



Research Article

## Reaction of eight luffa genotypes to damping-off disease

Masoumeh Delaramifar<sup>1</sup>, Mahdi Pirnia<sup>1✉</sup>, Mojtaba Keykhasaber<sup>1</sup>,  
ShirAhmad Sarani<sup>1</sup>, Hamideh Khajeh<sup>2</sup>

1. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran

2. Biotechnology Research Centre, University of Zabol, Zabol, Iran

Received: 2023.09.09

Accepted: 2023.11.21

Delaramifar M, Pirnia M, Keykhasaber M, Sarani SA, Khajeh H (2023) Reaction of eight luffa genotypes to damping-off disease. *Plant Pathology Science* 12(2):76-85.  
DOI: <https://doi.org/10.2982/PPS.12.2.76>

### Abstract

**Introduction:** Damping-off caused by *Pythium aphanidermatum* is one of the major diseases of luffa. Identifying and planting of resistant varieties is an environmentally friendly solution for integrated disease management. This study was conducted to determine the reaction of eight native and non-native luffa genotypes to the disease. **Materials and Methods:** The pathogen (*Pythium aphanidermatum* IRAN597C) was obtained from the collection of fungi of the Iranian Institute of Plant Protection Researches. It was inoculated into seedlings of eight luffa genotypes. After the appearance of yellowing symptoms and seedling death, the disease index (DI) and the area under the disease progression curve (AUDPC) were calculated for each genotype. Koch's postulates were carried out to prove pathogenicity and the pathogen was isolated from diseased seedlings. Then, for molecular confirmation of the pathogen, ITS-rDNA sequencing was used. **Results:** The sequencing of the ITS-rDNA region of the pathogen showed a phylogenetic affinity of 99% with other isolates of *P. aphanidermatum*. According to the DI, the northern large and the long luffa genotypes were grouped as sensitive genotypes, and other genotypes including northern black seed, northern white seed, toori, Afghani, grooved and Brazilian were grouped as resistant genotypes. Based on the AUDPC, the northern black seed, and northern white seed genotypes showed the lowest level, toori, grooved, Afghani and Brazilian genotypes showed the medium level, and northern large and long luffa genotypes showed the highest AUDPC level. **Conclusion:** Considering the low values of the DI and AUDPC in the northern black seed and northern white seed genotypes, planting these two genotypes is suggested for management of the disease in luffa.

**Keywords:** Disease index, ITS-rDNA, *Pythium*

✉ Corresponding author: [pirnia@uoz.ac.ir](mailto:pirnia@uoz.ac.ir)

مقاله پژوهشی

واکنش هشت ژنوتیپ لופا به بیماری گیاهچه‌میری

معصومه دلارامی فر<sup>۱</sup>، مهدی پیرنیا<sup>۱</sup>✉، مجتبی کیخصابر<sup>۱</sup>، شیراحمد سارانی<sup>۱</sup>، حمیده خواجه<sup>۲</sup>

۱. گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ۲. پژوهشکده زیست‌فناوری دانشگاه زابل، زابل

دریافت: ۱۴۰۲/۰۶/۱۸ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۸/۳۰

دلارامی فر م، پیرنیا م، کیخصابر م، سارانی ش ا، خواجه ح (۱۴۰۲) واکنش هشت ژنوتیپ لופا به بیماری گیاهچه‌میری. دانش بیماری‌شناسی گیاهی ۱۲(۲): ۷۶-۸۵.

