



La ricerca scientifica del progetto I.S.A.T. (Innovative Sicilian Autochthonous Truffle): Resoconto delle analisi sperimentali e i risultati acquisiti

Partner: Università dell'Aquila (prof. Marco Leonardi)

Stato dell'arte

Tuber aestivum è una delle specie di tartufo con la maggiore adattabilità ecologica e distribuzione su scala continentale. Questa specie cresce spontaneamente dal Portogallo (Santos-Silva & Brígido, 2024) fino alle coste meridionali del Mar Caspio in Iran (Jamali, 2017) e dall'isola di Gotland, nel sud della Svezia (Wedén et al., 2004), fino alla catena del Medio Atlante in Marocco (Henkrar et al., 2023). La sua presenza è documentata dal livello del mare fino a 1.600 m di altitudine, a seconda della latitudine.

La sua plasticità ecologica ne permette la coltivazione anche in ambienti estremi, come le regioni boreali della Scandinavia (Shamekh et al., 2014), dove altre specie di tartufo non riescono a svilupparsi. Il periodo di fruttificazione, a livello continentale, copre quasi tutto l'anno in funzione di latitudine e altitudine, limitato principalmente dalla siccità estiva e dalle gelate invernali (Le Tacon, 2016). Le condizioni climatiche ottimali per *T. aestivum* includono una temperatura media annua compresa tra 6,8 e 11,5 °C e precipitazioni annue tra 400 e 1.500 mm (con un optimum attorno ai 750 mm) (Molinier et al., 2016a). La temperatura media del mese più freddo raramente scende sotto lo 0 °C, mentre quella del mese più caldo si attesta intorno ai 20 °C.

Gli effetti dei cambiamenti climatici sulla distribuzione e produttività di *T. aestivum* non sono ancora del tutto chiari, ma studi recenti indicano che l'aumento delle temperature estive riduce la resa (circa il 20% per ogni grado in più) e minaccia la sopravvivenza di numerosi ecotipi locali (Steidinger et al., 2022).

Per quanto riguarda i suoli, *T. aestivum* cresce in un'ampia gamma di substrati, da quelli sabbiosi a quelli limoso-argillosi, ma evita generalmente i terreni eccessivamente argillosi (Robin et al., 2016).

Il pH ottimale si aggira attorno a 7,5, sebbene la specie possa fruttificare anche in suoli subacidi (pH 5,9) o alcalini (pH 8,5), con contenuti di calcare molto variabili ma generalmente inferiori rispetto a quelli preferiti da *T. melanosporum* e *T. magnatum*. Nei boschi naturali dove cresce, il contenuto di sostanza organica oscilla solitamente tra il 5% e il 10%, ma la specie viene spesso coltivata anche in terreni agricoli con valori prossimi allo 0% (Robin et al., 2016).

Il tartufo estivo rappresenta una risorsa economica ed ecologica di grande rilievo per la Sicilia, come evidenziato nello studio di Calvo et al. (2022) condotto nel Parco Regionale dei Monti Sicani. La presenza di questa specie nell'isola è documentata sin dal 1845, anno in cui fu segnalata per la prima volta a Caltagirone, e successivamente confermata in numerose altre località. In Sicilia *Tuber aestivum* si sviluppa prevalentemente in suoli calcarei, in associazione con boschi di querce come *Quercus ilex*, *Q. pubescens* e *Q. virgiliana*, prediligendo bioclimi meso-mediterranei sub-umidi, sebbene sia stato rinvenuto anche in ambienti più aridi, come nel territorio di Cammarata.

Negli ultimi anni, la raccolta del tartufo estivo ha assunto un ruolo sempre più significativo per l'economia locale, in particolare nelle aree rurali svantaggiate della Sicilia. Con 278 tartufai attivi sull'intero territorio regionale, questa attività costituisce una fonte di reddito complementare e un'opportunità concreta per promuovere il turismo enogastronomico. Un importante passo avanti è stato compiuto con l'approvazione della Legge Regionale n. 496 del 2020, che ha introdotto una regolamentazione specifica per la raccolta e la commercializzazione dei tartufi, stabilendo limiti quantitativi e l'obbligo di un tesserino per i raccoglitori. Tuttavia, la mancanza di un mercato strutturato e di dati ufficiali attendibili ha finora ostacolato una piena valorizzazione del settore.

In questo contesto, la caratterizzazione geografica del tartufo estivo siciliano rappresenta una sfida scientifica e tecnica di grande portata, dovuta all'elevata variabilità genetica della specie *Tuber aestivum* e alla complessità ecologica dei territori di raccolta. Riuscire a dimostrare in modo oggettivo e riproducibile l'origine siciliana di questo tartufo — una delle specie più richieste e commercializzate a livello mondiale — aprirebbe la strada a forme di tutela e valorizzazione fondamentali, come l'ottenimento di un marchio IGP. Tale riconoscimento contribuirebbe non solo a rafforzare la competitività del prodotto sul mercato globale, ma anche a promuovere lo sviluppo sostenibile delle aree interne dell'isola, valorizzando il patrimonio naturale e culturale siciliano.

Metodologie

Analisi della comunità fungina del suolo pre- e post- impianto

Tutti i campioni di suolo sottoposti ad analisi dei parametri fisico-chimici pre- e post- impianto¹, sono stati liofilizzati per 3 giorni a -57 °C in un liofilizzatore VirTis Benchtop per estrarre l'acqua e successivamente setacciati (# mesh = 2 mm) per eliminare piccolo pietrisco e frammenti organici (radici, foglie, ecc.). Il DNA è stato estratto in tre ripetizioni ciascuno da 250 mg di suolo liofilizzato tramite DNeasy PowerSoil Pro kit (QIAGEN) seguendo le istruzioni del produttore (Figura 1).

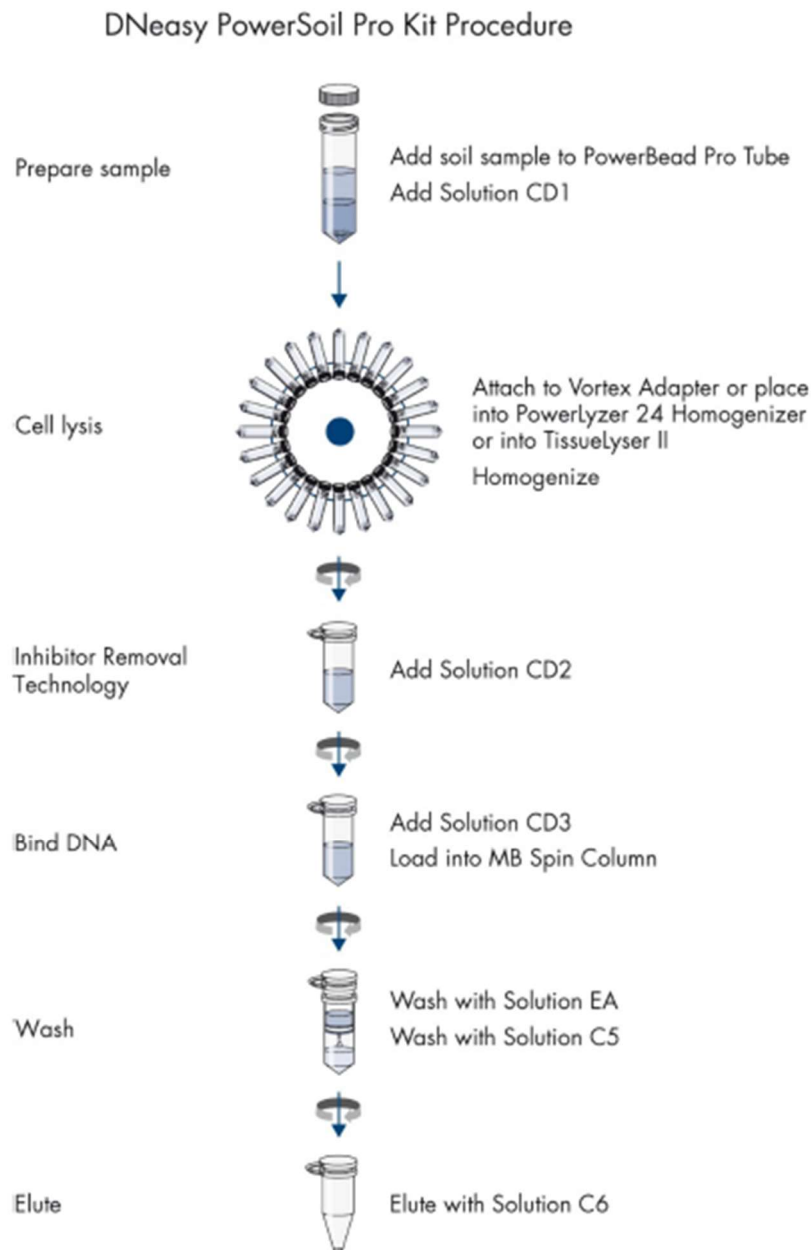


Figura 1: Protocollo sintetico di estrazione di DNA da suolo con il kit DNeasy PowerSoil Pro.

¹ I risultati prodotti dal laboratorio accreditato EcoLab (Avezzano – AQ) sono esposti in appendice in calce a questo documento mentre gli IDs relativi a ciascun suolo analizzato sono esposti a pagg. 10 e 22. Per le valutazioni e commenti delle analisi fisico-chimiche si rimanda alla relazione tecnico scientifica finale del prof. Giovanni Pacioni (Responsabile Scientifico I.S.A.T.).

Il DNA estratto è stato sottoposto a quantificazione tramite metodi fluorimetrici (fluorimetro Qubit 4, Invitrogen) e a controlli di qualità tramite valutazione spettrofotometrica dei rapporti ottici 260/230 e 260/280 (NanoDrop 2000, Thermo Fisher Scientific) e amplificazione per PCR con primers universali ITS1F-ITS4 (Gardes & Bruns, 1993; White et al., 1990). I prodotti di PCR ottenuti con i primers universali sono stati successivamente sottoposti ad amplificazione PCR specie-specifica con la coppia di primers UncI-UncII disegnati da Mello et al. (2002) che amplificano solo il DNA di *T. aestivum* per verificare la presenza/assenza del DNA di *T. aestivum* nei campioni di suolo raccolti (Tabella 1).

Regione	Direzione	Nome del Primer	Sequenza del Primer (5'→3')	Riferimento bibliografico	Specificità
ITS1	Forward	ITS1-F	CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA	Gardes & Bruns (1993)	Funghi
ITS2	Reverse	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	White et al. (1990)	Universale
ITS1	Forward	UncI	TGGGCCGCCGAAAACCTG	Mello et al. (2002)	<i>Tuber aestivum</i>
ITS2	Reverse	UncII	CTGACGAGATGCCCCGGA	Mello et al. (2002)	<i>Tuber aestivum</i>

Tabella 1: Primers generici per i funghi e specifici per *Tuber aestivum* utilizzati per l'amplificazione per PCR del DNA isolato da diverse matrici.

I profili dei cicli termici relativi alle due amplificazioni sono rispettivamente:

- ITS1F/ITS4: 5 minuti di denaturazione iniziale a 95°C, 45 secondi denaturazione a 94°C seguiti da 30 secondi di annealing a 55°C e 1 minuto di estensione a 72°C per 35 cicli, con estensione finale a 72°C per 10 minuti;
- UncI/UncII: 4 minuti di denaturazione iniziale a 95°C, 27 cicli 95°C per 1 minuto, 59°C per 45 secondi, 72°C per 45 secondi e un'estensione finale a 72°C per 5 minuti.

L'amplificazione è stata verificata tramite elettroforesi su gel d'agarosio al 1,5% in peso/volume.

Il DNA estratto dai campioni di suolo è stato poi inviato al servizio di sequenziamento Eurofins Genomics, per analisi di "Microbiome profiling" con tecnologia Illumina MiSeq, allo scopo di caratterizzare tassonomicamente in maniera massale le comunità fungine presenti nei campioni stessi.

Il sequenziamento ha interessato la regione ITS del DNA ribosomiale. I dati grezzi forniti dal servizio di sequenziamento sono stati successivamente filtrati per eliminare le sequenze di bassa qualità e quelle rimanenti sono state raggruppate in unità tassonomiche (specie, genere, ecc.). Per ogni unità tassonomica è stata calcolata l'abbondanza percentuale, con la seguente formula:

$$\text{Numero di sequenze per unità tassonomica (\%)} = \frac{\text{numero di sequenze uguali}}{\text{numero di sequenze totali}} * 100$$

In dettaglio la pipeline utilizzata per l'analisi del microbioma è composta da tre fasi principali ed alcuni passaggi intermedi di filtraggio:

- “Demultiplexing”

Tutte le letture che superano il filtro di qualità standard Illumina (letture PF) vengono demultiplexate in base alle loro sequenze di indice.

- Rimozione dei primer

Le sequenze specifiche dei primer forward e reverse della regione target vengono identificate e rimosse dall'inizio delle letture forward e reverse grezze. Se le sequenze dei primer non corrispondono perfettamente (nessun mismatch consentito), le coppie di letture vengono eliminate in questa fase per mantenere solo letture di alta qualità.

- Assemblaggio delle letture

Se le estremità delle letture forward e reverse si sovrappongono, queste vengono unite (assemblate) per ottenere una singola lettura più lunga che copra l'intera regione target. Se la regione target è più lunga del doppio della lunghezza della lettura, il merge non dovrebbe essere possibile. In tal caso, se una coppia di letture viene comunque unita, è considerata un artefatto e verrà rimossa nel successivo passaggio di filtraggio. Se la regione target è solo leggermente più corta del doppio della lunghezza della lettura, il merge potrebbe fallire a causa di una sovrapposizione insufficiente delle estremità delle letture. In questo caso, tipicamente solo una frazione delle coppie di letture può essere unita. In tutti i casi sopra menzionati in cui alcune coppie di letture non possono essere unite, viene mantenuta la lettura forward di alta qualità e processata nei passaggi successivi.

In breve, le letture vengono unite quando possibile, e come alternativa viene utilizzata la lettura forward di alta qualità. Nessuna coppia di letture viene completamente scartata in questa fase.

- Filtraggio di qualità

Le letture unite vengono filtrate in base alla lunghezza attesa e alle variazioni note della regione target (vedi Tabella 2). Le letture unite significativamente più corte della lunghezza minima attesa della regione target, o significativamente più lunghe della lunghezza massima attesa, vengono scartate in questa fase. Vengono inoltre eliminate le letture unite o mantenute che contengono basi ambigue ("N").

Region code	Expected length	Merging efficiency
ITS1b	(highly variable)	high
ITS2a	ca. 350 bp	high

Tabella 2: Regioni target standard, lunghezze attese (stima grezza) ed efficienza di assemblaggio.

L'analisi della composizione tassonomica di ciascun campione è stata ottenuta interrogando i database internazionali National Center for Biotechnology Information (NCBI; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide>), UNITE (<https://unite.ut.ee/>), BOLD - the Barcode of Life Data Systems (<https://boldsystems.org/>) attraverso l'algoritmo di ricerca Blastn (Basic Local Alignment Search Tool; Altschul et al., 1990; <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>).

Analisi molecolare delle micorrize

Gli apici micorrizzati provenienti da piante di *Cistus incanus* e *Carya illinoensis* sono stati sottoposti ad analisi molecolare per verificare la presenza di *Tuber aestivum* e l'eventuale passaggio del micelio di questo dalle piante micorrizzate messe a dimora (*Cistus incanus*) e le piante potenziali ospiti già presenti nei siti d'impianto. Gli apici radicali selezionati, dopo un'accurata pulizia, sono stati processati al fine di estrarre il DNA totale sia dell'ospite che del micobionte, utilizzando il kit d'estrazione DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) secondo il protocollo illustrato in Figura 2.



Figura 2: Procedura Qiagen DNeasy Plant Mini Kit

Il DNA estratto è stato valutato qualitativamente attraverso elettroforesi su gel d'agarosio al 1% peso/volume.

Due microlitri di estratto per ciascun campione sono stati poi amplificati per PCR per confermare l'identità dell'albero ospite e la presenza di *Tuber aestivum*. Nel primo caso DNA estratto da foglie di *Cistus incanus* e *Carya illinoensis* sono stati usati come controllo positivo mentre nel secondo caso è stato usato come controllo del DNA estratto da ascoma di *T. aestivum*.

L'amplificazione per verificare la pianta ospite è stata eseguita secondo Demesure et al. 1995, utilizzando primers specifici per la regione trnL plastidiale trnC (5'-CGAAATCGGTAGACGCTACG-3') e trnD (5'-GGGGATAGAGGGACTTGAAC-3').

Il profilo PCR per amplificare la regione trnC–trnD prevede la denaturazione iniziale per 4 minuti a 94 °C, 35 cicli rispettivamente di denaturazione per 45 secondi a 92 °C, 45 secondi di annealing a 55 °C, 1 minuto a 72 °C di estensione ed altri 10 minuti di estensione finale.

I prodotti dell'amplificazione sono stati controllati su gel elettroforesi d'agarosio all'1,5 % peso/volume.

La presenza di micelio di *T. aestivum* nelle micorrize raccolte sotto *Cistus incanus* e sotto *Carya illinoensis* è stata valutata utilizzando sugli stessi estratti di DNA descritti precedentemente, la coppia di primers specie specifici UncI/UncII (Mello et al. 2002) secondo lo schema di amplificazione già riportato.

Analisi molecolari per la caratterizzazione di popolazioni di Tuber aestivum siciliane

Campioni di ascomata autoctoni siciliani di *T. aestivum* provenienti da tre siti diversi (Monti Sicani, Monti Iblei e Monti Nebrodi) sono stati processati con il fine di individuare marcatori utili a caratterizzarne la provenienza geografica.

Il DNA è stato estratto da ascomi integri, dove la porzione interna detta gleba, è stata campionata nella maniera più sterile possibile per poi essere preservata in etanolo al 96% in purezza senza la presenza di sostanze denaturanti che comprometterebbero il resto delle fasi analitiche. Raggiunto il laboratorio, i campioni sono stati asciugati in speedvac, pesati, porzionati per la successiva estrazione.

Anche in questo caso è stato usato il kit Qiagen “DNeasy Plant Mini Kit” seguendo le istruzioni del produttore e descritte in precedenza. Ciascun campione prima di essere sottoposto alla lisi chimica, è stato polverizzato utilizzando il micro-mulino a biglie TissueLyser (Qiagen). I campioni sono stati tutti eluiti in acqua ultra-pura e successivamente, sempre come descritto, ne è stata valutata la quantità e la qualità per mezzo di saggi elettroforetici, fluorimetrici e spettrofotometrici.

Successivamente ciascun campione è stato amplificato sempre con la coppia di primers specie specifici per la specie target UncI – UncII, sempre secondo Mello et al. (2002) allo scopo di verificare l'appartenenza specifica.

Nelle fasi successive si è provveduto a saggiare i campioni per differenti markers molecolari allo scopo di individuare dei polimorfismi associati all'origine geografica. Allo scopo, sono stati considerati come campioni di controllo il DNA del campione tipico di *Tuber aestivum* MycoBank Typification number: MBT 10001890 proveniente da Monza (Leonardi et al., 2021) e un campione proveniente dall'appennino abruzzese.

Si è proceduto successivamente, sempre allo scopo di individuare marcatori molecolari polimorfici, all'analisi RFLP ITS (Restriction Fragment Length Polymorphism of Internal Transcribed Spacer). Questa è una tecnica molecolare che utilizza enzimi di restrizione per tagliare le regioni ITS del DNA ribosomiale di un organismo, generando frammenti di lunghezze variabili che possono essere analizzati con l'elettroforesi su gel d'agarosio per scopi di classificazione e identificazione a livello di specie o sottospecie. Sono stati testati diversi enzimi di restrizione, sia in singolo che in coppia; in dettaglio le endonucleasi AluI che riconosce la sequenza $5' \dots \overset{\nabla}{A}GCT \dots 3'$ $3' \dots TCGA \dots 5'$ tagliandola in maniera simmetrica al centro e HinfI che taglia invece la sequenza in maniera sghemba a livello della sequenza



I frammenti di DNA risultanti sono stati poi separati in base alla loro dimensione tramite elettroforesi su gel di agarosio al 2% peso/volume, creando un pattern di bande che dovrebbe evidenziare le differenze nella lunghezza dei frammenti.

Sulla base di lavori pubblicati allo scopo di individuare popolazioni differenti nell'ambito della specie *T. aestivum* ed in particolare quelli svolti e pubblicati da Molinier et al. (2013), si è proceduto all'analisi di un marcatore mitocondriale del DNA ribosomiale della subunità maggiore (mtLSU) con la coppia di primers ML3 (5'-GCTGGTTTTCTACGAAACATATTTAA-3') e ML4 (5'-GAGGATAATTTGCCGAGTTCC-3') (White et al., 1990). I parametri termici in questo caso sono stati: denaturazione iniziale 94 °C per 3 minuti, 35 cicli 94 °C per 45 secondi, 50 °C per 45 secondi e 72 °C per 1 minuto, con estensione finale a 72 °C per 10 minuti. Anche in quest'ultimo caso si è provveduto ad un'analisi successiva di restrizione sull'amplificato con l'endonucleasi AluI. I risultati sono stati valutati dopo elettroforesi su gel d'agarosio al 2% peso/volume.

Un'ulteriore verifica è stata fatta sempre su un altro marcatore vale a dire il gene MCM7. Nei funghi, il gene MCM7 codifica per un componente del complesso elicasi Mcm2-7, fondamentale per la replicazione del DNA. Questo complesso svolge funzioni vitali come l'attività di elicasi del DNA, il legame con l'ATP e il legame con la cromatina, contribuendo a processi come l'attivazione del complesso pre-replicativo e la formazione dell'eterocromatina subtelomerica. Il gene MCM7 è riconosciuto anche per la sua utilità negli studi filogenetici all'interno di gruppi fungini come Ascomycota e Basidiomycota. La coppia di primers utilizzati è: Mcm7-709for (Forward; 5'-ACIMGIGTITCVGAYGTHAARCC-3') e Mcm7-1348rev (Reverse; 5'-GAYTTDGCACICCCIGGRTCWCCCAT-3') secondo Schmitt et al., (2009). Le condizioni dei cicli di amplificazione sono: denaturazione iniziale 94 °C per 10 minuti seguita da 38 cicli termici 94 °C per 45 secondi, 56 °C per 50 secondi, 72 °C per 1 minuto ed una estensione finale a 72 °C per 5 min.

Anche in questo caso si è proceduto con un'analisi di restrizione utilizzando gli enzimi AluI e HinfI, dove il prodotto di PCR è stato sottoposto ad una digestione a 37 °C per tre ore. I prodotti della digestione sono stati valutati per elettroforesi su gel d'agarosio al 2% peso/volume.

L'ultimo marcatore testato è stato il dominio variabile V6 della subunità minore mitocondriale (SSU) rRNA secondo Gonzalez & Labarère (1998). Le reazioni di amplificazione per PCR sono state eseguite utilizzando la seguente coppia di primers: V6U (Forward; 5'-TTAGTCGGTCTCGGAGCA-3') e V6R (Reverse; 5'-TGACGACAGCCATGCAAC-3'). 40 cicli di amplificazione sono stati effettuati secondo il seguente schema dopo una denaturazione iniziale a 95°C per 5 minuti: il DNA è stato denaturato per 30 secondi a 95°C, l'annealing dei primers 54°C per 30 secondi e uno step di estensione a 72°C per 1 minuto, seguiti da un'estensione finale a 72°C per 7 minuti. I prodotti di PCR sono stati poi valutati sempre gel d'agarosio al 2% peso/volume.

Risultati e discussione

Analisi della comunità fungina del suolo pre- e post- impianto

L'analisi della comunità fungina pre- impianto tramite tecnologia NGS Illumina Miseq ha riguardato tre campionamenti di suolo fatti presso le seguenti aziende:

- campione denominato A3, suolo forestale, parcella con *Quercus pubescens*, Motta Camastra (ME), produttore Orlando Daniele, campionato nel luglio 2024;
- campione denominato A2, suolo terreno è suolo forestale con *Pinus* sp., *Quercus* sp.e *Carya illinoensis*, Poggio Alcanterra, Francavilla di Sicilia (ME), produttore Leonardi, campionato nel luglio 2024;
- campione denominato A1, suolo terreno agricolo proveniente Francavilla di Sicilia (ME), produttore Leonardi. Questo è stato campionato di nuovo nell'ottobre 2024.

Il DNA estratto da suolo si mostrato di buona quantità e qualità, con rapporti di purezza dell'estratto altrettanto soddisfacenti, come mostrato in Figura 3, conforme quindi allo standard richiesto per l'analisi di microbiome profiling.

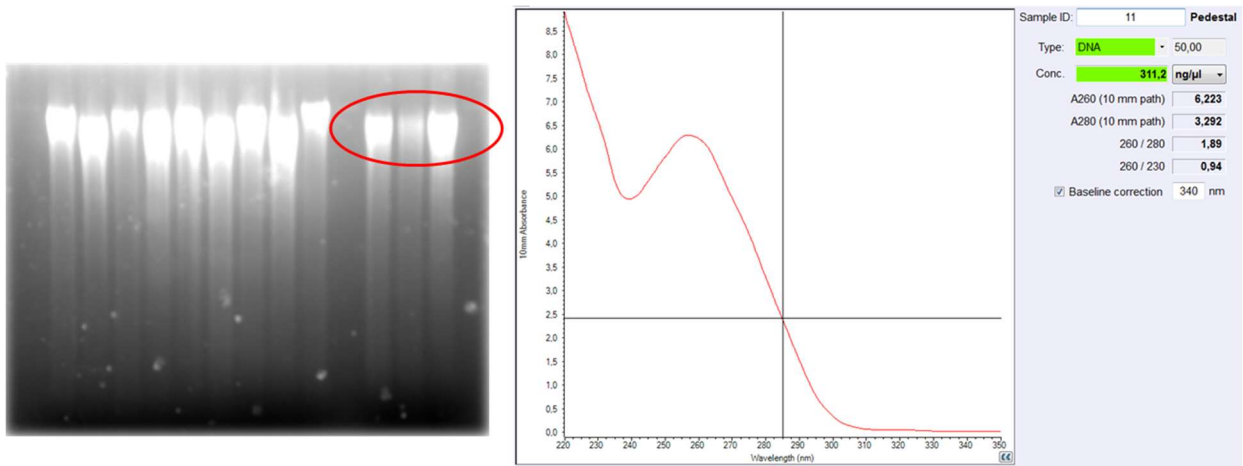


Figura 3: elettroforesi su gel d'agarosio dei campioni A1, A2 e A3 (evidenziati in rosso) a sinistra e relativa analisi spettrofotometrica di uno di questi campioni.

