

## POPULACJA MĄCZNIAKA PRAWDZIWEGO DĘBU W ZACHODNIEJ POLSCE\*

Jolanta Behnke-Borowczyk<sup>1</sup>✉, Marlena Baranowska-Wasilewska<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Katedra Fitopatologii Leśnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

ul. Wojska Polskiego 71C, 60-625 Poznań

<sup>2</sup>Katedra Hodowli Lasu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

ul. Wojska Polskiego 71A, 60-625 Poznań

### ABSTRAKT

**Wstęp.** *Erysiphe alphitoides* jest głównym patogenem *Quercus robur*, porażając często całe drzewostany. Kolonizuje liście we wszystkich klasach wieku, powodując osłabienie drzew. Badania nad zróżnicowaniem międzygatunkowym *Erysiphe* spp. i wewnątrzgatunkowym *E. alphitoides* z dębów są rzadkie.

**Cel badań.** Określenie zróżnicowania międzygatunkowego rodzaju *Erysiphe* i wewnątrzgatunkowego *E. alphitoides* z *Q. robur* z rejonu zachodniej Polski.

**Metodyka.** Materiałem badawczym były porażone przez *Erysiphe* liście *Q. robur* z zachodniej Polski. Izolowano, amplifikowano, sekwencjonowano i porównywano z sekwencjami referencyjnymi region 1/2 ITS rDNA zdeponowanymi w bazie danych NCBI.

**Wyniki.** Otrzymane sekwencje miały 98–100% podobieństwa z sekwencją referencyjną *E. alphitoides* KP686269 z bazy danych NCBI.

**Wnioski.** Wyniki potwierdzają obecność *E. alphitoides* na liściach *Q. robur* w zachodniej Polsce. Stwierdzono małe zróżnicowanie wewnątrzgatunkowe i dużą jednorodność genetyczną u większości izolatów *E. alphitoides*.

**Słowa kluczowe:** mączniak prawdziwy dębu, *Erysiphe alphitoides*

### WSTĘP

*Erysiphe alphitoides* (Griffon & Maubl.) U. Braun & S. Takam. jest powszechnie występującym grzybem powodującym chorobę – mączniak prawdziwy na liściach rodzimych gatunków dębów: szypułkowego (*Quercus robur* L.) i bezszypułkowego (*Quercus petraea* (Mattuschka) Liebl.). Obserwuje się go na drzewach we wszystkich klasach wieku (Mańka, 2005; Szewczyk i in., 2015). Grzybnia patogenu pokrywa powierzchnię liści, które marszczą się, ciemnieją i szybko zamierają. Wśród białych nalotów (skupień grzybni i konidiów) jesienią pojawiają się

często liczne, czarne, okrągłe otocznie o średnicy około 0,1 mm. Grzyb uszkadza również pączki oraz tkanki szczytowych pędów, doprowadzając do ich zamierania. Choroba powoduje zmniejszenie przyrostu młodych dębów, a nawet ich zamieranie przy występowaniu corocznym. Porażone przez mączniaka pędy z reguły nie osiągają na czas tzw. dojrzałości zimowej (nie drewnieją) i cierpią od wczesnych przymrozków.

Z innych gatunków *Erysiphe* spp., które występują na liściach dębów można wymienić: *E. abbreviata* (Peck) U. Braun & S. Takam., *E. calocladophora*

\*Praca finansowana z dotacji dla młodych naukowców Wydziału Leśnego Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu.

✉jbehnke@up.poznan.pl

(G.F. Atk.) U. Braun & S. Takam., *E. extensa* (Cooke & Peck) U. Braun & S. Takam., *E. gracilis* R.Y. Zheng & G.Q. Chen, *E. hypophylla* (Nevod.) U. Braun & Cunnignt, *E. quercicola* S. Takam. & U. Braun, *E. polygoni* DC. (Braun, 1987; Braun i in., 2003; Braun i Takamatsu, 2000; Farr i Rossman, 2000; Lee i in., 2011).

