

臺東地區薑重要地下部病害之診斷鑑定與防治探討

王誌偉¹、吳俊耀²、蔡恕仁³

¹行政院農業委員會臺東區農業改良場 助理研究員

²行政院農業委員會臺東區農業改良場 研究助理

³行政院農業委員會臺東區農業改良場 副研究員兼課長

摘 要

薑的地下部病害主要為腐霉菌菌*Pythium myriotylum*造成之軟腐病(Soft rot)與青枯病菌*Ralstonia solanacearum*造成之細菌性青枯病(bacterial wilt)，兩者皆為薑栽培上重要的限制因子，一旦發生往往造成重大損失。軟腐病的田間病徵主要為地際莖部呈水浸狀軟腐造成植株倒伏，青枯病菌主要造成維管束阻塞，植株開始失水到乾枯時都呈現直立狀態，切取一段罹病莖部置於清水中，約數分鐘後可見維管束中乳白色細菌菌泥自切面流出。除病徵的判斷，本研究參考國內外文獻，分別利用Pmy5/ITS2與759f/760r引子對來輔助鑑定罹病薑塊樣本為軟腐病菌或青枯病菌所感染。2019至2020年間，共採集12處不同田區之罹病薑塊樣本，進行病原菌分離與分子檢測，其中6處為軟腐病造成，5處為青枯病造成，有1處同時偵測到兩種病原菌，推測可能為複合感染。嘗試利用本場研發之微生物製劑#138於試驗田進行病害防治，初步發現田間植株出現葉片黃化病徵時，隨即灌注#138製劑，每7-10天灌注1次，相較於對照組不做任何處理，病害擴散蔓延速度明顯減緩許多，顯示本微生物製劑具有抑制病害擴散感染的效果。

一、前言

薑為重要香辛類佐料蔬菜，臺灣近10年來栽培面積約為1,100公頃，臺東縣為主要產地之一。生薑的種植因病害發生等問題造成連作障礙，大多農友會以新地(數十年以上未曾種植生薑或未開墾的土地)進行開墾，但病害的發生往往造成重大損失且缺乏有效的防治方法。根據Gupta等人(2017)的報導，薑常見的病蟲害與引起之害物包括軟腐病(*Pythium*

myriotylum)、根瘤線蟲(*Meloidogyne incognita*)、白星病(*Phyllosticta zingiberi*)、萎凋病(*Fusarium oxysporum f.sp. zingiberi*)、青枯病(*Ralstonia solanacearum*)、嵌紋病(Cucumber mosaic virus,CMV)、褪綠斑點病(Ginger chlorotic fleck virus,GCFV)與玉米螟(*Ostrinia furnacalis*)等⁽⁵⁾，近來亦發現新興害蟲-秋行軍蟲的危害，此外薑熱病(*Pyricularia zingiberi*)亦為田間常見之葉部病害⁽²⁾。根據田間病害調查，臺東地區薑地下部病害以軟腐病與青枯病為主⁽¹⁾。

薑軟腐病主要由腐霉菌(*Pythium myriotylum*)所造成，好發於夏季與秋季，*P. myriotylum*在感染的植株上，產生大量的游走孢子，配合下雨或是澆灌系統產生的流動水，在短時間內就能從罹病的區塊擴大感染至全區。根據Stirling, G.R.等人(2009)的報導，田間薑軟腐病可在兩個月的時間由零星發生擴散為100%感染，造成完全無收成的損失。在具有坡度的農田，病害傳播的速度可達每日4.5公尺。實驗室接種實驗顯示，本病原菌在土壤水飽和與溫度介於26-30°C的環境下，1-2週即可完全破壞根莖(rhizome)，顯見本病原菌對薑根莖組織強大的破壞力。軟腐病隨著每年10月下旬氣候轉涼且薑根莖較為成熟後，病害發生趨於減緩。