I risultati statistici dell'analisi del microbioma sono riassunti nella seguente Tabella 3, dove 1) rappresenta il numero di sequenze iniziali, 2) la percentuale di sequenze dopo le fasi precedenti al processamento e alla rimozione delle sequenze chimera, 3) La percentuale di sequenze assegnate agli OTUs (Operational Taxonomic Units), 4) Percentuale di sequenze assegnate ad uno specifico taxon e 5) la lunghezza media delle sequenze dopo le fasi di filtraggio iniziali.

Campione	1)	2)	3)	4)	5)
A1	20 992	99.8%	71.4%	71.2%	226
A2	13 727	99.9%	63.4%	63.4%	243
A3	16 897	99.8%	66.2%	64.2%	234

Tabella 3: sintesi dei dati statistici.

La seguente tabella fornisce una panoramica delle unità tassonomiche identificate in ciascun campione. Le unità tassonomiche più specifiche sono elencate con il loro livello tassonomico e la loro frazione (k...regno, p...phylum, c...classe, o...ordine, f...famiglia, g...genere, s...specie). L'unità tassonomica più specifica è l'unità tassonomica comune più bassa delle specie elencate (carattere piccolo). Queste specie sono risultate i migliori risultati delle sequenze rappresentative delle OTU durante il confronto con il database.

Accanto al nome di ogni campione, è indicato il numero totale di letture di questo campione che sono state assegnate alle OTUs. Tutte le unità tassonomiche con meno dello 0,1% di letture sono state raggruppate nella categoria “Other”. Se la sequenza rappresentativa di un' OTU non aveva una corrispondenza significativa nel database, non è stato possibile assegnare alcuna unità tassonomica. Il numero totale di letture di queste OTU non classificate è indicato nella categoria “Unclassified”.

Nella Tabella 4 sono esposti i risultati della ricerca e associazione tassonomica dei campioni analizzati.

Tabella 4: Panoramica sintetica della composizione tassonomica dei campioni esaminati.

Sample Name (read counts)		Fraction
Taxonomic Level	Taxonomic Unit	
A1.ITS1b (14 943 reads)		
s	Myrothecium sp. 2 TMS-2011 (4 OTUs with 99-100% identity in 226-245bp to: Myrothecium sp. 2 TMS-2011)	12.8%
g	Fusarium (4 OTUs with 100% identity in 209-211bp to: 19 unclassified Fusarium strains, Fusarium andiyazi, Fusarium anthophilum, Fusarium beomiforme, Fusarium brachygibbosum, Fusarium cf. equiseti, Fusarium cf. incarnatum 30-a DPGS-2011, Fusarium cf. incarnatum hxa44, Fusarium circinatum, Fusarium clavum, Fusarium compactum, Fusarium concentricum, Fusarium dlamini, Fusarium equiseti, Fusarium fujikuroi, Fusarium incarnatum, Fusarium lacertarum, Fusarium longipes, Fusarium nisikadoi, Fusarium oxysporum, Fusarium proliferatum, Fusarium pseudoanthophilum, Fusarium sambucinum, Fusarium scirpi, Fusarium sinensis, Fusarium solani, Fusarium verticillioides)	11.2%
s	Clonostachys sp. SYP-F-7086 (2 OTUs with 99% identity in 222bp to: Clonostachys sp. SYP-F-7086)	6.2%
p	Ascomycota (7 OTUs with 100% identity in 200-262bp to: 2, 3, 5, 6, 7, 8, Alternaria, Aspergillus, Colletotrichum boninense, Darksidea sp., Didymella, Fusarium, Gloeotinia temulenta, Monodictys austrina, Neocosmospora rubicola, Ophiocordyceps sp., Paraconiothyrium fuckelii, Paraisaria heteropoda, Penicillium, Peyronellaea, Phoma, Purpureocillium lilacinum, Talaromyces, Trichoderma, Trichophyton rubrum, Xylaria psidii)	5.9%
f	Stachybotryaceae (5 OTUs with 100% identity in 220-253bp to: 12 unclassified Stachybotrys strains, 4 unclassified Myrothecium strains, Achroistachys humicola, Albifimbria lateralis, Albifimbria terrestris, Albifimbria verrucaria, Albifimbria viridis, Memnoniella echinata, Myrothecium atroviride, Paramyrothecium roridum, Stachybotrys chartarum, Stachybotrys chlorohalonata, Stachybotrys elegans, Stachybotrys pallescens, Stachybotrys subreniformis, Stachybotrys xanthohalonata, Striatobotrys eucylindrospora, Striaticonidium brachysporum, Striaticonidium cinctum)	5.8%
g	Monocillium (1 OTU with 100% identity in 226bp to: Monocillium mucidum, Monocillium sp.)	5.0%
f	Chaetomiaceae (3 OTUs with 100% identity in 219-229bp to: 2 unclassified Humicola strains, 4 unclassified Chaetomium strains, Dichotomopilus erectus, Humicola nigrescens, Trichocladium uniseriatum)	4.4%
g	Chaetomium (5 OTUs with 99-100% identity in 234-236bp to: 18 unclassified Chaetomium strains, Chaetomium angustispirale, Chaetomium cirrhinum, Chaetomium coarctatum, Chaetomium cochliodes, Chaetomium cucumericola, Chaetomium elatum, Chaetomium globosum, Chaetomium grande, Chaetomium madrasense, Chaetomium megalocarpum, Chaetomium nozdrenkoae, Chaetomium olivaceum, Chaetomium pseudocochliodes, Chaetomium spiculipilium, Chaetomium spirochaete, Chaetomium subaffine, Chaetomium subglobosum, Chaetomium subspirale)	3.4%
f	Plectosphaerellaceae (2 OTUs with 100% identity in 203bp to: 2 unclassified Gibellulopsis strains, 2 unclassified Verticillium strains, Gibellulopsis nigrescens, Gibellulopsis serrae, Plectosphaerella sp. sedF4, Verticillium dahliae)	3.1%
k	Eukaryota (1 OTU with 100% identity in 209bp to: 3 unclassified Fusarium strains, Citrullus lanatus, Fusarium caucasicum, Fusarium cf. oxysporum, Fusarium oxysporum, Fusarium verticillioides, Humicola sp.)	2.4%
g	Mortierella (5 OTUs with 97-100% identity in 207-235bp to: 7 unclassified Mortierella strains, Mortierella alpina, Mortierella globalpina)	2.2%
o	Hypocreales (3 OTUs with 100% identity in 218-227bp to: 6 unclassified Myrothecium strains, Acremonium persicinum, Clonostachys sp., Cordyceps memorabilis, Cordyceps sp. HZ-19, Striaticonidium cinctum, Trichoderma stromaticum)	1.6%

s	Chaetomium madrasense (1 OTU with 97% identity in 221bp to: Chaetomium madrasense)	1.4%
g	Aspergillus (3 OTUs with 100% identity in 217-218bp to: 4 unclassified Aspergillus strains, Aspergillus calidoustus, Aspergillus germanicus, Aspergillus insuetus, Aspergillus keveii, Aspergillus minutus, Aspergillus parasiticus, Aspergillus pseudodeflectus, Aspergillus ustus)	1.4%
s	Stachylidium bicolor (1 OTU with 100% identity in 177bp to: Stachylidium bicolor)	1.3%
f	Aspergillaceae (2 OTUs with 100% identity in 204-247bp to: 4 unclassified Aspergillus strains, 4 unclassified Eurotium strains, Aspergillus amstelodami, Aspergillus awamori, Aspergillus chevalieri, Aspergillus cibarius, Aspergillus cristatus, Aspergillus foetidus, Aspergillus glaucus, Aspergillus heterocaryoticus, Aspergillus intermedius, Aspergillus niger, Aspergillus niveoglaucus, Aspergillus ruber, Aspergillus spiculosus, Aspergillus tubingensis, Aspergillus welwitschiae, Penicillium georgiense, aff. Aspergillus sp.)	1.2%
c	Dothideomycetes (2 OTUs with 100% identity in 201-208bp to: Dothichiza sp., Ectophoma pomi, Exosporium sp. 1 NV-2015, Lophiostoma corticola, Phoma sp.)	1.1%
f	Nectriaceae (1 OTU with 100% identity in 212bp to: 23 unclassified Fusarium strains, Fusarium cf. solani, Fusarium cf. solani B188, Fusarium falciforme, Fusarium oxysporum, Fusarium solani, Neocosmospora rubicola)	1.1%
g	Solicoccozyma (1 OTU with 100% identity in 226bp to: Solicoccozyma aerea, Solicoccozyma fuscescens)	1.0%
s	Phialophora geniculata (2 OTUs with 90-98% identity in 202-207bp to: Phialophora geniculata)	1.0%
s	Coprinellus sassii (1 OTU with 98% identity in 301bp to: Coprinellus sassii)	1.0%
f	Sordariaceae (1 OTU with 99% identity in 249bp to: 3 unclassified Sordaria strains, Neurospora sp., Sordaria tomentolba)	1.0%
o	Eurotiales (2 OTUs with 99-100% identity in 239-240bp to: 3 unclassified Penicillium strains, 3 unclassified Talaromyces strains, Talaromyces calidicanus, Talaromyces flavus, Talaromyces funiculosus, Talaromyces pinophilus, Talaromyces verruculosus)	1.0%
s	Actinomucor elegans (2 OTUs with 100% identity in 314bp to: Actinomucor elegans)	1.0%
s	Humicola brevis (1 OTU with 99% identity in 211bp to: Humicola brevis)	0.9%
s	Furcaterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Furcaterigmium furcatum)	0.8%
g	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 201-235bp to: 5 unclassified Penicillium strains, Penicillium citrinum, Penicillium griseofulvum)	0.7%
g	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: Rhizopus delemar, Rhizopus oryzae, Rhizopus sp. ACCC 30795)	0.7%
g	Trichoderma (2 OTUs with 99-100% identity in 261-265bp to: 15 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma afroharzianum, Trichoderma aureoviride, Trichoderma cf. harzianum, Trichoderma cf. harzianum BT-2012, Trichoderma cf. harzianum MO-2014, Trichoderma guizhouense, Trichoderma hamatum, Trichoderma harzianum, Trichoderma lixii, Trichoderma tawa, Trichoderma virens)	0.6%
s	Pyrenochaeta nobilis (1 OTU with 96% identity in 179bp to: Pyrenochaeta nobilis)	0.6%
s	Schizothecium sp. F277858 (2 OTUs with 97% identity in 220bp to: Schizothecium sp. F277858)	0.6%
s	Aspergillus lucknowensis (1 OTU with 100% identity in 212bp to: Aspergillus lucknowensis)	0.6%
g	Stachybotrys (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Stachybotrys limonispora, Stachybotrys microspora, Stachybotrys zeae)	0.6%
s	Arcuadendron triangulare (1 OTU with 85% identity in 263bp to: Arcuadendron triangulare)	0.6%
s	Acremonium acutatum (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Acremonium acutatum)	0.6%
g	Clonostachys (2 OTUs with 100% identity in 218bp to: 12 unclassified Clonostachys strains, Clonostachys rosea)	0.5%
s	Preussia sp. EAL2.5 (1 OTU with 97% identity in 203bp to: Preussia sp. EAL2.5)	0.5%
s	Exophiala sp. 1 TMS-2011 (2 OTUs with 96-97% identity in 255bp to: Exophiala sp. 1 TMS-2011)	0.5%
c	Sordariomycetes (2 OTUs with 100% identity in 200-204bp to: 3 unclassified Plectosphaerella strains, Acrostalagmus luteoalbus, Acrostalagmus sp. JCM 28323, Colletotrichum pisi, Monographella sp., Nectria inventa, Plectosphaerella cucumerina, Plectosphaerella niemeijerum, Plectosphaerella pauciseptata, Plectosphaerella plurivora, Verticillium sp. FPLXJ08)	0.5%
s	Stachybotrys limonispora (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Stachybotrys limonispora)	0.5%
g	Cladosporium (1 OTU with 100% identity in 217bp to: 4 unclassified Cladosporium strains, Cladosporium anthropophilum, Cladosporium cladosporioides, Cladosporium delicatulum, Cladosporium oxysporum, Cladosporium pseudocladosporioides, Cladosporium tenuissimum)	0.5%
f	Ceratobasidiaceae (2 OTUs with 99-100% identity in 265bp to: Ceratobasidium sp., Rhizoctonia sp. AG-Fb)	0.5%
s	Macgarvieomyces borealis (1 OTU with 81% identity in 193bp to: Macgarvieomyces borealis)	0.4%

S	Humicola variabilis (1 OTU with 100% identity in 228bp to: <i>Humicola variabilis</i>)	0.4%
S	Monocillium indicum (1 OTU with 100% identity in 240bp to: <i>Monocillium indicum</i>)	0.4%
S	Corynascus sepedonium (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Corynascus sepedonium</i>)	0.4%
S	Preussia sp. (in) (2 OTUs with 97% identity in 243bp to: <i>Preussia sp. (in)</i>)	0.4%
S	Penicillium citrinum (1 OTU with 80% identity in 325bp to: <i>Penicillium citrinum</i>)	0.4%
S	Striaticonidium cinctum (1 OTU with 99% identity in 223bp to: <i>Striaticonidium cinctum</i>)	0.4%
S	Chaetomium seminudum (2 OTUs with 98% identity in 232bp to: <i>Chaetomium seminudum</i>)	0.4%
S	Fusarium penzigii (1 OTU with 99% identity in 202bp to: <i>Fusarium penzigii</i>)	0.4%
S	Acremonium sp. KUC21262 (1 OTU with 85% identity in 219bp to: <i>Acremonium sp. KUC21262</i>)	0.3%
S	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: <i>Mortierella exigua</i>)	0.3%
S	Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr (1 OTU with 99% identity in 217bp to: <i>Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr</i>)	0.3%
g	Pseudeurotium (1 OTU with 100% identity in 223bp to: <i>Pseudeurotium bakeri</i> , <i>Pseudeurotium sp. OTU018 AN-2016</i> , <i>Pseudeurotium zonatum</i>)	0.3%
g	Metarhizium (1 OTU with 100% identity in 196bp to: 4 unclassified <i>Metarhizium</i> strains, <i>Metarhizium anisopliae</i> , <i>Metarhizium brunneum</i> , <i>Metarhizium guizhouense</i> , <i>Metarhizium indigoticum</i> , <i>Metarhizium robertsii</i>)	0.3%
S	Myrothecium gramineum (1 OTU with 100% identity in 224bp to: <i>Myrothecium gramineum</i>)	0.3%
S	Sordaria araneosa (1 OTU with 83% identity in 231bp to: <i>Sordaria araneosa</i>)	0.3%
f	Pleosporaceae (1 OTU with 100% identity in 223bp to: 3 unclassified <i>Curvularia</i> strains, 7 unclassified <i>Bipolaris</i> strains, <i>Bipolaris maydis</i> , <i>Bipolaris tetramera</i> , <i>Curvularia australiensis</i> , <i>Curvularia beasleyi</i> , <i>Curvularia buchloes</i> , <i>Curvularia dactyloctenii</i> , <i>Curvularia hawaiiensis</i> , <i>Curvularia nodosa</i> , <i>Curvularia spicifera</i> , <i>Curvularia tsudae</i>)	0.3%
S	Cordana bisbyi (1 OTU with 86% identity in 222bp to: <i>Cordana bisbyi</i>)	0.3%
S	Acrophialophora jodhpurensis (1 OTU with 100% identity in 224bp to: <i>Acrophialophora jodhpurensis</i>)	0.3%
S	Cladorrhinum samala (1 OTU with 100% identity in 229bp to: <i>Cladorrhinum samala</i>)	0.3%
S	Kiflimonium curvulum (1 OTU with 100% identity in 185bp to: <i>Kiflimonium curvulum</i>)	0.2%
S	Podospora sp. (1 OTU with 98% identity in 210bp to: <i>Podospora sp.</i>)	0.2%
S	Cladorrhinum sp. (1 OTU with 91% identity in 227bp to: <i>Cladorrhinum sp.</i>)	0.2%
S	Volutella sp. (1 OTU with 78% identity in 210bp to: <i>Volutella sp.</i>)	0.2%
S	Chaetomium sp. (1 OTU with 100% identity in 229bp to: <i>Chaetomium sp.</i>)	0.2%
S	Fusarium acutisporum (1 OTU with 98% identity in 214bp to: <i>Fusarium acutisporum</i>)	0.2%
S	Fusicolla acetilerea (1 OTU with 100% identity in 214bp to: <i>Fusicolla acetilerea</i>)	0.2%
S	Glutinoaggar fibulatus (1 OTU with 80% identity in 326bp to: <i>Glutinoaggar fibulatus</i>)	0.2%
S	Nectria pyrosphaera (1 OTU with 75% identity in 239bp to: <i>Nectria pyrosphaera</i>)	0.2%
S	Sarcopodium sp. KN-2018 (1 OTU with 99% identity in 239bp to: <i>Sarcopodium sp. KN-2018</i>)	0.2%
O	Sordariales (1 OTU with 91% identity in 220bp to: <i>Cercophora solaris</i> , <i>Mammaria echinobotryoides</i> , <i>Podospora sp. 1 RJ2014</i>)	0.2%
S	Arthrographis arxii (1 OTU with 98% identity in 218bp to: <i>Arthrographis arxii</i>)	0.2%
S	Subramaniula thielavioides (1 OTU with 97% identity in 234bp to: <i>Subramaniula thielavioides</i>)	0.2%
S	Trichocladium asperum (1 OTU with 99% identity in 221bp to: <i>Trichocladium asperum</i>)	0.2%
S	Acremonium sp. G4 (1 OTU with 100% identity in 229bp to: <i>Acremonium sp. G4</i>)	0.2%
S	Muritestudina chiangraiensis (1 OTU with 81% identity in 218bp to: <i>Muritestudina chiangraiensis</i>)	0.2%
g	Talaromyces (1 OTU with 100% identity in 244bp to: 2 unclassified <i>Talaromyces</i> strains, <i>Talaromyces assiutensis</i> , <i>Talaromyces trachyspermus</i>)	0.2%
S	Clonostachys rosmaniae (1 OTU with 100% identity in 219bp to: <i>Clonostachys rosmaniae</i>)	0.2%
g	Alternaria (1 OTU with 100% identity in 212bp to: <i>Alternaria longissima</i> , <i>Alternaria sp. 1 TMS-2011</i>)	0.1%
S	Humicola fuscoatra (1 OTU with 100% identity in 211bp to: <i>Humicola fuscoatra</i>)	0.1%

S	Monodictys sp. 1 JAS-2013 (1 OTU with 94% identity in 194bp to: Monodictys sp. 1 JAS-2013)	0.1%
S	Hydropisphaera erubescens (1 OTU with 98% identity in 226bp to: Hydropisphaera erubescens)	0.1%
S	Tetracladium furcatum (1 OTU with 96% identity in 218bp to: Tetracladium furcatum)	0.1%
S	Preussia subticinensis (1 OTU with 100% identity in 191bp to: Preussia subticinensis)	0.1%
S	Penicillium sp. ASR-191 (1 OTU with 99% identity in 242bp to: Penicillium sp. ASR-191)	0.1%
O	Pleosporales (1 OTU with 100% identity in 266bp to: 3 unclassified Leptosphaerulina strains, Pithomyces chartarum, Pseudopithomyces chartarum)	0.1%
O	Tremellales (1 OTU with 100% identity in 171bp to: 2 unclassified Cryptococcus strains, Papiliotrema flavescens, Papiliotrema terrestris, Tremella exigua)	0.1%
	Other (2 OTUs with 0.2%)	0.2%
	Unclassified (51 reads)	
	Filtered (0 reads)	

A2.ITS1b (8 708 reads)

S	Helvellosebacina sp. 2 BHA-2017 (1 OTU with 94% identity in 234bp to: Helvellosebacina sp. 2 BHA-2017)	13.4%
S	Tomentella sp. (5 OTUs with 96-97% identity in 258-263bp to: Tomentella sp.)	7.0%
S	Hymenogaster griseus (1 OTU with 98% identity in 303bp to: Hymenogaster griseus)	6.9%
S	Russula praetervisa (1 OTU with 100% identity in 276bp to: Russula praetervisa)	6.0%
S	Tomentella fuscocinerea (3 OTUs with 93-97% identity in 261-264bp to: Tomentella fuscocinerea)	5.2%
S	Russula chloroides (3 OTUs with 97-100% identity in 247-250bp to: Russula chloroides)	4.1%
S	Inocybe tiliae (2 OTUs with 99% identity in 285bp to: Inocybe tiliae)	3.9%
C	Dothideomycetes (1 OTU with 100% identity in 201bp to: Dothichiza sp., Ectophoma pomi, Phoma sp.)	3.7%
S	Membranomyces spurius (2 OTUs with 96-97% identity in 293-298bp to: Membranomyces spurius)	3.5%
g	Helvellosebacina (1 OTU with 95% identity in 234bp to: 2 unclassified Helvellosebacina strains)	3.4%
k	Eukaryota (2 OTUs with 92-100% identity in 209-213bp to: 2 unclassified Capnodium strains, 3 unclassified Fusarium strains, Bactroceria tryoni, Chaetocapnodium placitae, Citrullus lanatus, Fusarium caucasicum, Fusarium cf. oxysporum, Fusarium oxysporum, Fusarium verticillioides, Humicola sp.)	3.1%
g	Fusarium (3 OTUs with 100% identity in 209-211bp to: 16 unclassified Fusarium strains, Fusarium beomiforme, Fusarium brachygybbosum, Fusarium cf. equiseti, Fusarium cf. incarnatum 30-a DPGS-2011, Fusarium cf. incarnatum hxa44, Fusarium clavum, Fusarium compactum, Fusarium equiseti, Fusarium incarnatum, Fusarium lacertarum, Fusarium longipes, Fusarium oxysporum, Fusarium sambucinum, Fusarium scirpi, Fusarium solani)	3.0%
p	Ascomycota (5 OTUs with 99-100% identity in 203-262bp to: 2 unclassified Acremonium strains, 2 unclassified Trichoderma strains, 3 unclassified Fusarium strains, 3 unclassified Humicola strains, Acremonium antarcticum, Aspergillus fumigatus, Botryosphaeria dothidea, Chaetomium sp. TR160, Chordomyces antarcticum, Furcaterigmium furcatum, Fusarium cf. solani, Fusarium oxysporum, Fusarium solani, Neocosmospora rubicola, Penicillium raphiae, Pseudallescheria angusta, Sagenomella oligospora, Trichoderma breve, Trichoderma hamatum, Trichoderma harzianum, Trichoderma inhamatum, Trichoderma lentiforme, Trichoderma lixii, Trichoderma simmonsii, Trichoderma viride)	2.9%
S	Sebacina incrustans (1 OTU with 99% identity in 232bp to: Sebacina incrustans)	2.7%
S	Inocybe grammopodia (2 OTUs with 99-100% identity in 324bp to: Inocybe grammopodia)	2.4%
g	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: Rhizopus delemar, Rhizopus oryzae, Rhizopus sp. ACCC 30795)	2.2%
g	Penicillium (5 OTUs with 100% identity in 201-235bp to: 21 unclassified Penicillium strains, Penicillium aff. melinii, Penicillium arizonense, Penicillium canescens, Penicillium carminovioleaceum, Penicillium chalabudae, Penicillium citreonigrum, Penicillium citrinum, Penicillium griseofulvum, Penicillium janczewskii, Penicillium jensenii, Penicillium maclennaniae, Penicillium melinii, Penicillium murcianum, Penicillium namyslowskii, Penicillium philippinense, Penicillium radiatolobatum, Penicillium restrictum, Penicillium roseopurpureum, Penicillium sanguifluum, Penicillium terrenum, Penicillium vaccaeorum, Penicillium velutinum, Penicillium yarmokense)	2.0%

