

大丽轮枝菌在棉花品种上的致病力分化研究

周兆华¹, 张天真¹, 潘家驹¹, 陈兆夏¹, 蒋伟民²

(¹ 南京农业大学农学系, 南京 210095; ² 南京农业专科学校)

摘要: 通过 19 个大丽轮枝菌菌株对 16 个品种的抗、感反应, 可以将大丽轮枝菌划分为落叶型和非落叶型两个基本类群。在落叶型类群中, 根据 8 个落叶型菌株在 R02、R04、R05、R06、R08、R09、R11、R14 等 8 个陆地棉品种上的综合抗、感表现首次将其分为强致病力(XS4 为代表)、中等偏强致病力(T9 为代表)和中等致病力(VD8 为代表)3 类。通过对 R05、R06、R08、R09、R11、R14 等品种的抗病鉴定, 可以有效地把原产于江苏南通的落叶型菌株 VD8 和原产于美国的落叶型菌株 T9 相互区分开来。在非落叶型类群中, 利用 R15、R14、R13、R10 等 4 个陆地棉品种, 可以鉴别出 XJ4、XJ1、AY、VD404、VD326、LY、BP2 等 7 个菌株的致病基因不同, 并将其分别定名为 1~7 号小种。陆地棉 R01 能抗所有试验用菌株。陆地棉 R12 能有效地鉴别出强致病力菌系, 该品种在鉴别强致病力菌系菌株方面有特异作用。

关键词: 棉花; 黄萎病; 大丽轮枝菌; 致病力

中图分类号: S562; S435.621.2⁺4 文献标识码: A 文章编号: 0578-1752(2000)02-0051-07

棉花黄萎病广泛分布于世界各主产棉区。在棉花生产中, 宜棉地区的旱作棉田种植抗黄萎病品种是控制棉花黄萎病最经济有效的重要途径。尽管棉花生产上迫切需要抗黄萎病的优良品种, 国内外育种工作者也付出了巨大的努力培育抗病品种, 然而, 在生产实践中抗黄萎病育种工作的进展与棉花生产的要求还有很大的差距。分析其原因无不与有关基础研究, 如病原菌致病力分化、抗源发掘、抗性遗传、抗病机制、抗性鉴定等研究不够系统和深入有关^[1,10,14]。前人的许多试验表明, 大丽轮枝菌在 3 大棉种上存在致病力的分化, 可根据鉴别寄主的病情指数划分为强、中、弱 3 种类型; 或根据寄主叶部症状和病情发展的轻、重、快、慢, 将供试菌系划分为: 落叶型、非落叶型, 以及叶枯型、黄斑型等等^[3-8,10-12,14,16,17]。但在目前国内外还没有公认的生理小种的划分, 分类过程中各类型之间在不同棉花品种上有交叉, 这造成了某一品种被植保部门鉴定为抗病或耐病品种后, 在某一黄萎病区抗病性表现良好, 但被引种到另一病区后, 则表现为不抗病或高度感病的现象。所以对大丽轮枝菌在棉花品种上致病力分化的研究就成为培育棉花抗黄萎病新品种的重要任务之一^[1,3,10,14]。

1 材料与方 法

1.1 材 料

供试的 19 个菌株部分由外单位引进, 部分自行采集, 菌株名称、产地、特征和致病力见表 1(致病力主要参考引进单位的测定结果)。供试 16 个棉花品种来源及代号见表 2。