青枯病菌(*Ralstonia solanacearum*)為土壤傳播細菌，其寄主範圍和地理分布範圍廣泛，造成茄科、薑荷科和芭蕉科等多種經濟作物損失⁽¹⁰⁾。青枯病菌主要分類系統有二，一是依照寄主範圍分類成五個生理小種(race)⁽³⁾，二是依照菌株對碳水化合物的利用能力分成五種生物型(biovar)⁽⁶⁾。臺灣目前在茄科和芭蕉科等作物上的青枯病菌主要是race 1/biovar 3 or biovar 4，和race 3/biovar 4⁽¹⁵⁾。在泰國，造成薑青枯病的*R. solanacearum*屬於race 1/biovar 4⁽¹²⁾；其他各國的薑青枯病屬於race 4/biovar 3或biovar 4⁽¹⁰⁾。薑青枯病在發病初期，薑葉片濃綠且捲曲下垂，病勢發展約三至四天後，全株植物呈黃褐色並乾枯死亡。罹病的薑組織切面可以觀察到菌泥或是菌流。

本研究整理2019-2020年間自臺東地區調查採集薑地下部病害樣本，以軟腐病菌或青枯病菌的選擇性培養基進行病原菌分離，探討病害發生的種類與病原菌鑑定方法，並利用本場研發之微生物製劑進行初步的田間防治試驗。

二、材料與方法

(一) 病害調查與樣本採集

病害樣本主要採集自臺東縣轄區臺東市、卑南鄉、鹿野鄉與東河鄉，於田間挖取罹病植株帶回實驗室後，以自來水洗淨樣本，拍照後罹病組織樣本分別以選擇性培養基進行軟腐病菌與青枯病菌之病原菌分離培養，剩餘組織樣本則存放於-20°C冷凍櫃，以進行後續核酸萃取與分子檢測。

(二) 薑軟腐病之病原菌分離

薑軟腐病之病原菌以卵菌選擇性培養基⁽⁸⁾進行組織分離；培養基配方為5% Campbell's V8 juice, 0.02% CaCO₃, 100 ppm Ampicillin, 50 ppm Mycostatin和1.5% agar。病組織經表面消毒後，放置於選擇性培養基一天後即可觀察到菌絲生成，將新生菌絲切下，移至5% V8培養基 (5% Campbell's V8 juice, 0.02% CaCO₃ and 1.5% agar)上，三天後將培養基切塊放置於19°C無菌水中做長期保存。

(三) 薑青枯病之病原菌分離

切取罹病薑莖部或塊莖浸泡1%次氯酸鈉進行表面消毒30秒，再經過3次無菌水清洗後，將組織切碎後置入無菌水中震盪以釋出細菌。以移植環沾取懸浮液，再以畫線平板方式將懸浮液塗抹於Triphenyl tetrazolium chloride(TTC)培養基⁽⁷⁾，之後將培養基置於30°C培養箱培養，並挑選單一菌落進行純化培養。

(四) 罹病薑塊組織核酸萃取與分子檢測

利用DNeasy Plant Pro Kit (Qiagen) 萃取罹病薑塊核酸，操作步驟主要依照試劑套組的操作手冊建議進行，並修改部分步驟。自田間採集的罹病薑塊樣本存放在-20°C冰箱保存，進行純化核酸時，利用剪枝剪削下有水浸狀病徵的部位，放入研鉢先加入液態氮，並將組織研磨成粉狀，置入廠商提供之2-mL研磨管並加入500µL之CD1溶液，隨後將研磨管放置在Vortex adapter上震盪10分鐘。震盪後以12,000xg離心2分鐘，取上清液到新的1.5 mL微量離心管。加入