f	Nectriaceae (4 OTUs with 100% identity in 199-215bp to: 2 unclassified <i>Ilyonectria</i> strains, 23 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Cylindrocarpum</i> sp., <i>Dactylonectria alcaerensis</i> , <i>Dactylonectria macrodidyma</i> , <i>Dactylonectria novozelandica</i> , <i>Dactylonectria</i> sp., <i>Dactylonectria torresensis</i> , <i>Dialonectria ullevolea</i> , <i>Fusarium acuminatum</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i> B188, <i>Fusarium falciforme</i> , <i>Fusarium merismoides</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusicolla ossicola</i> , <i>Ilyonectria destructans</i> , <i>Nectria</i> sp. SGLMf04, <i>Neocosmospora rubicola</i> , <i>Thelonectria nodosa</i> , <i>Thelonectria veuillotiana</i>)	2.0%
s	Inosperma rhodiolum (2 OTUs with 97-98% identity in 279bp to: <i>Inosperma rhodiolum</i>)	1.4%
g	Mortierella (2 OTUs with 98-100% identity in 207-235bp to: 5 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella alpina</i> , <i>Mortierella globalpina</i>)	1.2%
s	Furcasterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: <i>Furcasterigmium furcatum</i>)	1.1%
s	Inocybe glabripes (1 OTU with 93% identity in 315bp to: <i>Inocybe glabripes</i>)	1.0%
s	Hebeloma sacchariolens (1 OTU with 100% identity in 300bp to: <i>Hebeloma sacchariolens</i>)	0.9%
s	Humicola variabilis (1 OTU with 100% identity in 228bp to: <i>Humicola variabilis</i>)	0.9%
s	Inocybe asterospora (2 OTUs with 99% identity in 289bp to: <i>Inocybe asterospora</i>)	0.9%
g	Exophiala (1 OTU with 100% identity in 254bp to: <i>Exophiala equina</i> , <i>Exophiala radialis</i> , <i>Exophiala</i> sp.)	0.9%
s	Penicillium thomii (2 OTUs with 99-100% identity in 234bp to: <i>Penicillium thomii</i>)	0.8%
g	Solicozozyma (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Solicozozyma aerea</i> , <i>Solicozozyma fuscescens</i>)	0.8%
f	Chaetomiaceae (2 OTUs with 100% identity in 227-230bp to: 3 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Humicola brevis</i> , <i>Humicola nigrescens</i> , <i>Trichocladium uniseriatum</i>)	0.8%
s	Trichophaea woolhopeia (1 OTU with 100% identity in 201bp to: <i>Trichophaea woolhopeia</i>)	0.8%
g	Aspergillus (2 OTUs with 100% identity in 217-238bp to: 3 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus aculeatus</i> , <i>Aspergillus</i> cf. <i>japonicus</i> C15-68, <i>Aspergillus floridensis</i> , <i>Aspergillus germanicus</i> , <i>Aspergillus insuetus</i> , <i>Aspergillus japonicus</i> , <i>Aspergillus keveii</i> , <i>Aspergillus minutus</i> , <i>Aspergillus parasiticus</i> , <i>Aspergillus ustus</i> , <i>Aspergillus uvarum</i> , <i>Aspergillus violaceofuscus</i>)	0.7%
s	Russula livescens (2 OTUs with 99% identity in 276bp to: <i>Russula livescens</i>)	0.7%
s	Tuber rapaeodorum (1 OTU with 99% identity in 160bp to: <i>Tuber rapaeodorum</i>)	0.6%
s	Helicomyces roseus (1 OTU with 93% identity in 266bp to: <i>Helicomyces roseus</i>)	0.6%
s	Sporothrix inflata (1 OTU with 100% identity in 231bp to: <i>Sporothrix inflata</i>)	0.6%
s	Fusarium penzigii (1 OTU with 99% identity in 202bp to: <i>Fusarium penzigii</i>)	0.5%
s	Inocybe sp. LM3619 (1 OTU with 99% identity in 297bp to: <i>Inocybe</i> sp. LM3619)	0.4%
s	Phallus impudicus (1 OTU with 88% identity in 221bp to: <i>Phallus impudicus</i>)	0.4%
f	Aspergillaceae (1 OTU with 100% identity in 247bp to: 3 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus tubingensis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.4%
C	Leotiomyces (1 OTU with 98% identity in 196bp to: 2 unclassified <i>Mycocarthis</i> strains, <i>Golovinomyces sordidus</i> , <i>Mycocarthis corallina</i>)	0.4%
s	Tuber sp. T56 HM60233 (1 OTU with 95% identity in 272bp to: <i>Tuber</i> sp. T56_HM60233)	0.4%
s	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: <i>Mortierella exigua</i>)	0.4%
s	Fusarium sp. 5 SO-2015 (1 OTU with 100% identity in 211bp to: <i>Fusarium</i> sp. 5 SO-2015)	0.4%
O	Eurotiales (1 OTU with 99% identity in 240bp to: <i>Penicillago kabunica</i> , <i>Penicillago moldavicum</i> , <i>Penicillium</i> sp., <i>Thermoascus verrucosus</i>)	0.3%
s	Penicillium striatisporum (1 OTU with 99% identity in 235bp to: <i>Penicillium striatisporum</i>)	0.3%
s	Clathrus ruber (1 OTU with 100% identity in 199bp to: <i>Clathrus ruber</i>)	0.3%
s	Talaromyces purpureogenus (1 OTU with 100% identity in 244bp to: <i>Talaromyces purpureogenus</i>)	0.3%
s	Pectenia cyanoloma (1 OTU with 92% identity in 196bp to: <i>Pectenia cyanoloma</i>)	0.3%
s	Trichoderma sp. (1 OTU with 97% identity in 269bp to: <i>Trichoderma</i> sp.)	0.3%
g	Stilbella (1 OTU with 99% identity in 215bp to: 2 unclassified <i>Stilbella</i> strains)	0.3%
s	Niesslia stellenboschiana (1 OTU with 87% identity in 231bp to: <i>Niesslia stellenboschiana</i>)	0.3%
s	Sebacina sp. (1 OTU with 97% identity in 236bp to: <i>Sebacina</i> sp.)	0.3%

O	Pleosporales (1 OTU with 100% identity in 202bp to: 3 unclassified <i>Ampelomyces</i> strains, <i>Allophoma tropica</i> , <i>Allophoma zantedeschiae</i> , <i>Ascochyta medicaginicola</i> , <i>Microsphaeropsis olivacea</i> , <i>Nothophoma quercina</i> , <i>Phoma sojicola</i> , <i>Phoma</i> sp. MA 4621, <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> , <i>Stagonosporopsis dorenboschii</i> , <i>Stagonosporopsis</i> sp.)	0.3%
S	Pithya sp. (1 OTU with 97% identity in 225bp to: <i>Pithya</i> sp.)	0.2%
S	Pochonia chlamydosporia (1 OTU with 100% identity in 231bp to: <i>Pochonia chlamydosporia</i>)	0.2%
G	Cladosporium (1 OTU with 100% identity in 217bp to: 4 unclassified <i>Cladosporium</i> strains, <i>Cladosporium anthropophilum</i> , <i>Cladosporium cladosporioides</i> , <i>Cladosporium delicatulum</i> , <i>Cladosporium oxysporum</i> , <i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> , <i>Cladosporium tenuissimum</i>)	0.2%
S	Aporospora terricola (1 OTU with 94% identity in 208bp to: <i>Aporospora terricola</i>)	0.2%
S	Zopfiella erostrata (1 OTU with 93% identity in 199bp to: <i>Zopfiella erostrata</i>)	0.2%
S	Cistella granulosea (1 OTU with 95% identity in 219bp to: <i>Cistella granulosea</i>)	0.2%
F	Stachybotryaceae (1 OTU with 100% identity in 217bp to: <i>Stachybotrys chartarum</i> , <i>Striatibotrys rhabdospora</i> , <i>Striatibotrys yuccae</i>)	0.2%
S	Mortierella sp. (1 OTU with 82% identity in 241bp to: <i>Mortierella</i> sp.)	0.2%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
	A3.ITS1b (10 848 reads)	
S	Russula variicolor (2 OTUs with 96-98% identity in 271-272bp to: <i>Russula variicolor</i>)	13.9%
G	Penicillium (13 OTUs with 90-100% identity in 234-242bp to: 36, <i>Penicillium</i>)	12.0%
F	Pseudeurotiaceae (3 OTUs with 100% identity in 234bp to: 12 unclassified <i>Geomyces</i> strains, 4 unclassified <i>Pseudogymnoascus</i> strains, <i>Geomyces auratus</i> , <i>Pseudogymnoascus appendiculatus</i> , <i>Pseudogymnoascus pannorum</i>)	7.2%
S	Fusarium sp. 5 SO-2015 (1 OTU with 100% identity in 211bp to: <i>Fusarium</i> sp. 5 SO-2015)	6.8%
S	Humicola homopilata (3 OTUs with 99-100% identity in 231bp to: <i>Humicola homopilata</i>)	6.1%
F	Chaetomiaceae (2 OTUs with 100% identity in 223-230bp to: <i>Chaetomium</i> sp., <i>Humicola brevis</i> , <i>Humicola</i> sp., <i>Trichocladium asperum</i> , <i>Trichocladium griseum</i> , <i>Trichocladium</i> sp. 12NJ05)	3.5%
G	Mortierella (6 OTUs with 99-100% identity in 207-241bp to: 11 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella</i> aff. <i>gamsii</i> , <i>Mortierella clonocystis</i> , <i>Mortierella epicladia</i> , <i>Mortierella gamsii</i> , <i>Mortierella minutissima</i>)	3.0%
P	Ascomycota (2 OTUs with 100% identity in 220-262bp to: <i>Keithomyces carneus</i> , <i>Paecilomyces</i> sp. (in, <i>Tetracladium</i> sp., <i>Trichosporiella cerebriformis</i>)	2.7%
G	Exophiala (1 OTU with 100% identity in 254bp to: <i>Exophiala equina</i> , <i>Exophiala radialis</i> , <i>Exophiala</i> sp.)	2.2%
S	Atractospora aquatica (3 OTUs with 87-89% identity in 178-182bp to: <i>Atractospora aquatica</i>)	2.0%
G	Fusarium (2 OTUs with 100% identity in 210-212bp to: 9 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium acuminatum</i> , <i>Fusarium arthrosporioides</i> , <i>Fusarium avenaceum</i> , <i>Fusarium californicum</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>avenaceum</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>tricinctum</i> , <i>Fusarium flocciferum</i> , <i>Fusarium fujikuroi</i> , <i>Fusarium lateritium</i> , <i>Fusarium petersiae</i> , <i>Fusarium redolens</i> , <i>Fusarium reticulatum</i> , <i>Fusarium sambucinum</i> , <i>Fusarium sinensis</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium subglutinans</i> , <i>Fusarium tricinctum</i>)	1.8%
G	Solicoccozyma (2 OTUs with 100% identity in 226-229bp to: <i>Solicoccozyma aerea</i> , <i>Solicoccozyma fuscescens</i> , <i>Solicoccozyma phenolica</i> , <i>Solicoccozyma terrea</i>)	1.8%
S	Pleuroascus nicholsonii (1 OTU with 95% identity in 190bp to: <i>Pleuroascus nicholsonii</i>)	1.7%
G	Aspergillus (1 OTU with 100% identity in 240bp to: <i>Aspergillus europaeus</i> , <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus wentii</i>)	1.5%
S	Humicola fuscoatra (2 OTUs with 99-100% identity in 230bp to: <i>Humicola fuscoatra</i>)	1.5%
S	Ascobolus sp. (2 OTUs with 94% identity in 252bp to: <i>Ascobolus</i> sp.)	1.4%
F	Trichosporonaceae (2 OTUs with 100% identity in 179bp to: 7 unclassified <i>Trichosporon</i> strains, <i>Apiotrichum dulcitum</i> , <i>Apiotrichum gracile</i> , <i>Apiotrichum porosum</i>)	1.4%
C	Sordariomycetes (3 OTUs with 100% identity in 193-235bp to: <i>Acrostalagmus luteoalbus</i> , <i>Acrostalagmus</i> sp. JCM 28323, <i>Chloridium</i> sp., <i>Metapochonia suchlasporia</i> , <i>Nectria inventa</i> , <i>Phialocephala humicola</i> , <i>Verticillium cephalosporum</i>)	1.3%
S	Humicola cuyabenoensis (1 OTU with 98% identity in 193bp to: <i>Humicola cuyabenoensis</i>)	1.1%
G	Preussia (4 OTUs with 89-99% identity in 203-210bp to: 3 unclassified <i>Preussia</i> strains, <i>Preussia aemulans</i> , <i>Preussia africana</i> , <i>Preussia funiculata</i> , <i>Preussia typharum</i>)	1.0%
S	Hortiboletus rubellus (2 OTUs with 99-100% identity in 289bp to: <i>Hortiboletus rubellus</i>)	1.0%

s	Phlebiella sp. 128 VM-2015 (2 OTUs with 98-99% identity in 233bp to: Phlebiella sp. 128 VM-2015)	0.9%
s	Acremonium sp. KM1p (1 OTU with 99% identity in 226bp to: Acremonium sp. KM1p)	0.8%
s	Mycena maurella (1 OTU with 84% identity in 294bp to: Mycena maurella)	0.8%
s	Talaromyces purpureogenus (1 OTU with 100% identity in 244bp to: Talaromyces purpureogenus)	0.8%
g	Ilyonectria (1 OTU with 100% identity in 195bp to: Ilyonectria communis, Ilyonectria crassa, Ilyonectria destructans, Ilyonectria mors-panacis, Ilyonectria panacis, Ilyonectria pseudodestructans, Ilyonectria sp.)	0.8%
k	Eukaryota (1 OTU with 100% identity in 209bp to: 3 unclassified Fusarium strains, Citrullus lanatus, Fusarium caucasicum, Fusarium cf. oxysporum, Fusarium oxysporum, Fusarium verticillioides, Humicola sp.)	0.7%
o	Eurotiales (2 OTUs with 99-100% identity in 240bp to: Penicillago kabunica, Penicillago moldavicum, Penicillium sp., Thermoascus verrucosus)	0.7%
g	Sporothrix (1 OTU with 99% identity in 242bp to: Sporothrix cf. inflata 2 PB-2018, Sporothrix inflata, Sporothrix sp. 16 RJ-2015)	0.7%
s	Tricladium sp. (3 OTUs with 98-99% identity in 213bp to: Tricladium sp.)	0.7%
g	Chaetomium (1 OTU with 100% identity in 236bp to: 15 unclassified Chaetomium strains, Chaetomium angustispirale, Chaetomium cirrhinum, Chaetomium coarctatum, Chaetomium cochliodes, Chaetomium cucumericola, Chaetomium elatum, Chaetomium globosum, Chaetomium madrasense, Chaetomium olivaceum, Chaetomium pseudocochliodes, Chaetomium spiculipilium, Chaetomium spirochaete, Chaetomium subaffine, Chaetomium subglobosum, Chaetomium subspirale)	0.7%
s	Nectria sp. ICMP 13358 (1 OTU with 97% identity in 184bp to: Nectria sp. ICMP 13358)	0.6%
s	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: Mortierella exigua)	0.6%
s	Solicoccozyma terrea (2 OTUs with 99-100% identity in 229bp to: Solicoccozyma terrea)	0.6%
s	Oidiendron sp. (2 OTUs with 92-100% identity in 216bp to: Oidiendron sp.)	0.6%
g	Clonostachys (1 OTU with 100% identity in 218bp to: 4 unclassified Clonostachys strains, Clonostachys rosea)	0.5%
s	Podospora sp. (1 OTU with 100% identity in 219bp to: Podospora sp.)	0.5%
s	Oidiendron setiferum (1 OTU with 99% identity in 229bp to: Oidiendron setiferum)	0.5%
g	Trichoderma (2 OTUs with 100% identity in 245-262bp to: 6 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma atroviride, Trichoderma caribbaeum, Trichoderma cerinum, Trichoderma dingleyae, Trichoderma dorotheae, Trichoderma dorthopsis, Trichoderma gamsii, Trichoderma harzianum, Trichoderma koningii, Trichoderma koningiopsis, Trichoderma ovalisporum, Trichoderma tomentosum, Trichoderma viride, Trichoderma viridescens)	0.5%
f	Nectriaceae (1 OTU with 99% identity in 211bp to: 3 unclassified Fusarium strains, Fusarium solani, Fusarium solani-melongenae, Neocosmospora sp.)	0.5%
f	Plectosphaerellaceae (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Gibellulopsis nigrescens, Plectosphaerella sp. sedF4, Verticillium dahliae, Verticillium sp. DU18)	0.5%
s	Furcaterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Furcaterigmium furcatum)	0.5%
s	Kurtzmanomyces tardus (1 OTU with 97% identity in 201bp to: Kurtzmanomyces tardus)	0.5%
s	Candelabrum spinulosum (1 OTU with 99% identity in 226bp to: Candelabrum spinulosum)	0.4%
s	Arachnopeziza aurelia (2 OTUs with 82% identity in 253-257bp to: Arachnopeziza aurelia)	0.4%
g	Tetracladium (1 OTU with 100% identity in 222bp to: 3 unclassified Tetracladium strains, Tetracladium maxilliforme)	0.4%
g	Paraphoma (1 OTU with 100% identity in 230bp to: Paraphoma chrysanthemicola, Paraphoma sp.)	0.4%
s	Hyaloscypha sp. TNS-F31287 (1 OTU with 100% identity in 226bp to: Hyaloscypha sp. TNS-F31287)	0.4%
o	Diaporthales (1 OTU with 100% identity in 232bp to: 2 unclassified Phomopsis strains, Diaporthe columnaris)	0.4%
s	Paecilomyces purpureus (1 OTU with 100% identity in 172bp to: Paecilomyces purpureus)	0.4%
s	Xylohypha curta (1 OTU with 98% identity in 254bp to: Xylohypha curta)	0.3%
f	Aspergillaceae (1 OTU with 100% identity in 236bp to: 2 unclassified Penicillium strains, Hamigera ingelheimensis, Penicillium cosmopolitanum, Penicillium godlewskii, Penicillium nothofagi, Penicillium westlingii)	0.3%
s	Penicillium aff. ubiquestum (1 OTU with 99% identity in 235bp to: Penicillium aff. ubiquestum)	0.3%
s	Rhynchogastrea coronatum (1 OTU with 98% identity in 171bp to: Rhynchogastrea coronatum)	0.3%
s	Saitozyma podzolica (2 OTUs with 99-100% identity in 169bp to: Saitozyma podzolica)	0.3%

s	Coniochaeta lignicola (1 OTU with 89% identity in 240bp to: Coniochaeta lignicola)	0.3%
s	Marquandomyces Metarhizium marquandii (1 OTU with 94% identity in 213bp to: Metarhizium marquandii)	0.3%
s	Penicillium hoeksii (1 OTU with 100% identity in 233bp to: Penicillium hoeksii)	0.3%
s	Chloridium virescens (1 OTU with 92% identity in 226bp to: Chloridium virescens)	0.3%
s	Podospora appendiculata (1 OTU with 90% identity in 228bp to: Podospora appendiculata)	0.3%
s	Mortierella echinula (1 OTU with 81% identity in 238bp to: Mortierella echinula)	0.3%
s	Pleurophoma acaciae (1 OTU with 88% identity in 247bp to: Pleurophoma acaciae)	0.3%
s	Polyphilus sieberi (2 OTUs with 96% identity in 220-221bp to: Polyphilus sieberi)	0.3%
s	Geomyces sp. 12NJ08 (1 OTU with 100% identity in 238bp to: Geomyces sp. 12NJ08)	0.3%
g	Volutella (1 OTU with 98% identity in 229bp to: Volutella ciliata, Volutella rosea)	0.3%
s	Podospora serotina (1 OTU with 82% identity in 221bp to: Podospora serotina)	0.2%
s	Penicillium sacculum (1 OTU with 100% identity in 235bp to: Penicillium sacculum)	0.2%
s	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 99% identity in 219bp to: Clonostachys rossmaniae)	0.2%
o	Pleosporales (1 OTU with 86% identity in 205bp to: Didymella macrostoma, Microsphaeropsis olivacea, Microsphaeropsis proteae, Peyronellaea sp.)	0.2%
s	Stromatinia narcissi (1 OTU with 100% identity in 242bp to: Stromatinia narcissi)	0.2%
s	Oidiodendron sp. T7604-5-1 (1 OTU with 100% identity in 229bp to: Oidiodendron sp. T7604-5-1)	0.2%
s	Acaulium albonigrescens (1 OTU with 90% identity in 260bp to: Acaulium albonigrescens)	0.2%
s	Mortierella globulifera (1 OTU with 100% identity in 229bp to: Mortierella globulifera)	0.2%
f	Mycosphaerellaceae (1 OTU with 100% identity in 207bp to: Dothistroma pini, Dothistroma septosporum, Mycosphaerella sp., Passalora arctostaphyli)	0.2%
s	Oidiodendron sp. 07MA13 (1 OTU with 96% identity in 230bp to: Oidiodendron sp. 07MA13)	0.2%
s	Glutinomyces vulgaris (1 OTU with 94% identity in 231bp to: Glutinomyces vulgaris)	0.2%
s	Gliomastix murorum (1 OTU with 100% identity in 237bp to: Gliomastix murorum)	0.2%
s	Cordana pauciseptata (1 OTU with 73% identity in 227bp to: Cordana pauciseptata)	0.2%
s	Remispora quadri-remis (1 OTU with 84% identity in 257bp to: Remispora quadri-remis)	0.2%
s	Coniochaeta verticillata (1 OTU with 97% identity in 238bp to: Coniochaeta verticillata)	0.2%
f	Sordariaceae (1 OTU with 100% identity in 250bp to: Gelasinospora cratophora, Gelasinospora foveaconica, Gelasinospora goundaensis, Gelasinospora saitoi, Gelasinospora seminuda, Gelasinospora sp. VL222, Neurospora africana, Neurospora calospora, Neurospora cerealis, Neurospora dictyophora, Neurospora kobi, Neurospora retispora, Neurospora sp., Sordaria tenerifae)	0.2%
f	Clavicipitaceae (1 OTU with 100% identity in 233bp to: Metarhizium marquandii, Paecilomyces sp. GZU-BCECYN4-3)	0.1%
s	Entrophospora sp. JJ61 (1 OTU with 75% identity in 340bp to: Entrophospora sp. JJ61)	0.1%
s	Oidiodendron echinulatum (1 OTU with 99% identity in 230bp to: Oidiodendron echinulatum)	0.1%
g	Metarhizium (1 OTU with 100% identity in 196bp to: 4 unclassified Metarhizium strains, Metarhizium anisopliae, Metarhizium brunneum, Metarhizium guizhouense, Metarhizium indigoticum, Metarhizium robertsii)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (335 reads)	
	Filtered (0 reads)	

Come è possibile osservare, la maggior parte dei gruppi tassonomici rilevati dall'analisi risulta appartenere a taxa comunemente presenti in ambienti quali quelli dove sono stati fatti i campionamenti. Quello che invece è da osservare con attenzione è la presenza di funghi micorrizici, in particolare ectomicorrizici, e patogeni che sono potenziali competitori del genere *Tuber*, anch'esso ectomicorrizico, e quindi osservati speciali nel momento in cui si sta progettando l'impianto di una tartufaia artificiale e/o assistita.

In dettaglio nel campione A3 relativo al sito di Motta Camastra c'è una presenza significativa di *Russula variicolor* (13.9%), *Hortiboletus rubellus* (1.0%), due basidiomiceti che formano ectomicorrize e che sono spesso associati a suoli e ospiti che hanno interazioni anche con i tartufi. Da segnalare sempre tra i basidiomiceti *Mycena* aff. *maurella* che, come la maggior parte delle specie appartenenti al genere *Mycena*, non sono ectomicorriziche, ma saprofite e non competono con *Tuber* per le radici, anzi, potrebbero migliorare il suolo decomponendo materia organica. Per quanto riguarda le relazioni potenzialmente positive, è da segnalare la presenza abbondante di funghi del genere *Mortierella*: diversi studi hanno dimostrato la loro capacità di favorire la crescita dei tartufi del genere *Tuber*, migliorando la disponibilità di nutrienti e le condizioni del suolo. In particolare, *Mortierella* ha dimostrato di solubilizzare il fosforo, rendendolo più disponibile per le piante ospiti e, indirettamente, per *Tuber*. Membri di questo genere si trovano anche ben rappresentati negli altri campioni come pure specie potenzialmente dannose quali *Fusarium* e *Trichoderma*, funghi competono con *Tuber* per le radici delle piante ospiti o secernono sostanze che inibiscono la formazione di micorrize. In particolare, alcune specie di *Fusarium* possono produrre metaboliti tossici che inibiscono la crescita di *Tuber*.

Alcuni funghi possono creare un ambiente favorevole alla micorrizzazione di *Tuber* attraverso interazioni sinergiche o migliorando le condizioni del suolo e diverse specie di questi sono ben rappresentate in particolare nel campione A2 di Francavilla Fontana. In dettaglio: *Helvellosebacina*, *Tomentella*, *Hymenogaster griseus*, *Russula praetervisa*, *Tomentella fuscocinerea*, *Russula chloroides*, *Inocybe tiliae*, *Sebacina incrustans*, *Inocybe grammopodia*, *Inocybe glabripes*, *Hebeloma sacchariolens*, *Inocybe asterospora*, *Russula livescens*. Quest'ultimo plot appare infatti quello con una comunità di funghi del suolo più strutturata dal punto di vista forestale. Interessante rilevare anche la presenza di micelio di due tartufi del genere *Tuber*: *Tuber rapaeodorum* e *Tuber* sp. T56 HM60233, sempre del clade *Puberulum*.

L'analisi della comunità fungina post- impianto sempre tramite tecnologia NGS Illumina Miseq ha riguardato 7 campionamenti di suolo fatti presso le seguenti aziende:

- campioni di suolo dopo trattamento agronomico-forestale, denominati ODA, ODB e ODC, produttore Orlando Daniele;
- campioni di suolo dopo trattamento agronomico-forestale, denominati LA, LB, LC e LD, produttore Leonardi;

Il DNA estratto da suolo si mostrato di buona quantità e qualità, con l'unica criticità rappresentata dal campione ODC, probabilmente dovuta ad un campionamento non eseguito correttamente o alla non adeguata conservazione (Figura 4).

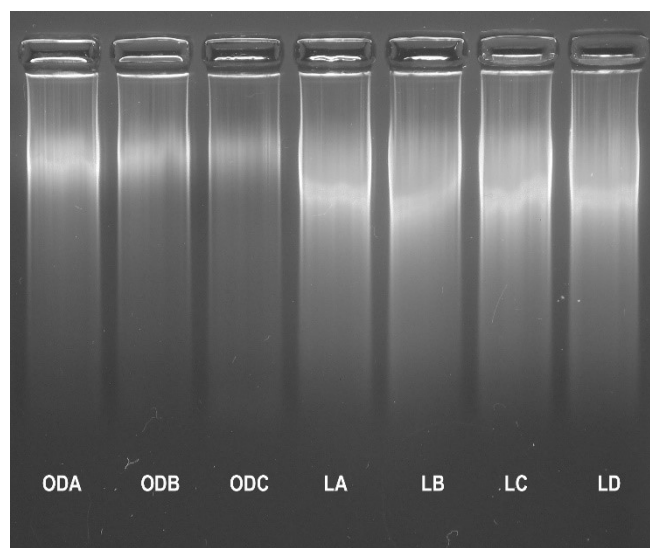


Figura 4: DNA estratto da suoli dopo la preparazione agronomica.