收稿日期: 1999-03-15

基金项目: 国家“九五”攻关, 国家发展棉花生产专项资金, 国家教委博士点基金资助项目

作者简介: 周兆华(1962-), 男, 讲师, 博士, 主要从事棉花遗传育种教学与科研工作。

表 1 26 个大丽轮枝菌的来源及特性

Table 1 Origin of 26 *Verticillium dahliae* isolates and their characteristics

菌 株 Isolates	产 地 Place of origin	培养特性 Morphological character	来 源 Source	致病力 Virulence
AY	河南安阳 Anyang Henan	灰黑 Gray-black	中国农业科学院棉花研究所 Cotton Research Institute, CAAS	中 ^[8] Medium
XSA Y	江苏常熟 Changshu Jiangsu	黑 Black	本室自采 Department of Agronomy, NAU	中 Medium
3089-7	南京农业大学病圃 Disease nursery of NAU	黑/白 Black/white	本室自采 Department of Agronomy, NAU	中 Medium
BP2	江苏农业科学院病圃 Disease nursery of JAAS	灰黑 Gray-black	江苏农业科学院植物保护研究所 Institute of Plant Protection, JAAS	中 ^[14] Medium
XJ1	新疆乌鲁木齐 Urumchi Xinjiang	黑 Black	南京农业大学植物保护系 Department of Plant Protection, NAU	中 Medium
XJ4	新疆乌鲁木齐 Urumchi Xinjiang	白 White	南京农业大学植物保护系 Department of Plant Protection, NAU	弱 Weak
¹⁾ JCB	南农病圃 Disease nursery of NAU	黑/白 Black/white	本室自采 Department of Agronomy, NAU	落叶型 Defoliating
¹⁾ JC4	江苏常熟 Changshu Jiangsu	黑/白 Black/white	江苏农业科学院植物保护研究所 Institute of Plant Protection, JAAS	落叶型 ^[14] Defoliating
¹⁾ JC41	江苏常熟 Changshu Jiangsu	黑/白 Black/white	江苏农业科学院植物保护研究所 Institute of Plant Protection, JAAS	落叶型 ^[14] Defoliating
VD8	江苏南通 Nantong Jiangsu	黑/白 Black/white	南京农业大学植物保护系 Department of Plant Protection, NAU	落叶型 ^[2,12,14] Defoliating
XS4	江苏常熟 Changshu Jiangsu	黑/白 Black/white	本室自采 Department of Agronomy, NAU	落叶型 Defoliating
T9	美国 USA	黑/白 Black/white	南京农业大学植物保护系 Department of Plant Protection, NAU	落叶型 ^[2,12,14] Defoliating
XS6	江苏常熟 Changshu Jiangsu	黑/白 Black/white	本室自采 Department of Agronomy, NAU	落叶型 Defoliating
XS7	江苏常熟 Changshu Jiangsu	黑/白 Black/white	本室自采 Department of Agronomy, NAU	落叶型 Defoliating
VD326	华中农业大学 HAU	灰黑 Gray-black	南京农业大学植物保护系 Department of Plant Protection, NAU	中 ^[2,12] Medium
VD25	河北城安 Cheng'an Hebei	黑/白 Black/white	中国农业科学院植物保护研究所 Institute of Plant Protection, CAAS	中 ^[5] Medium
LY	辽宁辽阳 Liaoyang Liaoning	黑 Black	中国农业科学院植物保护研究所 Institute of Plant Protection, CAAS	中 ^[2,12] Medium
VD67	新疆石河子 Shihezi Xinjiang	灰白/白 Gray-white/white	中国农业科学院植物保护研究所 Institute of Plant Protection, CAAS	中 ^[5] Medium
VD404	四川射洪 Shehong Sichuan	白 White	南京农业大学植物保护系 Department of Plant Protection, NAU	中 ^[2,12] Medium

¹⁾ JCB 是接种 JC4 菌株后从病株上分离, JC41 是与 JC4 的不同单孢

JCB is separated from an infested plant with JC4, JC41 is spore different from that of JC4 isolate

表 2 供试棉花品种来源

Table 2 Cotton varieties and their sources

代号 Code	品 种 Variety	来 源 Source	备 注 Notice	
R01	50312	江苏常熟	Changshu Jiangsu	
R02	5014	中国农业科学院棉花研究所	Cotton Research Institute, CAAS	
R03	海 7124 Hai 7124	江苏农业科学院经济作物研究所	Institute of Industrial Crop, JAAS	CK
R04	5009	中国农业科学院棉花研究所	Cotton Research Institute, CAAS	
R05	5024	中国科学院遗传研究所	Institute of Genetics, Academia Sinica	
R06	辽 4278 Liao 4278	中国农业科学院棉花研究所	Cotton Research Institute, CAAS	
R07	中 12 Zhongmiansuol 2	中国农业科学院棉花研究所	Cotton Research Institute, CAAS	CK
R08	ALBA	西班牙	Spain	
R09	5027	中国科学院遗传研究所	Institute of Genetics, Academia Sinica	
R10	Gatac	西班牙	Spain	
R11	Cremal 11	西班牙	Spain	
R12	湘棉 16 Xiangmian 16	江苏常熟	Changshu Jiangsu	
R13	89-R308	中国科学院遗传研究所	Institute of Genetics, Academia Sinica	
R14	辽 4086 Liao4086	中国农业科学院棉花研究所	Cotton Research Institute, CAAS	
R15	南农 5105 NAU 5105	南京农业大学	Nanjing Agricultural University	
S16	苏棉 12 Sumian NO. 12	江苏太仓	Taicang Jiangsu	CK

