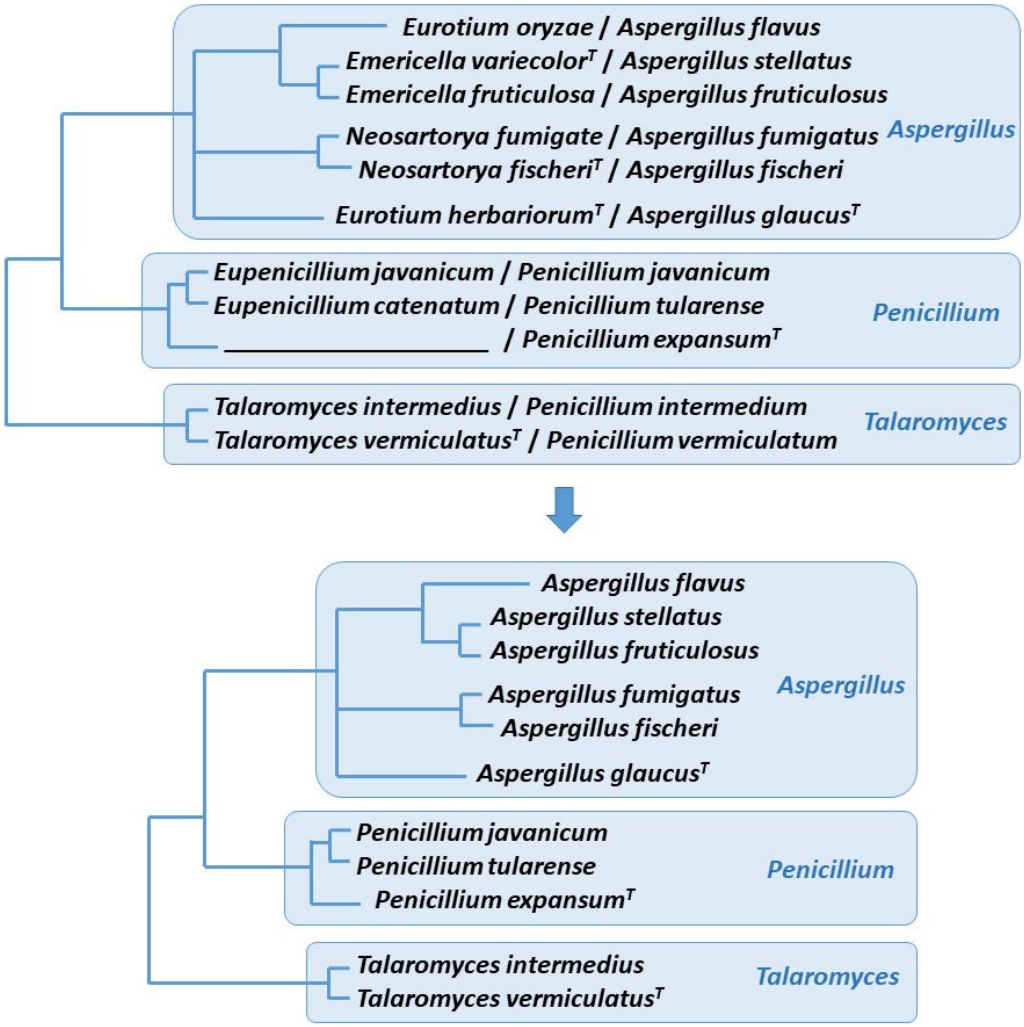
(3) 在親緣演化樹關係中：一個無性態的屬、對應至一個以上的有性態屬

以 *Aspergillus* 無性態屬對應至有性態之 *Emericella*、*Eurotium*、*Neosatorya* 屬為例；及 *Penicillium* 無性態屬對應至有性態之 *Eupenicillium*、*Talaromyces* 屬為例(圖四)。*Aspergillus* 1768 屬之模式種為 *A. glaucus*，其與 *Emericella* 1857、*Eurotium* 1809、*Neosatorya* 1973 屬之模式種 *Em. varievolar*、*Eu. harbariorum*、*N. fischeri* 歸在同一個支序群中，所以這 4 個屬名都有資格角逐來代表這個支序群的屬名，在比較優先權後，*Aspergillus* 屬建立之年代最久遠(1768)，所以應使用 *Aspergillus* 屬來概括所有這個支序群中之種類(其他 3 個屬變為 *Aspergillus* 屬之同物異名)。*Penicillium* 1809 屬之模式種 *P. expansum* 所在之支序群，與有性態屬 *Eupenicillium* (1892) 在一起(*Eupenicillium* 模式種亦在此支序群，但並沒有呈現在圖四中)，比較年代後，以 *Penicillium* 屬為之支序群之代表。有些 *Penicillium* 屬之種類自成另一個支序群，此支序群亦包含 *Talaromyces* 屬之模式種 *T. vermiculatus*，毫無疑義的，此支序群只能稱之為 *Talaromyces* (Zhang *et al.* 2013)，而不能是 *Penicillium*。



圖三、雙名制下稻熱病菌 *Magnaporthe oryzae* (有性態)/*Pyricularia oryzae* (無性態)，及 3 個屬 *Magnaporthe*、*Pyricularia*、*Nakataea* (上)(有性態學名在前面、無性態學名在後面、空白底線表示無該形態)；及在一真菌一學名制度下之處置(下)。(註：上標 T 代表模式種)

Fig. 3. Scientific name of rice blast pathogen under dual nomenclature, *Magnaporthe oryzae* (teleomorph)/*Pyricularia oryzae* (anamorph). Three genera *Magnaporthe*, *Pyricularia* and *Nakataea* are shown in the phylogram (telemorph in front, anamorph behind. Blank underline represents the lack of one morph); Names after treatment of "one fungus one name" (below).



圖四、雙名制下有性態 *Emericella*、*Eurotium*、*Neosartorya* 可對應到無性態之 *Aspergillus*; 有性態 *Eupenicillium*、*Talaromyces* 可對應到無性態之 *Penicillium* (上)(有性態學名在前面、無性態學名在後面、空白底線表示無該形態)。及在一真菌一學名制度下之處置(下)。(註：上標 T 代表模式種)