I risultati statistici dell'analisi del microbioma sono riassunti nella seguente Tabella 5.

Total number of input sequences	449 521	100.0%
Remaining sequences after preprocessing and quality filtering	449 413	100.0%
Remaining sequences after chimera detection and filtering	448 999	99.9%
Total number of sequences assigned to OTUs	336 320	74.8%
Total number of sequences assigned to taxa	325 836	72.5%
Total number of OTUs	969	100.0%
Number of OTUs assigned to taxa	883	91.1%

Tabella 5: sommario delle statistiche.

Il numero delle OTUs correlato alla diversità del data set è illustrato nella Tabella 6.

Sample	1)	2)	3)	4)	5)
LA.ITS1b	78 409	99.7%	72.3%	71.4%	222
LB.ITS1b	78 137	99.9%	75.3%	74.2%	222
LC.ITS1b	78 439	99.9%	75.2%	74.2%	219
LD.ITS1b	78 351	99.9%	75.7%	74.6%	222
ODA.ITS1b	59 075	99.9%	73.2%	66.7%	234
ODB.ITS1b	77 107	99.9%	76.9%	72.4%	234
ODC.ITS1b	3	100.0%	0.0%	0.0%	243

Tabella 6: 1) numero di sequenze iniziali, 2) percentuale di sequenze dopo le fasi precedenti al processamento e alla rimozione delle sequenze chimera, 3) percentuale di sequenze assegnate agli OTUs), 4) percentuale di sequenze assegnate ad uno specifico taxon e 5) lunghezza media delle sequenze dopo le fasi di filtraggio iniziali.

Di seguito la Tabella 7 dove viene mostrata una panoramica sintetica della composizione tassonomica dei campioni esaminati in questo secondo campionamento.

Tabella 7: Panoramica sintetica della composizione tassonomica dei campioni esaminati post-intervento.

Sample Name (read counts)			Fraction
Taxonomic Level	Taxonomic Unit		
LA.ITS1b (55 963 reads)			
g	Fusarium (7 OTUs with 99-100% identity in 209-211bp to: 17 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium</i> beomiforme, <i>Fusarium</i> brachygibbosum, <i>Fusarium</i> cf. <i>equiseti</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>incarnatum</i> 30-a DPGS-2011, <i>Fusarium</i> cf. <i>incarnatum</i> hxa44, <i>Fusarium</i> clavum, <i>Fusarium</i> compactum, <i>Fusarium</i> delphinoides, <i>Fusarium</i> <i>equiseti</i> , <i>Fusarium</i> <i>incarnatum</i> , <i>Fusarium</i> <i>lacertarum</i> , <i>Fusarium</i> <i>longipes</i> , <i>Fusarium</i> <i>oxysporum</i> , <i>Fusarium</i> <i>sambucinum</i> , <i>Fusarium</i> <i>scirpi</i> , <i>Fusarium</i> <i>solani</i>)	9.5%	
f	Plectosphaerellaceae (8 OTUs with 99-100% identity in 202-203bp to: 2 unclassified <i>Gibellulopsis</i> strains, 2 unclassified <i>Verticillium</i> strains, <i>Gibellulopsis</i> <i>nigrescens</i> , <i>Gibellulopsis</i> <i>serrae</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>sp. sedF4</i> , <i>Verticillium</i> <i>dahliae</i>)	8.1%	
g	Cladosporium (6 OTUs with 99-100% identity in 215-222bp to: 13 unclassified <i>Cladosporium</i> strains, <i>Cladosporium</i> <i>allicinum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>anthropophilum</i> , <i>Cladosporium</i> cf. <i>cladosporioides</i> EXF-5884, <i>Cladosporium</i> cf. <i>ramotenellum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>cladosporioides</i> , <i>Cladosporium</i> <i>cucumerinum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>delicatulum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>herbarum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>lignicola</i> , <i>Cladosporium</i> <i>limoniforme</i> , <i>Cladosporium</i> <i>oxysporum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>phaenocomae</i> , <i>Cladosporium</i> <i>pseudocladosporioides</i> , <i>Cladosporium</i> <i>puyae</i> , <i>Cladosporium</i> <i>ramotenellum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>sphaerospermum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>tenellum</i> , <i>Cladosporium</i> <i>tenuissimum</i>)	8.0%	
s	Alternaria alternata (4 OTUs with 99-100% identity in 231-232bp to: <i>Alternaria alternata</i>)	6.9%	
g	Mortierella (8 OTUs with 97-100% identity in 207-253bp to: 14 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella</i> <i>alpina</i> , <i>Mortierella</i> <i>clonocystis</i> , <i>Mortierella</i> <i>epicladia</i> , <i>Mortierella</i> <i>globalpina</i> , <i>Mortierella</i> <i>minutissima</i>)	4.8%	
p	Ascomycota (14 OTUs with 99-100% identity in 200-262bp to: 2, 3, 5, 6, 7, 8, <i>Alternaria</i> , <i>Aspergillus</i> , <i>Botryosphaeria</i> <i>dothidea</i> , <i>Chaetomium</i> <i>sp. TR160</i> , <i>Cladophialophora</i> <i>bantiana</i> , <i>Cladosporium</i> , <i>Colletotrichum</i> <i>boninense</i> , <i>Cytospora</i> <i>sp.</i> , <i>Darksidea</i> <i>sp.</i> , <i>Didymella</i> , <i>Fusarium</i> , <i>Gloeotinia</i> <i>temulenta</i> , <i>Monodictys</i> <i>austrina</i> , <i>Neocosmospora</i> <i>rubicola</i> , <i>Ophiocordyceps</i> <i>sp.</i> , <i>Paraconiothyrium</i> <i>fuckelii</i> , <i>Paraisaria</i> <i>heteropoda</i> , <i>Parengyodontium</i> <i>album</i> , <i>Penicillium</i> , <i>Peyronellaea</i> , <i>Phoma</i> , <i>Pseudallescheria</i> <i>angusta</i> , <i>Purpureocillium</i> <i>lilacinum</i> , <i>Sagenomella</i> <i>oligospora</i> , <i>Talaromyces</i> , <i>Trichoderma</i> , <i>Trichophyton</i> <i>rubrum</i> , <i>Xylaria</i> <i>psidii</i>)	4.6%	
f	Chaetomiaceae (11 OTUs with 98-100% identity in 219-250bp to: 2 unclassified <i>Humicola</i> strains, 6 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Acrophialophora</i> <i>jodhpurensis</i> , <i>Cladorrhinum</i> <i>sp. P1E6</i> , <i>Dichotomopilus</i> <i>erectus</i> , <i>Humicola</i> <i>nigrescens</i> , <i>Podospora</i> <i>bulbillosa</i> , <i>Trichocladium</i> <i>griseum</i> , <i>Trichocladium</i> <i>uniseriatum</i>)	4.1%	
c	Sordariomycetes (4 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: 3 unclassified <i>Plectosphaerella</i> strains, <i>Colletotrichum</i> <i>pisii</i> , <i>Monographella</i> <i>sp.</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>niemeijerorum</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>plurivora</i> , <i>Verticillium</i> <i>sp. FPGLXJ08</i>)	4.0%	
g	Plectosphaerella (2 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: <i>Plectosphaerella</i> <i>cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>niemeijerorum</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>plurivora</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>populi</i> , <i>Plectosphaerella</i> <i>sp.</i>)	2.9%	
k	Eukaryota (3 OTUs with 99-100% identity in 209-243bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Alternaria</i> <i>sp.</i> , <i>Aspergillus</i> <i>fiemonthi</i> , <i>Aspergillus</i> <i>flavus</i> , <i>Aspergillus</i> <i>fumigatus</i> , <i>Aspergillus</i> <i>nomiae</i> , <i>Aspergillus</i> <i>oryzae</i> , <i>Aspergillus</i> <i>sp.</i> , <i>Aspergillus</i> <i>subolivaceus</i> , <i>Citrullus</i> <i>lanatus</i> , <i>Davidiella</i> <i>sp.</i> , <i>Fusarium</i> <i>caucasicum</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>oxysporum</i> , <i>Fusarium</i> <i>oxysporum</i> , <i>Fusarium</i> <i>verticillioides</i> , <i>Humicola</i> <i>sp.</i> , <i>Monoraphidium</i> <i>convolutum</i> , <i>Rhizopus</i> <i>oryzae</i>)	2.7%	
g	Monocillium (3 OTUs with 99-100% identity in 226bp to: <i>Monocillium</i> <i>mucidum</i> , <i>Monocillium</i> <i>sp.</i>)	2.4%	

s	Cordana bisbyi (4 OTUs with 86-94% identity in 222-223bp to: <i>Cordana bisbyi</i>)	2.2%
g	Chaetomium (5 OTUs with 99-100% identity in 234-236bp to: 16 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Chaetomium angustispirale</i> , <i>Chaetomium cirrhinum</i> , <i>Chaetomium coarctatum</i> , <i>Chaetomium cochliodes</i> , <i>Chaetomium cucumericola</i> , <i>Chaetomium elatum</i> , <i>Chaetomium globosum</i> , <i>Chaetomium grande</i> , <i>Chaetomium madrasense</i> , <i>Chaetomium megalocarpum</i> , <i>Chaetomium nozdrenkoeae</i> , <i>Chaetomium olivaceum</i> , <i>Chaetomium pseudocochliodes</i> , <i>Chaetomium spiculipilium</i> , <i>Chaetomium spirochaete</i> , <i>Chaetomium subaffine</i> , <i>Chaetomium subglobosum</i> , <i>Chaetomium subspirale</i>)	2.1%
f	Stachybotryaceae (7 OTUs with 99-100% identity in 217-253bp to: 12 unclassified <i>Stachybotrys</i> strains, 4 unclassified <i>Myrothecium</i> strains, <i>Achroistachys humicola</i> , <i>Albifimbria lateralis</i> , <i>Albifimbria terrestris</i> , <i>Albifimbria verrucaria</i> , <i>Albifimbria viridis</i> , <i>Memnoniella echinata</i> , <i>Myrothecium atroviride</i> , <i>Paramyrothecium roridum</i> , <i>Stachybotrys charitarum</i> , <i>Stachybotrys chlorohalonata</i> , <i>Stachybotrys elegans</i> , <i>Stachybotrys pallescens</i> , <i>Stachybotrys subreniformis</i> , <i>Stachybotrys xanthohalonata</i> , <i>Striatobotrys eucylindrospora</i> , <i>Striatobotrys rhabdospora</i> , <i>Striatobotrys yuccae</i> , <i>Striaticonidium brachysporum</i> , <i>Striaticonidium cinctum</i>)	2.0%
f	Nectriaceae (4 OTUs with 99-100% identity in 197-212bp to: 2 unclassified <i>Ilyonectria</i> strains, 23 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Cylindrocarpum</i> sp., <i>Dactylonectria alcacerensis</i> , <i>Dactylonectria estremocensis</i> , <i>Dactylonectria hordeicola</i> , <i>Dactylonectria macrodidyma</i> , <i>Dactylonectria novozelandica</i> , <i>Dactylonectria</i> sp., <i>Dactylonectria torrensensis</i> , <i>Fusarium acuminatum</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i> B188, <i>Fusarium falciforme</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Ilyonectria destructans</i> , <i>Neocosmospora rubicola</i>)	1.8%
s	Ascobolus sp. (4 OTUs with 89% identity in 259-261bp to: <i>Ascobolus</i> sp.)	1.8%
s	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: <i>Mortierella exigua</i>)	1.2%
g	Aspergillus (7 OTUs with 100% identity in 217-242bp to: 5 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus calidoustus</i> , <i>Aspergillus chrysellus</i> , <i>Aspergillus dimorphicus</i> , <i>Aspergillus flavipes</i> , <i>Aspergillus flavus</i> , <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus germanicus</i> , <i>Aspergillus insuetus</i> , <i>Aspergillus keveii</i> , <i>Aspergillus melleus</i> , <i>Aspergillus minutus</i> , <i>Aspergillus nomiae</i> , <i>Aspergillus ochraceus</i> , <i>Aspergillus oryzae</i> , <i>Aspergillus parasiticus</i> , <i>Aspergillus pseudodeflectus</i> , <i>Aspergillus pseudonomius</i> , <i>Aspergillus sepultus</i> , <i>Aspergillus sojae</i> , <i>Aspergillus terricola</i> , <i>Aspergillus toxicarius</i> , <i>Aspergillus transmontanensis</i> , <i>Aspergillus ustus</i> , <i>Aspergillus wentii</i>)	1.2%
g	Solicocozyma (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Solicocozyma aerea</i> , <i>Solicocozyma fusciccola</i>)	1.0%
s	Phaeoramularia capsicicola (1 OTU with 99% identity in 207bp to: <i>Phaeoramularia capsicicola</i>)	0.9%
s	Humicola variabilis (1 OTU with 100% identity in 228bp to: <i>Humicola variabilis</i>)	0.9%
s	Chaetomium seminudum (3 OTUs with 97-98% identity in 232bp to: <i>Chaetomium seminudum</i>)	0.9%
s	Humicola brevis (2 OTUs with 99% identity in 211bp to: <i>Humicola brevis</i>)	0.8%
s	Sphaerobolus ingoldii (2 OTUs with 74-75% identity in 335-336bp to: <i>Sphaerobolus ingoldii</i>)	0.7%
s	Minimedusa polyspora (4 OTUs with 97-100% identity in 266-279bp to: <i>Minimedusa polyspora</i>)	0.7%
g	Trichoderma (5 OTUs with 99-100% identity in 246-265bp to: 20 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma</i> cf. <i>harzianum</i> , <i>Trichoderma</i> cf. <i>harzianum</i> BT-2012, <i>Trichoderma</i> cf. <i>harzianum</i> MO-2014, <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma guizhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma lixii</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma virens</i>)	0.7%
s	Acremonium acutatum (1 OTU with 100% identity in 224bp to: <i>Acremonium acutatum</i>)	0.7%
s	Rhizoctonia sp. T-849 (2 OTUs with 99-100% identity in 258bp to: <i>Rhizoctonia</i> sp. T-849)	0.7%
s	Stromatinia narcissi (1 OTU with 99% identity in 242bp to: <i>Stromatinia narcissi</i>)	0.6%
g	Stachybotrys (1 OTU with 100% identity in 224bp to: <i>Stachybotrys limonispora</i> , <i>Stachybotrys microspora</i> , <i>Stachybotrys zeae</i>)	0.6%
s	Cladorrhinum samala (3 OTUs with 96-100% identity in 229-231bp to: <i>Cladorrhinum samala</i>)	0.6%
f	Aspergillaceae (2 OTUs with 100% identity in 204-247bp to: 4 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, 4 unclassified <i>Eurotium</i> strains, <i>Aspergillus amstelodami</i> , <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus chevalieri</i> , <i>Aspergillus cibaricus</i> , <i>Aspergillus cristatus</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus glaucus</i> , <i>Aspergillus heterocaryoticus</i> , <i>Aspergillus intermedius</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus niveoglaucus</i> , <i>Aspergillus ruber</i> , <i>Aspergillus spiculosus</i> , <i>Aspergillus tubingensis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.6%
s	Trichocladium asperum (1 OTU with 99% identity in 221bp to: <i>Trichocladium asperum</i>)	0.6%
s	Pyrenochaeta nobilis (1 OTU with 96% identity in 179bp to: <i>Pyrenochaeta nobilis</i>)	0.5%
g	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: <i>Rhizopus delemar</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus</i> sp. ACCC 30795)	0.5%

S	Cladorrhinum sp. (2 OTUs with 91% identity in 227bp to: Cladorrhinum sp.)	0.5%
g	Alternaria (3 OTUs with 100% identity in 212-227bp to: 3 unclassified Ulocladium strains, 4 unclassified Alternaria strains, Alternaria atra, Alternaria chartarum, Alternaria consortialis, Alternaria longissima, Alternaria multiformis, Alternaria preussii, Alternaria sorghi, Alternaria terricola, [Ulocladium] sp.)	0.4%
S	Fusicolla acetilerea (1 OTU with 100% identity in 214bp to: Fusicolla acetilerea)	0.4%
S	Hemimycena mairei (2 OTUs with 93-94% identity in 290bp to: Hemimycena mairei)	0.4%
g	Clonostachys (3 OTUs with 100% identity in 218bp to: 18 unclassified Clonostachys strains, Clonostachys rosea, Clonostachys solani, aff. Clonostachys sp.)	0.4%
S	Mortierella capitata (2 OTUs with 95% identity in 281-282bp to: Mortierella capitata)	0.4%
S	Chaetomium madrasense (2 OTUs with 97% identity in 221bp to: Chaetomium madrasense)	0.4%
S	Trichocladium Chaetomium acropullum (1 OTU with 99% identity in 225bp to: Chaetomium acropullum)	0.4%
S	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 100% identity in 219bp to: Clonostachys rossmaniae)	0.4%
S	Clonostachys sp. SYP-F-7086 (2 OTUs with 99% identity in 222bp to: Clonostachys sp. SYP-F-7086)	0.4%
S	Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr (2 OTUs with 99% identity in 217bp to: Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr)	0.4%
O	Eurotiales (1 OTU with 100% identity in 239bp to: 3 unclassified Penicillium strains, 3 unclassified Talaromyces strains, Talaromyces calidicanus, Talaromyces flavus, Talaromyces funiculosus, Talaromyces pinophilus, Talaromyces verruculosus)	0.4%
S	Pyxidiophora arvernensis (1 OTU with 73% identity in 270bp to: Pyxidiophora arvernensis)	0.4%
S	Neottiosporina cylindrica (1 OTU with 99% identity in 218bp to: Neottiosporina cylindrica)	0.4%
S	Stachybotrys limonispora (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Stachybotrys limonispora)	0.3%
S	Cylindrocarpon sp. (3 OTUs with 99% identity in 220-223bp to: Cylindrocarpon sp.)	0.3%
O	Hypocreales (3 OTUs with 100% identity in 218-227bp to: 6 unclassified Myrothecium strains, Acremonium persicinum, Clonostachys sp., Cordyceps memorabilis, Cordyceps sp. HZ-19, Striaticonidium cinctum, Trichoderma stromaticum)	0.3%
g	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified Penicillium strains, Penicillium janthinellum)	0.3%
S	Fusarium penzigii (1 OTU with 99% identity in 202bp to: Fusarium penzigii)	0.3%
S	Schizothecium sp. F277858 (2 OTUs with 97% identity in 220bp to: Schizothecium sp. F277858)	0.3%
S	Acrophialophora jodhpurensis (3 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: Acrophialophora jodhpurensis)	0.3%
S	Furcasterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Furcasterigmium furcatum)	0.3%
S	Chlamydocillium cyanophilum (1 OTU with 100% identity in 163bp to: Chlamydocillium cyanophilum)	0.3%
S	Mortierella ambigua (2 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: Mortierella ambigua)	0.3%
f	Sclerotiniaceae (1 OTU with 100% identity in 208bp to: Botryotinia narcissicola, Botryotinia sp., Botrytis cinerea, Botrytis fabae, Botrytis paeoniae, Botrytis sp., Monilinia seaveri, Sclerotinia sclerotiorum)	0.3%
O	Sordariales (1 OTU with 91% identity in 220bp to: Cercophora solaris, Mammaria echinobotryoides, Podospora sp. 1 RJ2014)	0.3%
S	Orbilialba (1 OTU with 83% identity in 255bp to: Orbilialba)	0.2%
S	Paulisebacina allantoidea (2 OTUs with 73-74% identity in 232-233bp to: Paulisebacina allantoidea)	0.2%
S	Rhizophlyctis rosea (1 OTU with 88% identity in 285bp to: Rhizophlyctis rosea)	0.2%
S	Monodictys sp. 1 JAS-2013 (1 OTU with 94% identity in 194bp to: Monodictys sp. 1 JAS-2013)	0.2%
S	Pyrenochaetopsis decipiens (1 OTU with 100% identity in 202bp to: Pyrenochaetopsis decipiens)	0.2%
S	Stachylidium bicolor (1 OTU with 100% identity in 177bp to: Stachylidium bicolor)	0.2%
S	Cystofilobasidium macerans (1 OTU with 100% identity in 207bp to: Cystofilobasidium macerans)	0.2%
S	Ochroconis tshawytschae (1 OTU with 100% identity in 398bp to: Ochroconis tshawytschae)	0.2%
g	Talaromyces (1 OTU with 100% identity in 244bp to: 2 unclassified Talaromyces strains, Talaromyces assiutensis, Talaromyces trachyspermus)	0.2%
S	Tausonia pullulans (1 OTU with 100% identity in 215bp to: Tausonia pullulans)	0.2%
S	Marchandiobasidium sp. (1 OTU with 71% identity in 253bp to: Marchandiobasidium sp.)	0.2%
C	Dothideomycetes (1 OTU with 100% identity in 201bp to: Dothichiza sp., Ectophoma pomi, Phoma sp.)	0.2%

S	Volutella sp. (1 OTU with 78% identity in 209bp to: Volutella sp.)	0.2%
S	Preussia sp. (in) (2 OTUs with 97% identity in 243bp to: Preussia sp. (in))	0.2%
S	Tetracladium furcatum (1 OTU with 96% identity in 218bp to: Tetracladium furcatum)	0.2%
O	Pleosporales (2 OTUs with 100% identity in 202-266bp to: 3 unclassified Ampelomyces strains, 3 unclassified Leptosphaerulina strains, Allophoma tropica, Allophoma zantedeschiae, Ascocytha medicaginicola, Microsphaeropsis olivacea, Nophoma quercina, Phoma sojicola, Phoma sp. MA 4621, Pithomyces chartarum, Pseudopithomyces chartarum, Stagonosporopsis cucurbitacearum, Stagonosporopsis dorenboschii, Stagonosporopsis sp.)	0.2%
S	Trichocladium griseum (1 OTU with 100% identity in 218bp to: Trichocladium griseum)	0.2%
S	Sarcopodium sp. KN-2018 (1 OTU with 99% identity in 239bp to: Sarcopodium sp. KN-2018)	0.1%
S	Striaticonidium cinctum (1 OTU with 99% identity in 223bp to: Striaticonidium cinctum)	0.1%
S	Clypeosphaeria sp. D4a2a2 (1 OTU with 81% identity in 200bp to: Clypeosphaeria sp. D4a2a2)	0.1%
S	Exophiala sp. 1 TMS-2011 (2 OTUs with 96-97% identity in 255bp to: Exophiala sp. 1 TMS-2011)	0.1%
S	Staphylotrichum coccosporum (1 OTU with 99% identity in 238bp to: Staphylotrichum coccosporum)	0.1%
S	Cladosporium tenuissimum (1 OTU with 100% identity in 217bp to: Cladosporium tenuissimum)	0.1%
S	Mariannaea dimorpha (1 OTU with 100% identity in 219bp to: Mariannaea dimorpha)	0.1%
S	Acremonium sp. KUC21262 (1 OTU with 87% identity in 220bp to: Acremonium sp. KUC21262)	0.1%
G	Metarhizium (1 OTU with 100% identity in 196bp to: 4 unclassified Metarhizium strains, Metarhizium anisopliae, Metarhizium brunneum, Metarhizium guizhouense, Metarhizium indigoticum, Metarhizium robertsii)	0.1%
S	Tricellula sp. DV-2018a (1 OTU with 82% identity in 232bp to: Tricellula sp. DV-2018a)	0.1%
S	Preussia sp. EAL2.5 (1 OTU with 97% identity in 203bp to: Preussia sp. EAL2.5)	0.1%
S	Chalara sp. TMS-2011 (1 OTU with 99% identity in 222bp to: Chalara sp. TMS-2011)	0.1%
S	Crocicreas cyathoideum (1 OTU with 95% identity in 224bp to: Crocicreas cyathoideum)	0.1%
S	Subramaniula thielavioides (1 OTU with 97% identity in 234bp to: Subramaniula thielavioides)	0.1%
S	Filobasidium stepposum (1 OTU with 100% identity in 214bp to: Filobasidium stepposum)	0.1%
S	Globisporangium ultimum (1 OTU with 100% identity in 283bp to: Globisporangium ultimum)	0.1%
O	Tremellales (1 OTU with 100% identity in 171bp to: 2 unclassified Cryptococcus strains, Papiliotrema flavescens, Papiliotrema terrestris, Tremella exigua)	0.1%
S	Sordaria araneosa (1 OTU with 83% identity in 231bp to: Sordaria araneosa)	0.1%
G	Tetracladium (1 OTU with 100% identity in 222bp to: 2 unclassified Tetracladium strains)	0.1%
S	Pseudocatenomycopsis rothmanniae (2 OTUs with 82-83% identity in 191-193bp to: Pseudocatenomycopsis rothmanniae)	0.1%
S	Lulworthia cf. purpurea FCUL280207CF9 (1 OTU with 80% identity in 207bp to: Lulworthia cf. purpurea FCUL280207CF9)	0.1%
S	Corynascus sepedonium (1 OTU with 100% identity in 226bp to: Corynascus sepedonium)	0.1%
G	Periconia (1 OTU with 100% identity in 212bp to: Periconia cf. macrospinoso Fun502A, Periconia macrospinoso, Periconia sp.)	0.1%
f	Pleosporaceae (1 OTU with 100% identity in 223bp to: 3 unclassified Curvularia strains, 7 unclassified Bipolaris strains, Bipolaris maydis, Bipolaris tetramera, Curvularia australiensis, Curvularia beasleyi, Curvularia buchloes, Curvularia dactyloctenii, Curvularia hawaiiensis, Curvularia nodosa, Curvularia spicifera, Curvularia tsudae)	0.1%
G	Colletotrichum (1 OTU with 97% identity in 236bp to: Colletotrichum coccodes, Colletotrichum sp. ITCC 6079)	0.1%
S	Torula ficus (1 OTU with 97% identity in 224bp to: Torula ficus)	0.1%
S	Staphylotrichum boninense (1 OTU with 97% identity in 238bp to: Staphylotrichum boninense)	0.1%
	Other (32 OTUs with 2.2%)	2.2%
	Unclassified (746 reads)	
	Filtered (0 reads)	