1.2 方法

供试材料中的 19 个大丽轮枝菌菌株经单孢分离后, 取具有野生型菌落的单孢后代作为接种用病原菌, 保存于冰箱中。每个菌株都经过连续 4 次以上的单孢到单孢分离, 确保试验中每一菌株内的分生孢子具有相似或一致的遗传特性。将生长于 PDA 培养基上的大丽轮枝菌菌落接种到 Czapek's 液体培养基中, 25℃ 振荡培养 8~10d, 即可用于配制孢子悬浮液进行接种。供试的 16 个棉花品种中有 15 个是抗病品种, 其中抗病对照 2 个, 感病对照 1 个。每个抗病品种都用 BP2 菌株接种, 进行抗性提纯 2 次以上, 并分单株收自交铃。试验中使用的感病对照种子是 100% 感病株行中的感病单株。供致病力测试的 16 个品种的种子是选自 16 个品种中的 16 个单株, 尽量使每一个品种在试验中保持一致的基因型。种子经浓 H₂SO₄ 脱绒, 用 0.3% 浓度的多菌灵悬浮液冷浸 14h, 晒干后再播种, 确保试验用种子不带菌。试验在从未种植过棉花和蔬菜的果园地上进行。用 Ø 7.5cm 营养钵育苗, 在棉苗长到 2 叶 1 心时, 移钵至塑料薄膜上喷洒菌液, 每钵喷洒浓度平均为 10⁷d/ml 的分生孢子悬浮液 20ml。接种后在营养钵表层盖土保墒, 每天浇水, 保持一定湿度以利发病。

2 结果与分析

本研究室从 1995 年起就研究大丽轮枝菌在棉花品种上的致病力分化, 试验中发现有些品种对单一菌株的抗性仍有分离, 必须纯合。在前 3 年的工作基础上, 1998 年在同一块无病地进行试验。接种后 14d 左右开始发病, 35d 左右病情达到高峰, 45d 左右病情稳定, 抗、感棉苗向两极分化, 此时蒴铃检查、记载病级, 分级标准参照潘家驹等^[15]5 级法。19 个菌株接种于 16 个品种上的结果见表 3。表 3 中的部分结果与王克荣、陆家云、石磊岩等^[2, 12, 5]的研究结果基本相似。VD25 发病最早, 发病进程最快, 其病症表现也较复杂。落叶型菌株 VD8、JC4 等病指虽然偏低, 但病株仍表现为典型的落叶型症状。抗病品种 R03 对所有菌株都有一定

抗性,但对落叶型菌株的抗性普遍差于非落叶型。因此可以根据 R03 的病指及前人营养亲和性试验结果,把大丽轮枝菌菌株划分为落叶型和非落叶型两个基本群体。R01 对所有参试菌株都表现抗病或耐病,这与该品种在重病区江苏省常熟市徐市镇田间数据相吻合,对抗黄萎病育种来说是一个很好的抗源。R12 的感病性与大丽轮枝菌 RAPD 分析时,用 OPO002 引物扩增出的 1.2kb DNA 片段一致,即使 R12 感病的菌株,用 OPO002 引物扩增时都出现 1.2kb DNA 片段,该片段可能是强致病力菌株中与致病力有关的或与之紧密连锁的片段, R12 在鉴别菌株方面有特异作用^[13]。从表 3 中各菌株的平均病指来看, JC4 和 JC41 分别为 31.2 和 35.9,两者相近,而 JCB 为 44.5,比 JC4 和 JC41 平均值高 32.6%。大丽轮枝菌经棉花抗病品种定向选择后,其致病力得到增强的原因有待进一步研究。

表 3 16 个品种对 19 个菌株的抗、感表现

Table 3 Resistance and susceptibility expression of 16 varieties to 19 isolates(Disease indexes)