200 μL 之 CD_2 溶液，以 $12,000\times g$ 離心 1 分鐘。再取上清液至新的 1.5 mL 微量離心管，加入 500 μL 之 Buffer App 並震盪 5 秒。取 600 μL 溶液到廠商提供之 MB Spin Column，以 $12,000\times g$ 離心 1 分鐘。去除 Column 下方溶液，將 1.5 mL 微量離心管剩下之溶液加入 MB Spin Column 中，再以 $12,000\times g$ 離心 1 分鐘。將 MB Spin Column 移至新的 2 mL Collection tube，加入 650 μL 之 Buffer Aw1，以 $12,000\times g$ 離心 1 分鐘。去除 Column 下方溶液，加入 650 μL 之 Buffer AW2，以 $12,000\times g$ 離心 1 分鐘。去除 Column 下方溶液，直接以 $16,000\times g$ 離心 2 分鐘後，將 Column 放到新的 1.5 mL 微量離心管。最後，在 Column 中央滴入 40 μL 之無菌水，以 $12,000\times g$ 離心 1 分鐘後，丟棄 Column 留下微量離心管，存放在 -20°C 供後續聚合酶連鎖反應實驗。

(五) 聚合酶連鎖反應實驗(PCR)

本研究所使用的核酸引子對包括：(1)Pmy5 / ITS2 (2) ITS1/ ITS4 (3) P18s F/ P18sR 與 (4)759f/760r(表 1)。Pmy5/ ITS2 之 PCR 反應條件為 $94^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘， $[94^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $57^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $72^\circ\text{C}/ 10$ 秒] 25 個循環， $72^\circ\text{C}/ 10$ 分鐘， $4^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘；ITS1/ ITS4 之 PCR 反應條件為 $94^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘， $[94^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $57^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $72^\circ\text{C}/ 1$ 分鐘] 30 個循環， $72^\circ\text{C}/ 10$ 分鐘， $4^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘；P18sF/ P18sR 之 PCR 反應條件為 $94^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘， $[94^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $55^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $72^\circ\text{C}/ 30$ 秒] 30 個循環， $72^\circ\text{C}/ 10$ 分鐘， $4^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘。759f/760r 之 PCR 反應試劑條件為 $94^\circ\text{C}/ 3$ 分鐘， $[94^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $55^\circ\text{C}/ 30$ 秒， $72^\circ\text{C}/ 45$ 秒] 30 個循環， $72^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘， $4^\circ\text{C}/ 5$ 分鐘。PCR 產物以 2% 瓊脂凝膠(含 50ppm HealthView™ Nucleic Acid Stain)，使用 1X TAE 電泳緩衝溶液 (40 mM Tris-acetate, 1 mM EDTA, pH 8.0)，以 135 伏特定電壓進行電泳分析後，將膠體放置於紫外光燈箱照射，觀察 DNA 增幅結果。

表1. 本研究使用之核酸引子對

Table 1. A list of oligonucleotide primers used in this study

Primer name	Sequence(5'→3')	Description	Reference
Pmy5	GCTGCTGTTATGGCGGACT	<i>Py. myriotylum</i>	Wang <i>et al.</i> , 2003
ITS2	GCTGCGTTCTTCATCGATGC	specific primer	
ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	Fungi universal	White <i>et al.</i> , 1990
ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	primer	
P18sF	AACGGCTACCACATCCAAGG	Plant ribosomal	Cuenoud <i>et al.</i> , 2002
P18sR	CCGAAGGCCAACACAATAGG	RNA gene, for positive control of DNA extraction	
759f	GTCGCCGTCAACTCACTTTCC	<i>R. solanacearum</i>	Opina <i>et al.</i> , 1997
760r	GTCGCCGTGAGCAATGCGGAATCG	specific primer	

(六) 以微生物製劑防治薑地下部病害之前試驗與病害調查

本研究以初步前試驗探討微生物製劑防治薑地下部病害的試驗處理方式。使用之微生物製劑菌株為分離自臺東轄區土壤，菌株代號為#138，菌種為 *Bacillus velezensis*。試驗澆灌用之發酵菌液由10公升微電腦小型發酵槽製作，發酵菌液經由序列稀釋測得菌數達 1×10^9 CFU/mL，田間試驗於109年4月份開始。共進行4個小區之處理：A區為對照組，只灌注一般灌溉水，B區與C區為試驗組，發現地上部葉片出現黃化病徵後，進行#138灌注，每7-10天灌注1次，D區為發現地上部葉片出現黃化病徵後，只進行#138灌注2次。病害調查則每1-2週紀錄該試驗小區植株中，地上部出現黃化病徵或植株莖部呈倒伏之罹病區域長度(公尺)，以凸顯病害傳播的距離與時間關係。