LB.ITS1b (58016 reads)

g	Fusarium (12 OTUs with 99-100% identity in 209-211bp to: 19 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium andiyazi</i> , <i>Fusarium anthophilum</i> , <i>Fusarium beomiforme</i> , <i>Fusarium brachy gibbosum</i> , <i>Fusarium cf. equiseti</i> , <i>Fusarium cf. incarnatum 30-a</i> DPGS-2011, <i>Fusarium cf. incarnatum hxa44</i> , <i>Fusarium circinatum</i> , <i>Fusarium clavum</i> , <i>Fusarium compactum</i> , <i>Fusarium concentricum</i> , <i>Fusarium dlamini</i> , <i>Fusarium equiseti</i> , <i>Fusarium fujikuroi</i> , <i>Fusarium incarnatum</i> , <i>Fusarium lacertarum</i> , <i>Fusarium longipes</i> , <i>Fusarium nisikadoi</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium proliferatum</i> , <i>Fusarium pseudoanthophilum</i> , <i>Fusarium sambucinum</i> , <i>Fusarium scirpi</i> , <i>Fusarium sinensis</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium verticillioides</i>)	13.1%
f	Plectosphaerellaceae (5 OTUs with 99-100% identity in 203bp to: 2 unclassified <i>Gibellulopsis</i> strains, 2 unclassified <i>Verticillium</i> strains, <i>Gibellulopsis nigrescens</i> , <i>Gibellulopsis serrae</i> , <i>Plectosphaerella sp. sedF4</i> , <i>Verticillium dahliae</i>)	9.6%
f	Chaetomiaceae (13 OTUs with 81-100% identity in 219-248bp to: 2 unclassified <i>Humicola</i> strains, 6 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Acrophialophora jodhpurensis</i> , <i>Amesia nigricolor</i> , <i>Chaetomium convolutum</i> , <i>Chaetomium pachypodioides</i> , <i>Cladorrhinum sp. P1E6</i> , <i>Collariella bostrychodes</i> , <i>Collariella carteri</i> , <i>Collariella robusta</i> , <i>Dichotomopilus erectus</i> , <i>Humicola nigrescens</i> , <i>Podospora bulbillosa</i> , <i>Trichocladium asperum</i> , <i>Trichocladium griseum</i> , <i>Trichocladium sp. 12NJ05</i> , <i>Trichocladium uniseriatum</i>)	5.3%
p	Ascomycota (17 OTUs with 96-100% identity in 200-262bp to: 2, 28, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, <i>Acremonium</i> , <i>Alternaria</i> , <i>Aspergillus</i> , <i>Botryosphaeria dothidea</i> , <i>Botrytis sp.</i> , <i>Chaetomium sp. TR160</i> , <i>Chordomyces antarcticum</i> , <i>Collarina aurantiaca</i> , <i>Colletotrichum boninense</i> , <i>Darksidea sp.</i> , <i>Didymella</i> , <i>Furcaterigmium furcatum</i> , <i>Fusarium</i> , <i>Gloeotinia temulenta</i> , <i>Monocillium griseo-ochraceum</i> , <i>Monodictys austrina</i> , <i>Neocosmospora rubicola</i> , <i>Ophiocordyceps sp.</i> , <i>Paraconiothyrium fockeii</i> , <i>Paraisaria heteropoda</i> , <i>Parengyodontium album</i> , <i>Penicillium</i> , <i>Peyronellaea</i> , <i>Phoma</i> , <i>Plectosphaerella melonis</i> , <i>Pseudallescheria angusta</i> , <i>Purpureocillium lilacinum</i> , <i>Sagenomella oligospora</i> , <i>Sarocladium strictum</i> , <i>Stemphylium</i> , <i>Talaromyces</i> , <i>Trichoderma</i> , <i>Trichophyton rubrum</i> , <i>Xylaria psidii</i>)	4.7%
g	Mortierella (10 OTUs with 97-100% identity in 207-250bp to: 17 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella alpina</i> , <i>Mortierella clonocystis</i> , <i>Mortierella elongata</i> , <i>Mortierella epicladia</i> , <i>Mortierella globalpina</i> , <i>Mortierella minutissima</i>)	4.0%
c	Sordariomycetes (3 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: 3 unclassified <i>Plectosphaerella</i> strains, <i>Colletotrichum pisi</i> , <i>Monographella sp.</i> , <i>Plectosphaerella cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella niemeijer-arum</i> , <i>Plectosphaerella pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella plurivora</i> , <i>Verticillium sp. FPGLXJ08</i>)	3.8%
s	Waitea circinata (4 OTUs with 70-74% identity in 314-324bp to: <i>Waitea circinata</i>)	3.0%
g	Monocillium (4 OTUs with 99-100% identity in 226bp to: <i>Monocillium mucidum</i> , <i>Monocillium sp.</i>)	2.9%
k	Eukaryota (3 OTUs with 99-100% identity in 209-243bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Alternaria sp.</i> , <i>Aspergillus fiemonthi</i> , <i>Aspergillus flavus</i> , <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus nomiae</i> , <i>Aspergillus oryzae</i> , <i>Aspergillus sp.</i> , <i>Aspergillus subolivaceus</i> , <i>Citrullus lanatus</i> , <i>Davidiella sp.</i> , <i>Fusarium caucasicum</i> , <i>Fusarium cf. oxysporum</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium verticillioides</i> , <i>Humicola sp.</i> , <i>Monoraphidium convolutum</i> , <i>Rhizopus oryzae</i>)	2.6%
s	Exophiala sp. 1 TMS-2011 (6 OTUs with 96-97% identity in 255bp to: <i>Exophiala sp. 1 TMS-2011</i>)	2.3%
f	Stachybotryaceae (8 OTUs with 99-100% identity in 220-253bp to: 12 unclassified <i>Stachybotrys</i> strains, 5 unclassified <i>Myrothecium</i> strains, <i>Achroistachys humicola</i> , <i>Albifimbria lateralis</i> , <i>Albifimbria terrestris</i> , <i>Albifimbria verrucaria</i> , <i>Albifimbria viridis</i> , <i>Memnoniella echinata</i> , <i>Myrothecium atroviride</i> , <i>Paramyrothecium roridum</i> , <i>Paramyrothecium terrestris</i> , <i>Stachybotrys chartarum</i> , <i>Stachybotrys chlorohalonata</i> , <i>Stachybotrys elegans</i> , <i>Stachybotrys pallescens</i> , <i>Stachybotrys subreniformis</i> , <i>Stachybotrys xanthohalonata</i> , <i>Striatibotrys eucylindrospora</i> , <i>Striaticonidium brachysporum</i> , <i>Striaticonidium cinctum</i>)	2.0%
s	Modicella malleola (1 OTU with 84% identity in 183bp to: <i>Modicella malleola</i>)	1.8%
s	Alternaria alternata (1 OTU with 100% identity in 232bp to: <i>Alternaria alternata</i>)	1.8%
g	Chaetomium (5 OTUs with 99-100% identity in 234-236bp to: 16 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Chaetomium angustispirale</i> , <i>Chaetomium cirrhinum</i> , <i>Chaetomium coarctatum</i> , <i>Chaetomium cochliodes</i> , <i>Chaetomium cucumericola</i> , <i>Chaetomium elatum</i> , <i>Chaetomium globosum</i> , <i>Chaetomium grande</i> , <i>Chaetomium madrasense</i> , <i>Chaetomium megalocarpum</i> , <i>Chaetomium nozdrenkoeae</i> , <i>Chaetomium olivaceum</i> , <i>Chaetomium pseudocochliodes</i> , <i>Chaetomium spiculipilium</i> , <i>Chaetomium spirochaete</i> , <i>Chaetomium subaffine</i> , <i>Chaetomium subglobosum</i> , <i>Chaetomium subspirale</i>)	1.8%
f	Nectriaceae (5 OTUs with 99-100% identity in 197-212bp to: 2 unclassified <i>Ilyonectria</i> strains, 26 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Cylindrocarpum sp.</i> , <i>Dactylonectria alcacerensis</i> , <i>Dactylonectria estremocensis</i> , <i>Dactylonectria hordeicola</i> , <i>Dactylonectria macrodidyma</i> , <i>Dactylonectria novozelandica</i> , <i>Dactylonectria sp.</i> , <i>Dactylonectria torrensensis</i> , <i>Fusarium acuminatum</i> , <i>Fusarium cf. solani</i> , <i>Fusarium cf. solani B188</i> , <i>Fusarium falciforme</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium solani-melongenae</i> , <i>Ilyonectria destructans</i> , <i>Neocosmospora rubicola</i> , <i>Neocosmospora sp.</i>)	1.7%

g	Cladosporium (3 OTUs with 100% identity in 215-222bp to: 13 unclassified Cladosporium strains, Cladosporium anthropophilum, Cladosporium cf. ramotenellum, Cladosporium cladosporioides, Cladosporium cucumerinum, Cladosporium delicatulum, Cladosporium lignicola, Cladosporium oxysporum, Cladosporium phaenocoma, Cladosporium pseudocladosporioides, Cladosporium puyae, Cladosporium ramotenellum, Cladosporium sphaerospermum, Cladosporium tenuissimum)	1.6%
s	Volutella sp. (5 OTUs with 78-79% identity in 208-210bp to: Volutella sp.)	1.5%
s	Cladorrhinum samala (6 OTUs with 96-100% identity in 229-232bp to: Cladorrhinum samala)	1.1%
s	Humicola brevis (2 OTUs with 99% identity in 211bp to: Humicola brevis)	1.1%
s	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: Mortierella exigua)	1.0%
g	Penicillium (4 OTUs with 100% identity in 201-237bp to: 8 unclassified Penicillium strains, Penicillium citrinum, Penicillium griseofulvum, Penicillium janthinellum, Penicillium sizovae, Penicillium steckii)	1.0%
g	Trichoderma (6 OTUs with 99-100% identity in 246-265bp to: 20 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma afroharzianum, Trichoderma atroviride, Trichoderma aureoviride, Trichoderma cf. harzianum, Trichoderma cf. harzianum BT-2012, Trichoderma cf. harzianum MO-2014, Trichoderma gamsii, Trichoderma guizhouense, Trichoderma hamatum, Trichoderma harzianum, Trichoderma koningii, Trichoderma lixii, Trichoderma speciosum, Trichoderma tawa, Trichoderma virens)	1.0%
g	Aspergillus (7 OTUs with 100% identity in 217-242bp to: 5 unclassified Aspergillus strains, Aspergillus calidoustus, Aspergillus chrysellus, Aspergillus dimorphicus, Aspergillus europaeus, Aspergillus flavipes, Aspergillus fumigatus, Aspergillus germanicus, Aspergillus insuetus, Aspergillus keveii, Aspergillus melleus, Aspergillus minutus, Aspergillus nomiae, Aspergillus ochraceus, Aspergillus parasiticus, Aspergillus pseudodectus, Aspergillus pseudonomius, Aspergillus sepultus, Aspergillus ustus, Aspergillus wentii)	0.9%
g	Solicocozyma (1 OTU with 100% identity in 226bp to: Solicocozyma aerea, Solicocozyma fuscescens)	0.9%
o	Hypocreales (4 OTUs with 99-100% identity in 218-227bp to: 6 unclassified Myrothecium strains, Acremonium persicinum, Clonostachys sp., Cordyceps memorabilis, Cordyceps sp. HZ-19, Striaticonidium cinctum, Trichoderma stromaticum)	0.8%
s	Trichocladium asperum (2 OTUs with 99% identity in 221bp to: Trichocladium asperum)	0.8%
s	Humicola variabilis (2 OTUs with 99-100% identity in 228bp to: Humicola variabilis)	0.8%
f	Sordariaceae (2 OTUs with 98-99% identity in 249bp to: 3 unclassified Sordaria strains, Neurospora sp., Sordaria tomentoalba)	0.7%
s	Mortierella sp. CF15 (3 OTUs with 79-91% identity in 215-252bp to: Mortierella sp. CF15)	0.7%
s	Pyrenochaeta nobilis (1 OTU with 96% identity in 179bp to: Pyrenochaeta nobilis)	0.7%
s	Pyrenochaetopsis indica (1 OTU with 100% identity in 201bp to: Pyrenochaetopsis indica)	0.6%
f	Aspergillaceae (2 OTUs with 100% identity in 204-247bp to: 4 unclassified Aspergillus strains, 4 unclassified Eurotium strains, Aspergillus amstelodami, Aspergillus awamori, Aspergillus chevalieri, Aspergillus cibarius, Aspergillus cristatus, Aspergillus foetidus, Aspergillus glaucus, Aspergillus heterocaryoticus, Aspergillus intermedius, Aspergillus niger, Aspergillus niveoglaucus, Aspergillus ruber, Aspergillus spiculosus, Aspergillus tubingensis, Aspergillus welwitschiae, Penicillium georgiense, aff. Aspergillus sp.)	0.6%
g	Podospora (3 OTUs with 99-100% identity in 214-215bp to: Podospora brasiliensis, Podospora nannopodalis, Podospora platensis, Podospora setosa, Podospora tarvisina)	0.6%
s	Acremonium acutatum (2 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: Acremonium acutatum)	0.6%
g	Alternaria (2 OTUs with 100% identity in 212-226bp to: 2 unclassified Ulocladium strains, 3 unclassified Alternaria strains, Alternaria atra, Alternaria chartarum, Alternaria consortialis, Alternaria longissima, Alternaria multififormis, Alternaria preussii, Alternaria sorghi, Alternaria tericola)	0.6%
g	Clonostachys (2 OTUs with 100% identity in 218bp to: 12 unclassified Clonostachys strains, Clonostachys rosea)	0.6%
o	Eurotiales (3 OTUs with 99-100% identity in 239-240bp to: 3 unclassified Penicillium strains, 3 unclassified Talaromyces strains, Talaromyces calidicanus, Talaromyces flavus, Talaromyces funiculosus, Talaromyces pinophilus, Talaromyces verruculosus)	0.5%
s	Acremonium sp. G4 (1 OTU with 100% identity in 229bp to: Acremonium sp. G4)	0.5%
s	Cladorrhinum sp. (2 OTUs with 91% identity in 227bp to: Cladorrhinum sp.)	0.5%
s	Striaticonidium cinctum (2 OTUs with 99% identity in 223bp to: Striaticonidium cinctum)	0.5%
o	Sordariales (2 OTUs with 91-100% identity in 220-227bp to: 2 unclassified Paecilomyces strains, Acrophialophora levis, Cercophora solaris, Mammaria echinobotryoides, Podospora sp. 1 RJ2014, Taifanglania sp. YZ-2014d)	0.5%
g	Myrmecridium (2 OTUs with 99-100% identity in 225bp to: Myrmecridium schulzeri, Myrmecridium sp. TMS-2011)	0.5%

S	Chaetomium seminudum (2 OTUs with 98% identity in 232bp to: Chaetomium seminudum)	0.4%
S	Cercophora coronata (2 OTUs with 83-84% identity in 218-219bp to: Cercophora coronata)	0.4%
S	Cordana bisbyi (1 OTU with 94% identity in 223bp to: Cordana bisbyi)	0.4%
S	Entoloma cf. undatum (2 OTUs with 94% identity in 295bp to: Entoloma cf. undatum)	0.4%
S	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 100% identity in 219bp to: Clonostachys rossmaniae)	0.4%
S	Furcaterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Furcaterigmium furcatum)	0.4%
G	Preussia (2 OTUs with 98-100% identity in 203-204bp to: 5 unclassified Preussia strains, Preussia aemulans, Preussia funiculata, Preussia typharum)	0.4%
G	Stachybotrys (2 OTUs with 99-100% identity in 224-226bp to: Stachybotrys limonispora, Stachybotrys microspora, Stachybotrys nephrospora, Stachybotrys reniformis, Stachybotrys zeae)	0.4%
S	Stachybotrys limonispora (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Stachybotrys limonispora)	0.3%
S	Subulicystidium perlongisporum (3 OTUs with 94-95% identity in 255bp to: Subulicystidium perlongisporum)	0.3%
S	Clonostachys sp. SYP-F-7086 (2 OTUs with 99% identity in 222bp to: Clonostachys sp. SYP-F-7086)	0.3%
S	Chaetomium madrasense (2 OTUs with 97% identity in 221bp to: Chaetomium madrasense)	0.3%
S	Monodictys sp. 1 JAS-2013 (1 OTU with 94% identity in 194bp to: Monodictys sp. 1 JAS-2013)	0.3%
S	Clypeosphaeria sp. D4a2a2 (1 OTU with 81% identity in 200bp to: Clypeosphaeria sp. D4a2a2)	0.3%
G	Plectosphaerella (1 OTU with 100% identity in 200bp to: Plectosphaerella cucumerina, Plectosphaerella niemejerarum, Plectosphaerella pauciseptata, Plectosphaerella plurivora, Plectosphaerella populi, Plectosphaerella sp.)	0.3%
S	Acrophialophora jodhpurensis (3 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: Acrophialophora jodhpurensis)	0.3%
S	Pyrenochaetopsis decipiens (1 OTU with 100% identity in 202bp to: Pyrenochaetopsis decipiens)	0.3%
S	Pseudocatenomyces rothmanniae (1 OTU with 83% identity in 191bp to: Pseudocatenomyces rothmanniae)	0.3%
C	Dothideomycetes (2 OTUs with 100% identity in 201-208bp to: Dothichiza sp., Ectophoma pomi, Exosporium sp. 1 NV-2015, Lophiostoma corticola, Phoma sp.)	0.3%
S	Schizothecium sp. F277858 (3 OTUs with 97% identity in 220bp to: Schizothecium sp. F277858)	0.3%
S	Phialophora geniculata (3 OTUs with 90-98% identity in 202-207bp to: Phialophora geniculata)	0.3%
S	Fusarium penzigii (1 OTU with 99% identity in 202bp to: Fusarium penzigii)	0.3%
S	Stachyliidium bicolor (1 OTU with 100% identity in 177bp to: Stachyliidium bicolor)	0.2%
S	Cylindrocarpon sp. (3 OTUs with 99% identity in 220-223bp to: Cylindrocarpon sp.)	0.2%
O	Tremellales (1 OTU with 100% identity in 171bp to: 2 unclassified Cryptococcus strains, Papiliotrema flavescens, Papiliotrema terrestris, Tremella exigua)	0.2%
S	Sistotrema hypogaeum (1 OTU with 91% identity in 234bp to: Sistotrema hypogaeum)	0.2%
S	Mortierella gamsii (1 OTU with 100% identity in 208bp to: Mortierella gamsii)	0.2%
G	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: Rhizopus delemar, Rhizopus oryzae, Rhizopus sp. ACCC 30795)	0.2%
S	Atractiella sp. (1 OTU with 100% identity in 212bp to: Atractiella sp.)	0.2%
S	Exophiala cancerae (1 OTU with 94% identity in 254bp to: Exophiala cancerae)	0.2%
S	Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr (2 OTUs with 99% identity in 217bp to: Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr)	0.2%
S	Preussia sp. (in) (3 OTUs with 91-97% identity in 243bp to: Preussia sp. (in))	0.2%
S	Stilbella sp. (1 OTU with 99% identity in 215bp to: Stilbella sp.)	0.2%
S	Sarcopodium sp. KN-2018 (1 OTU with 99% identity in 239bp to: Sarcopodium sp. KN-2018)	0.2%
S	cf. Tubulicrinis sp. 8 LR-2015 (1 OTU with 70% identity in 278bp to: cf. Tubulicrinis sp. 8 LR-2015)	0.2%
S	Coniochaeta [Lecythophora] canina (2 OTUs with 88-100% identity in 238-249bp to: [Lecythophora] canina)	0.2%
S	Arthrographis arxii (1 OTU with 98% identity in 218bp to: Arthrographis arxii)	0.2%
G	Thaumatomonas (1 OTU with 96% identity in 325bp to: 2 unclassified Thaumatomonas strains)	0.2%
S	Fusarium equiseti (1 OTU with 100% identity in 209bp to: Fusarium equiseti)	0.2%

S	Staphylotrichum boninense (1 OTU with 97% identity in 238bp to: <i>Staphylotrichum boninense</i>)	0.2%
S	Cercophora mirabilis (2 OTUs with 88-94% identity in 198bp to: <i>Cercophora mirabilis</i>)	0.2%
O	Pleosporales (2 OTUs with 100% identity in 200-202bp to: 2 unclassified <i>Pyrenochaetopsis</i> strains, 3 unclassified <i>Ampelomyces</i> strains, <i>Allophoma tropica</i> , <i>Allophoma zantedeschiae</i> , <i>Ascochyta medicaginicola</i> , <i>Dokmaia monthadangii</i> , <i>Dokmaia</i> sp., <i>Microsphaeropsis olivacea</i> , <i>Nothophoma quercina</i> , <i>Phoma sojicola</i> , <i>Phoma</i> sp. MA 4621, <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> , <i>Stagonosporopsis dorenboschii</i> , <i>Stagonosporopsis</i> sp.)	0.2%
f	Ceratobasidiaceae (2 OTUs with 100% identity in 243-256bp to: 4 unclassified <i>Ceratobasidium</i> strains, <i>Rhizoctonia bicornis</i> , <i>Rhizoctonia endophytica</i> , <i>Rhizoctonia solani</i> , <i>Rhizoctonia</i> sp. AG-G)	0.2%
S	Penicillium janthinellum (1 OTU with 100% identity in 237bp to: <i>Penicillium janthinellum</i>)	0.2%
S	Chrysosporium sp. (1 OTU with 97% identity in 239bp to: <i>Chrysosporium</i> sp.)	0.2%
S	Corynascus sepedonium (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Corynascus sepedonium</i>)	0.2%
S	Fusicolla acetilerea (1 OTU with 100% identity in 214bp to: <i>Fusicolla acetilerea</i>)	0.2%
S	Subramaniula thielavioides (1 OTU with 97% identity in 234bp to: <i>Subramaniula thielavioides</i>)	0.2%
S	Burgoa anomala (1 OTU with 100% identity in 242bp to: <i>Burgoa anomala</i>)	0.1%
S	Preussia sp. EAL2.5 (1 OTU with 97% identity in 203bp to: <i>Preussia</i> sp. EAL2.5)	0.1%
S	Ochroconis tshawytshae (1 OTU with 100% identity in 398bp to: <i>Ochroconis tshawytshae</i>)	0.1%
S	Zopfiella erostrata (1 OTU with 98% identity in 198bp to: <i>Zopfiella erostrata</i>)	0.1%
S	Tausonia pullulans (1 OTU with 100% identity in 215bp to: <i>Tausonia pullulans</i>)	0.1%
g	Exophiala (1 OTU with 100% identity in 257bp to: <i>Exophiala pisciphila</i> , <i>Exophiala</i> sp. 2 TS-2016)	0.1%
S	Chlamydocillium cyanophilum (1 OTU with 100% identity in 163bp to: <i>Chlamydocillium cyanophilum</i>)	0.1%
f	Clavicipitaceae (2 OTUs with 99-100% identity in 199-201bp to: 2 unclassified <i>Paecilomyces</i> strains, <i>Metarhizium marquandii</i>)	0.1%
S	Niesslia sp. (1 OTU with 94% identity in 220bp to: <i>Niesslia</i> sp.)	0.1%
S	Zygopleurage zygospora (1 OTU with 78% identity in 200bp to: <i>Zygopleurage zygospora</i>)	0.1%
S	Trichoderma sp. F31 (1 OTU with 76% identity in 301bp to: <i>Trichoderma</i> sp. F31)	0.1%
S	Sporothrix inflata (1 OTU with 100% identity in 231bp to: <i>Sporothrix inflata</i>)	0.1%
S	Tetracladium furcatum (1 OTU with 96% identity in 218bp to: <i>Tetracladium furcatum</i>)	0.1%
f	Sclerotiniaceae (1 OTU with 100% identity in 208bp to: <i>Botryotinia narcissicola</i> , <i>Botryotinia</i> sp., <i>Botrytis cinerea</i> , <i>Botrytis fabae</i> , <i>Botrytis paeoniae</i> , <i>Botrytis</i> sp., <i>Monilinia seaveri</i> , <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>)	0.1%
S	Chalara sp. TMS-2011 (1 OTU with 99% identity in 222bp to: <i>Chalara</i> sp. TMS-2011)	0.1%
S	Achroistachys phyllophila (1 OTU with 70% identity in 281bp to: <i>Achroistachys phyllophila</i>)	0.1%
S	Exophiala sp. ATT135 (1 OTU with 97% identity in 252bp to: <i>Exophiala</i> sp. ATT135)	0.1%
S	Monodictys castaneae (1 OTU with 97% identity in 203bp to: <i>Monodictys castaneae</i>)	0.1%
S	Chloridium sp. (1 OTU with 100% identity in 198bp to: <i>Chloridium</i> sp.)	0.1%
S	Ochroconis minima (1 OTU with 100% identity in 287bp to: <i>Ochroconis minima</i>)	0.1%
S	Mortierella capitata (1 OTU with 95% identity in 282bp to: <i>Mortierella capitata</i>)	0.1%
S	Phaeosphaeria sp. MZC47m1 (1 OTU with 100% identity in 224bp to: <i>Phaeosphaeria</i> sp. MZC47m1)	0.1%
	Other (50 OTUs with 3.5%)	3.5%
	Unclassified (809 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
LC.ITS1b (58 174 reads)		
f	Plectosphaerellaceae (11 OTUs with 99-100% identity in 201-203bp to: 2 unclassified <i>Gibellulopsis</i> strains, 2 unclassified <i>Verticillium</i> strains, <i>Gibellulopsis nigrescens</i> , <i>Gibellulopsis serrae</i> , <i>Plectosphaerella</i> sp. sedF4, <i>Verticillium dahliae</i>)	14.6%