	R01	R02	R03	R04	R05	R06	R07	R08	R09	R10	R11	R12	R13	R14	R15	S16	平均 Average
VD8	10.7	9.1	36.1	19.4	32.7	22.5	50.0	21.9	20.0	44.4	20.4	82.5	66.7	67.5	50.5	72.9	39.2
T9	0	20.0	36.1	22.1	75.0	60.0	36.4	57.7	84.4	47.7	57.5	52.3	80.0	27.8	100	85.4	52.6
JCB	21.9	37.5	42.2	47.2	45.8	41.7	69.4	44.1	25.0	35.0	26.2	63.9	50.0	57.5	31.3	72.9	44.5
JC4	4.2	18.8	41.1	25.0	22.2	16.7	43.8	50.0	29.2	57.5	20.0	50.0	10.7	40.0	37.5	32.5	31.2
JC41	25.0	6.8	43.2	13.9	20.5	20.8	22.7	33.3	50.0	80.0	4.2	62.5	41.7	43.2	62.5	44.4	35.95
XS4	25.0	50.0	57.7	67.5	71.9	90.0	85.7	50.0	75.0	80.0	78.1	75.0	58.3	87.5	88.9	95.8	71.0
XS6	28.1	56.3	48.1	51.9	70.5	55.6	56.8	64.3	85.7	53.1	100	100	62.5	100	86.1	100	69.9
XS7	6.3	58.3	40.7	70.5	65.4	47.2	72.9	60.9	75.0	83.3	66.7	60.7	72.7	84.6	55.6	84.1	62.8
AY	7.1	2.1	21.7	6.8	0	17.3	25.0	19.6	39.3	0	21.3	5.8	2.8	32.7	56.3	43.2	18.8
XSA Y	0	20.5	30.1	26.8	44.2	36.1	26.8	43.2	46.4	31.3	67.6	37.5	78.1	44.2	65.0	57.1	40.9
3089-7	0	22.5	31.2	59.4	68.2	30.6	35.0	60.7	60.7	55	58.3	62.5	60.4	65.0	79.2	91.1	52.4
XJ1	0	4.1	8.8	6.8	0	0	8.3	14.3	0	10.0	26.9	2.8	8.0	7.5	45.8	52.1	12.2
XJ4	7.5	0	0	1.9	6.3	0	0	8.3	0	3.8	26.5	0	3.1	0	3.6	50.0	6.9
BP2	7.1	26.6	15.3	16.7	14.6	29.2	7.7	44.6	19.4	41.7	47.7	5.6	50.0	25.0	50.0	50.0	28.2
VD326	9.4	20.0	25.0	30.6	19.2	58.3	52.3	36.0	27.5	30.6	33.3	20.8	50.0	68.8	25.0	54.2	35.1
VD25	10.7	47.2	29.4	58.3	79.5	60.0	100	68.7	71.4	83.3	68.2	92.5	44.2	89.6	100	90.0	68.3
VD67	6.3	7.5	15.4	10.0	16.1	46.4	7.5	58.3	31.3	75.0	75.0	20.8	60.0	50.0	85.0	91.1	41.0
LY	0	17.3	4.5	9.4	15.4	54.2	4.2	32.1	28.1	31.8	8.3	30.4	60.7	10.4	30.0	46.4	24.0
VD404	5.0	9.4	17.7	11.1	29.2	33.3	23.1	22.5	29.2	0	50.0	32.7	21.5	40.0	42.9	44.4	25.7
平均 Average	9.22	2.3	28.6	29.2	36.7	37.9	38.3	41.6	42.0	44.3	45.1	45.2	46.4	49.5	57.6	66.2	40.0

2.1 落叶型菌株的致病力分化

表 3、表 4 的结果表明, R02 和 R04 在落叶型菌株中表现出基本一致的趋势,对 XS4、XS6、XS7 表现高感,对 JCB 的病指表现偏高,这可能与 JCB 的致病力较 VD8、T9、JC4、

JC41 等稍强有关。JCB、JC4、JC41、VD8 在 R11 上表现相似的致病力。除此之外, R05、R06、R08、R09 对 VD8 表现耐病, 对 T9 表现感病, 而 R14 刚好相反, 对 VD8 表现感病, 对 T9 表现耐病。从表 4 中看出 JCB 似乎也可以划分为一类, 表 3 中的病指表明, 起源 JC4 的 JCB 致病力虽有较大提高, 但有时还不易区别, 不宜将 JCB 划分为一类。通过以上分析, 将 8 个落叶型菌株(XS4、XS6、XS7、T9、JCB、JC4、JC41、VD8)分为 3 类。可以用表 4 来表述这 8 个落叶型菌株的致病力分化和分类。由于试验中使用的抗病品种未用落叶型菌株强化选择过, 8 个落叶型菌株的致病力分化虽出现耐病与感病差异, 但在抗病品种和落叶型菌株间出现抗病与感病交叉分化的情况还不多, 所以对表 3 中的抗病品种的抗性进一步提纯后, 可望将落叶型菌株划分为不同的小种。

