

CHENARI BOUKET, A., BABAEI-AHARI, A., BELBAHRI, L., TOJO, M., 2016: Morphological and molecular identification of newly recovered *Pythium* species, *P. sylvaticum* and *P. glomeratum* from Iran, and evaluation of their pathogenicity on cucumber seedlings. – Austrian Journal of Mycology 25: 23–38.

**Key words:** biodiversity, GenBank, mycobiota, phylogenetic analysis, plant, rhizosphere.

**Abstract:** During a survey on the biodiversity of the genus *Pythium* in northern Iran, ten isolates of *P. sylvaticum* (clade F) and five *P. glomeratum* (clade I) were recovered from the rhizosphere of plant species. Based on combination of cultural, morphological, cardinal growth rate, sequence data from ITS-rDNA and pathogenicity assay, the isolates were identified as *P. sylvaticum* and *P. glomeratum*. Phylogenetic analyses of the ITS-rDNA sequences clustered our isolates with representative sequences for *P. sylvaticum* and *P. glomeratum* isolates from GenBank. Both fungal species represent new records for the mycobiota of Iran. Several plant species viz., *Taraxacum officinalis*, *Falcaria* sp., *Elaeagnus angustifolia*, *Camellia sinensis*, *Tragopogon collinus*, *Phleum iranicum*, *Lotus angustissimus* and *Ficus carica*, *Onosma* sp., *Ligustrum ovalifolium*, *Punica granatum*, and *Prunus avium* were new substrates for *P. sylvaticum* and *P. glomeratum*, respectively. With this paper, we provide full illustration for these two species and further discuss their phylogeny and morphology with closely related species and their pathogenicity on cucumber (*Cucumis sativus*) seedlings.

**Zusammenfassung:** Im Rahmen einer Untersuchung zur Biodiversität der Gattung *Pythium* im nördlichen Iran wurden zehn Isolate von *P. sylvaticum* (Clade F) und fünf von *P. glomeratum* (Clade I) aus der Rhizosphäre von Pflanzenarten gewonnen. Basierend auf der Kombination der Wachstumsraten, der Kulturmerkmale, ITS-rDNA Sequenzdaten und Pathogenitäts-Assays wurden die Isolate als *P. sylvaticum* und *P. glomeratum* identifiziert. Phylogenetische Analysen der ITS-rDNA Sequenzen gruppieren unsere Isolate mit repräsentativen Sequenzen für *P. sylvaticum* und *P. glomeratum* Isolate aus der GenBank. Beide Pilzarten sind neue Nachweise für die Mykobiota des Iran. Mehrere Pflanzenarten, wie *Taraxacum officinalis*, *Falcaria* sp., *Elaeagnus angustifolia*, *Camellia sinensis*, *Tragopogon collinus*, *Phleum iranicum*, *Lotus angustissimus* und *Ficus carica*, *Onosma* sp., *Ligustrum ovalifolium*, *Punica granatum* und *Prunus avium* sind neue Substrate für *P. sylvaticum* und *P. glomeratum*. In dieser Arbeit bieten wir eine vollständige Illustration für diese beiden Arten und diskutieren ihre Phylogenie und Morphologie mit eng verwandten Arten und deren Pathogenität auf Gurken (*Cucumis sativus*)-Sämlingen.