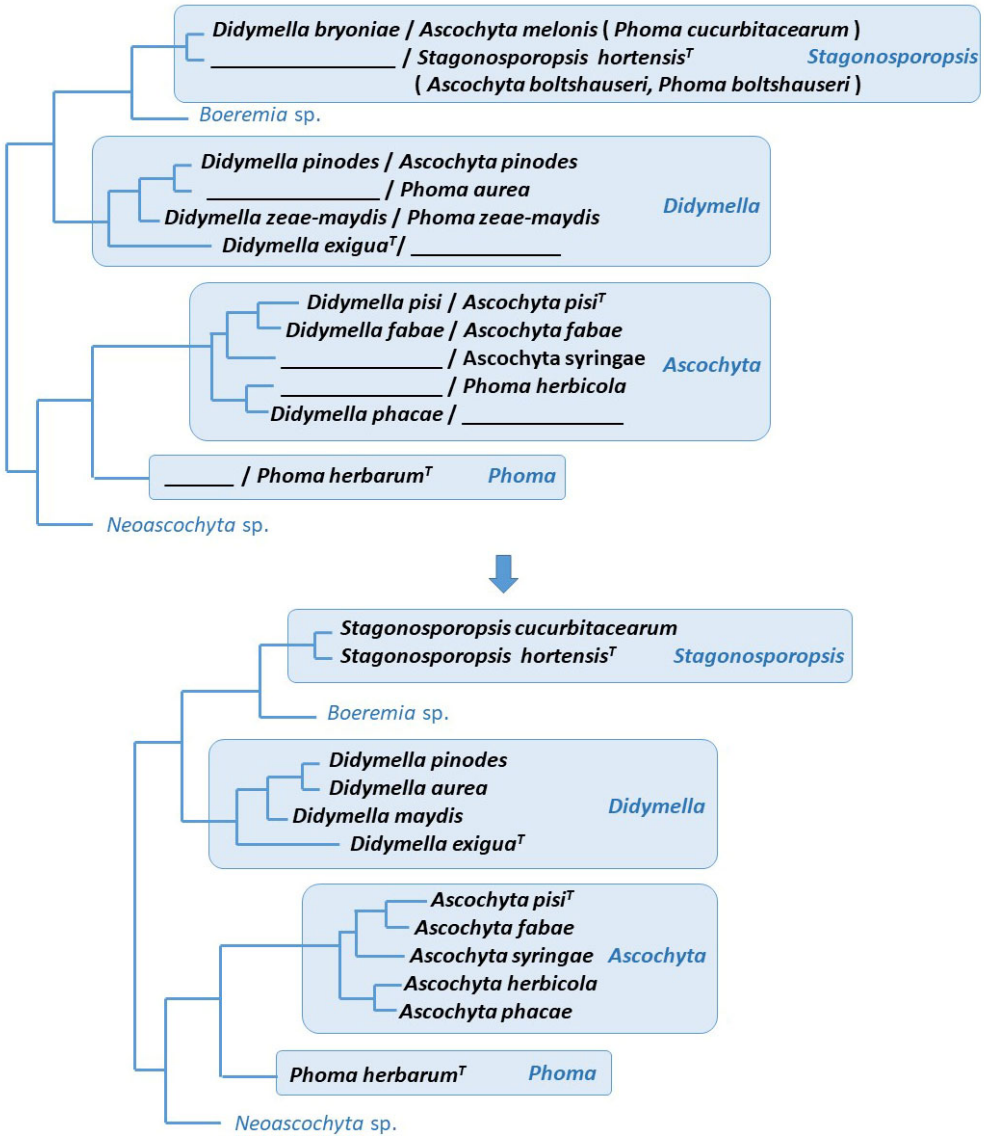
Fig. 4. Under the rule of dual nomenclature, telemorphic genera *Emericella, Eurotium*, and *Neosartorya* were connected with anamorphic genus *Aspergillus*; telemorphic genera *Eupenicillium* and *Talaromyces* were connected to anamorphic genus *Penicillium*. (telemorph in front, anamorph behind. Blank underline represents the lack of one morph); Names after treatment of "one fungus one name" (below). (Note: superscript T represents "type species")

(4) 在親緣演化樹關係中：一個真菌所對應的有性態屬、及無性態屬為不同的支序群，而這個真菌卻是歸屬於其他的支序群

以瓜類蔓枯病菌為例，其有性態為 *Didymella bryoniae*、無性態為 *Ascochyta melonis*，但此真菌卻被歸在 *Stagonosporopsis* 屬(圖五)。真正能代表 *Didymella* 屬的模式種為 *D. exigus*、能代表 *Ascochyta* 屬的模式種為 *A. pisi*，兩者分別在各自之支序群中，但這兩個支序群裡面並沒有瓜蔓枯病菌之真菌(*Didymella bryoniae* 或 *Ascochyta melonis*)，所以瓜蔓枯病菌不會再屬於 *Didymella* 屬、或 *Ascochyta* 屬。但它要被歸在哪一屬呢？此真菌所在之支序群中，正好具有 *Stagonosporopsis* 屬之模式種 *S. hortensis*，所以瓜蔓枯病菌就該被歸在 *Stagonosporopsis* 屬中。然後在整合所有瓜蔓枯病菌之同物異名中，發現具有年代最久遠種小名的 *Phoma cucurbitacearum*，在種名的優先權下，將此學名轉移至 *Stagonosporopsis* 屬中，而成為 *S. cucurbitacearum* (Aveskamp *et al.* 2010)。