表 4 8 个品种对应 8 个落叶型菌株的表现

Table 4 Corresponding expression of 8 varieties to 8 severely defoliating isolates

	XS4	XS6	XS7	T9	VD8	JCB	JC4	JC41
R04	S	S	S	T	T	S	T	T
R02	S	S	S	T	R	T	T	R
R11	S	S	S	S	T	T	T	R
R14	S	S	S	T	S	S	S	S
R06	S	S	S	S	T	S	T	T
R05	S	S	S	S	T	S	T	T
R09	S	S	S	S	T	T	T	S
R08	S	S	S	S	T	S	S	T
类别 Type	1	1	1	2	3	3	3	3

R: 抗病 Resistant; S: 感病 Susceptible; T: 耐病 Tolerant. 下同 The same as below

2.2 非落叶型菌株的致病力分化

R15 是 1994~1995 年江苏省农业科学院植物保护研究所鉴定为抗或耐黄萎病的品系, 从表 3 中可以看出, 除对 XJ4 表现高抗外, 对其它菌株的病指都与之有显著差异。R11 在非落叶型菌株中, 其病指与表 1 中各菌株的致病力有一定相关性。表 3 中 7 个非落叶型菌株 XJ4、XJ1、AY、VD404、VD326、LY、BP2 在 16 个品种上的平均病指, 小于试验中 19 个菌株在 16 个品种上的综合平均病指(40.0), 这 7 个非落叶型菌株分类结果见表 5。根据表 5 中的 4 个陆地品种对 7 个非落叶菌株的抗、耐、感 3 种表现, 可将其划分为 7 个生理小种。由表 5 可以看出, 7 个小种之间基本排除了过度类型——耐病, 而用抗病或感病品种来限定, 即生理小种的划分是建立在抗病和感病基础上的, 这与前面将落叶型菌株划分为 3 类不同。当然, 对表 5 中的抗病或感病陆地棉品种如处在同一遗传背景下, 即培养出等基因系的鉴别寄主, 对大丽轮枝菌小种的划分将更合理或更完善。

3 讨论

Flor(1935) 提出的基因对基因理论中抗病是以免疫为前提的, 即植物品种的抗病性表现为该植物品种对某一病原菌的特定小种不亲和^[9]。表 3 中列出的病指有不少是 0, 并不是某菌株不能侵染某品种。试验中曾对 100 多株 0 级棉苗进行了细致的解剖观察, 发现这些外表不表现症状的植株, 其子叶节以下部位多少都受到大丽轮枝菌的侵染, 但大都发生在下胚

表 5 4 个品种对应 7 个非落叶型菌株的表现

Table 5 Corresponding expression of 4 varieties to 7 nondefoliating isolates

	XJ4	XJ1	AY	VD404	VD326	LY	BP2
R15	R	S	S	S	T	T	S
R14	R	R	T	S	S	R	T
R13	R	R	R	T	S	S	S
R10	R	R	R	R	T	T	S
生理小种号 Physiologic strain No.	1	2	3	4	5	6	7

轴以下,部分棉苗中的症状扩展到接近子叶节。抗病品种不表现症状或症状轻微,这似乎是不同大丽轮枝菌菌株在不同棉花品种上的侵袭力的差异。许多学者研究大丽轮枝菌在棉花品种上的致病力分化时都发现,他们所划分的强、中、弱 3 种致病类型中有交叉的现象,即不同学者由于所使用的品种不同,可以将相同菌株划分到不同的类型中^[5,10,12,14]。如:陆家云等^[12]在对大丽轮枝菌进行致病力测定时发现当时国内普遍认为致病力最强的菌株——陕西陝阳菌株在其试验中,致病力只能是中等偏强,与落叶型菌株不同。石磊岩等^[5]在研究北方棉区黄萎病原菌致病类型时认为,T9 由于长时间保存,其致病力可能下降,VD25 为混合类中等致病力。而从本试验结果看,T9 在不同品种上的致病力表现出极大的差异,VD25 则为强致病力。所有这些现象都可能与 Flor 的基因对基因学说有关,即不同菌株有不同的无毒基因(avr)和毒性基因(vir),不同品种则有不同抗病基因。用中等致病力的菌株选择多个棉花品种后,中等致病力菌株的抗、感反应出现分化。今后用强致病力菌株选择能否在强致病力菌株中也找出像中等致病力菌一样的分化还有待于实践,从本文的试验结果来看,这种可能性是有的。