چکیده

**مقدمه:** گیاهچه‌میری ناشی از *Pythium aphanidermatum* یکی از بیماری‌های مهم لופا است. شناسایی و کاشت رقم‌های مقاوم راهکاری سازگار با محیط زیست برای مدیریت تلفیقی بیماری است. این پژوهش برای تعیین واکنش هشت ژنوتیپ بومی و غیر بومی لופا نسبت به بیماری انجام شد. **مواد و روش‌ها:** بیمارگر (*P. aphanidermatum* IRAN597C) از کلکسیون قارچهای موسسه تحقیقات گیاهپزشکی کشور تهیه شد. آن به گیاهچه‌های هشت ژنوتیپ لופا تلقیح شد. پس از ظهور علائم زردی و مرگ گیاهچه شاخص شدت بیماری و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری برای هر ژنوتیپ محاسبه شد. اصول کخ برای اثبات بیماری‌زایی انجام و بیمارگر مجدد از گیاهچه‌های بیمار جداسازی گردید. سپس برای تایید مولکولی بیمارگر، از توالی‌یابی ناحیه ITS-rDNA آن استفاده شد. **یافته‌ها:** توالی‌یابی ناحیه ITS-rDNA بیمارگر قرابت فیلوژنتیکی ۹۹ درصدی با سایر جدایه‌های *P. aphanidermatum* را نشان داد. تعیین شاخص شدت بیماری نشان داد که ژنوتیپ‌های شمالی بزرگ و لופا بلند حساس و سایر ژنوتیپها شامل شمالی بذر سیاه، شمالی بذر سفید، توری، افغانی، شیاردار و برزلی مقاوم به بیماری هستند. بر اساس سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، به ترتیب ژنوتیپ‌های شمالی بذر سیاه و شمالی بذر سفید پایین‌ترین سطح، ژنوتیپ‌های توری، شیاردار، افغانی و برزلی سطح متوسط و ژنوتیپ‌های شمالی بزرگ و لופا بلند بالاترین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری را نشان دادند. **نتیجه‌گیری:** با توجه به مقادیر پایین شاخص شدت بیماری و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در دو ژنوتیپ شمالی بذر سیاه و شمالی بذر سفید، کاشت این دو ژنوتیپ برای مدیریت بیماری در لופا پیشنهاد می‌شود.

**واژگان کلیدی:** شاخص بیماری، *Pythium*، ITS-rDNA

Introduction

مقدمه

لופا (*Luffa cylindrica* (L.) M. Roem.) یک گیاه دارویی-صنعتی متعلق به تیره کدوئیان است که با نام‌های توری و کدواسفنجی نیز شناخته می‌شود و سابقه طولانی کشت در کشورهای گرمسیری آسیا و آفریقا دارد. همچنین در نقاط مختلف کشور به ویژه استانهای شمالی کاشته می‌شود. گل‌های

این گیاه زردرنگ و میوه‌های آن به شکل استوانه‌ای و صاف حاوی دانه‌های متعدد می‌باشند. الیاف سلولزی در هم تنیده میوه جوان این گیاه حاوی ترکیباتی است که به عنوان محرک ایمنی و ضد التهابی پوستی عمل می‌کنند (Azeez et al. 2013). همچنین کاربردهای وسیعی در صنعت از جمله بسته‌بندی، تولید آسترهای ضد صدا، اسفنجهای حمام و تمیزکننده ظروف و جاذب فلزات سنگین در فاضلاب دارد (Al-Snafi 2019).

بیماری مرگ گیاهچه ناشی از شبه‌قارچ *Pythium aphanidermatum* (Edson) Fitzp. یکی از بیماری‌های مهم کدوئیان محسوب می‌شود. این بیمارگر علاوه بر نفوذ مستقیم از طریق میخ‌رخنه و فعالیت‌های آنزیمی، از طریق زخم‌ها و محل انشعاب ریشه‌های فرعی نیز نفوذ می‌کند. آنزیم‌های پکتولیتیک ترشح شده، تیغه میانی بین سلول‌های گیاهان را تخریب و باعث متلاشی شدن بافت می‌شوند (Raftoyannis & Dick 2006). گونه *P. aphanidermatum* اولین بار در ایران توسط Kaiser et al. (1971) از گیاه نخودفرنگی در صفی‌آباد گزارش شد. این گونه در مراحل بعد از گیاهان خیار و کدو از استان فارس (Rahimian & Banihashemi 1979) و از گیاه خیار از یزد جداسازی و معرفی گردید (Esmailzadeh et al. 2006).