三、結果與討論

(一) 薑軟腐病與青枯病之田間病徵與病原菌分離鑑定

田間病害調查診斷時，薑軟腐病初期發生葉片失水下垂現象，隨後根際莖部呈水浸狀軟腐並造成植株倒伏(圖1)，青枯病為細菌性病害，主要造成維管束阻塞，植株失水後到乾枯時都還呈現直立的

狀態(圖2A)，切取一段罹病莖部靜置於清水中，約數分鐘後可見維管束中乳白色細菌菌泥自切面流出(圖2B)。除病徵的判斷，田間發病的植株常常因發病程度的不同或者複合感染等問題，造成外觀病徵混淆不易判斷。因此，利用病原菌分離與分子檢測的方法輔助病害種類的診斷鑑定。



圖1. 軟腐病菌造成植株根際莖部腐敗軟化而易倒伏

Fig. 1. Ginger soft rot pathogen causes the collar region of pseudo stem becomes water soaked and rotting as a result stems are easily pulled from the rhizomes.



圖2. 青枯病的病徵為葉片黃化、植株乾枯無倒伏情形(A)，切取一段罹病莖部靜置於清水中，約數分鐘後可見維管束中乳白色細菌菌泥自切面流出(B)。

Fig. 2. Symptoms of ginger bacterial wilt are leaf yellowing, stem drying without damping off(A). Part of infected stem was cut and put in water, whitish strands of bacterial masses streaming out after several minutes(B).

(二) 罹病薑塊以分子檢測軟腐病菌與青枯病菌

罹病薑組織抽取DNA後，分別使用軟腐病菌與青枯病菌的專一性引子對進行PCR，另外利用植物核糖體基因片段的專一性引子對(P18S)做為DNA抽取是否成功的正對照。結果如圖3，編號1、編號4的樣本使用青枯病菌專一性引子對可增幅出專一性條帶，藉此判定該樣本為青枯病菌造成。編號2、編號3的樣本則為軟腐病菌所感染，故使用軟腐病專一性引子可以偵測到罹病薑根莖組織含有軟腐病菌的DNA，所有的樣本使用P18S引子對皆可成功增幅出專一性條

帶，表示這些樣本的DNA皆萃取成功。

(三) 臺東地區薑軟腐病與青枯病之病害發生調查

2019至2020年間，分別自轄區12處薑田採樣調查薑地下部病害之發生種類，地上部出現葉片黃化病徵後，即挖取整株植株包含地下根莖帶回實驗室，罹病樣本同時進行組織分離培養病原菌與分子檢測，結果整理如表2，採樣日期主要為每年7月至10月，此段期間為病害好發期。病原菌分離培養的結果大致和罹病組織分子檢測結果相符，但病原菌分離培養方法具有時效性的限制，病害樣本採集後通常需於3日內以選擇性培養基進行分離培養，罹病組織存放於 -20°C 冷凍櫃則可收集到一定數量後再一併萃取DNA進行PCR。12處採樣地點有7處分離或分子檢測到軟腐病菌，6處分離或檢測到青枯病菌，其中包含1處(知本)為複合感染，由此結果顯示轄區薑軟腐病與青枯病皆有發生，病徵比較初期或者不易判斷的樣本(表2，編號11,12樣本)可以經由病原菌分離與分子檢測確認病害發生的種類。未來如要探討比較軟腐病與青枯病害好發的程度，建議可以大量收集不同地區薑田樣本後，以分子檢測進行。