参考文献:

- [1] 马存,等.我国棉花抗黄萎病育种现状、问题及对策[J].中国农业科学.1997,30(2):58~64.
- [2] 王克荣,等.中国大丽轮枝菌营养亲和群[J].南京农业大学学报.1994,17(增刊):128~133.
- [3] 石磊岩,等.我国棉花黄萎病研究进展[J].棉花学报.1995,7(4):243~245.
- [4] 石磊岩,等.我国棉花黄萎病菌类型分化及培养特性研究[J].植物保护学报.1993,20(3):247~252.
- [5] 石磊岩,等.北方棉区黄萎病菌生理分化类型研究[J].棉花学报.1997,9(5):273~280.
- [6] 田秀明,等.山西棉花黄萎病菌致病力分化与其类型和生理的关系[J].植物保护.1995,21(3):8~10.
- [7] 刘西钊,等.湖北省棉花黄萎病菌系致病力测定[J].华中农业大学学报.1989,8(3):227~230.
- [8] 宋晓轩,等.棉花黄萎病菌 *V. dahliae* 安阳菌系致病力分化研究[J].中国农业科学.1997,30(1):13~18.
- [9] 李振岐主编.植物免疫学[M].北京:中国农业出版社,1995.
- [10] 沈其益主编.棉花病害——基础理论与防治[M].北京:科学出版社,1992:128~151.
- [11] 吴献忠,等.山东棉花黄萎菌致病力分化的研究[J].植物保护.1995,21(6):2~5.
- [12] 陆家云,等.棉花黄萎病菌不同致病力类型在江苏省的分布[J].植物保护学报.1987,14(4):221~224.
- [13] 周兆华,等.我国棉花黄萎病菌群体的遗传变异分析[J].中国农业科学.1999,32(2):60~65.
- [14] 顾本康等主编.中国棉花抗病育种[M].南京:江苏科学技术出版社,1996.
- [15] 潘家驹,等.棉花黄萎病抗性遗传研究[J].南京农业大学学报.1994,17(3):8~18.
- [16] Schnathorst W C, et al. Host range and differentiation of a severe form of *Verticillium albo atrum* in cotton[J]. Phytopathology. 1966, 56: 1155~1161.

- [17] Schnathorst W C, et al. World distribution and differentiation of *Verticillium dahliae* strain pathogenic in *Gossypium hirsutum* [A]. 2nd International *Verticillium* Symposium [C]. 1976.

Pathogenicity Differentiation of Verticillium dahliae on Cotton Varieties

Zhou Zhaohua¹, Zhang Tianzhen¹, Pan Jiaju¹, Chen Zhaoxia¹, Jiang Weimin²

(¹Department of Agronomy, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095;

²Nanjing Agricultural Training School)

Abstract: In the defoliating group, 8 defoliating isolates were for the first time divided into three categories: strong pathogenic (XS4 as the representative), medium with inclination to strong pathogenic (T9 as the representative) and medium pathogenic (VD8 as the representative) according to the comprehensive pathogenic expression of 8 defoliating isolates on the upland varieties R02, R04, R05, R06, R08, R09, R11 and R14. The defoliating isolate VD8 originated from Nantong of Jiangsu province was efficiently identified from the defoliating isolate T9 originated from USA in the light of resistance identification on varieties such as R05, R06, R08, R09, R11 and R14. In non-defoliating group, by utilizing upland varieties such as R15, R14, R13 and R10 for identification, it might be identified that the pathogenic genes in 7 isolates XJ4, XJ1, AY, VD404, VD326, LY, BP2 were different from each other and might be named as races No. 1 to No. 7 respectively. R01 was resistant or tolerant to all the isolates used in the experiments especially the defoliating isolates. R12 might have a specific function in identification of strong pathogenic isolates.

Key words: Cotton; *Verticillium* wilt; *Verticillium dahliae*; Pathogenicity