Mączniak prawdziwy przybył do Europy z Ameryki Północnej. Pierwsze doniesienia o występowaniu choroby w Polsce pochodzą z 1909 roku (Baranowska-Wasilewska i in., 2015; Braun, 1995; Sałata, 1985). Sałata (1985) i Sucharzewska (2009) podają, że w Polsce występują dwa gatunki mączniaka: *E. alphitoides* i *E. hypophylla*. Ten ostatni występuje licznie w zachodniej części Polski.

Zastosowanie technik biologii molekularnej pozwoliło stwierdzić, że w Europie mogą występować cztery haplotypy patogena. Trzy z nich pochodzą od *E. alphitoides* (100% zgodności ITS), *E. hypophylla* (99,4% zgodności ITS) i *Phyllactinia guttata* (Wallr.) Lév. (97,64% zgodności ITS). Czwararty, częsty w Europie, ma 100% zgodności w rejonie ITS z *E. quercicola* występującym na gatunkach *Quercus* w Azji oraz kilkoma gatunkami mączniaka z rejonów tropikalnych, w tym z *Oidium heveae* B.A. Steinm. powodującym mączniaka drzew kauczukodajnych na świecie (Mougou i in., 2008). W Polsce Ufnalski i Przybył (2004) stwierdzili obecność dwóch form morfologicznych *E. alphitoides*; konidia jednego przyjmowały cytrynowate kształty.

Wyniki badań, które przeprowadzili Mougou i in. (2008) sugerują, że *E. alphitoides* może pochodzić od gatunków *Erysiphe* spp. występujących w rejonach tropikalnych i przybyłych do Europy z roślinami z tych obszarów. Poza wpływem pochodzenia zróżnicowanie między- i wewnątrzgatunkowe patogena może wynikać również z adaptacji do lokalnych warunków środowiska i stosowanych praktyk leśnych, między innymi ochrony zintegrowanej (Oszako, 2014).

Celem pracy było zbadanie za pomocą analizy molekularnej zróżnicowania międzygatunkowego rodzaju *Erysiphe* i wewnątrzgatunkowego *E. alphitoides*, pochodzących z terenu zachodniej Polski.

## MATERIAŁ I METODY

Latem 2015 roku 16 prób liści dębu szypułkowego z objawami mączniaka prawdziwego zebrano w dziewięciu

nadleśnictwach zachodniej Polski (tab. 1). W laboratorium liście sterylizowano powierzchniowo (96-procentowy etanol przez 15 s + 3 × woda destylowana, sterylna, każdorazowo 10 min), suszono i rozdrabniano w ciekłym azocie, w temperaturze 70°C. Izolację DNA z rozdrobnionych liści przeprowadzono z wykorzystaniem zestawu Bead-Beat Micro AX Gravity (A&A Biotechnology Gdynia, Poland). Reakcję PCR przeprowadzono z użyciem starterów specyficznych dla *E. alphitoides* i *E. hypophylla* ITS-ery F (5'CTC AGT CGT GGC ATC TGCT 3') oraz ITS-ery R (5'ATG TGA CTG GAG CAA GTGG 3'; Mougou-Hamdane i in., 2010). Mieszanina reakcyjna zawierała 2,5 µl DNA, 0,2 µl każdego startera, 12,5 µl 2 × PCR MIX (A&A Biotechnology) oraz wodę dejonizowaną. Amplifikacja przebiegała w następujących warunkach: denaturacja wstępna 94°C – 5 min, denaturacja w 30 cyklach (94°C, 60 s), anneling (58°C, 60 s), elongacja (72°C, 60 s) oraz elongacja końcowa w 72°C przez 10 min w termocyklerze firmy Biometr. Produkt sprawdzono na 1,5-procentowym żelu agarozowym barwionym Midori Green Advance DNA (Genetics). Markerem wielkości produktu PCR był DNA marker DraMix (A&A Biotechnology). Otrzymany produkt oczyszczono i sekwencjonowano. Sekwencjonowanie wykonano w Genomed S.A. (Warszawa, Poland). Otrzymane sekwencje: (i) skrócono do 476 pz, (ii) porównano z sekwencjami referencyjnymi z bazy danych NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), (iii) zestawiono (alignment, 476 pz) z następującymi sekwencjami z bazy