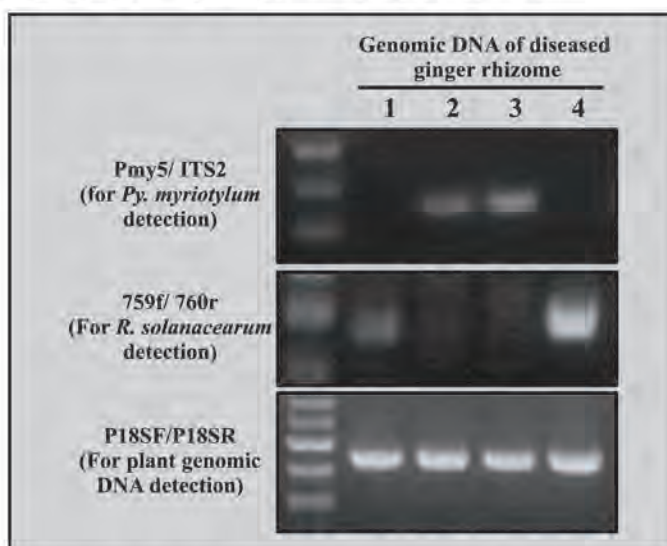


圖3. 利用分子檢測技術，可快速輔助判斷罹病薑根莖樣本中所感染的病原菌種類。

Fig. 3. By using PCR method, we can quickly detect which pathogens present in the diseased ginger rhizome.

表2. 臺東地區薑根莖病害採樣調查與分子檢測結果

Table 2. Results for pathogen isolation and PCR detection of diseased ginger rhizomes collected from Taitung county

No.	Date	Place	Symptom	Pathogen isolation		PCR detection	
				V8 selection medium	TTC medium	Pmy5 /ITS2	759f /760r
1	2019/7/3	Longtian#1(龍田#1)	Soft Rot	Y	N	Y	N
2	2019/8/13	Tonggong#1(銅礦#1)	Soft Rot	Y	N	Y	N
3	2019/9/4	Longtian#2(龍田#2)	Bacterial wilting	N	Y	N	Y
4	2019/9/18	Chulu(初鹿)	Bacterial wilting	N	Y	N	Y
5	2019/9/18	Zhiben(知本)	Soft Rot	Y	Y	N	Y
6	2019/10/9	Banjiu(斑鳩)	Soft Rot	Y	N	Y	-
7	2019/10/21	Tonggong#2(銅礦#2)	Soft Rot	Y	N	Y	-
8	2020/7/6	Zhiben(知本)	Soft Rot	N	Y	N	Y
9	2020/7/22	Luye(鹿野)	Bacterial wilting	N	Y	N	Y
10	2020/7/29	Tonggong#3(銅礦#3)	Soft Rot	Y	N	Y	N
11	2020/9/11	Longtian#3(龍田#3)	uncertain	N	Y	-	-
12	2020/9/25	Longtian#4(龍田#4)	uncertain	Y	N	-	-

Y:positive result for culture or detection experiment

N:negative result for culture or detection experiment

-:not yet perform this experiment

(四) 探討以微生物製劑進行薑軟腐病或青枯病之防治方法

由前試驗發現，本研究使用的微生物製劑#138於病害初期澆灌罹病植株，可有效減緩薑軟腐病或青枯病之蔓延，但以50-200倍稀釋菌液每2-3周澆灌1次的預防式方法，並無法完全避免田區病害的發生。考量農民實際運用方式可能以病害發生後再澆灌處理罹病植株的方式較省成本且容易操作，本試驗以病徵出現時開始進行澆灌，並設立對照不處理區以比較灌注微生物製劑的防治效果。A小區自6月15日開始觀察到病株，B小區於7月13日觀察到發病植株，C小區自8月3日觀察到發病植株，D小區則自7月27日觀察到發病植株，顯見田間實際發病的時間是不定時的，且發病的起始點亦無法預測。B與C小區出現發病植株後進行#138灌注，A區為對照任其病害發展，D區則於病株出現後僅灌注2次微生物製劑，之後停止灌注以觀察無生物製劑的作用時效，分別比較6月13日，8月3日與9月21日三個時間點各試驗小區罹病植株分布區域長度，結果如圖4，