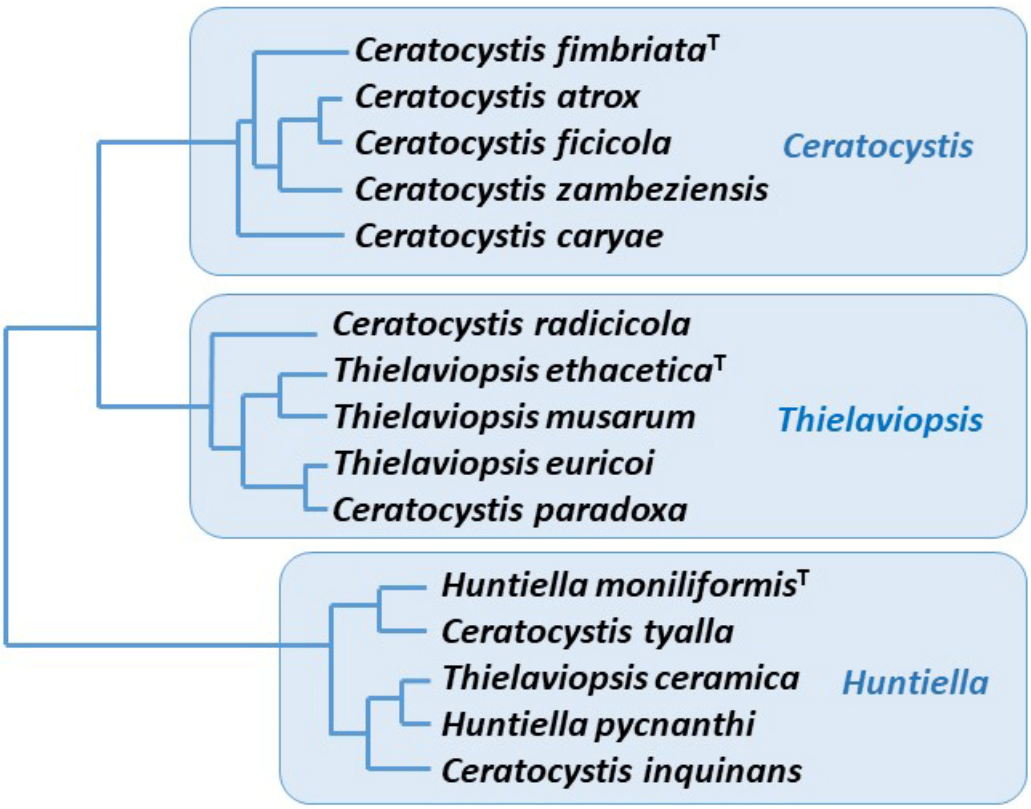
(5) 在親緣演化樹關係中：屬名的選擇

前述之例子已說明了選擇“屬”名來代表親緣關係之個別支序群之原則，也就是該支序群必須具有該屬的模式種，而若該支序群含有一個已上屬之模式種，則需從中選擇年代最早之屬名。在建立親緣關係樹時，已經不需考慮所分析之菌種是有性態、或無性態(在新制中已無此區分)，把相關的種類一併收集來分析(圖六)，在每個支序群中菌種的名稱可能有好幾個不同的屬名、或甚至重複的屬名，但唯有這個屬的模式種所在之支序群，這個支序群才能代表該屬。在此 3 個支序群分別屬於 *Ceratocystis*、*Thielaviopsis*、*Huntiella* (de Beer *et al.* 2014)。



圖五、雙名制下，有性態瓜蔓枯病菌歸類在 *Didymella* 有性態屬、及 *Ascochyta* 無性態屬，在親緣關係上 *Didymella* 屬、*Ascochyta* 屬、及瓜蔓枯所在之支序群(*Stagonosporiopsis*)各自為獨立(上)(有性態學名在前面、無性態學名在後面、空白底線表示無該形態)。及在一真菌一學名制度下之處置(下)。(註：上標 T 代表模式種)

Fig. 5. Under the rule of dual nomenclature, gummy stem blight of cucurbits is caused by the fungus with two names under the genera *Didymella* (teleomorph) and *Ascochyta* (anamorph) respectively. In the phylogram *Didymella*, *Ascochyta*, and *Stagonosporiopsis* represent 3 different clades. (telemorph in front, anamorph behind. Blank underline represents the lack of one morph); Names after treatment of "one fungus one name" (below). (Note: superscript T represents "type species")