**Tabela 1.** Stopień podobieństwa badanych izolatów do sekwencji referencyjnej *E. alphitoides* KP686269

**Table 1.** Degree of similarity of studied isolates to reference sequences *E. alphitoides* KP686269

Numer próby Number of sample	Nadleśnictwo Forest district	Stopień podobieństwa Degree of similarity
1, 2	Łopuchówko	100
3, 4, 5	Grodzisk	99
6	Sława Śląska	100
7, 8	Babimost	99
9, 10	Trzciel	100, 98
11, 12, 13, 14, 16	Oborniki	100
15	Oborniki	99

danych: *E. hypophylla* B292715, *E. elevata* (Burrill) U. Braun & S. Takam. AY587013, *E. platani* (Howe) U. Braun & S. Takam. Q365943, *E. betae* (Vaňha) Weltzien KX574674, *E. cruciferarum* Opiz ex L. Junell EF592611, *E. deutziae* (Bunkina) U. Braun & S. Takam. GU196146. Jako outgrup wykorzystano sekwencję *Phyllactina moricola* (Henn.) Homma D84385, *Leveillula taurica* (Lév.) G. Arnaud AB000940, *Golovinomyces circumfusus* (Schltdl.) U. Braun AB000934, *G. orontii* (Schltdl.) U. Braun AB022431 (Takamatsu i in., 2015) za pomocą Clustal X (Larkin i in., 2007; Mougou-Hamdane i in., 2010; Thompson i in., 1994). Analizę filogenetyczną przeprowadzono z wykorzystaniem programu MEGA 5.2 (Tamura i in., 2011). Drzewo filogenetyczne skonstruowano z pięcioma sekwencjami reprezentacyjnymi, z wykorzystaniem metody neighbor-joining (NJ) z 1000-krotnym samopróbkowaniem (ang. bootstrapping). Genetyczne odległości pomiędzy parami sekwencji zostały obliczone z wykorzystaniem macierzy Maximum Composite Likelihood.

## WYNIKI

Otrzymano pozytywne wyniki amplifikacji DNA *E. alphitoides* metodą PCR. Otrzymane sekwencje wykazały 98–100-procentowe podobieństwo do sekwencji referencyjnej *E. alphitoides* KP686269 (tab. 1).

**Tabela 2.** Polimorfizm regionu 1/2 ITS rDNA *E. alphitoides*  
**Table 2.** Polymorphism in 1/2 ITS rDNA *E. alphitoides*

Numer próby Number of sample	Pozycja w alignment Position in alignment								
	6	19	21	22	76	375	376	377	378
3 <sup>a</sup>	A	G	C	A	C	G	G	C	G
15	A	A	C	–	C	G	G	C	G
10	A	A	A	–	C	A	A	A	A
7 <sup>c</sup>	G	G	C	–	A	A	G	C	G
1 <sup>b</sup>	G	G	C	–	C	G	G	C	G

<sup>a</sup> Identyczne sekwencje próby 4.

<sup>b</sup> Identyczne sekwencje prób: 2, 5, 6, 9, 11, 12, 13, 14.

<sup>c</sup> Identyczne sekwencje próby 8.

<sup>a</sup> Sample 4 identical sequences.

<sup>b</sup> Samples 2, 5, 6, 9, 11, 12, 13, 14 identical sequences.

<sup>c</sup> Sample 8 identical sequences.