A小區(藍色長條圖)自發病後不進行任何防治處理，病害擴展明顯較B(紅色長條圖)與C(黃色長條圖)小區處理#138的罹病範圍長，D小區(綠色長條圖)之病害蔓延至9月21調查前亦有控制住，顯示灌注微生物製劑#138可有效減緩病害的蔓延，由圖5田間照片可以明顯比較看出A小區與B小區從病害剛開始發生(紅色虛線範圍)到病害擴展的差異，A小區明顯病害擴展距離較長，地上部大面積植株乾枯消失。本試驗調查因工作安排等因素每7-10天方能至試驗田區巡視病害發生情形，微生物製劑灌注實驗亦同。如能及時發現病害並於病害發生最初期即進行防治，並且每3天進行灌注微生物製劑處理連續2-3次，或許能將病害侷限在更小的區域。最佳防治時機，微生物製劑之使用稀釋倍數與處理頻率等防治方法，需要進一步的田間試驗來釐清。

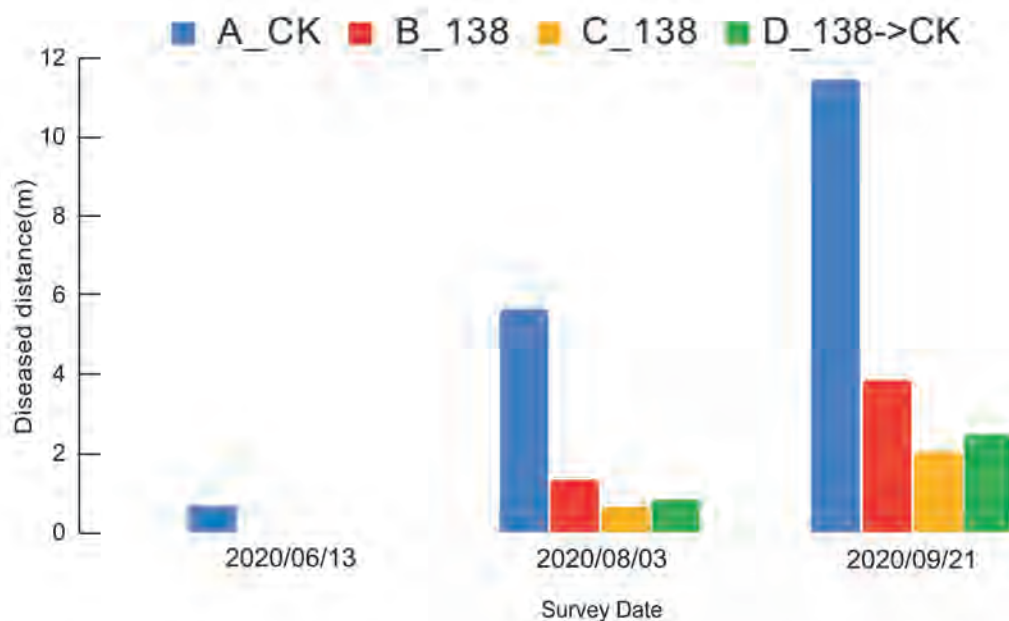


圖4. 各試驗處理於6/13、8/3與9/21三個時間點之罹病區域長度調查病害。
Fig. 4. Survey of diseased distance for 4 experimental treatments in 6/13, 8/3, and 9/21.