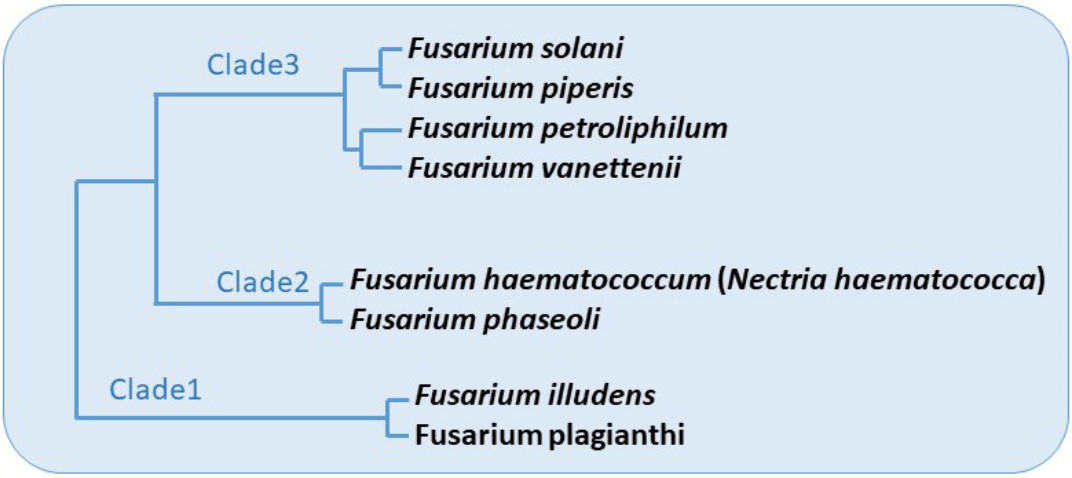
圖六、在一真菌一學名規則中，不需考慮個別菌種之有性態、或無性態，直接進行親緣分析，支序群中包含屬的模式種，才能代表該屬。(註：上標 T 代表模式種)

Fig. 6. Under the rule of one fungus one name, species are incorporated into the phylogram for analysis whatever the name is teleomorph or anamorph. The clade can represent a genus when the clade contains its type species.

(6) 在親緣演化樹關係中：以前被視為同一真菌而互為有性態、無性態的兩個種，卻被發現原來是不同的真菌

以 *Fusarium solani* 對應之有性態 *Nectria haematococca* 為例(圖七)。圖中所示為 *Fusarium solani* species complex 之 3 個支序群分，親緣分析後的結果發現，早期以為的 *Nectria haematococca* 有性態、對應 *Fusarium solani* 無性態之關係有誤，此 2 學名分別代表不同之菌種。也就是說，在雙名制實行的年代，有可能早期為是相同的菌種，

互為有性態、及無性態的兩個種，其實是不同的真菌(以前錯誤的將其連結在一起)。實際上 *Nectria haematococca* 之無性態是對應至 *Fusarium haematococca*，兩者互為同物異名(Schroers *et al.* 2016)。



圖七、*Fusarium solani* species complex 可區分為 3 個支序群，而 *Fusarium solani* 和早期認知為其有性態之 *Nectria haematococca* 實際上歸屬於不同之支序群。而 *Nectria haematococca* 和 *Fusarium haematococca* 為同物異名。

Fig. 7. *Fusarium solani* species complex can be divided into 3 clades. *Fusarium solani* was connected to the telemorph *Nectria haematococca*. However, *Fusarium solani* and *Nectria haematococca* are actually different species as shown in the phylogram. Currently *Nectria haematococca* is the synonym of *Fusarium haematococca*.