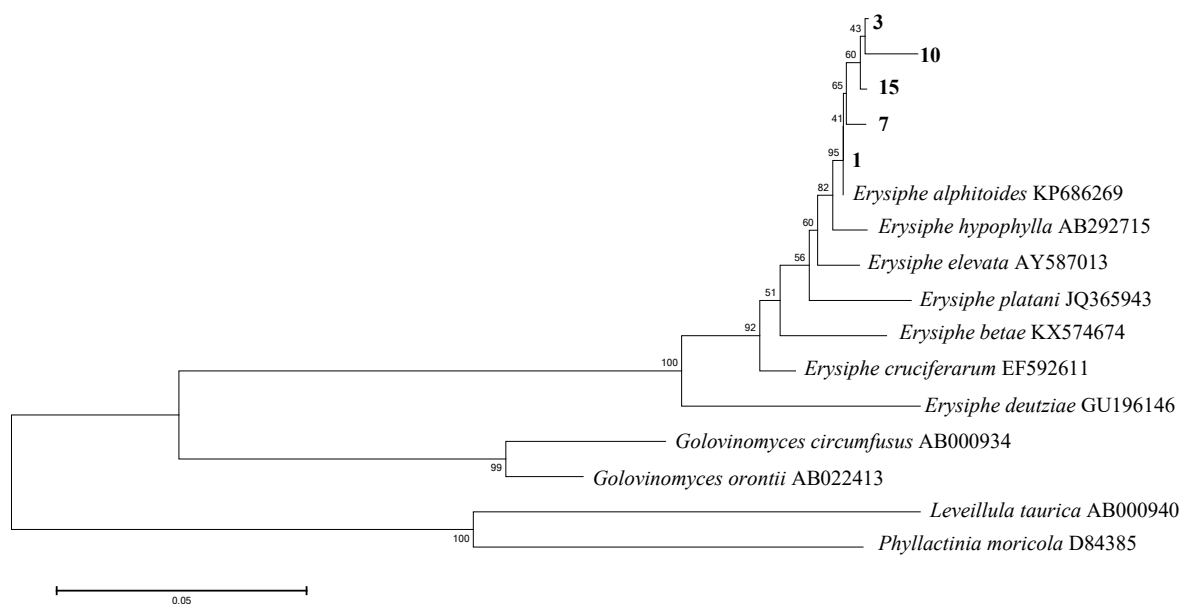
W wyniku analizy filogenetycznej pięć reprezentacyjnych sekwencji połączyło się z sekwencją referencyjną *E. alphitoides* KP686269 w jeden kład (tab. 2). Pozostałe sekwencje *Erysiphe* spp. znalazły się poza grupą *E. alphitoides*. Różnorodność wewnątrzgatunkowa analizowanych izolatów była niewielka. W analizowanym fragmencie 476 pz zaobserwowano zmianę nukleotydu w 1–6 pozycjach (tab. 2). Polimorfizm wystąpił w regionach ITS 1 oraz ITS 2. Nie zaobserwowano zmian w obszarze 5.8s rDNA. Pojedyncza zmiana nukleotydu wystąpiła u ośmiu izolatów (1, 2, 5, 6, 9, 11, 12, 13, 14 = 50%).

## DYSKUSJA WYNIKÓW

Mączniak prawdziwy dębu to pospolita i bardzo groźna choroba. Budzi zainteresowanie głównie w kontekście znaczenia choroby dla rośliny gospodarza – dębu (Delatour, 1983; Landmann i in., 1993; Mańka, 2005), wpływu czynników środowiskowych i zmian klimatu na rozprzestrzenianie się patogena (Desprez-Loustau i in., 2011; Grzebyta i in., 2005; Hajji i in., 2009; Marçais i Desprez-Loustau, 2014) oraz warunków i możliwości biologicznego zwalczania za pomocą antagonistów grzybowych (Kiss, 1998; 2003).