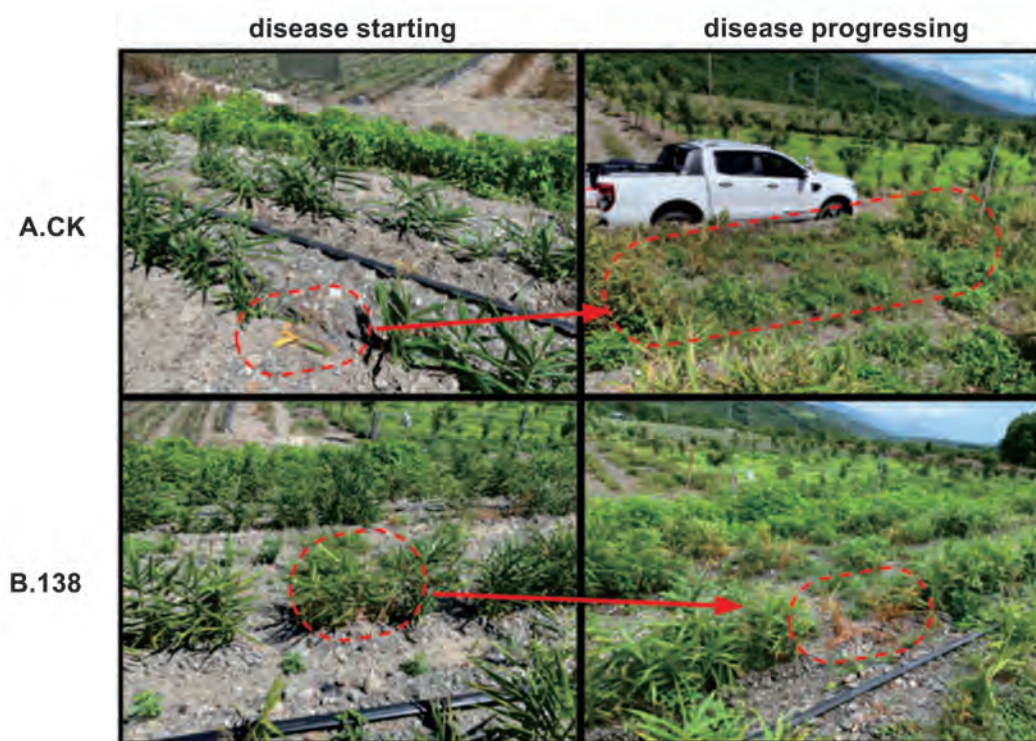


圖5. 對照組(A.CK)與灌注微生物製劑的試驗處理(B.138)在病害開始與病害擴展後的田間照片

Fig. 5. Photos for Control treatment (A.CK) and microbial pesticide treatment (B.138) at disease starting and disease progressing.

四、結論

薑軟腐病與青枯病一直是薑農栽培上最頭痛的問題，病害一旦發生往往造成巨大的損失，且缺乏有效的防治方法。種植薑的農友在田區管理的觀念與做法都相當嚴謹，薑種的選擇、器械的消毒、人員進出的控管等都很講究，但是病害大發生還是時有所聞。一般薑農的田區會嚴格禁止他人進入，以避免帶有病原菌的土壤汙染田區造成病害的傳播。因此，除非有試驗合作或熟識的農友，否則病害樣本不易取得。本研究經過兩年多的努力，收集樣本建立病害診斷技術並釐清各田區病害發生的主因。嘗試運用本場研發的微生物製劑#138進行病害防治，初步發現可減緩病害傳播速度，期望未來能開發出有效的防治技術供農友選擇。

參考文獻

1. 王誌偉。2020。薑軟腐病與細菌性青枯病之介紹。臺東區農業專訊第113期。
2. 黃穗昌、李惠鈴。1998。薑主要病害及其防治。臺東區農業專訊。24:9-11。
3. Buddenhagen, I. and A. Kelman. 1964. Biological and physiological aspects of bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. Annu. Rev. Phytophthol. 2:203-230.
4. Cuenoud, P., V. Savolainen, L. W. Chatrou, M. Powell, R. J. Grayer, and M. W. Chase. 2002. Molecular phylogenetics of Caryophyllales based on nuclear 18S rDNA and plastid rbcL, atpB, and matK DNA sequences. American Journal of Botany, 89: 132-144.
5. Gupta, M. and M. Kaushal. 2017. Diseases infecting ginger (*Zingiber officinale* Roscoe): A review. Agri. Rev. 38:15-28.
6. Hayward, A. C. 1964. Characteristics of *Pseudomonas solanacearum*. J. Appl. Bacteriol. 27:265-277.
7. Kelman, A. 1954. The relationship of pathogenicity in *Pseudomonas solanacearum* to colony appearance on a tetrazolium medium. Phytopathology 44:693-695.
8. 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. 72:496-499.
9. Opina, N., F. Tavner, G. Hollway, J. F. Wang, T. H. Li, R. Maghirang, M. Fegan, A. Hayward, V. Krishnapilla, W. F. Hong, B. Holloway and J. Timmis. 1997. A novel method for development of species and strain-specific DNA probes and PCR primers for identifying *Burkholderia solanacearum* (formerly *Pseudomonas solanacearum*). Asia Pacific Journal of Molecular Biology and Biotechnology 5:19-30.