使用正確之真菌學名

為了順利達成一真菌一學名的任務，國際真菌分類委員會 (International Commission on the Taxonomy of Fungi, ICTF)下設立工作組，其中包含植物病原真菌分類委員會，ICTF 網站 (https://www.fungaltaxonomy.org/) 會發布植物病原真菌的正確學名及重要種名列表，而有關真菌分類、DNA 條形碼的使用、發佈新種的指南也刊登在此網站上。也有其他重要網站可以查詢在“一真菌一學名”後的正

確學名，如 U.S. National Fungus Collections Databases (https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/)收錄植物病原真菌之學名，並提供寄主與分布的資訊，MycoBank (https://www.mycobank.org/)與 Index Fungorum (www.indexfungorum.org/Names/Names.asp)收錄所有真菌的學名。以上網站之公開資訊雖然不盡完備，但可以提供非常有參考價值之學名資訊。

真菌之 DNA 條碼

DNA 條碼(DNA barcoding)是利用定序技術，取得生物基因體內的特定 DNA 區間的序列，並利用該序列的多樣性，來進行物種的鑑定或演化分析。而該特定的 DNA 區間通常具備幾種特性：(1)在所有個體中普遍存在，並鄰近於可用於設計擴增引子的保守性區間；(2)長度適中(約 600–1000 bp)，有助於在微量樣品之 DNA 萃取、PCR 及定序反應的成功率；(3)在物種間具有高變異性(Kress & Erickson 2008)。不同生物所使用的 DNA 條碼常有所不同。如動物與植物之細胞核中，常常具有多套染色體，且核 DNA 中常有異型合子、頻繁重組、跳躍子存在，不利於需高度專一性的 PCR 及定序反應。因此粒線體的 CO1 及葉綠體的 rbcL、matK 基因便分別成為動物與植物 DNA 條碼的首選。而真菌由於生物量低，且常棲息於複雜的環境中，分析過程常僅能獲得微量的 DNA 樣品。因此目前大多數研究是使用在核 DNA 中的 rDNA 的內轉錄區間 (internal transcribed spacer，ITS)。其長度短(約 500–800 bp)、核內重複數高，又鄰近於具高度保守性的核糖體小次單元與大次單元，因此在分析過程中具有相當高的穩定性與成功率(>90%，Stielow *et al.* 2015)。

在取得 ITS 區間序列後，需要與既有的序列資料庫進行比對、尋找相似的物種。目前，最常使用的序列資料庫為國際序列資料庫協作(INDSC， International Nucleotide Sequence Database Collaboration)之資料。此資料庫聯合 DDBJ/EMBL/GenBank 世界三大序列資料庫，目前已累積超過 2 億條 DNA 序列。但也由於序列資料龐大，要一一比對是不可能的。因此目前大多研究者是使用由美國國家生物技術資訊中心(NCBI)開發之 BLAST 啟發式演算法 (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) 進行比對。BLAST 演算法犧牲了部分精確度但換取了高效地在龐大的資料庫中尋找相似序列的能力。如此即可在短短幾分鐘掃描所有資料庫內的序列並挑出具有高相似度的序列回傳給使用者。

儘管過去數十年來，DNA 條碼之技術已經相當成熟，但使用上仍有許多需要注意之處。首先，目前最常使用的 INDSC 資料庫，其序列來自世界各地的研究者。然而資料庫本身並不具有審核機制，又並非所有研究者都熟悉真菌分類。因此在資料庫中，有高達

20%的真菌 ITS 序列，其物種名稱是錯誤的 (Kopchinskiy 2005; Bridge *et al*. 2003)。因此檢視比對結果時，必須注意 3 個重點：第一，確認序列來源是可信的，或儘量僅參考來自模式菌株的序列。第二，由於 BLAST 演算法設計上犧牲了部分精確度，因此在不當的設定下，有可能遺漏部分具有同源性的序列，造成錯誤的判讀結果。因此使用時必須詳讀操作頁面的說明。第三，儘管 ITS 區間具有高度變異性，然而不同類群的真菌，演化速率也有所不同。近年有許多研究發現，ITS 區間對於許多類群，例如：*Aspergillus*、*Penicillium*、*Fusarium*、*Cladosporium* 等屬內的物種僅有至亞屬的鑑別力 (O' Donnell & Cigelnik 1997; Schubert *et al*. 2007; Skouboe *et al*. 1999)。亦即多個類似的物種可能具有完全相同的 ITS 序列。目前並無單一的相似度閾值能夠精確地切分出所有物種，必須視每一類群的演化速率進行調整。對於利用次世代定序進行的生物相研究，由於資料量大，則普遍使用相似度 97% 作為初步切分物種的閾值 (Blaalid *et al*. 2013; Kõljalg *et al*. 2013)。