یکی از راهکارهای مهم در مدیریت بیماری، شناسایی رقم‌های و ژنوتیپ‌های مقاوم و توصیه به کاشت آنها می‌باشد. بررسی واکنش ۹۷ ژنوتیپ لوبیا در برابر *P. aphanidermatum* و *P. splendens* Hans Braun نشان داده که دو ژنوتیپ بسیار مقاوم، ۳۸ ژنوتیپ دارای مقاومت متوسط و ۵۷ ژنوتیپ حساس هستند (Binagwa et al. 2016). نتایج پژوهشی در ارتباط با واکنش چهار ژنوتیپ سویا در برابر چهار گونه *Pythium* شامل *P. irregulare* Buisman، *P. sylvaticum* W.A. Campb. & F.F. Hendrix، *P. oopapillum* Bala, de Cock & Lévesque و *P. torulosum* Coker & P. Patt. مشخص کرد ژنوتیپ‌های والد سطح بالاتری از مقاومت به این بیمارگرها را در غربالگری اولیه نشان می‌دهند (Clevinger et al. 2021). ارزیابی واکنش رقم‌های تجاری خیار به *P. aphanidermatum* نشان داده که رقم‌های کاسپین ۳۴۰، نگین و دلتا اسکار مقاوم و رقم‌های آلفا، استورم ۵۴۱۰ و سلطان حساس به بیمارگر هستند (Rostami & Alaei 2015). بررسی واکنش ۱۴ رقم کدو و خیار در مراحل مختلف رشد نسبت به *Phytophthora drechsleri* Tucker در شرایط گلخانه نشان داد که آنها به پنج گروه بسیار حساس، حساس، نسبتاً حساس، نسبتاً مقاوم و مقاوم طبقه‌بندی می‌شوند. رقم‌های کدو حلواپی و کدو خورشتی و رقم‌های خیار بوسکو و دستگردی بسیار حساس بودند (Nasr Esfahani et al. 2012). علیرغم اهمیت اقتصادی گیاه لوف و کاربرد وسیع آن در حوزه‌های مختلف بهداشتی و صنعتی تاکنون مطالعه‌ای در خصوص ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌های آن به بیماری مرگ گیاهچه ناشی از

*P. aphanidermatum* انجام نشده است. بنابراین این تحقیق برای شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم لوفافا به بیماری اجرا شد.

## Materials and Methods

## مواد و روش‌ها

جدایه *P. aphanidermatum* (IRAN597C) از کلکسیون قارچهای موسسه تحقیقات گیاهپزشکی کشور تهیه شد. بذر پنج ژنوتیپ بومی شمالی بذر سیاه، شمالی بذر سفید، شمالی بزرگ، شیاردار و توری و سه ژنوتیپ غیر بومی افغانی، لوفافا بلند و برزیلی از شرکت نسیم (قم، ایران) تهیه و بعد از شستشو با آب مقطر سترون، به مدت ۲۴ ساعت در پارچه نمدار در شرایط آزمایشگاه نگهداری شدند. خاک مورد استفاده در اتوکلاو با دمای ۱۲۱ درجه سانتیگراد و فشار یک اتمسفر سترون و پس از سرد شدن به گلدانها منتقل شد. بذر ژنوتیپهای مختلف لوفافا در گلدانهای حاوی خاک سترون کاشته شدند. زادمایه بیمارگر با استفاده از بذرهای شاهدانه سترون آماده شد و در مرحله دو تا سه برگی گیاهچه‌ها در دو طرف طوقه، دو عدد بذر شاهدانه آلوده قرار گرفت و آنها با ماسه سترون پوشانده شد (Nasr Esfahani et al. 2015). گیاهچه‌ها در شرایط گلخانه نگهداری و ثبت علائم به صورت روزانه صورت گرفت. آزمایش در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار برای هر تیمار انجام و آنالیز داده‌ها با نرم‌افزار SPSS 24 و میانگینها با آزمون چند دامنه‌ای دانکن مقایسه شدند. شاخص بیماری (Disease Index=DI) بر حسب درصد، طبق معادله زیر محاسبه گردید.

$$DI = [(ni \times si) / (N \times S)] \times 100$$

در این معادله،  $ni$  تعداد گیاه در هر تیمار،  $si$  شدت بیماری در هر تیمار طبق مقیاس،  $N$  تعداد کل گیاهان مورد بررسی و  $S$  بالاترین شدت بیماری مطابق مقیاس مورد استفاده است. بر اساس شاخص بیماری، واکنش ژنوتیپها به شرح جدول ۱ تعیین شد (Rostami et al. 2015).