10. Prameela, T. and R. Bhai. 2020. Bacterial wilt of ginger (*Zingiber officinale* Rosc.) incited by *Ralstonia pseudosolanacearum* - A review based on pathogen diversity, diagnostics and management. Int. J. Plant Pathol. <https://doi.org/10.1007/s42161-020-00487-5>.
11. Stirling, G. R., U. Turaganivalu, A. M. Stirling, M. F. Lomavatu and M. K. Smith. 2009. Rhizome rot of ginger (*Zingiber officinale*) caused by *Pythium myriotylum* in Fiji and Australia. Australas Plant Pathol. 38:453-460.
12. Thammakijjawat, P., N. Thaveechai, W. Kositratana, J. Chunwongse, R. Frederick and N. Schaad. 2006. Detection of *Ralstonia solanacearum* in ginger rhizomes by real-time PCR. Can. J. Plant Pathol. 28:391-400.
13. Wang, P. H., C. Y. Chung, Y. S. Lin and Y. Yeh. 2003. Use of polymerase chain reaction to detect the soft rot pathogen, *Pythium myriotylum*, in infected ginger rhizomes. Lett. Appl Microbiol. 36:116-120.
14. White, T., T. Bruns, S. Lee, J. Taylor, M. Innis, D. Gelfand and J. Sninsky. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. PCR protocols pp. 315-320. Academic Press.
15. Wu, Y. F., C. H. Lin, T. M. Chen, Y. F. Huang, S. H. Chen, J. F. Wang and A. S. Cheng, 2010. Ecological survey of brown rot of potato in Dounan, Yunlin. Plant Pathol. Bull. 19:87. (in Chinese)

Research in diagnosis and bio-control of important ginger rhizome rot diseases in Taitung

Chih-Wei Wang¹, Chun-Yao Wu², and Shu-Jen Tsai³

¹Assistant Researcher of Taitung DARES, COA.

²Research Assistant of Taitung DARES, COA.

³Associate Researcher and Chief of Taitung DARES, COA.

Abstract

Rhizome rot diseases are mainly caused by *Pythium myriotylum* (soft rot) and *Ralstonia solanacearum* (Bacterial wilt). Those two diseases are the major restriction factors for ginger cultivation. Huge economic losses when diseases outbreak. Typical symptom of ginger soft rot is the collar region of pseudo stem becomes water soaked and rotting as a result stems are easily pulled from the rhizomes. *R. solanacearum* cells infect the vascular of ginger, eventually causing mechanical blockage of the water transport, as a result showing green wilt symptom. Whitish strands of bacterial masses streaming out after several minutes when part of infected stem was cut and put in water. Ginger rhizome diseases can be diagnosed either by symptoms or molecular methods. We use two primer sets, Pmy5/ITS2 and 759f/760r, to detect pathogen DNA in diseased ginger rhizomes. We collected samples from 12 different ginger farms in 2019 and 2020. After pathogen isolation and PCR detection, we conclude that 6 of them were infected by *P. myriotylum*, 5 farms were infected by *R. solanacearum*. Two pathogens were detected in still another 1 farm, indicating the possibility of complex infection. Microbial pesticide #138, which was developed in our research station, was applied for disease control. When leaf yellowing occurred, #138 was applied to diseased plants every 7-10 days. Disease progression was obviously slower in microbial pesticide treatment compared to control. We concluded that microbial pesticide #138 treatment have the effect of disease inhibition.