g	Fusarium (9 OTUs with 99-100% identity in 208-211bp to: 21 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium andiyazi</i> , <i>Fusarium anthophilum</i> , <i>Fusarium beomiforme</i> , <i>Fusarium brachy gibbosum</i> , <i>Fusarium cf. equiseti</i> , <i>Fusarium cf. incarnatum</i> 30-a DPGS-2011, <i>Fusarium cf. incarnatum</i> hxa44, <i>Fusarium circinatum</i> , <i>Fusarium clavum</i> , <i>Fusarium compactum</i> , <i>Fusarium concentricum</i> , <i>Fusarium dlamini</i> , <i>Fusarium equiseti</i> , <i>Fusarium fujikuroi</i> , <i>Fusarium incarnatum</i> , <i>Fusarium lacertarum</i> , <i>Fusarium longipes</i> , <i>Fusarium nisikadoi</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium proliferatum</i> , <i>Fusarium pseudoanthophilum</i> , <i>Fusarium sambucinum</i> , <i>Fusarium scirpi</i> , <i>Fusarium sinensis</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium verticillioides</i>)	9.8%
p	Ascomycota (20 OTUs with 96-100% identity in 200-262bp to: 2, 3, 34, 4, 5, 6, 7, 8, 9, <i>Acremonium</i> , <i>Alternaria</i> , <i>Aspergillus</i> , <i>Botryosphaeria dothidea</i> , <i>Botrytis</i> sp., <i>Chaetomium</i> sp. TR160, <i>Chordomyces antarcticum</i> , <i>Collaria aurantiaca</i> , <i>Colletotrichum boninense</i> , <i>Darksidea</i> sp., <i>Didymella</i> , <i>Furcaterigium furcatum</i> , <i>Fusarium</i> , <i>Gloeotinia temulenta</i> , <i>Monocillium griseo-ochraceum</i> , <i>Monodictys austrina</i> , <i>Neocosmospora rubicola</i> , <i>Ophiocordyceps</i> sp., <i>Paraconiothyrium fockeii</i> , <i>Paraisaria heteropoda</i> , <i>Parengyodontium album</i> , <i>Penicillium</i> , <i>Peyronellaea</i> , <i>Phoma</i> , <i>Plectosphaerella melonis</i> , <i>Pseudallescheria angusta</i> , <i>Purpureocillium lilacinum</i> , <i>Sagenomella oligospora</i> , <i>Sarocladium strictum</i> , <i>Stemphylium</i> , <i>Talaromyces</i> , <i>Tetracladium</i> sp., <i>Trichoderma</i> , <i>Trichophyton rubrum</i> , <i>Trichosporiella cerebriformis</i> , <i>Xylaria psidii</i>)	5.8%
s	Phoma sp. (3 OTUs with 99-100% identity in 202bp to: <i>Phoma</i> sp.)	5.2%
g	Mortierella (8 OTUs with 97-100% identity in 207-235bp to: 15 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella alpina</i> , <i>Mortierella clonocystis</i> , <i>Mortierella elongata</i> , <i>Mortierella epiclada</i> , <i>Mortierella globalpina</i> , <i>Mortierella minutissima</i>)	4.5%
f	Chaetomiaceae (13 OTUs with 98-100% identity in 219-250bp to: 2 unclassified <i>Humicola</i> strains, 6 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Acrophialophora jodhpurensis</i> , <i>Cladorrhinum</i> sp. P1E6, <i>Dichotomopilus erectus</i> , <i>Humicola nigrescens</i> , <i>Podospora bulbilosa</i> , <i>Trichocladium asperum</i> , <i>Trichocladium griseum</i> , <i>Trichocladium</i> sp. 12NJ05, <i>Trichocladium uniseriatum</i>)	4.2%
g	Cladosporium (3 OTUs with 100% identity in 215-222bp to: 13 unclassified <i>Cladosporium</i> strains, <i>Cladosporium anthropophilum</i> , <i>Cladosporium cf. ramotenellum</i> , <i>Cladosporium cladosporioides</i> , <i>Cladosporium cucumerinum</i> , <i>Cladosporium delicatulum</i> , <i>Cladosporium lignicola</i> , <i>Cladosporium oxysporum</i> , <i>Cladosporium phaenocoma</i> , <i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> , <i>Cladosporium puyae</i> , <i>Cladosporium ramotenellum</i> , <i>Cladosporium sphaerospermum</i> , <i>Cladosporium tenuissimum</i>)	3.1%
c	Sordariomycetes (2 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: 3 unclassified <i>Plectosphaerella</i> strains, <i>Colletotrichum pisi</i> , <i>Monographella</i> sp., <i>Plectosphaerella cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella niemeijerorum</i> , <i>Plectosphaerella pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella plurivora</i> , <i>Verticillium</i> sp. FPGLXJ08)	3.0%
k	Eukaryota (3 OTUs with 99-100% identity in 209-223bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Beauveria bassiana</i> , <i>Beauveria rudraprayagi</i> , <i>Citrullus lanatus</i> , <i>Fusarium caucasicum</i> , <i>Fusarium cf. oxysporum</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium verticillioides</i> , <i>Humicola</i> sp., <i>Leptinotarsa decemlineata</i>)	2.6%
s	Chlamydocillium cyanophilum (2 OTUs with 100% identity in 163bp to: <i>Chlamydocillium cyanophilum</i>)	2.3%
f	Stachybotryaceae (6 OTUs with 99-100% identity in 220-253bp to: 12 unclassified <i>Stachybotrys</i> strains, 4 unclassified <i>Myrothecium</i> strains, <i>Achroistachys humicola</i> , <i>Albifimbria lateralis</i> , <i>Albifimbria terrestris</i> , <i>Albifimbria verrucaria</i> , <i>Albifimbria viridis</i> , <i>Memnoniella echinata</i> , <i>Myrothecium atroviride</i> , <i>Paramyrothecium roridum</i> , <i>Stachybotrys charitarum</i> , <i>Stachybotrys chlorohalonata</i> , <i>Stachybotrys elegans</i> , <i>Stachybotrys pallescens</i> , <i>Stachybotrys subreniformis</i> , <i>Stachybotrys xanthohalonata</i> , <i>Striatobotrys eucylindrospora</i> , <i>Striaticonidium brachysporum</i> , <i>Striaticonidium cinctum</i>)	2.0%
s	Alternaria alternata (1 OTU with 100% identity in 232bp to: <i>Alternaria alternata</i>)	2.0%
f	Nectriaceae (6 OTUs with 99-100% identity in 197-212bp to: 2 unclassified <i>Ilyonectria</i> strains, 26 unclassified <i>Fusarium</i> strains, 3 unclassified <i>Cylindrocarpon</i> strains, <i>Dactylonectria alcaerensis</i> , <i>Dactylonectria estremocensis</i> , <i>Dactylonectria hordeicola</i> , <i>Dactylonectria macrodidyma</i> , <i>Dactylonectria novozelandica</i> , <i>Dactylonectria</i> sp., <i>Dactylonectria torrensensis</i> , <i>Fusarium acuminatum</i> , <i>Fusarium cf. solani</i> , <i>Fusarium cf. solani</i> B188, <i>Fusarium falciforme</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium solani-melongenae</i> , <i>Ilyonectria destructans</i> , <i>Ilyonectria europaea</i> , <i>Ilyonectria lusitana</i> , <i>Neocosmospora rubicola</i> , <i>Neocosmospora</i> sp.)	1.8%
g	Monocillium (2 OTUs with 99-100% identity in 226bp to: <i>Monocillium mucidum</i> , <i>Monocillium</i> sp.)	1.7%
g	Chaetomium (5 OTUs with 99-100% identity in 234-236bp to: 16 unclassified <i>Chaetomium</i> strains, <i>Chaetomium angustispirale</i> , <i>Chaetomium cirrhinum</i> , <i>Chaetomium coarctatum</i> , <i>Chaetomium cochliodes</i> , <i>Chaetomium cucumericola</i> , <i>Chaetomium elatum</i> , <i>Chaetomium globosum</i> , <i>Chaetomium grande</i> , <i>Chaetomium madrasense</i> , <i>Chaetomium megalocarpum</i> , <i>Chaetomium nozdrenkoae</i> , <i>Chaetomium olivaceum</i> , <i>Chaetomium pseudocochliodes</i> , <i>Chaetomium spiculipilium</i> , <i>Chaetomium spirochaete</i> , <i>Chaetomium subaffine</i> , <i>Chaetomium subglobosum</i> , <i>Chaetomium subspirale</i>)	1.6%
s	Cordana bisbyi (2 OTUs with 94% identity in 223bp to: <i>Cordana bisbyi</i>)	1.5%

g	Plectosphaerella (2 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: <i>Plectosphaerella cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella niemeijerorum</i> , <i>Plectosphaerella pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella plurivora</i> , <i>Plectosphaerella populi</i> , <i>Plectosphaerella</i> sp.)	1.4%
g	Aspergillus (7 OTUs with 100% identity in 217-244bp to: 5 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus caelatus</i> , <i>Aspergillus calidoustus</i> , <i>Aspergillus chrysellus</i> , <i>Aspergillus dimorphicus</i> , <i>Aspergillus europaeus</i> , <i>Aspergillus flavipes</i> , <i>Aspergillus flavofurcatus</i> , <i>Aspergillus flavus</i> , <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus germanicus</i> , <i>Aspergillus insuetus</i> , <i>Aspergillus keveii</i> , <i>Aspergillus melleus</i> , <i>Aspergillus minutus</i> , <i>Aspergillus nomiae</i> , <i>Aspergillus ochraceus</i> , <i>Aspergillus parasiticus</i> , <i>Aspergillus pseudodeflectus</i> , <i>Aspergillus sepultus</i> , <i>Aspergillus tamarii</i> , <i>Aspergillus toxicarius</i> , <i>Aspergillus ustus</i> , <i>Aspergillus wentii</i>)	1.2%
s	Cladorrhinum samala (4 OTUs with 96-100% identity in 229-232bp to: <i>Cladorrhinum samala</i>)	1.1%
s	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: <i>Mortierella exigua</i>)	1.1%
g	Trichoderma (7 OTUs with 99-100% identity in 246-266bp to: 21 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma brevicompactum</i> , <i>Trichoderma</i> cf. <i>harzianum</i> , <i>Trichoderma</i> cf. <i>harzianum</i> BT-2012, <i>Trichoderma</i> cf. <i>harzianum</i> MO-2014, <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma guizhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma lixii</i> , <i>Trichoderma simmonsii</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma turrialbense</i> , <i>Trichoderma virens</i>)	1.0%
s	Acremonium acutatum (2 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: <i>Acremonium acutatum</i>)	0.9%
s	Humicola brevis (2 OTUs with 99% identity in 211bp to: <i>Humicola brevis</i>)	0.9%
o	Hypocreales (3 OTUs with 100% identity in 218-227bp to: 6 unclassified <i>Myrothecium</i> strains, <i>Acremonium persicinum</i> , <i>Clonostachys</i> sp., <i>Cordyceps memorabilis</i> , <i>Cordyceps</i> sp. HZ-19, <i>Striaticonidium cinctum</i> , <i>Trichoderma stromaticum</i>)	0.9%
g	Solicocozyma (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Solicocozyma aerea</i> , <i>Solicocozyma fuscescens</i>)	0.8%
g	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 201-235bp to: 5 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium citrinum</i> , <i>Penicillium griseofulvum</i>)	0.8%
s	Cladorrhinum sp. (2 OTUs with 91% identity in 227bp to: <i>Cladorrhinum</i> sp.)	0.7%
f	Aspergillaceae (2 OTUs with 100% identity in 204-247bp to: 4 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, 4 unclassified <i>Eurotium</i> strains, <i>Aspergillus amstelodami</i> , <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus chevalieri</i> , <i>Aspergillus cibarius</i> , <i>Aspergillus cristatus</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus glaucus</i> , <i>Aspergillus heterocaryoticus</i> , <i>Aspergillus intermedius</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus niveoglaucus</i> , <i>Aspergillus ruber</i> , <i>Aspergillus spiculosus</i> , <i>Aspergillus tubingensis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.6%
s	Exophiala sp. 1 TMS-2011 (3 OTUs with 96-97% identity in 255bp to: <i>Exophiala</i> sp. 1 TMS-2011)	0.6%
s	Pseudocatenomyopsis rothmanniae (3 OTUs with 82-83% identity in 191-193bp to: <i>Pseudocatenomyopsis rothmanniae</i>)	0.6%
s	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 100% identity in 219bp to: <i>Clonostachys rossmaniae</i>)	0.6%
s	Penicillium sp. 5 MM-2011 (1 OTU with 96% identity in 241bp to: <i>Penicillium</i> sp. 5 MM-2011)	0.5%
g	Alternaria (3 OTUs with 100% identity in 212-227bp to: 3 unclassified <i>Ulocladium</i> strains, 4 unclassified <i>Alternaria</i> strains, <i>Alternaria atra</i> , <i>Alternaria chartarum</i> , <i>Alternaria consortialis</i> , <i>Alternaria longissima</i> , <i>Alternaria multiformis</i> , <i>Alternaria preussii</i> , <i>Alternaria sorghi</i> , <i>Alternaria tericola</i> , [<i>Ulocladium</i>] sp.)	0.5%
g	Stachybotrys (2 OTUs with 99-100% identity in 224-226bp to: <i>Stachybotrys limonispora</i> , <i>Stachybotrys microspora</i> , <i>Stachybotrys nephrospora</i> , <i>Stachybotrys reniformis</i> , <i>Stachybotrys zeae</i>)	0.5%
s	Clonostachys sp. SYP-F-7086 (2 OTUs with 99% identity in 222bp to: <i>Clonostachys</i> sp. SYP-F-7086)	0.5%
s	Humicola variabilis (2 OTUs with 99-100% identity in 228bp to: <i>Humicola variabilis</i>)	0.5%
s	Trichocladium griseum (1 OTU with 100% identity in 218bp to: <i>Trichocladium griseum</i>)	0.5%
s	Minimedusa polyspora (2 OTUs with 99-100% identity in 266bp to: <i>Minimedusa polyspora</i>)	0.5%
s	Schizothecium sp. F277858 (3 OTUs with 97% identity in 220bp to: <i>Schizothecium</i> sp. F277858)	0.5%
s	Ascobolus sp. (2 OTUs with 89-94% identity in 254-260bp to: <i>Ascobolus</i> sp.)	0.4%
g	Clonostachys (3 OTUs with 99-100% identity in 218-221bp to: 13 unclassified <i>Clonostachys</i> strains, <i>Clonostachys</i> cf. <i>rossmaniae</i> MSX 47401, <i>Clonostachys rosea</i>)	0.4%
s	Chaetomium madrasense (1 OTU with 97% identity in 221bp to: <i>Chaetomium madrasense</i>)	0.4%
s	Pyrenochaeta nobilis (1 OTU with 96% identity in 179bp to: <i>Pyrenochaeta nobilis</i>)	0.4%
s	Furcaterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: <i>Furcaterigmium furcatum</i>)	0.4%
s	Preussia sp. (in) (3 OTUs with 91-97% identity in 243bp to: <i>Preussia</i> sp. (in))	0.4%

S	Cercophora striata (1 OTU with 95% identity in 232bp to: <i>Cercophora striata</i>)	0.4%
S	Stachybotrys limonispora (1 OTU with 100% identity in 224bp to: <i>Stachybotrys limonispora</i>)	0.3%
S	Cylindrocarpon sp. (3 OTUs with 99% identity in 220-223bp to: <i>Cylindrocarpon sp.</i>)	0.3%
S	Chaetomium seminudum (2 OTUs with 98% identity in 232bp to: <i>Chaetomium seminudum</i>)	0.3%
S	Mortierella sp. CF15 (1 OTU with 90% identity in 217bp to: <i>Mortierella sp. CF15</i>)	0.3%
C	Dothideomycetes (2 OTUs with 100% identity in 201-208bp to: <i>Dothichiza sp.</i> , <i>Ectophoma pomi</i> , <i>Exosporium sp.</i> 1 NV-2015, <i>Lophiostoma corticola</i> , <i>Phoma sp.</i>)	0.3%
f	Sclerotiniaceae (1 OTU with 100% identity in 208bp to: <i>Botryotinia narcissicola</i> , <i>Botryotinia sp.</i> , <i>Botrytis cinerea</i> , <i>Botrytis fabae</i> , <i>Botrytis paeoniae</i> , <i>Botrytis sp.</i> , <i>Monilinia seaveri</i> , <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>)	0.3%
S	Mortierella capitata (2 OTUs with 95% identity in 281-282bp to: <i>Mortierella capitata</i>)	0.3%
S	Chalara sp. TMS-2011 (1 OTU with 99% identity in 222bp to: <i>Chalara sp. TMS-2011</i>)	0.3%
S	Mortierella gamsii (1 OTU with 100% identity in 208bp to: <i>Mortierella gamsii</i>)	0.3%
S	Acrophialophora jodhpurensis (3 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: <i>Acrophialophora jodhpurensis</i>)	0.3%
S	Subramaniula thielavioides (1 OTU with 97% identity in 234bp to: <i>Subramaniula thielavioides</i>)	0.3%
S	Fusariella hughesii (1 OTU with 98% identity in 224bp to: <i>Fusariella hughesii</i>)	0.3%
S	Cercophora coronata (2 OTUs with 83-84% identity in 218bp to: <i>Cercophora coronata</i>)	0.3%
g	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: <i>Rhizopus delemar</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus sp.</i> ACCC 30795)	0.3%
S	Disciotis venosa (1 OTU with 82% identity in 280bp to: <i>Disciotis venosa</i>)	0.3%
S	Podospora sp. (1 OTU with 99% identity in 209bp to: <i>Podospora sp.</i>)	0.3%
S	Monodictys sp. 1 JAS-2013 (1 OTU with 94% identity in 194bp to: <i>Monodictys sp.</i> 1 JAS-2013)	0.2%
g	Myrmecridium (1 OTU with 100% identity in 225bp to: <i>Myrmecridium schulzeri</i> , <i>Myrmecridium sp.</i> TMS-2011)	0.2%
g	Preussia (2 OTUs with 98-100% identity in 203-204bp to: 5 unclassified <i>Preussia</i> strains, <i>Preussia aemulans</i> , <i>Preussia funiculata</i> , <i>Preussia typharum</i>)	0.2%
S	Stachylidium bicolor (1 OTU with 100% identity in 177bp to: <i>Stachylidium bicolor</i>)	0.2%
g	Metarhizium (1 OTU with 100% identity in 196bp to: 4 unclassified <i>Metarhizium</i> strains, <i>Metarhizium anisopliae</i> , <i>Metarhizium brunneum</i> , <i>Metarhizium guizhouense</i> , <i>Metarhizium indigoticum</i> , <i>Metarhizium robertsii</i>)	0.2%
f	Sordariaceae (1 OTU with 99% identity in 249bp to: 3 unclassified <i>Sordaria</i> strains, <i>Neurospora sp.</i> , <i>Sordaria tomentoalba</i>)	0.2%
g	Talaromyces (1 OTU with 100% identity in 244bp to: 2 unclassified <i>Talaromyces</i> strains, <i>Talaromyces assiutensis</i> , <i>Talaromyces trachyspermus</i>)	0.2%
O	Eurotiales (2 OTUs with 99-100% identity in 239-240bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, 3 unclassified <i>Talaromyces</i> strains, <i>Talaromyces calidicanus</i> , <i>Talaromyces flavus</i> , <i>Talaromyces funiculosus</i> , <i>Talaromyces pinophilus</i> , <i>Talaromyces verruculosus</i>)	0.2%
S	Chloridium sp. (1 OTU with 100% identity in 198bp to: <i>Chloridium sp.</i>)	0.2%
S	Pyrenochaetopsis decipiens (1 OTU with 100% identity in 202bp to: <i>Pyrenochaetopsis decipiens</i>)	0.2%
S	Lectera nordwiniana (1 OTU with 98% identity in 205bp to: <i>Lectera nordwiniana</i>)	0.2%
S	Acremonium sp. KUC21262 (2 OTUs with 86-87% identity in 219-220bp to: <i>Acremonium sp. KUC21262</i>)	0.2%
S	Rhizophlyctis rosea (2 OTUs with 87-88% identity in 285bp to: <i>Rhizophlyctis rosea</i>)	0.2%
S	Acremonium sp. G4 (1 OTU with 100% identity in 229bp to: <i>Acremonium sp. G4</i>)	0.2%
S	Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr (2 OTUs with 99% identity in 217bp to: <i>Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr</i>)	0.2%
S	Fusarium equiseti (1 OTU with 100% identity in 209bp to: <i>Fusarium equiseti</i>)	0.2%
S	Phialophora geniculata (2 OTUs with 90-98% identity in 202-207bp to: <i>Phialophora geniculata</i>)	0.2%
S	Corynascus sepedonium (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Corynascus sepedonium</i>)	0.2%
S	Trichocladium brosimi (1 OTU with 92% identity in 156bp to: <i>Trichocladium brosimi</i>)	0.2%
f	Ceratobasidiaceae (1 OTU with 100% identity in 243bp to: 2 unclassified <i>Ceratobasidium</i> strains, <i>Rhizoctonia bicornis</i> , <i>Rhizoctonia sp. AG-G</i>)	0.2%
S	Pilobolus longipes (1 OTU with 100% identity in 293bp to: <i>Pilobolus longipes</i>)	0.2%

S	Alternaria japonica (1 OTU with 100% identity in 258bp to: <i>Alternaria japonica</i>)	0.2%
S	Neopyrenochaeta inflorescentiae (1 OTU with 100% identity in 222bp to: <i>Neopyrenochaeta inflorescentiae</i>)	0.2%
S	Preussia sp. EAL2.5 (1 OTU with 97% identity in 203bp to: <i>Preussia sp. EAL2.5</i>)	0.2%
S	Ochroconis tshawytschae (1 OTU with 100% identity in 398bp to: <i>Ochroconis tshawytschae</i>)	0.2%
S	Fusarium penzigii (1 OTU with 99% identity in 202bp to: <i>Fusarium penzigii</i>)	0.2%
S	Mortierella ambigua (2 OTUs with 96-100% identity in 230-238bp to: <i>Mortierella ambigua</i>)	0.2%
S	Staphylotrichum boninense (1 OTU with 97% identity in 238bp to: <i>Staphylotrichum boninense</i>)	0.1%
g	Colletotrichum (1 OTU with 100% identity in 236bp to: <i>Colletotrichum coccodes</i> , <i>Colletotrichum sp. ITCC 6079</i>)	0.1%
S	Arthrographis arxii (1 OTU with 98% identity in 218bp to: <i>Arthrographis arxii</i>)	0.1%
S	Fusarium acutisporum (1 OTU with 98% identity in 214bp to: <i>Fusarium acutisporum</i>)	0.1%
S	Mariannaea dimorpha (1 OTU with 100% identity in 219bp to: <i>Mariannaea dimorpha</i>)	0.1%
S	Torula ficus (1 OTU with 97% identity in 224bp to: <i>Torula ficus</i>)	0.1%
S	Stilbella sp. (1 OTU with 99% identity in 215bp to: <i>Stilbella sp.</i>)	0.1%
O	Tremellales (1 OTU with 100% identity in 171bp to: 2 unclassified <i>Cryptococcus</i> strains, <i>Papiliotrema flavescens</i> , <i>Papiliotrema terrestris</i> , <i>Tremella exigua</i>)	0.1%
S	Staphylotrichum coccosporum (2 OTUs with 99% identity in 238bp to: <i>Staphylotrichum coccosporum</i>)	0.1%
S	Clypeosphaeria sp. D4a2a2 (2 OTUs with 81-82% identity in 200bp to: <i>Clypeosphaeria sp. D4a2a2</i>)	0.1%
S	Fusicolla acetilerea (1 OTU with 100% identity in 214bp to: <i>Fusicolla acetilerea</i>)	0.1%
O	Pleosporales (1 OTU with 100% identity in 202bp to: 3 unclassified <i>Ampelomyces</i> strains, <i>Allophoma tropica</i> , <i>Allophoma zantedeschiae</i> , <i>Ascochyta medicaginicola</i> , <i>Microsphaeropsis olivacea</i> , <i>Nothophoma quercina</i> , <i>Phoma sojicola</i> , <i>Phoma sp. MA 4621</i> , <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> , <i>Stagonosporopsis dorenboschii</i> , <i>Stagonosporopsis sp.</i>)	0.1%
S	Oedocephalum sp. AEH3 2 (1 OTU with 84% identity in 282bp to: <i>Oedocephalum sp. AEH3.2</i>)	0.1%
S	Cercophora sp. TMS-2011 (1 OTU with 79% identity in 204bp to: <i>Cercophora sp. TMS-2011</i>)	0.1%
S	Sordaria araneosa (1 OTU with 83% identity in 231bp to: <i>Sordaria araneosa</i>)	0.1%
	Other (40 OTUs with 2.7%)	2.7%
	Unclassified (792 reads)	
	Filtered (0 reads)	