**جدول ۱.** دسته‌بندی واکنش ژنوتیپهای لوفافا نسبت به *P. aphanidermatum* بر اساس شاخص بیماری (Rostami et al. 2015).

**Table 1.** Reaction classification of luffa genotypes to *P. aphanidermatum* based on Disease Index (Rostami et al. 2015).

Disease index (%)	Reaction
0	Immune
1-20	Resistant
21-30	Semi-resistant
31-40	Tolerant
41-70	Sensitive
71-100	Very Sensitive

پس از تعیین شاخص بیماری و تعیین سطح مقاومت و حساسیت ژنوتیپ‌ها، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (Area Under Disease Progress Curve=AUDPC) با استفاده از فرمول ذیل محاسبه و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در مقایسه با دو رقم خیار سلطان (حساس) و نگین (مقاوم) به عنوان شاهد انجام شد (Madden et al. 2007). شایان ذکر است حساسیت و مقاومت رقم‌های خیار مورد استفاده نسبت به *P. aphanidermatum* در پژوهش Rostami et al. 2015 به اثبات رسیده بود.

$$AUDPC = [(Y_1 + Y_2) / 2] \times (t_2 - t_1)$$

در این معادله،  $Y_1$ : مقدار بیماری در زمان اول بررسی بیماری،  $Y_2$ : مقدار بیماری در زمان دوم بررسی بیماری،  $t_1$ : زمان اول بررسی بیماری و  $t_2$ : زمان دوم بررسی بیماری می‌باشد (Campbell & Madden 1990).

پس از اثبات بیماری‌زایی شبه‌قارچ تهیه شده، آن از گیاهچه‌های بیمار جداسازی شد و برای تایید مولکولی آن، استخراج DNA آن با روش CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) انجام و کیفیت DNA (با استفاده از ژل آگاروز یک درصد) و کمیت DNA (با استفاده از دستگاه اسپکتوفتومتر) تعیین شد. ناحیه ITS-rDNA به روش میرسلیمانی و مستوفی‌زاده قلمفرسا (Mirsoleimani & Mostowfizadeh-Ghalamfarsa 2013) و با استفاده از آغازگرهای ITS1 و ITS4 (جدول ۲) تکثیر شد.

