

CHENARI BOUKET, A., BABAEI-AHARI, A., BELBAHRI, L., TOJO, M., 2016: Morphological and molecular identification of newly recovered *Pythium* species, *P. abappressorium* and *P. spinosum* from Iran, and evaluation of their pathogenicity on cucumber seedlings. – Austrian Journal of Mycology 25: 39–50.

**Key words:** Biodiversity, *P. abappressorium*, *P. spinosum*. – Mycobiota of Iran.

**Abstract:** During a survey on the biodiversity of the genus *Pythium* in northern Iran, one isolate of *P. abappressorium* and one isolate of *P. spinosum* were recovered from the rhizosphere of *Urtica dioica* in Abesh-Ahmad region (39° 02' 33" N, 47° 18' 59" E) of Ardebil province and from the rhizosphere of *Cynodon dactylon* in Hashtroud region (37° 28' 40" N, 47° 03' 03" E) of East-Azarbaijan province, Iran. Based on combination of cultural, morphological, cardinal growth rate, sequence data from ITS-rDNA and pathogenicity assay, the isolates were identified as *P. abappressorium* and *P. spinosum*. Phylogenetic analyses of the ITS-rDNA sequences clustered our isolates with representative sequences for the species isolates from GenBank. The species represent new records for the mycobiota of Iran. With this paper, we provide full illustration for these species and further discuss their phylogeny and morphology with closely related species and pathogenicity on cucumber (*Cucumis sativus*) seedlings.

**Zusammenfassung:** Im Laufe einer Untersuchung zur Biodiversität der Gattung *Pythium* im nördlichen Iran wurden aus der Rhizosphäre von *Urtica dioica* in Abesh-Ahmad (39° 02' 33" N, 47° 18' 59" E) in der Provinz Ardebil und aus der Rhizosphäre von *Cynodon dactylon* in der Hashtroud Region (37° 28' 40" N, 47° 03' 03" E) der Ost-Azarbaijan Provinz. ein Isolat von *P. abappressorium* und ein Isolat von *P. spinosum* gewonnen. Basierend auf der Kombination von Wachstumsraten, Kulturmerkmalen, ITS-rDNA Sequenzdaten und Pathogenitäts-Assays wurden die Isolate als *P. abappressorium* und *P. spinosum* identifiziert. Phylogenetische Analysen der ITS-rDNA-Sequenzen gruppieren unsere Isolate mit repräsentativen Sequenzen für diese Arten in der GenBank. Die Arten sind neue Nachweise für die Mykobiota des Iran. Mit dieser Arbeit bieten wir eine vollständige Illustration für diese Arten und diskutieren ihre Phylogenie und Morphologie mit eng verwandten Arten und deren Pathogenität auf Gurken (*Cucumis sativus*)-Sämlingen.