Niniejsza praca prezentuje wyniki pierwszych w Polsce badań molekularnych nad zróżnicowaniem międzygatunkowym *Erysiphe* spp. i wewnątrzgatunkowym *E. alphitoides* występującym na dębie szypułkowym w zachodniej części kraju. Analizowano rejon 1/2 ITS rDNA. Jest on uznany i szeroko stosowany w badaniach pokrewieństwa i zróżnicowania u grzybów, w tym również *Erysiphe* spp. (Mougou-Hamdane i in., 2010; Takamatsu, 2004; 2013a; 20013b; Takamatsu i in., 2015).

*Erysiphe alphitoides* był jedynym gatunkiem *Erysiphe* obecnym na liściach dębu szypułkowego w zachodniej Polsce. Nie stwierdzono obecności *E. hypophylla*, który zdaniem Sałaty (1985) i Sucharzewskiej (2009) może występować na dębie szypułkowym w zachodniej i centralnej Polsce. Badania potwierdzają doniesienia Takamatsu i in. (2007) oraz Mougou-Hamdane i in. (2010), którzy podkreślali dominację *E. alphitoides* na dębach szypułkowym i bezszypułkowym oraz sporadyczne tylko występowanie *E. hypophylla* na tym pierwszym.



**Rys. 1.** Drzewo filogenetyczne powstałe z wykorzystaniem metody neighbor-joining dla regionu 1/2 ITS rDNA dla *Erysiphe* spp.

**Fig. 1.** Phylogenetic tree obtained by neighbor-joining analysis of 1/2 ITS rDNA region of *Erysiphe* spp.

Z uwagi na większą patogeniczność *E. alphitoides* (w porównaniu z *E. hypophylla*) dominacja *E. alphitoides* na dębie szypułkowym oznacza większe zagrożenie dla drzewostanów tego gatunku (Braun, 1995; Sałata, 1985).

Małe zróżnicowanie wewnątrzgatunkowe i duża jednorodność genetyczna u większości izolatów *E. alphitoides* (1, 2, 6, 9, 11, 12, 13, 14) zgadzają się z teorią struktury genetycznej populacji patogenu, która zazwyczaj składa się z pojedynczych dominantów i szeregu innych ras fizjologicznych (Burdon, 1993a). Liczba ras, ich różnorodność, stopień dominacji i ich patogeniczność wynikają z warunków środowiskowych i mogą różnić się znacząco, zarówno lokalnie, jak i sezonowo (Burdon, 1993b, Burdon i Silk, 1997).

## PIŚMIENNICTWO

Baranowska-Wasilewska, M., Behnke-Borowczyk, J., Szewczyk, W., Wajchman, S. (2015). Mączniak prawdziwy dębu. Przegł. Leśn., 3, 27.  
Braun, U. (1987). A monograph of the Erysiphales (powdery mildews). Beihefte zur Nova Hedwigia, 89.

Braun, U. (1995). The powdery mildews (Erysiphales) of Europe. Jena: Gustav Fischer.  
Braun, U., Cunnington, J. H., Brielmaier-Liebetanz, U., Ale-Agha, N., Heluta, V. (2003). Miscellaneous notes on some powdery mildew fungi. Schlechtendalia, 10, 91–95.  
Braun, U., Takamatsu, S. (2000). Phylogeny of Erysiphe, Microsphaera, Uncinula (Erysiphaceae) and Cystotheca, Podosphaera, Sphaerotheca (Cystothecaceae) inferred from rDNA ITS sequences and some taxonomic consequences. Schlechtendalia, 4, 1–33.  
Burdon, J. J. (1993a). Genetic variation in pathogen populations and its implications for adaptation to host resistance. W: T. Jacobs, J. E. Parlevliet (red.), Durability of disease resistance (pp. 41–56). Kluwer Acad. Publ.  
Burdon, J. J. (1993b). The structure of pathogen populations in natural plant communities. Ann. Rev. Phytopathol., 31, 305–328.  
Burdon, J. J., Silk, J. (1997). Sources and patterns of diversity in plant-pathogenic fungi. Phytopathology, 87, 664–673.  
Delatour, C. (1983). Oak declines in Europe. Rev. For. Franc., 35, 265–282.  
Desprez-Loustau, M.-L., Feau, N., Mougou-Hamdane, A., Dutech, C. (2011). Interspecific and intraspecific