**جدول ۲.** نام و توالی آغازگرهای مورد استفاده برای تکثیر ناحیه ژنی ITS-rDNA در *P. aphanidermatum*.

**Table 2.** Name and sequences of primers used to amplify the ITS-rDNA genomic region in *P. aphanidermatum*.

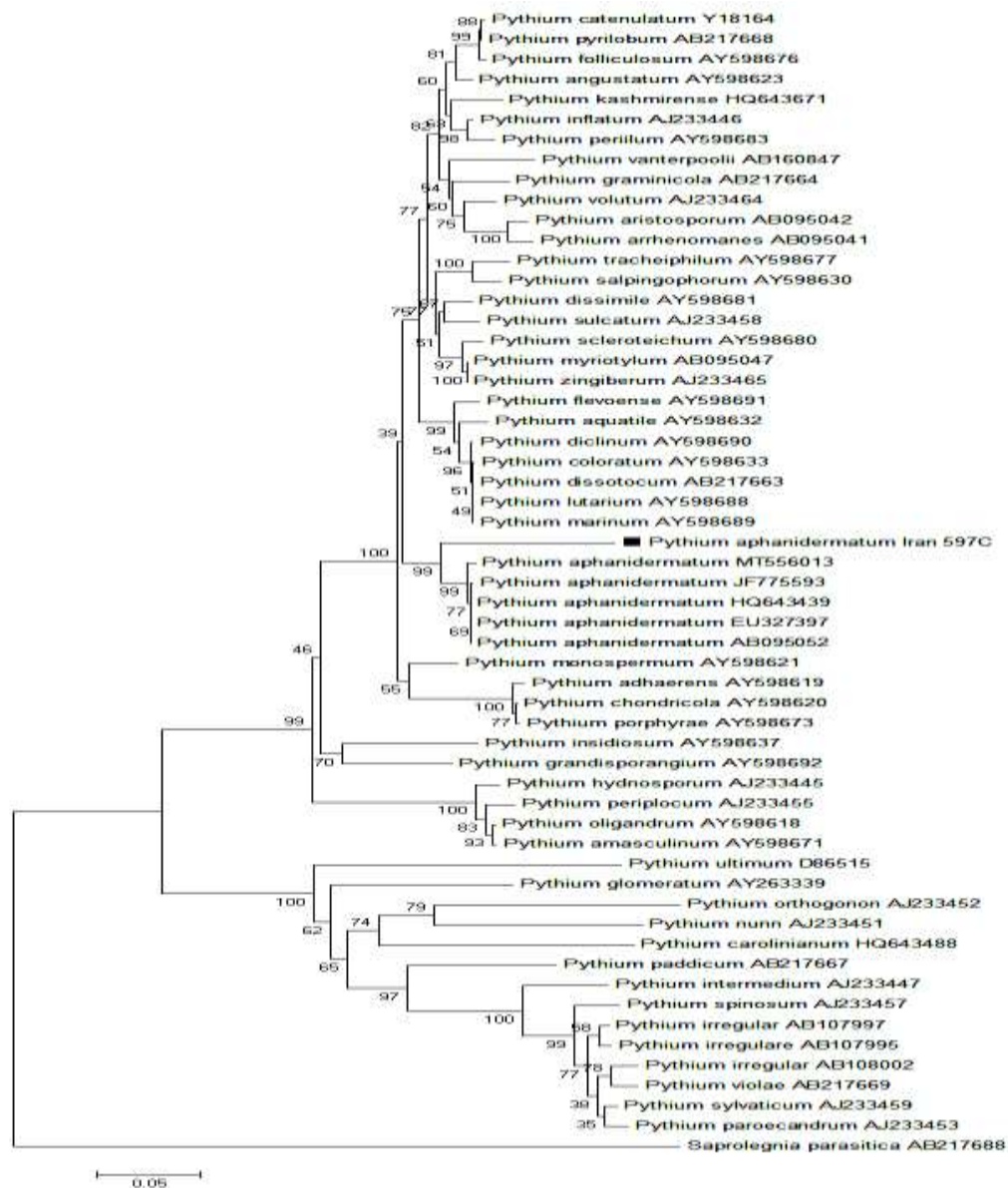
Primer	Sequence
ITS1	3' TCCGTAGGTGAACCTGCGG 5'
ITS4	3' TCCTCCGCTTATTGATATGC 5'

محصول PCR بدست آمده با واسطه شرکت زیست فناوری پیشگام جهت توالی‌یابی به خارج از کشور ارسال و توالی بدست آمده از جدایه مورد مطالعه توسط نرم افزار BLAST با توالی‌های موجود در پایگاه اطلاعاتی NCBI (National Centre for Biotechnology Information) مقایسه گردید. سپس توالی‌های مشابه در یک فایل جهت ترسیم درخت تبارزایی ذخیره شدند. هم‌ردیفی توالی‌ها با نرم افزار ClustalW و ترسیم درخت تبارزایی با روش الحاق همسایه صورت گرفت. حمایت آماری گروه‌بندی آرایه‌ها با آنالیز Bootstrap و ۱۰۰۰ تکرار در نرم افزار MEGA10 انجام شد (Kumar et al. 2018).

## Results and Discussion

## یافته‌ها و بحث

رسم درخت تبارزایی بر اساس توالی ناحیه ITS-rDNA، *P. aphanidermatum* (IRAN597C) که باعث گیاهچه‌میری ژنوتیپ‌های لופا شدنشان داد که آن ۹۹٪ با سایر جدایه‌های *P. aphanidermatum* شباهت دارد (شکل ۱).



