

RESUMEN

Pythium irregulare es una importante especie patógena de plantas encontrada alrededor del mundo. Estudios de tipo morfológicos y moleculares han confirmado que *Pythium irregulare* sensu lato muestra altos niveles de diversidad morfológica y genética y que forma parte de un complejo de especies. Una colección internacional de 120 aislados de invernaderos de Long Island - New York de diversos huéspedes fueron seleccionados para investigar su relación filogenética. El análisis filogenético fue realizado en base a la caracterización del gen β -tubulina. Fragmentos de aproximadamente 1200 pb del gen β -tubulina fueron amplificados con el primer sentido β tub_F1A y el primer antisentido β tub_R1A. En el análisis bajo el método de máxima verosimilitud se incluyeron seis secuencias, cuatro correspondientes a especies del complejo *Pythium irregulare* (*P. irregulare* sensu stricto, *P. cryptoirregulare*, *P. cylindrosporum*) y las secuencias de *Pythium spinosum* y *Pythium sylvaticum* usadas como grupos externos. El árbol filogenético consenso obtenido reveló la formación de tres grupos principales con un soporte “bootstrap” moderado-alto (Valor $p < 0.05$). Los resultados no mostraron una clara separación entre las especies del complejo *P. irregulare*, lo cual es consistente con otros estudios preliminares. La discriminación entre las especies de este complejo es fundamental para el estudio de su epidemiología y para el manejo de las enfermedades que causa.

Palabras clave: *Pythium irregulare*, sensu lato, Filogenética, Máxima verosimilitud, Bootstrap