LD.ITS1b (58 445 reads)

f	Plectosphaerellaceae (8 OTUs with 99-100% identity in 203bp to: 2 unclassified <i>Gibellulopsis</i> strains, 2 unclassified <i>Verticillium</i> strains, <i>Gibellulopsis nigrescens</i> , <i>Gibellulopsis serrae</i> , <i>Plectosphaerella sp. sedF4</i> , <i>Verticillium dahliae</i>)	9.3%
g	Cladosporium (9 OTUs with 99-100% identity in 215-222bp to: 13 unclassified <i>Cladosporium</i> strains, <i>Cladosporium anthropophilum</i> , <i>Cladosporium cf. ramotenellum</i> , <i>Cladosporium cladosporioides</i> , <i>Cladosporium cucumerinum</i> , <i>Cladosporium delicatulum</i> , <i>Cladosporium lignicola</i> , <i>Cladosporium oxysporum</i> , <i>Cladosporium phaenocomae</i> , <i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> , <i>Cladosporium puyae</i> , <i>Cladosporium ramotenellum</i> , <i>Cladosporium sphaerospermum</i> , <i>Cladosporium tenuissimum</i>)	9.2%
S	Cordana bisbyi (9 OTUs with 86-94% identity in 222-223bp to: <i>Cordana bisbyi</i>)	7.9%
g	Fusarium (7 OTUs with 99-100% identity in 209-211bp to: 19 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium andiyazi</i> , <i>Fusarium anthropophilum</i> , <i>Fusarium beomiforme</i> , <i>Fusarium brachygibbosum</i> , <i>Fusarium cf. equiseti</i> , <i>Fusarium cf. incarnatum 30-a DPGS-2011</i> , <i>Fusarium cf. incarnatum hxa44</i> , <i>Fusarium circinatum</i> , <i>Fusarium clavum</i> , <i>Fusarium compactum</i> , <i>Fusarium concentricum</i> , <i>Fusarium dlamini</i> , <i>Fusarium equiseti</i> , <i>Fusarium fujikuroi</i> , <i>Fusarium incarnatum</i> , <i>Fusarium lacertarum</i> , <i>Fusarium longipes</i> , <i>Fusarium nisikadoi</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium proliferatum</i> , <i>Fusarium pseudoanthophilum</i> , <i>Fusarium sambucinum</i> , <i>Fusarium scirpi</i> , <i>Fusarium sinensis</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium verticillioides</i>)	7.0%
g	Mortierella (9 OTUs with 97-100% identity in 207-250bp to: 17 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella alpina</i> , <i>Mortierella clonocystis</i> , <i>Mortierella elongata</i> , <i>Mortierella epiclada</i> , <i>Mortierella globalpina</i> , <i>Mortierella minutissima</i>)	5.3%

C	Sordariomycetes (5 OTUs with 99-100% identity in 200-263bp to: 3 unclassified Plectosphaerella strains, 3 unclassified Trichoderma strains, Colletotrichum pisi, Monographella sp., Plectosphaerella cucumerina, Plectosphaerella niemeijerorum, Plectosphaerella pauciseptata, Plectosphaerella plurivora, Trichoderma aff. harzianum MO-2014, Trichoderma afroharzianum, Trichoderma aureoviride, Trichoderma brevicompactum, Trichoderma fomitopsis, Trichoderma hamatum, Trichoderma harzianum, Trichoderma inhamatum, Trichoderma intricatum, Trichoderma lixii, Verticillium sacchari, Verticillium sp. FPGLXJ08)	5.0%
P	Ascomycota (17 OTUs with 96-100% identity in 200-262bp to: 2, 28, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, Acremonium, Alternaria, Aspergillus, Botryosphaeria dothidea, Botrytis sp., Chaetomium sp. TR160, Chordomyces antarcticum, Cladophialophora bantiana, Cladosporium, Colletotrichum boninense, Darksidea sp., Didymella, Furcasterigmium furcatum, Fusarium, Gloeotinia temulenta, Monodictys austrina, Neocosmospora rubicola, Ophiocordyceps sp., Paraconiothyrium fuckelii, Paraisaria heteropoda, Penicillium, Peyronellaea, Phoma, Plectosphaerella melonis, Pseudallescheria angusta, Purpureocillium lilacinum, Sagenomella oligospora, Sarocladium strictum, Stemphylium, Talaromyces, Trichoderma, Trichophyton rubrum, Xylaria psidii)	4.6%
s	Alternaria alternata (2 OTUs with 99-100% identity in 232bp to: Alternaria alternata)	3.9%
f	Chaetomiaceae (11 OTUs with 98-100% identity in 219-250bp to: 2 unclassified Humicola strains, 6 unclassified Chaetomium strains, Acrophialophora jodhpurensis, Cladorrhinum sp. P1E6, Dichotomopillus erectus, Humicola nigrescens, Podospora bulbillosa, Trichocladium asperum, Trichocladium griseum, Trichocladium sp. 12NJ05, Trichocladium uniseriatum)	3.3%
f	Stachybotryaceae (10 OTUs with 99-100% identity in 217-253bp to: 12 unclassified Stachybotrys strains, 5 unclassified Myrothecium strains, Achroistachys humicola, Albifimbria lateralis, Albifimbria terrestris, Albifimbria verrucaria, Albifimbria viridis, Gregatothecium humicola, Memnoniella echinata, Myrothecium atroviride, Myrothecium gramineum, Myrothecium lachaeae, Neomyrothecium humicola, Paramyrothecium humicola, Paramyrothecium nigrum, Paramyrothecium roridum, Paramyrothecium viridisporum, Stachybotrys chartarum, Stachybotrys chlorohalonata, Stachybotrys elegans, Stachybotrys pallescens, Stachybotrys subreniformis, Stachybotrys xanthohalonata, Striatobotrys eucylindrospora, Striatobotrys rhabdospora, Striatobotrys yuccae, Striaticonidium brachysporum, Striaticonidium cinctum, Xenomyrothecium tongaense)	2.5%
g	Trichoderma (9 OTUs with 99-100% identity in 261-266bp to: 18 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma afroharzianum, Trichoderma aureoviride, Trichoderma brevicompactum, Trichoderma cf. harzianum, Trichoderma cf. harzianum BT-2012, Trichoderma cf. harzianum MO-2014, Trichoderma guizhouense, Trichoderma hamatum, Trichoderma harzianum, Trichoderma lixii, Trichoderma simmonsii, Trichoderma tawa, Trichoderma turrialbense, Trichoderma virens)	2.2%
g	Monocillium (3 OTUs with 99-100% identity in 226bp to: Monocillium mucidum, Monocillium sp.)	2.1%
k	Eukaryota (4 OTUs with 99-100% identity in 209-243bp to: 3, 6, Alternaria sp., Aspergillus, Citrullus lanatus, Cladophialophora minourae, Cladosporium, Fusarium, Humicola sp., Monoraphidium convolutum, Piromyces sp., Rhizopus oryzae, Yuchengia narymica, aff. Cladosporium sp.)	2.0%
g	Plectosphaerella (2 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: Plectosphaerella cucumerina, Plectosphaerella niemeijerorum, Plectosphaerella pauciseptata, Plectosphaerella plurivora, Plectosphaerella populi, Plectosphaerella sp.)	1.7%
f	Nectriaceae (5 OTUs with 99-100% identity in 197-214bp to: 2 unclassified Ilyonectria strains, 2 unclassified Nectria strains, 23 unclassified Fusarium strains, Cosmospora coccinea, Cylindrocarpon sp., Dactylonectria alcacerensis, Dactylonectria estremocensis, Dactylonectria hordeicola, Dactylonectria macrodidyma, Dactylonectria novozelandica, Dactylonectria sp., Dactylonectria torresensis, Fusarium acuminatum, Fusarium cf. solani, Fusarium cf. solani B188, Fusarium falciforme, Fusarium oxysporum, Fusarium solani, Fusicolla aquaeductuum, Ilyonectria destructans, Neocosmospora rubicola)	1.7%
g	Chaetomium (4 OTUs with 99-100% identity in 234bp to: Chaetomium globosum, Chaetomium grande, Chaetomium megalocarpum, Chaetomium nozdrenkoae, Chaetomium sp. 12 JAS-2013)	1.5%
g	Aspergillus (10 OTUs with 100% identity in 217-244bp to: 6, Aspergillus)	1.4%
s	Ascobolus sp. (1 OTU with 94% identity in 255bp to: Ascobolus sp.)	1.2%
s	Chlamydocillium cyanophilum (1 OTU with 100% identity in 163bp to: Chlamydocillium cyanophilum)	1.0%
g	Solicoccozyma (1 OTU with 100% identity in 226bp to: Solicoccozyma aëria, Solicoccozyma fuscescens)	0.9%
s	Chloridium sp. (2 OTUs with 100% identity in 198bp to: Chloridium sp.)	0.9%
s	Cladorrhinum samala (4 OTUs with 96-100% identity in 229-232bp to: Cladorrhinum samala)	0.9%
s	Humicola brevis (1 OTU with 99% identity in 211bp to: Humicola brevis)	0.9%
s	Mortierella exigua (1 OTU with 99% identity in 194bp to: Mortierella exigua)	0.9%
s	Minimedusa polyspora (3 OTUs with 98-100% identity in 266-279bp to: Minimedusa polyspora)	0.8%

S	Pseudocatenomycopsis rothmanniae (2 OTUs with 83% identity in 191bp to: Pseudocatenomycopsis rothmanniae)	0.8%
S	Niesslia sp. (2 OTUs with 94% identity in 220bp to: Niesslia sp.)	0.6%
f	Sclerotiniaceae (3 OTUs with 100% identity in 208bp to: 2 unclassified Botryotinia strains, Botryotinia narcissicola, Botrytis cinerea, Botrytis fabae, Botrytis paeoniae, Botrytis sp., Monilinia seaveri, Sclerotinia sclerotiorum)	0.6%
S	Acremonium acutatum (2 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: Acremonium acutatum)	0.6%
f	Didymellaceae (1 OTU with 100% identity in 201bp to: 3 unclassified Phoma strains, Nothophoma gossypicola, aff. Phoma sp.)	0.6%
S	Preussia sp. EAL2.5 (1 OTU with 97% identity in 203bp to: Preussia sp. EAL2.5)	0.5%
C	Dothideomycetes (2 OTUs with 100% identity in 201-208bp to: Dothichiza sp., Ectophoma pomi, Exosporium sp. 1 NV-2015, Lophiostoma corticola, Phoma sp.)	0.5%
S	Humicola variabilis (1 OTU with 100% identity in 228bp to: Humicola variabilis)	0.5%
g	Stachybotrys (2 OTUs with 99-100% identity in 224bp to: Stachybotrys limonisporea, Stachybotrys microspora, Stachybotrys zeae)	0.4%
f	Aspergillaceae (2 OTUs with 100% identity in 204-247bp to: 4 unclassified Aspergillus strains, 4 unclassified Eurotium strains, Aspergillus amstelodami, Aspergillus awamori, Aspergillus chevalieri, Aspergillus cibarius, Aspergillus cristatus, Aspergillus foetidus, Aspergillus glaucus, Aspergillus heterocaryoticus, Aspergillus intermedius, Aspergillus niger, Aspergillus niveoglaucus, Aspergillus ruber, Aspergillus spiculosus, Aspergillus tubingensis, Aspergillus welwitschiae, Penicillium georgiense, aff. Aspergillus sp.)	0.4%
S	Burgoa anomala (1 OTU with 100% identity in 242bp to: Burgoa anomala)	0.4%
S	Zopfiella erostrata (2 OTUs with 93-98% identity in 198-199bp to: Zopfiella erostrata)	0.4%
S	Schizothecium sp. F277858 (3 OTUs with 97% identity in 220bp to: Schizothecium sp. F277858)	0.4%
S	Cladorrhinum sp. (2 OTUs with 91% identity in 227bp to: Cladorrhinum sp.)	0.4%
S	Monodictys sp. 1 JAS-2013 (2 OTUs with 94-95% identity in 193-194bp to: Monodictys sp. 1 JAS-2013)	0.3%
O	Hypocreales (3 OTUs with 100% identity in 218-227bp to: 6 unclassified Myrothecium strains, Acremonium persicinum, Clonostachys sp., Cordyceps memorabilis, Cordyceps sp. HZ-19, Striaticonidium cinctum, Trichoderma stromaticum)	0.3%
g	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: Rhizopus delemar, Rhizopus oryzae, Rhizopus sp. ACCC 30795)	0.3%
O	Sordariales (1 OTU with 91% identity in 220bp to: Cercophora solaris, Mammaria echinobotryoides, Podospora sp. 1 RJ2014)	0.3%
S	Hyphodermella corrugata (1 OTU with 82% identity in 258bp to: Hyphodermella corrugata)	0.3%
S	Stachybotrys limonisporea (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Stachybotrys limonisporea)	0.3%
S	Podospora bulbillosa (1 OTU with 100% identity in 246bp to: Podospora bulbillosa)	0.3%
g	Stemphylium (1 OTU with 100% identity in 236bp to: Stemphylium eturmiunum, Stemphylium sp.)	0.3%
f	Sordariaceae (1 OTU with 99% identity in 249bp to: 3 unclassified Sordaria strains, Neurospora sp., Sordaria tomentosalba)	0.3%
S	Chaetomium madrasense (1 OTU with 97% identity in 221bp to: Chaetomium madrasense)	0.3%
g	Penicillium (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified Penicillium strains)	0.3%
S	Clonostachys sp. SYP-F-7086 (2 OTUs with 99% identity in 222bp to: Clonostachys sp. SYP-F-7086)	0.3%
S	Mortierella capitata (2 OTUs with 95% identity in 281-282bp to: Mortierella capitata)	0.3%
S	Furcasterigmium furcatum (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Furcasterigmium furcatum)	0.3%
S	Rhizophlyctis rosea (1 OTU with 88% identity in 285bp to: Rhizophlyctis rosea)	0.3%
g	Alternaria (3 OTUs with 100% identity in 212-227bp to: 3 unclassified Ulocladium strains, 4 unclassified Alternaria strains, Alternaria atra, Alternaria chartarum, Alternaria consortialis, Alternaria longissima, Alternaria multiformis, Alternaria preussii, Alternaria sorghi, Alternaria tericola, [Ulocladium] sp.)	0.2%
S	Acrophialophora jodhpurensis (1 OTU with 100% identity in 224bp to: Acrophialophora jodhpurensis)	0.2%
S	Alternaria japonica (1 OTU with 100% identity in 258bp to: Alternaria japonica)	0.2%
S	Chaetomium seminudum (2 OTUs with 98% identity in 232bp to: Chaetomium seminudum)	0.2%
S	Entoloma cf. undatum (2 OTUs with 94% identity in 295bp to: Entoloma cf. undatum)	0.2%
S	Torula ficus (1 OTU with 97% identity in 224bp to: Torula ficus)	0.2%
S	Trichoderma tomentosum (1 OTU with 100% identity in 263bp to: Trichoderma tomentosum)	0.2%

S	Cylindrocarpon sp. (2 OTUs with 99% identity in 220-223bp to: <i>Cylindrocarpon sp.</i>)	0.2%
O	Eurotiales (1 OTU with 100% identity in 239bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, 3 unclassified <i>Talaromyces</i> strains, <i>Talaromyces calidicanius</i> , <i>Talaromyces flavus</i> , <i>Talaromyces funiculosus</i> , <i>Talaromyces pinophilus</i> , <i>Talaromyces verruculosus</i>)	0.2%
S	Tetracladium sp. (1 OTU with 94% identity in 231bp to: <i>Tetracladium sp.</i>)	0.2%
O	Pleosporales (1 OTU with 100% identity in 202bp to: 3 unclassified <i>Ampelomyces</i> strains, <i>Allophoma tropica</i> , <i>Allophoma zantedeschiae</i> , <i>Ascochyta medicaginicola</i> , <i>Microsphaeropsis olivacea</i> , <i>Nothophoma quercina</i> , <i>Phoma sojicola</i> , <i>Phoma sp.</i> , MA 4621, <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> , <i>Stagonosporopsis dorenboschii</i> , <i>Stagonosporopsis sp.</i>)	0.2%
S	Cystofilobasidium macerans (1 OTU with 100% identity in 207bp to: <i>Cystofilobasidium macerans</i>)	0.2%
G	Diaporthe (1 OTU with 100% identity in 236bp to: <i>Diaporthe ambigua</i> , <i>Diaporthe scabra</i>)	0.2%
S	Exophiala sp. 1 TMS-2011 (2 OTUs with 96-97% identity in 255bp to: <i>Exophiala sp.</i> 1 TMS-2011)	0.2%
S	Subulicystidium perlongisporum (3 OTUs with 94-95% identity in 255bp to: <i>Subulicystidium perlongisporum</i>)	0.2%
G	Talaromyces (1 OTU with 100% identity in 244bp to: 2 unclassified <i>Talaromyces</i> strains, <i>Talaromyces assiutensis</i> , <i>Talaromyces trachyspermus</i>)	0.2%
S	Trichocladium griseum (1 OTU with 100% identity in 218bp to: <i>Trichocladium griseum</i>)	0.2%
S	Trichoderma harzianum (1 OTU with 100% identity in 262bp to: <i>Trichoderma harzianum</i>)	0.2%
S	Periconia macrospinoso (1 OTU with 100% identity in 212bp to: <i>Periconia macrospinoso</i>)	0.2%
S	Chalara sp. TMS-2011 (1 OTU with 99% identity in 222bp to: <i>Chalara sp.</i> TMS-2011)	0.2%
S	Cylindrocarpon sp. PB1-R7-A Lr (2 OTUs with 99% identity in 217bp to: <i>Cylindrocarpon sp.</i> PB1-R7-A Lr)	0.2%
S	Cladosporium tenuissimum (1 OTU with 100% identity in 217bp to: <i>Cladosporium tenuissimum</i>)	0.2%
G	Clonostachys (1 OTU with 100% identity in 218bp to: 10 unclassified <i>Clonostachys</i> strains, <i>Clonostachys rosea</i>)	0.2%
S	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 100% identity in 219bp to: <i>Clonostachys rossmaniae</i>)	0.2%
S	Lectera nordwiniana (1 OTU with 98% identity in 205bp to: <i>Lectera nordwiniana</i>)	0.1%
S	Kiflimonium curvulum (1 OTU with 87% identity in 197bp to: <i>Kiflimonium curvulum</i>)	0.1%
S	Torula pluriseptata (1 OTU with 99% identity in 221bp to: <i>Torula pluriseptata</i>)	0.1%
S	Fusarium equiseti (1 OTU with 100% identity in 209bp to: <i>Fusarium equiseti</i>)	0.1%
G	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: 2 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor fragilis</i>)	0.1%
S	Trichocladium asperum (1 OTU with 99% identity in 221bp to: <i>Trichocladium asperum</i>)	0.1%
G	Colletotrichum (1 OTU with 100% identity in 236bp to: <i>Colletotrichum coccodes</i> , <i>Colletotrichum sp.</i> ITCC 6079)	0.1%
S	Pyrenochaetopsis decipiens (1 OTU with 100% identity in 202bp to: <i>Pyrenochaetopsis decipiens</i>)	0.1%
S	Remispora quadri-remis (1 OTU with 83% identity in 257bp to: <i>Remispora quadri-remis</i>)	0.1%
S	Preussia sp. (in (2 OTUs with 97% identity in 243bp to: <i>Preussia sp. (in</i>)	0.1%
S	Striaticonidium cinctum (1 OTU with 99% identity in 223bp to: <i>Striaticonidium cinctum</i>)	0.1%
S	Filobasidium oeirensense (1 OTU with 100% identity in 214bp to: <i>Filobasidium oeirensense</i>)	0.1%
S	Pyrenochaeta nobilis (1 OTU with 96% identity in 179bp to: <i>Pyrenochaeta nobilis</i>)	0.1%
S	Fusarium penzigii (1 OTU with 99% identity in 202bp to: <i>Fusarium penzigii</i>)	0.1%
S	Dokmaia sp. 2 TMS-2011 (1 OTU with 98% identity in 200bp to: <i>Dokmaia sp.</i> 2 TMS-2011)	0.1%
S	Tetracladium furcatum (1 OTU with 96% identity in 218bp to: <i>Tetracladium furcatum</i>)	0.1%
S	Cercophora sp. TMS-2011 (1 OTU with 79% identity in 204bp to: <i>Cercophora sp.</i> TMS-2011)	0.1%
S	cf. Tubulicrinis sp. 8 LR-2015 (1 OTU with 70% identity in 278bp to: <i>cf. Tubulicrinis sp.</i> 8 LR-2015)	0.1%
G	Metarhizium (1 OTU with 100% identity in 196bp to: 4 unclassified <i>Metarhizium</i> strains, <i>Metarhizium anisopliae</i> , <i>Metarhizium brunneum</i> , <i>Metarhizium guizhouense</i> , <i>Metarhizium indigoticum</i> , <i>Metarhizium robertsii</i>)	0.1%
S	Rosasphaeria moravica (1 OTU with 78% identity in 214bp to: <i>Rosasphaeria moravica</i>)	0.1%
S	Corynascus sepedonium (1 OTU with 100% identity in 226bp to: <i>Corynascus sepedonium</i>)	0.1%

s	Subramaniula thielavioides (1 OTU with 97% identity in 234bp to: Subramaniula thielavioides)	0.1%
	Other (46 OTUs with 3.2%)	3.2%
	Unclassified (871 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
	ODA.ITS1b (39 379 reads)	
p	Ascomycota (18 OTUs with 91-100% identity in 202-262bp to: 11, 2, 3, 4, 5, 7, Acremonium sp. YT04, Allantophomopsis lycopodia, Alternaria, Aotearoamyces nothofagi, Ascochyta phaeae, Aureobasidium, Auxarthron zuffianum, Chaetomium globosum, Cladosporium cladosporioides, Colletotrichum boninense, Dendrophoma, Epicoccum, Fusarium equiseti, Gliomastix murorum, Halenospora, Helicodendron giganteum, Helicorhoidium sp. DV-2018a, Kabatiella microsticta, Keithomyces carneus, Lambertella tubulosa, Metschnikowia sp. (in, Neocucurbitaria cava, Ophiocordyceps sp., Papulaspora sp. MTFD02, Paraisaria heteropoda, Phacidium mollerianum, Phialophorophoma litoralis, Pseudallescheria angusta, Pseudogymnoascus roseus, Purpureocillium lilacinum, Sagenomella oligospora, Strasseria geniculata, Trichophyton rubrum, Truncatella, Zalerion sp. Pb1-R5-B Lr)	8.9%
g	Mortierella (13 OTUs with 99-100% identity in 207-241bp to: 24 unclassified Mortierella strains, Mortierella aff. gamsii, Mortierella clonocystis, Mortierella dichotoma, Mortierella elongata, Mortierella epicaldia, Mortierella gamsii, Mortierella minutissima, Mortierella parvispora)	8.8%
f	Chaetomiaceae (8 OTUs with 97-100% identity in 223-225bp to: 2 unclassified Trichocladium strains, 5 unclassified Humicola strains, Acrophialophora sp., Corynascus verrucosus, Trichocladium asperum, Trichocladium griseum)	6.6%
o	Agaricales (8 OTUs with 99-100% identity in 309bp to: Coprinopsis gonophylla, Coprinus sp. r072)	5.1%
s	Furcasterigmium furcatum (5 OTUs with 99-100% identity in 202-203bp to: Furcasterigmium furcatum)	4.7%
g	Ilyonectria (4 OTUs with 99-100% identity in 195bp to: Ilyonectria communis, Ilyonectria crassa, Ilyonectria cyclaminicola, Ilyonectria destructans, Ilyonectria mors-panacis, Ilyonectria panacis, Ilyonectria pseudodestructans, Ilyonectria sp.)	3.2%
s	Fibulochlamys chilensis (6 OTUs with 97-100% identity in 292-293bp to: Fibulochlamys chilensis)	2.8%
f	Trichosporonaceae (4 OTUs with 99-100% identity in 179-180bp to: 8 unclassified Trichosporon strains, Apiotrichum dulcitum, Apiotrichum gracile, Apiotrichum porosum, Cutaneotrichosporon moniliforme, Cutaneotrichosporon sp.)	2.7%
s	Cryptosporiopsis sp. (1 OTU with 98% identity in 230bp to: Cryptosporiopsis sp.)	2.6%
g	Clonostachys (3 OTUs with 99-100% identity in 217-218bp to: 4 unclassified Clonostachys strains, Clonostachys candelabrum, Clonostachys rosea)	2.4%
s	Podospora serotina (2 OTUs with 82-83% identity in 221bp to: Podospora serotina)	2.4%
g	Plectosphaerella (2 OTUs with 99-100% identity in 200bp to: Plectosphaerella cucumerina, Plectosphaerella niemeijerorum, Plectosphaerella pauciseptata, Plectosphaerella plurivora, Plectosphaerella populi, Plectosphaerella sp.)	2.3%
s	Penicillium arenicola (4 OTUs with 95% identity in 244bp to: Penicillium arenicola)	2.3%
s	Nigrograna mackinnonii (4 OTUs with 89-90% identity in 272bp to: Nigrograna mackinnonii)	2.2%
s	Sporothrix sp. T7508-1-3 (5 OTUs with 97-98% identity in 231bp to: Sporothrix sp. T7508-1-3)	2.1%
s	Sphaerosporella sp. (2 OTUs with 96-97% identity in 223bp to: Sphaerosporella sp.)	2.1%
s	Microscypha sp. (8 OTUs with 77-79% identity in 244-266bp to: Microscypha sp.)	1.7%
f	Pseudeurotiaceae (4 OTUs with 100% identity in 234bp to: 15 unclassified Geomyces strains, 5 unclassified Pseudogymnoascus strains, Geomyces auratus, Pseudogymnoascus appendiculatus, Pseudogymnoascus pannorum)	1.6%
s	Peziza varia (1 OTU with 100% identity in 253bp to: Peziza varia)	1.3%
C	Sordariomycetes (5 OTUs with 98-100% identity in 200-235bp to: 3 unclassified Plectosphaerella strains, Acrostalagmus luteoalbus, Acrostalagmus sp. JCM 28323, Colletotrichum pisi, Metapochonia suchlasporia, Monographella sp., Nectria inventa, Plectosphaerella cucumerina, Plectosphaerella niemeijerorum, Plectosphaerella pauciseptata, Plectosphaerella plurivora, Verticillium cephalosporum, Verticillium sp. FPLXJ08)	1.2%
s	Mortierella sp. (2 OTUs with 99-100% identity in 206bp to: Mortierella sp.)	1.2%
s	Leptodontidium sp. aurim655 (3 OTUs with 99-100% identity in 247bp to: Leptodontidium sp. aurim655)	1.1%
s	Zopfiella sp. (2 OTUs with 80-81% identity in 214bp to: Zopfiella sp.)	1.1%
s	Humicola homopilata (2 OTUs with 99-100% identity in 231bp to: Humicola homopilata)	1.0%
s	Acrobeloides cf. nanus WB-2017 (4 OTUs with 98% identity in 351bp to: Acrobeloides cf. nanus WB-2017)	0.9%