شکل ۱. درخت به روش الحاق همسایه بر اساس داده‌های توالی ناحیه ITS-rDNA گونه‌های *Pythium*. آرایه *Saprolegnia parasitica* (AB217688) به عنوان آرایه خارج از گروه استفاده شده است. جدایه بررسی شده در این تحقیق با مربع سیاه متمایز شده است.

**Figure 1.** Neighbour-Joining tree based on sequence data of ITS-rDNA region of *Pythium* species. *Saprolegnia parasitica* (AB217688) is used as outgroup. The isolate examined in this research is distinguished by a black square.

واکنش هشت ژنوتیپ لوفاف به *P. aphanidermatum* از روز چهارم بعد از تلقیح آن با علائم زردی و مرگ گیاهچه روی ژنوتیپهای شمالی بزرگ و لوفاف بلند ایجاد شد. به جز ژنوتیپهای شمالی بذر سیاه و شمالی بذر سفید که از روز ابتدای تلقیح تا پایان بررسی روی آنها هیچ گونه علائمی دیده نشد، روی سایر ژنوتیپها فقط زردی خفیف مشاهده گردید (شکل ۲).

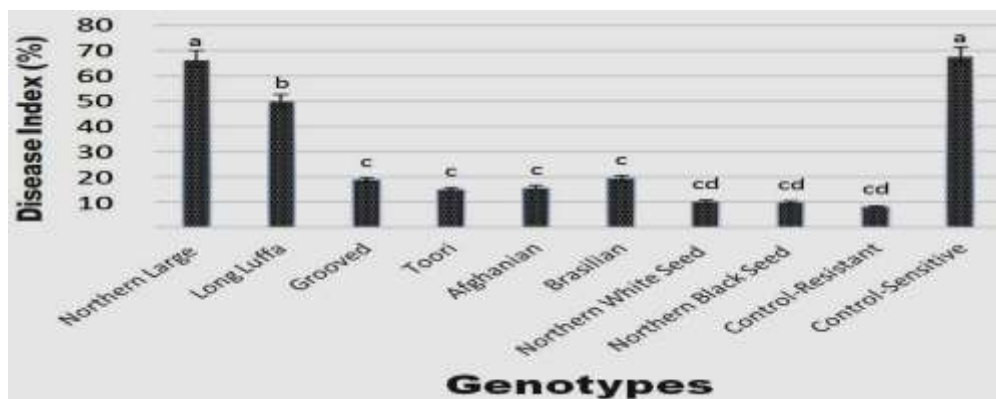
در بررسی شاخص بیماری (DI)، ژنوتیپ های شمالی بزرگ و لوفاف بلند به ترتیب با شاخص ۶۶/۶ و ۵۰ درصد به عنوان ژنوتیپ های حساس و سایر ژنوتیپها شامل شمالی بذر سیاه، شمالی بذر سفید، توری، افغانی، شیاردار و برزیلی به ترتیب با شاخص های ۹/۷، ۱۰، ۱۵، ۱۵/۶، ۱۸/۷۵ و ۱۹/۴ درصد در گروه مقاوم قرار گرفتند. بر اساس سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC)، ژنوتیپهای



**شکل ۲.** مرگ گیاهچه و زردی برگها ناشی از پوسیدگی ریشه چهار روز پس از تلقیح *Pythium aphanidermatum*. (a): مرگ گیاهچه در ژنوتیپ شمالی بزرگ (b): زردی در ژنوتیپ لوفاف بلند (c): زردی خفیف در ژنوتیپ شیاردار (d): گیاهچه های سالم در ژنوتیپ شمالی بذر سیاه (e): گیاهچه های سالم در ژنوتیپ شمالی بذر سفید (f): زردی خفیف در ژنوتیپ افغانی (g): زردی خفیف در ژنوتیپ برزیلی (h): زردی خفیف در ژنوتیپ توری (i): شاهد