- diversity in oak powdery mildews in Europe: coevolution history and adaptation to their hosts. *Mycoscience*, 52, 163–175.
- Grzebyta, J., Karolewski, P., Żytkowiak, R., Giertych, M. J., Werner, A., Zadworny, M., Oleksyn, M. (2005). Effects of elevated temperature and fluorine pollution on relations between the pedunculate oak (*Quercus robur*) and oak powdery mildew (*Microsphaera alhitoides*). *Dendrobiology*, 53, 27–33.
- Farr, D. F., Rossman, A. Y. (2010). Fungal Databases, Systematic Mycology and Microbiology Laboratory, ARS, USDA. Pobrano 7 października z: <http://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/>.
- Hajji, M., Dreyer, M., Marçais, B. (2009). Impact of *Erysiphe alhitoides* on transpiration and photosynthesis in *Quercus robur* leaves. *Eur. J. Plant Pathol.*, 125, 63–72.
- Kiss, L. (1998). Natural occurrence of *Ampelomyces mycoparasites* in mycelia of powdery mildew fungi. *New Phytol.*, 140, 709–714.
- Kiss, L. (2003). A review of fungal antagonists of powdery mildews and their potential as biocontrol agents. *Pest Manag. Sci.*, 59(4), 475–483.
- Landmann, G., Becker, M., Delatour, C., Dreyer, E., Dupouey, J. L. (1993). Oak dieback in France: historical and recent records, possible causes, current investigations. W: *Rundgespräche der Kommission für Ökologie*. Bd. 5 'Zustand und Gefährdung der Laubwälder' (s. 97–114). Munich, Germany: Verlag Dr. Friedrich Pfeil.
- Larkin, M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., Chenna, R., McGettigan, P. A., McWilliam, H., ..., Higgins, D. G. (2007). Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, 23(21), 2947–2948.
- Lee, H. B., Kim, C. J., Mun, H. Y. (2011). First report of *Erysiphe quercicola* causing powdery mildew on ubame oak in Korea. *Disease Notes*, 95(1), 77.
- Mańka, K. (2005). *Fitopatologia leśna* (s. 208–211). Warszawa: PWRiL.
- Marçais, B., Desprez-Loustau, M. L. (2014). European oak powdery mildew: impact on trees, effects of environmental factors, and potential effects of climate change. *Ann. For. Sci.*, 71(6), 633–642. <http://dx.doi.org/10.1007/s13595-012-0252-x>
- Mougou, A., Dutech, C., Desprez-Loustau, M. L. (2008). New insights into the identity and origin of the causal agent of oak powdery mildew in Europe. *For. Pathol.*, 38, 275–287.
- Mougou-Hamdane, A., Giresse, X., Dutech, C., Desprez-Loustau, M. L. (2010). Spatial distribution of lineages of oak powdery mildew fungi in France, using quick molecular detection methods. *Ann. For. Sci.*, 67, 212.
- Oszako, T. (2014). Zintegrowana ochrona szkółek przed nowymi, inwazyjnymi patogenami w warunkach ograniczonego wyboru fungicydów. Sprawozdanie końcowe w temacie BLP 367 21 luty 2011–31 marzec 2014. Sękocin Stary: Zakł. Ochr. Lasu IBL.
- Sałata, B. (1985). *Flora polska. Rośliny zarodnikowe Polski i ziem ościennych. Grzyby (Mycota)*. T. 15. Workowce (Ascomycetes), mączniakowe (Erysiphales). Warszawa–Kraków: PWN.
- Sucharzewska, E. (2009). The development of *Erysiphe alhitoides* and *E. hypophylla* in the urban environment. *Acta Mycol.*, 44(1), 109–123.
- Szewczyk, W., Kwaśna, H., Behnke-Borowczyk, J., Baranowska-Wasilewska, M. (2014). Phylogenetic relationships among *Porodaedalea pini* from Poland and related *Porodaedalea* species. *Cent. Eur. J. Biol.*, 9(6), 614–627. <http://dx.doi.org/10.2478/s11535-014-0293-2>
- Szewczyk, W., Kuźmiński, R., Mańka, M., Kwaśna, H., Łakomy, P., Baranowska-Wasilewska, M., Behnke-Borowczyk, J. (2015). Występowanie *Erysiphe alhitoides* w drzewostanach dębowych dotkniętych kleską powodzi. *Leśn. Pr. Bad.*, 76(1), 73–77. <http://dx.doi.org/10.1515/frp-2015-0008>
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S. (2011). MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.*, 28(10), 2731–2739.
- Takamatsu, S. (2004). Phylogeny and evolution of the powdery mildew fungi (Erysiphales, Ascomycota) inferred from nuclear ribosomal DNA sequences. *Mycoscience*, 45, 147–157. <http://dx.doi.org/10.1007/s10267-003-0159-3>
- Takamatsu, S., Braun, U., Limkaisang, S., Kom-Un, S., Sato, Y., Cunnington, J. H. (2007). Phylogeny and taxonomy of the oak powdery mildew *Erysiphe alhitoides* sensu lato. *Mycol. Res.*, 111, 809–826. <http://dx.doi.org/10.1016/j.mycres.2007.05.013>
- Takamatsu, S. (2013a). Origin and evolution of the powdery mildews (Ascomycota, Erysiphales). *Mycoscience*, 54, 75–86.
- Takamatsu, S. (2013b). Molecular phylogeny reveals phenotypic evolution of powdery mildews (Erysiphales, Ascomycota). *J. Gen. Plant Pathol.*, 79, 218–226. <http://dx.doi.org/10.1007/s10327-013-0447-5>
- Takamatsu, S., Ito, H., Shiroya, Y., Kiss, L., Heluta, V. (2015). First comprehensive phylogenetic analysis of the genus *Erysiphe* (Erysiphales, Erysiphaceae). II: The *Uncinula* lineage. *Mycologia*, 107(5), 903–914. <http://dx.doi.org/10.3852/15-007>