結語

由雙名制邁入一真菌一學名已將近 10 年，但百年來習慣之雙名制用法仍為多數學者所採用，仍正在調適轉換，況且無數的早期科學文章皆是以雙名制之方式編寫學名，所以縱使現在已邁入一真菌一學名的紀元，對於以往之雙名制之細節仍需熟悉，而這樣的過度階段想必也需要很長的一段時間。制定正確、且合乎親緣的學名是整個新規範所努力的方向，對於長遠學名之穩定有其必要性，期盼所有病理學的者們皆能逐漸習慣此新制之改變，再輔以正確的使用 DNA 條碼進行鑑定，使整體植物病原真菌學名之使用能更加流暢。

參考文獻

Aveskamp, M. M., J. De Gruyter, J. H. C. Woudenberg, G. J. M. Verkley, and P. W. Crous. 2010. Highlights of the Didymellaceae: a polyphasic approach to characterise *Phoma* and related pleosporalean genera. Studies in Mycology 65: 1–60.

de Bary, A. 1854. Ueber die Entwickelung und den Zusammenhang von Aspergillus glaucus und Eurotium. Botanische Zeitung 12: 425.

de Beer, Z. W., T. A. Duong, I. Barnes, B. D. Wingfield, and M. J. Wingfield. 2014. Redefining *Ceratocystis* and allied genera. Studies in Mycology 79: 187–219.

Crous, P. W., A. Y. Rossman, M. C. Aime, W. C. Allen, T. Burgess, J. Z. Groenewald, and L. A. Castlebury.

2021. Names of phytopathogenic fungi: a practical guide. Phytopathology. 111: 1500–1508.

Blaalid, R., S. Kumar, R. H. Nilsson, K. Abarenkov, P. M. Kirk, and H. Kauserud. 2013. ITS1 versus ITS2 as DNA metabarcodes for fungi. Mol. Ecol. Resour. 13: 218–224.

Bridge, P. D., P. J. Roberts, B. M. Spooner, and G. Panchal. 2003. On the unreliability of published DNA sequences. New Phytologist 160: 43–48.

Gomes, R., C. Glienke, S.Videira, L. Lombard, J. Groenewald, and P. W. Crous. 2013. *Diaporthe*: a genus of endophytic, saprobic and plant pathogenic fungi. Persoonia 31: 1–41.

Hawksworth, D. L. 2012. Managing and coping with names of pleomorphic fungi in a period of transition. IMA fungus. 3: 15–24.

Hawksworth, D. L. and R. Lücking. 2017. Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. Microbiology Spectrum. 5: 5–4.

Klaubauf, S., D. Tharreau, E. Fournier, J. Z. Groenewald, P. W. Crous, R. P. de Vries, and M-H. Lebrun. 2014. Resolving the polyphyletic nature of *Pyricularia* (Pyriculariaceae). Stud Mycol. 79: 85–120.

Kõljalg, U., R. H. Nilsson, K. Abarenkov, L. Tedersoo, A. F. S.Taylor, *et al.* 2013. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi. Molecular Ecology 22: 5271–5277.

Kopchinskiy, A., M. Komoń, C. P. Kubicek, and I. S. Druzhinina. 2005. TrichoBLAST: a multilocus database for Trichoderma and Hypocrea identifications. Mycol. Res. 109: 658–660.

Kress, W. J. and D. L. Erickson. 2008. DNA barcodes: Genes, genomics, and bioinformatics. Proc Natl Acad Sci U S A 105: 2761–2762.