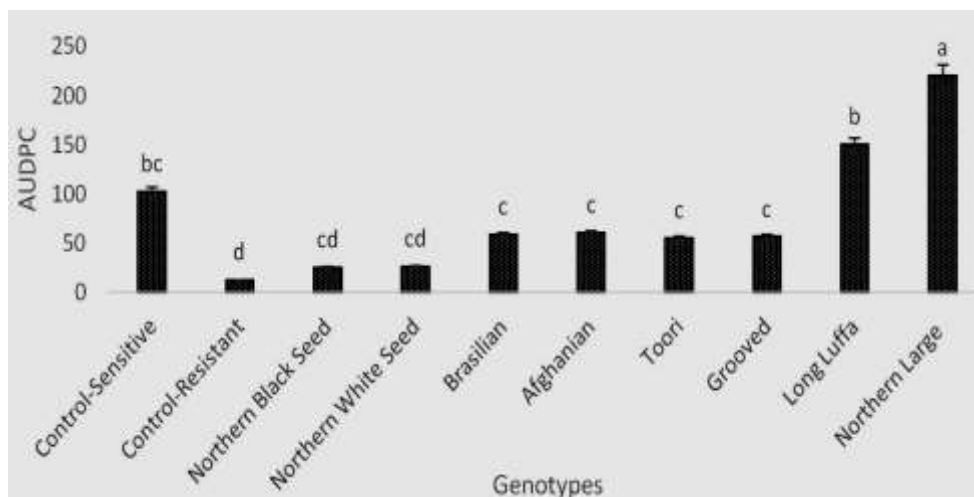
**Figure 2.** Seedling death and leaf yellows after inoculation of *Pythium aphanidermatum*. (a): seedling death in large northern genotype (b): yellows in long luffa genotype (c): slight yellows in grooved genotype (d): healthy seedlings in northern black seed genotype (e): healthy seedlings in northern white seed genotype (f): slight yellows in the Afghan genotype (g): slight yellows in toori genotype (h): slight yellows in Brazilian genotype (i): Control

شمالی بذر سیاه و شمالی بذر سفید پایین ترین سطح، ژنوتیپ های توری، شیاردار، برزبلی و افغانی سطح متوسط و ژنوتیپهای شمالی بزرگ و لופا بلند بالاترین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری را داشتند. شاخص بیماری در ژنوتیپهای مختلف لופا بیانگر تفاوت در میزان مقاومت رقمهای نسبت به بیمارگر بود. بر این اساس در رقمهای حساس درصد بیماری زیاد است و علائم در مدت زمان کمتری بروز می کنند (شکل‌های ۳ و ۴).



شکل ۳. شاخص بیماری بر حسب درصد در ژنوتیپ های لופا مورد مطالعه. میانگین های با حروف مشابه بر اساس آزمون چند دامنه ای دانکن در سطح احتمال ۵ درصد دارای تفاوت معنادار نیستند.

**Figure 3.** Disease Index (%) in studied Luffa genotypes. Means with same letters were not significantly different based on Duncan's multiple range test at the level of  $P=0.05$ .



شکل ۴. سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در ژنوتیپ های لופا مورد مطالعه. میانگین های با حروف مشابه بر اساس آزمون چند دامنه ای دانکن در سطح احتمال ۵ درصد دارای تفاوت معنادار نیستند.

**Figure 4.** Area Under Disease Progress Curve (AUDPC) in studied Luffa genotypes. Means with same letters were not significantly different based on Duncan's multiple range test at the level of  $P=0.05$ .



## نتیجه‌گیری

## Conclusion

یافته‌های این تحقیق نشان داد که ژنوتیپهای لופا در برابر *P. aphanidermatum* واکنش متفاوتی دارند. مقادیر پایین شاخص بیماری و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در دو ژنوتیپ شمالی بذر سیاه و شمالی بذر سفید حاکی از مقاومت این دو ژنوتیپ در برابر این بیمارگر است. بنابراین کاشت دو ژنوتیپ شمالی بذر سیاه و شمالی بذر سفید جهت پیشگیری از خسارت و مدیریت بیماری گیاهچه‌میری ناشی از *P. aphanidermatum* در لופا پیشنهاد می‌شود.