- Thompson, J. D., Higgins, D. G., Gibson, T. J. (1994). Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res., 11, 22(22), 4673–4680.
- Ufnalski, K., Przybył, K. (2004). Variability in morphology of *Microsphaera alphitoides* Griffon et Maubl. in Poland. Acta Soc. Bot. Pol., 73(3), 233–237.

## POPULATION OF OAK POWDERY MILDEW IN WESTERN POLAND

### ABSTRACT

**Introduction.** Oak powdery mildew (*Erysiphe alphitoides*) is a major foliar pathogen of *Quercus robur* often infecting entire tree stands. It can significantly reduce tree growth and trigger tree decline. Studies on the inter-species variability within *Erysiphe* spp. and intra-species variability within *E. alphitoides* are rare.

**Objective.** Evaluation of an inter-species variability within *Erysiphe* spp. and intra-species variability within *E. alphitoides* from *Q. robur* in western Poland.

**Material and methods.** Material consisted of leaves of *Q. robur* infected by *E. alphitoides* from western Poland. DNA of *E. alphitoides* was extracted and amplified. The 1/2 ITS rDNA was sequenced and compared with DNA of reference sequences of *E. alphitoides*.

**Results.** The studied isolates were 98–100% homologous to *E. alphitoides* KP686269 from NCBI.

**Conclusions.** Results demonstrate the presence of *E. alphitoides* on leaves of *Q. robur* in western Poland. There was small intra-species variability of *E. alphitoides* and big genetical homogeneity in majority of *E. alphitoides* isolates.

**Keywords:** oak powdery mildew, *Erysiphe alphitoides*