O' Donnell, K. and E. Cigelnik. 1997. Two divergent intragenomic rDNA ITS2 types within a monophyletic lineage of the fungus *Fusarium* are nonorthologous. Mol Phylogenet Evol 7: 103–116.

Rossman, A. Y. 2014. Lessons learned from moving to one scientific name for fungi. IMA fungus. 5: 81–89.

Schroers, H. J., G. J. Samuels, N. Zhang, D. P. G. Short, J. Juba, and D. M. Geiser. 2016. Epitypification of *Fusisporium*

(*Fusarium*) solani and its assignment to a common phylogenetic species in the Fusarium solani species complex. Mycologia 108: 806–19.

Schubert, K., J. Z. Groenewald, U. Braun, J. Dijksterhuis, M. Starink, C. F. Hill, P. Zalar, G. S. de Hoog, and P. W. Crous. 2007. Biodiversity in the *Cladosporium* herbarum complex (Davidiellaceae, Capnodiales), with standardisation of methods for *Cladosporium* taxonomy and diagnostics. Studies in Mycology 58: 105–156.

Skouboe, P., J. C. Frisvad, J. W. Taylor, D. Lauritsen, M. Boysen, and L. Rossen. 1999. Phylogenetic analysis of nucleotide sequences from the ITS region of terverticillate *Penicillium* species. Mycological Research 103: 873–881.

Stielow, J.B., C. A. Lévesque, K. A. Seifert, W. Meyer, L. Iriny, D. Smits, R. Renfurm, G. J. M. Verkley, M. Groenewald, *et al.* 2015. One fungus, which genes? Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. Persoonia 35: 242–263.

Tulanse, L. R. 1851. Note sur' appareil reproducteur dans les lichens et les Champignons (1 ière partie). C.R. Acad. Sci. Paris 32: 427–430.

Weresub, L. K. and , K. A. Pirozynski. 1979 Pleomorphism of fungi as treated in the history of mycology and nomenclature. In: The Whole Fungus 1 (B. Kendrick, ed.), pp. 17–25. Ottawa, ON: National Museums of Canada.

Zhang, N., A. Y. Rossman, K. Seifert, J. W. ennett, G. Cai, L. Cai, B. Hillman, K. D. Hyde, J. Luo, D. Manamgoda, W. Meyer, T. Molnar, C. Schoch, M. Tadych, and J. F., Jr. White. 2013. Impacts of the International Code of Nomenclature for algae, fungi and plants (Melbourne Code) on the scientific names of plant pathogenic fungi. doi:10.1094/APSFeature-2013-06.

Naming and Identifying Plant Pathogenic Fungi

Yi-Siou Chen[1], Jie-Hao Ou[1], and Chi-Yu Chen[1,*]

[1]Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan ROC

Abastract

Plant pathologists are usually perplexed by the complexity of fungal scientific names, and consider that the fungal nomenclature is hardly understood. Indeed, there was a unique regulation allowed to be implemented in fungi, i.e. dual nomenclature. Although dual nomenclature violated the principle of natural classification, it had been followed for more than one hundred years. With the common application of DNA sequences in fungal taxonomy, the dual nomenclature has been no longer necessary, and thereby has been abolished since 1 Jan 2013. The rule of fungal nomenclature turned into "one fungus one name", a principle which is taken for granted in other organisms. This change in fungal nomenclature is essential. However, it resulted in change of numerous names of fungi. To realize how the names change is important for whoever use fungal names, especially for plant pathologists. There are clear standards for making the name changes. These standards will be interpreted herein. The origin of dual nomenclature, the operation of dual nomenclature, the principle of one fungus one name, and the influence of names after the implementation of one fungus one name are elucidated. It will be helpful for accurately naming and identifying plant pathogenic fungi. DNA barcoding has become indispensable in identifying fungi. There are some aspects required to be noticed during its application. Hopefully the identification of fungi will become easier if the DNA barcoding can be properly applied.

Key words: fungal nomenclature, dual nomenclature, one fungus one name, DNA barcoding

*Corresponding author.
E-mail: chiyu86@dragon.nchu.edu.tw