

RESUMEN

Pythium spp., uno de los principales fitopatógenos a nivel mundial, afecta cultivos ornamentales y alimenticios. En Estados Unidos la producción de crisantemos y dalias se encuentra en crecimiento, sin embargo, son cultivos susceptibles a enfermedades y plagas. La identificación de *Pythium* spp. se realiza mediante morfología, no obstante, durante las últimas décadas se han empleado técnicas moleculares como la secuenciación, que además de identificar al organismo proporcionan información filogenética y de estructura poblacional. Durante el presente proyecto se secuenció la región ITS y la región COX de 116 aislados de *Pythium* procedentes de crisantemos y dalias, de tres invernaderos de Long Island – Nueva York, identificándose diez especies. Las especies más comunes fueron las que conforman *P. irregulare* sensu lato (s.l.) (74.14%) y *P. aphanidermatum* (9.48%). Dentro de *P. irregulare* s.l., la especie con mayor prevalencia fue *P. cryptoirregulare* (41.86%). Se observó una mayor diversidad de especies de *Pythium* en crisantemos que en dalias, debido al manejo en su cultivo. La reconstrucción filogenética de *Pythium* spp. se realizó mediante el método de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana, formándose grupos monofiléticos con soporte *bootstrap* y probabilidad posterior elevadas. La topología en cada árbol (análisis por región y concatenado) mostró una clara separación entre las especies de *Pythium* y fue congruente con la morfología de los esporangios. Finalmente, el análisis de diversidad genética de *P. irregulare* s.l. mostró una estructura poblacional alta con posibilidad de flujo génico entre cultivos; sin embargo, el flujo génico entre cada especie de *P. irregulare* s.l. fue nula.

PALABRAS CLAVE:

- *Pythium irregulare* s.l.
- ESTRUCTURA POBLACIONAL
- FLUJO GENÉTICO
- FILOGENÉTICA

ABSTRACT

Pythium spp., one of the most important phytopathogens worldwide, affects ornamental and food crops. In the United States, the production of chrysanthemum and dahlia is growing, however, they are susceptible to diseases and pests. The identification of *Pythium* spp. is made by morphological characteristics; nevertheless, during the last decade molecular techniques such as sequencing, have been used for the identification of the organism and to provide information on their phylogenetic relationship and population structure. During this project the ITS region and the COX region of 116 isolates from chrysanthemum and dahlias of three greenhouses of Long Island – New York were sequenced, identifying 10 species. The most common species were the ones that belong to *P. irregulare* s.l. (74.14%) and *P. aphanidermatum* (9.48%). Within *P. irregulare* s.l., the specie with the highest prevalence was *P. cryptoirregulare* (41.86%). A greater diversity of *Pythium* species was observed in chrysanthemums than in dahlias, due to the management in their cultivation. The phylogenetic reconstruction of *Pythium* spp. was carried out using maximum likelihood and Bayesian inference, forming monophyletic groups with high bootstrap support and posterior probability. The topology in each tree (analysis by region and concatenated) showed a clear separation between *Pythium* species and was consistent with the morphology of the sporangium. Finally, the genetic diversity analysis of the *P. irregulare* complex showed a high population structure with possibility of gene flow between crops; however, the gene flow between each species of *P. irregulare* s.l. was almost null.

Keywords:

- *Pythium irregulare* s.l.
- POPULATION STRUCTURE
- GENE FLOW
- PHYLOGENETICS