## منابع

## References

- Al-Snafi, A. E. (2019). Constituents and pharmacology of *Luffa cylindrica*-A review. *IOSR Journal of Pharmacy* 9(9), 68–79.
- Azeez, M.A., Bello, O.S. and Adedeji, A.O., 2013. Traditional and medicinal uses of *Luffa cylindrica*: a review. *Journal of Medicinal Plants* 1(5), 102–111.
- Binagwa, P. H., Bonsi, C. K., and Msolla, S. N. (2016). Evaluation of common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes for resistance to root rot disease caused by *Pythium aphanidermatum* and *Pythium splendens* under screen house conditions. *Evaluation* 6(6), 36–43.
- Bolboli, Z., and Mostowfizadeh-Ghalefarsa, R. (2015). Phylogenetic relationships and taxonomic characteristics of *Pythium* spp. isolates in cereal fields of Fars Province. *Iranian Journal of Plant Pathology* 51(4), 471–492.
- Campbell, C.L., and Madden, L. V. (1990). Introduction to Plant Disease Epidemiology. John Wiley & Sons. USA.
- Clevinger, E. M., Biyashev, R., Lerch-Olson, E., Yu, H., Quigley, C., Song, Q., Dorrance, A. E., Robertson, A. E., and Saghai Maroof, M. A. (2021). Identification of quantitative disease resistance loci toward four *Pythium* species in soybean. *Frontiers in Plant Science* 12, 644746.
- Ershad, D. (1977). Contribution to knowledge of *Pythium* species of the Iran. *Iranian Journal of Plant Pathology* 13, 55–74.
- Esmailzadeh-Hosseini, S. A., Sarpeleh, A., Fatahi, M., and Ghaiumi-Mohammady, M. (2006). Identification of soilborn phytopathogenic fungi of greenhouse cucumber in yazd province. *Proceedings of the 17th Iranian Plant Protection Congress*, Karaj, Iran p:175.
- Kaiser, W.J., Okhovat, M., and Mossahebi, G. H. (1971). *Pythium aphanidermatum*, an important pathogen of peas (*Pisum sativum*) in Khuzestan Province, Iran. *Iranian Journal of Plant Pathology* 7, 1–7.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., and Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35, 1547–1549.

- Luterbacher, M. C., Asher, M. J. C., Beyer, W., Mandolio, G., Scolten, O. E., Frees, L., Biancardi, E., Stevanato, P., Mechelke, W., and Slyvchenko, O. (2005). Source of resistance to disease of sugar beet in related *Beta* germplasm: II. soil-borne disease. *Euphytica* 141, 49–63.
- Madden, L. V., Hughes, G., and Bosch, F. (2007). The study of plant disease epidemics. American Phytopathological Society Press.
- Mirsoleimani, Z., and Mostowfizadeh-Ghalamfarsa, R. (2013). Characterization of *Phytophthora pistaciae*, the causal agent of pistachio gummosis, based on host range, morphology, and ribosomal genome. *Phytopathologia Mediterranea* 53(3), 501–506.
- Nasr Esfahani, M., Chatraee, M., and Shafizadeh, Sh. (2012). Evaluation of resistance of cucurbit and cucumber cultivars to *Phytophthora drechsleri* in Greenhouse. *Seed and Plant Production Journal* 28-1(3), 407–417.
- Raftoyannis, Y., and Dick, M. W. (2006). Zoospore encystment and pathogenicity of *Phytophthora* and *Pythium* species on plant roots. *Microbiological Research* 161, 1–8.
- Rahimian, H., and Banihashemi, Z. (1979). Biology of *Pythium aphanidermatum*, the incitant of cucurbit root rot and damping-off in the Fars Province. *Iranian Journal of Agricultural Research* 7, 1–10.
- Rostami, F., and Alaei, H. (2015). Controlling the root and stem rot of cucumber, caused by *Pythium aphanidermatum*, using resistance cultivars and grafting onto the cucurbit rootstocks. *Azarian Journal of Agriculture* 2(1), 19–24.