s	Acremonium sp. KM1p (2 OTUs with 99% identity in 226bp to: Acremonium sp. KM1p)	0.8%
s	Tetracladium furcatum (1 OTU with 100% identity in 222bp to: Tetracladium furcatum)	0.8%
g	Solicoccozyma (2 OTUs with 100% identity in 226-229bp to: Solicoccozyma aerea, Solicoccozyma fuscescens, Solicoccozyma phenolica, Solicoccozyma terrea)	0.8%
g	Penicillium (8 OTUs with 99-100% identity in 234-237bp to: 30, Penicillium)	0.8%
O	Eurotiales (2 OTUs with 99-100% identity in 240bp to: Penicillago kabunica, Penicillago moldavicum, Penicillium sp., Thermoascus verrucosus)	0.8%
s	Lyophyllum decastes (1 OTU with 96% identity in 293bp to: Lyophyllum decastes)	0.7%
g	Cladosporium (2 OTUs with 100% identity in 216-217bp to: 5 unclassified Cladosporium strains, Cladosporium anthropophilum, Cladosporium cf. herbarum, Cladosporium cladosporioides, Cladosporium delicatulum, Cladosporium herbarum, Cladosporium oxysporum, Cladosporium pseudocladosporioides, Cladosporium rhusicola, Cladosporium sinuosum, Cladosporium tenellum, Cladosporium tenuissimum)	0.7%
s	Flagellospora sp. VG 31-4 (2 OTUs with 91% identity in 224-225bp to: Flagellospora sp. VG 31-4)	0.7%
O	Pleosporales (4 OTUs with 100% identity in 199-266bp to: 2 unclassified Phoma strains, 3 unclassified Ampelomyces strains, 3 unclassified Leptosphaerulina strains, Allophoma tropica, Allophoma zantedeschiae, Ascochyta medicaginicola, Coniothyrium dispersellum, Coniothyrium euonymi-japonicae, Coniothyrium genistae, Coniothyrium glomerulatum, Coniothyrium lignorum, Coniothyrium populinum, Coniothyrium sp. TS-2016, Didymella macrostoma, Microsphaeropsis olivacea, Microsphaeropsis sp., Microsphaeropsis spartii-juncei, Neopyrenochaeta acicola, Nophophoma quercina, Phoma herbarum, Phoma sojicola, Pithomyces chartarum, Pseudopithomyces chartarum, Stagonosporopsis cucurbitacearum, Stagonosporopsis dorenboschii, Stagonosporopsis sp.)	0.6%
g	Sporothrix (3 OTUs with 98-99% identity in 242bp to: Sporothrix cf. inflata 2 PB-2018, Sporothrix inflata, Sporothrix sp. 16 RJ-2015)	0.6%
s	Microthecium sepedonioides (1 OTU with 97% identity in 207bp to: Microthecium sepedonioides)	0.5%
s	Pezoloma sp. NBRC 103659 (1 OTU with 94% identity in 224bp to: Pezoloma sp. NBRC 103659)	0.5%
s	Inosperma cookei (2 OTUs with 98% identity in 289-290bp to: Inosperma cookei)	0.5%
s	Trichoderma polysporum (1 OTU with 100% identity in 267bp to: Trichoderma polysporum)	0.5%
s	Podospora vesticola (1 OTU with 93% identity in 234bp to: Podospora vesticola)	0.5%
s	Hormiactis candida (2 OTUs with 97-98% identity in 166bp to: Hormiactis candida)	0.4%
f	Nectriaceae (3 OTUs with 100% identity in 197-216bp to: Cosmospora butyri, Dactylonectria estremocensis, Dialonectria ullevolea, Fusarium merismoides, Fusicolla ossicola, Ilyonectria sp. 2 AC-2011, Pseudocosmospora vilior)	0.4%
s	Mortierella horticola (1 OTU with 100% identity in 194bp to: Mortierella horticola)	0.4%
s	Ciliolarina ligniseda (1 OTU with 99% identity in 220bp to: Ciliolarina ligniseda)	0.4%
g	Trichoderma (1 OTU with 100% identity in 245bp to: 6 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma atroviride, Trichoderma caribbaeum, Trichoderma dingleyae, Trichoderma dorothaeae, Trichoderma dorothopsis, Trichoderma gamsii, Trichoderma harzianum, Trichoderma koningii, Trichoderma koningiopsis, Trichoderma ovalisporum, Trichoderma viride, Trichoderma viridescens)	0.4%
s	Pragmopora cf. pini (2 OTUs with 74% identity in 256bp to: Pragmopora cf. pini)	0.3%
g	Lipomyces (1 OTU with 99% identity in 279bp to: Lipomyces starkeyi, Lipomyces tetrasporus)	0.3%
s	Ramophialophora humicola (2 OTUs with 93-100% identity in 195-204bp to: Ramophialophora humicola)	0.3%
s	Penicillium sacculum (2 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: Penicillium sacculum)	0.3%
f	Didymellaceae (1 OTU with 100% identity in 201bp to: Juxtiphoma eupyrena, Phoma herbarum)	0.3%
s	Hyaloscypha finlandica (1 OTU with 99% identity in 275bp to: Hyaloscypha finlandica)	0.3%
s	Ochrocladosporium sp. (1 OTU with 99% identity in 205bp to: Ochrocladosporium sp.)	0.3%
s	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 99% identity in 219bp to: Clonostachys rossmaniae)	0.3%
g	Fusarium (1 OTU with 100% identity in 212bp to: 4 unclassified Fusarium strains, Fusarium acuminatum, Fusarium arthrosporioides, Fusarium avenaceum, Fusarium californicum, Fusarium cf. avenaceum, Fusarium cf. solani, Fusarium cf. tricinctum, Fusarium flocciferum, Fusarium lateritium, Fusarium petersiae, Fusarium redolens, Fusarium reticulatum, Fusarium sambucinum, Fusarium sinensis, Fusarium solani, Fusarium tricinctum)	0.3%
s	Pseudoarthrographis phlogis (3 OTUs with 87-88% identity in 241bp to: Pseudoarthrographis phlogis)	0.3%

g	Chaetomium (2 OTUs with 99-100% identity in 226-236bp to: 15 unclassified Chaetomium strains, Chaetomium angustispirale, Chaetomium cirrhinum, Chaetomium coarctatum, Chaetomium cochliodes, Chaetomium cucumericola, Chaetomium elatum, Chaetomium globosum, Chaetomium hispanicum, Chaetomium madrasense, Chaetomium olivaceum, Chaetomium pseudocochliodes, Chaetomium spiculipilium, Chaetomium spirochaete, Chaetomium subaffine, Chaetomium subglobosum, Chaetomium subspirale, Chaetomium subspirilliferum)	0.3%
s	Humicola cuyabenoensis (1 OTU with 98% identity in 193bp to: Humicola cuyabenoensis)	0.3%
s	Aotearoamyces nothofagi (1 OTU with 91% identity in 223bp to: Aotearoamyces nothofagi)	0.3%
o	Diaporthales (1 OTU with 100% identity in 232bp to: 2 unclassified Phomopsis strains, Diaporthe columnaris)	0.3%
s	Thermoascus crustaceus (3 OTUs with 95-100% identity in 242bp to: Thermoascus crustaceus)	0.3%
p	Mucoromycota (1 OTU with 100% identity in 233bp to: 9 unclassified Mortierella strains, Umbelopsis dimorpha, Umbelopsis nana, Umbelopsis sp.)	0.3%
s	Sagenomella griseoviridis (1 OTU with 100% identity in 279bp to: Sagenomella griseoviridis)	0.3%
f	Plectosphaerellaceae (1 OTU with 100% identity in 203bp to: Gibellulopsis nigrescens, Plectosphaerella sp. sedF4, Verticillium dahliae, Verticillium sp. DU18)	0.2%
s	Thaumatomonas zhukovi (1 OTU with 99% identity in 314bp to: Thaumatomonas zhukovi)	0.2%
s	Peziza moseri (1 OTU with 99% identity in 261bp to: Peziza moseri)	0.2%
s	Inocybe acutofulva (1 OTU with 100% identity in 285bp to: Inocybe acutofulva)	0.2%
s	Lipomyces starkeyi (1 OTU with 99% identity in 161bp to: Lipomyces starkeyi)	0.2%
s	Xenodidymella sp. A SK-2018 (1 OTU with 97% identity in 199bp to: Xenodidymella sp. A SK-2018)	0.2%
s	Atractospora reticulata (1 OTU with 88% identity in 193bp to: Atractospora reticulata)	0.2%
o	Helotiales (2 OTUs with 100% identity in 220-295bp to: 2 unclassified Cadophora strains, Cadophora orchidicola, Ciliolarina ligniseda, Infundichalara microchona, Leptodontidium sp.)	0.2%
s	Trichocladium asperum (1 OTU with 100% identity in 221bp to: Trichocladium asperum)	0.2%
s	Trichosporon sp. 05NY01 (1 OTU with 100% identity in 178bp to: Trichosporon sp. 05NY01)	0.2%
g	Exophiala (1 OTU with 100% identity in 254bp to: Exophiala equina, Exophiala radialis, Exophiala sp.)	0.2%
c	Leotiomyces (1 OTU with 94% identity in 230bp to: Claussenomyces kirschsteinianus, Cryptosporiopsis sp., Phialocephala virens)	0.2%
s	Claussenomyces cf. hydnicola H.B. 9975 (1 OTU with 77% identity in 196bp to: Claussenomyces cf. hydnicola H.B. 9975)	0.2%
s	Aspergillus fumigatus (1 OTU with 100% identity in 249bp to: Aspergillus fumigatus)	0.2%
s	Saitozyma podzolica (2 OTUs with 99-100% identity in 169bp to: Saitozyma podzolica)	0.2%
g	Alternaria (2 OTUs with 100% identity in 226-227bp to: 3 unclassified Alternaria strains, 3 unclassified Ulocladium strains, Alternaria atra, Alternaria chartarum, Alternaria consortialis, Alternaria multififormis, Alternaria preussii, Alternaria sorghi, Alternaria terricola, [Ulocladium] sp.)	0.2%
s	Schizothecium inaequale (1 OTU with 81% identity in 229bp to: Schizothecium inaequale)	0.2%
g	Beauveria (1 OTU with 99% identity in 223bp to: Beauveria asiatica, Beauveria bassiana, Beauveria brongniartii, Beauveria medogensis, Beauveria sp. NWHC 24825-01-01-03)	0.2%
s	Cladophialophora chaetospira (1 OTU with 100% identity in 253bp to: Cladophialophora chaetospira)	0.2%
s	Cryptococcus sp. YKS 2004 (1 OTU with 100% identity in 168bp to: Cryptococcus sp. YKS 2004)	0.2%
s	Cladophialophora sp. KO-groupO 2014 (1 OTU with 95% identity in 253bp to: Cladophialophora sp. KO-groupO 2014)	0.2%
s	Rasamsonia argillacea (1 OTU with 79% identity in 252bp to: Rasamsonia argillacea)	0.2%
s	Trichoderma tomentosum (1 OTU with 100% identity in 263bp to: Trichoderma tomentosum)	0.2%
s	Humicola fuscoatra (1 OTU with 99% identity in 230bp to: Humicola fuscoatra)	0.2%
s	Calocera cornea (2 OTUs with 88-89% identity in 163bp to: Calocera cornea)	0.2%
s	Heteromita sp. HFCC 923 (1 OTU with 79% identity in 233bp to: Heteromita sp. HFCC 923)	0.2%
s	Gliomastix murorum (1 OTU with 100% identity in 237bp to: Gliomastix murorum)	0.2%
s	Schizothecium sp. E33 (2 OTUs with 95-96% identity in 226bp to: Schizothecium sp. E33)	0.2%
s	Harposporium helicoides (1 OTU with 82% identity in 279bp to: Harposporium helicoides)	0.2%

C	Dothideomycetes (1 OTU with 98% identity in 208bp to: <i>Exosporium</i> sp. 1 NV-2015, <i>Lophiostoma corticola</i>)	0.2%
S	Cephalotrichum microsporum (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Cephalotrichum microsporum</i>)	0.2%
f	Hyaloscyphaceae (1 OTU with 79% identity in 268bp to: <i>Microscypha</i> sp., <i>Pezizella chryso stigma</i>)	0.2%
S	Cytospora sp. (1 OTU with 100% identity in 264bp to: <i>Cytospora</i> sp.)	0.1%
S	Mortierella simplex (1 OTU with 95% identity in 241bp to: <i>Mortierella simplex</i>)	0.1%
S	Thaumatomonas sp. CCAP 1903/2 (1 OTU with 99% identity in 331bp to: <i>Thaumatomonas</i> sp. CCAP 1903/2)	0.1%
S	Oidiendron flavum (1 OTU with 99% identity in 228bp to: <i>Oidiendron flavum</i>)	0.1%
G	Cephalotrichum (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Cephalotrichum nanum</i> , <i>Cephalotrichum stemonitis</i>)	0.1%
S	Talaromyces sp. FKI-6713 (1 OTU with 96% identity in 245bp to: <i>Talaromyces</i> sp. FKI-6713)	0.1%
S	Inosperma maculatum (1 OTU with 98% identity in 286bp to: <i>Inosperma maculatum</i>)	0.1%
k	Eukaryota (2 OTUs with 100% identity in 209-218bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, 4 unclassified <i>Clonostachys</i> strains, <i>Auricularia polytricha</i> , <i>Citrullus lanatus</i> , <i>Clonostachys rhizophaga</i> , <i>Clonostachys rosea</i> , <i>Fusarium caucasicum</i> , <i>Fusarium</i> cf. <i>oxysporum</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium verticillioides</i> , <i>Humicola</i> sp.)	0.1%
S	Sagenomella striatispora (2 OTUs with 99-100% identity in 248bp to: <i>Sagenomella striatispora</i>)	0.1%
S	Thermothelomyces guttulatus (1 OTU with 100% identity in 219bp to: <i>Thermothelomyces guttulatus</i>)	0.1%
S	Geomyces sp. 12NJ08 (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Geomyces</i> sp. 12NJ08)	0.1%
S	Mortierella sp. S-24 (1 OTU with 99% identity in 202bp to: <i>Mortierella</i> sp. S-24)	0.1%
S	Atractospora aquatica (2 OTUs with 88-89% identity in 180-182bp to: <i>Atractospora aquatica</i>)	0.1%
S	Humicola sp. (1 OTU with 98% identity in 228bp to: <i>Humicola</i> sp.)	0.1%
S	Tricholoma matsutake (1 OTU with 99% identity in 229bp to: <i>Tricholoma matsutake</i>)	0.1%
	Other (41 OTUs with 3.0%)	3.0%
	Unclassified (3 849 reads)	
	Filtered (0 reads)	

ODB.ITS1b (55 859 reads)

p	Ascomycota (26 OTUs with 99-100% identity in 226-262bp to: 2 unclassified <i>Alternaria</i> strains, 2 unclassified <i>Pseudogymnoascus</i> strains, 9 unclassified <i>Geomyces</i> strains, <i>Acremonium</i> sp. YT04, <i>Alternaria alstroemeriae</i> , <i>Alternaria alternata</i> , <i>Alternaria angustiovoidea</i> , <i>Alternaria arborescens</i> , <i>Alternaria fasciculata</i> , <i>Alternaria infectoria</i> , <i>Alternaria longipes</i> , <i>Alternaria solani</i> , <i>Alternaria tenuissima</i> , <i>Auxarthron zulfianum</i> , <i>Colletotrichum boninense</i> , <i>Geomyces vinaceus</i> , <i>Gliomastix murorum</i> , <i>Halenospora</i> sp., <i>Halenospora varia</i> , <i>Helicodendron giganteum</i> , <i>Helicorhoidion</i> sp. DV-2018a, <i>Keithomyces carneus</i> , <i>Lambertella tubulosa</i> , <i>Paecilomyces</i> sp. (in <i>Papulaspora</i> sp. MTFD02, <i>Pseudogymnoascus destructans</i> , <i>Pseudogymnoascus roseus</i> , <i>Zalerion</i> sp. Pbl-R5-B Lr)	22.9%
S	Inosperma cookei (32 OTUs with 97-98% identity in 284-291bp to: <i>Inosperma cookei</i>)	20.7%
G	Pseudeurotium bakeri , Pseudeurotium sp. OTU018 AN-2016, Pseudeurotium zonatum (11 OTUs with 95% identity in 221-223bp to: <i>Pseudeurotium bakeri</i> , <i>Pseudeurotium</i> sp. OTU018 AN-2016, <i>Pseudeurotium zonatum</i>)	11.9%
G	Mortierella (9 OTUs with 99-100% identity in 207-241bp to: 17 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella</i> aff. <i>gamsii</i> , <i>Mortierella clonocystis</i> , <i>Mortierella elongata</i> , <i>Mortierella epicladia</i> , <i>Mortierella gamsii</i> , <i>Mortierella minutissima</i>)	6.7%
G	Ilyonectria (5 OTUs with 99-100% identity in 195-197bp to: 2 unclassified <i>Ilyonectria</i> strains, <i>Ilyonectria communis</i> , <i>Ilyonectria crassa</i> , <i>Ilyonectria cyclaminicola</i> , <i>Ilyonectria destructans</i> , <i>Ilyonectria mors-panacis</i> , <i>Ilyonectria panacis</i> , <i>Ilyonectria pseudodestructans</i> , <i>Ilyonectria robusta</i>)	2.9%
S	Mortierella simplex (2 OTUs with 95% identity in 241bp to: <i>Mortierella simplex</i>)	2.2%
f	Chaetomiaceae (7 OTUs with 95-100% identity in 223-225bp to: 2 unclassified <i>Trichocladium</i> strains, 5 unclassified <i>Humicola</i> strains, <i>Acrophialophora</i> sp., <i>Corynascus verrucosus</i> , <i>Podospora didyma</i> , <i>Trichocladium asperum</i> , <i>Trichocladium griseum</i> , <i>Zopfiella tabulata</i>)	2.0%
S	Cryptosporiopsis sp. (2 OTUs with 97-98% identity in 230bp to: <i>Cryptosporiopsis</i> sp.)	1.9%
f	Pseudeurotiaceae (5 OTUs with 99-100% identity in 234-256bp to: 17 unclassified <i>Geomyces</i> strains, 6 unclassified <i>Pseudogymnoascus</i> strains, <i>Geomyces auratus</i> , <i>Pseudogymnoascus appendiculatus</i> , <i>Pseudogymnoascus pannorum</i> , <i>Pseudogymnoascus roseus</i>)	1.5%
S	Ascobolus sp. (1 OTU with 94% identity in 252bp to: <i>Ascobolus</i> sp.)	1.4%
S	Lophium zalerioides (3 OTUs with 97-98% identity in 232-234bp to: <i>Lophium zalerioides</i>)	1.1%

S	Mortierella horticola (1 OTU with 100% identity in 194bp to: <i>Mortierella horticola</i>)	1.0%
S	Trichocladium asperum (2 OTUs with 99-100% identity in 221bp to: <i>Trichocladium asperum</i>)	1.0%
O	Helotiales (2 OTUs with 100% identity in 220-295bp to: 2 unclassified <i>Cadophora</i> strains, <i>Cadophora orchidicola</i> , <i>Chalara</i> sp. 400, <i>Lepidotendium</i> sp., <i>Xenopolyscytalum pinea</i>)	1.0%
S	Mortierella sp. S-25 (2 OTUs with 96-97% identity in 211-215bp to: <i>Mortierella</i> sp. S-25)	0.9%
S	Furcasterigmium furcatum (2 OTUs with 99-100% identity in 203bp to: <i>Furcasterigmium furcatum</i>)	0.9%
S	Cercophora sparsa (2 OTUs with 95-96% identity in 199bp to: <i>Cercophora sparsa</i>)	0.7%
S	Pragmopora cf. pini (1 OTU with 74% identity in 256bp to: <i>Pragmopora</i> cf. <i>pini</i>)	0.7%
C	Sordariomycetes (4 OTUs with 98-100% identity in 200-235bp to: 3 unclassified <i>Plectosphaerella</i> strains, <i>Acrostalagmus luteoalbus</i> , <i>Acrostalagmus</i> sp. JCM 28323, <i>Colletotrichum pisi</i> , <i>Metapochonia suchlasporia</i> , <i>Monographella</i> sp., <i>Nectria inventa</i> , <i>Plectosphaerella cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella niemeijerum</i> , <i>Plectosphaerella pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella plurivora</i> , <i>Verticillium cephalosporum</i> , <i>Verticillium</i> sp. FPLXJ08)	0.6%
f	Trichosporonaceae (2 OTUs with 100% identity in 179bp to: 7 unclassified <i>Trichosporon</i> strains, <i>Apiotrichum dulcicum</i> , <i>Apiotrichum gracile</i> , <i>Apiotrichum porosum</i>)	0.6%
S	Sphaerosporella sp. (1 OTU with 96% identity in 223bp to: <i>Sphaerosporella</i> sp.)	0.6%
S	Saitozyma podzolica (3 OTUs with 99-100% identity in 169bp to: <i>Saitozyma podzolica</i>)	0.5%
O	Eurotiales (1 OTU with 100% identity in 240bp to: <i>Penicillago kabunica</i> , <i>Penicillago moldavicum</i> , <i>Thermoascus verrucosus</i>)	0.5%
S	Tetracladium furcatum (1 OTU with 100% identity in 222bp to: <i>Tetracladium furcatum</i>)	0.4%
g	Cephalotrichum (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Cephalotrichum nanum</i> , <i>Cephalotrichum stemonitis</i>)	0.4%
S	Burgoa anomala (1 OTU with 100% identity in 242bp to: <i>Burgoa anomala</i>)	0.4%
g	Clonostachys (1 OTU with 100% identity in 218bp to: 4 unclassified <i>Clonostachys</i> strains, <i>Clonostachys rosea</i>)	0.3%
S	Neonectria sp. (1 OTU with 97% identity in 197bp to: <i>Neonectria</i> sp.)	0.3%
g	Fusarium (1 OTU with 100% identity in 212bp to: 4 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium acuminatum</i> , <i>Fusarium arthrosporioides</i> , <i>Fusarium avenaceum</i> , <i>Fusarium californicum</i> , <i>Fusarium cf. avenaceum</i> , <i>Fusarium cf. solani</i> , <i>Fusarium cf. tricinctum</i> , <i>Fusarium flocciferum</i> , <i>Fusarium lateritium</i> , <i>Fusarium petersiae</i> , <i>Fusarium redolens</i> , <i>Fusarium reticulatum</i> , <i>Fusarium sambucinum</i> , <i>Fusarium sinensis</i> , <i>Fusarium solani</i> , <i>Fusarium tricinctum</i>)	0.3%
S	Xenodidymella sp. A SK-2018 (1 OTU with 97% identity in 199bp to: <i>Xenodidymella</i> sp. A SK-2018)	0.3%
S	Thielavia basicola (1 OTU with 85% identity in 214bp to: <i>Thielavia basicola</i>)	0.3%
S	Tyrannosorus hystrioides (1 OTU with 100% identity in 220bp to: <i>Tyrannosorus hystrioides</i>)	0.3%
P	Mucoromycota (1 OTU with 100% identity in 233bp to: 9 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Umbelopsis dimorpha</i> , <i>Umbelopsis nana</i> , <i>Umbelopsis</i> sp.)	0.3%
S	Hormiactis candida (2 OTUs with 97-98% identity in 166bp to: <i>Hormiactis candida</i>)	0.3%
S	Acroboloides cf. nanus WB-2017 (2 OTUs with 98% identity in 351bp to: <i>Acroboloides</i> cf. <i>nanus</i> WB-2017)	0.3%
S	Mytilinidion mytilinellum (2 OTUs with 71% identity in 298bp to: <i>Mytilinidion mytilinellum</i>)	0.3%
g	Solicoccozyma (2 OTUs with 100% identity in 226-229bp to: <i>Solicoccozyma aerea</i> , <i>Solicoccozyma fuscescens</i> , <i>Solicoccozyma phenolica</i> , <i>Solicoccozyma terrea</i>)	0.3%
S	Cladorrhinum foecundissimum (1 OTU with 100% identity in 218bp to: <i>Cladorrhinum foecundissimum</i>)	0.3%
g	Plectosphaerella (1 OTU with 100% identity in 200bp to: <i>Plectosphaerella cucumerina</i> , <i>Plectosphaerella niemeijerum</i> , <i>Plectosphaerella pauciseptata</i> , <i>Plectosphaerella plurivora</i> , <i>Plectosphaerella populi</i> , <i>Plectosphaerella</i> sp.)	0.3%
S	Sporothrix sp. T7508-1-3 (1 OTU with 98% identity in 231bp to: <i>Sporothrix</i> sp. T7508-1-3)	0.3%
S	Schizothecium glutinans (2 OTUs with 95% identity in 234bp to: <i>Schizothecium glutinans</i>)	0.3%
g	Volutella (1 OTU with 98% identity in 229bp to: <i>Volutella ciliata</i> , <i>Volutella rosea</i>)	0.2%
g	Cladosporium (1 OTU with 100% identity in 217bp to: 4 unclassified <i>Cladosporium</i> strains, <i>Cladosporium anthropophilum</i> , <i>Cladosporium cladosporioides</i> , <i>Cladosporium delicatulum</i> , <i>Cladosporium oxysporum</i> , <i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> , <i>Cladosporium tenuissimum</i>)	0.2%
S	Chalara sp. TMS-2011 (1 OTU with 95% identity in 223bp to: <i>Chalara</i> sp. TMS-2011)	0.2%
S	Echria gigantospora (1 OTU with 91% identity in 200bp to: <i>Echria gigantospora</i>)	0.2%

O	Agaricales (1 OTU with 100% identity in 309bp to: <i>Coprinopsis gonophylla</i> , <i>Coprinus</i> sp. r072)	0.2%
S	Apodus decidiuus (2 OTUs with 99% identity in 212bp to: <i>Apodus decidiuus</i>)	0.2%
S	Lipomyces starkeyi (1 OTU with 99% identity in 161bp to: <i>Lipomyces starkeyi</i>)	0.2%
S	Entrophospora sp. JJ61 (2 OTUs with 76% identity in 330bp to: <i>Entrophospora</i> sp. JJ61)	0.2%
S	Humicola homopilata (1 OTU with 100% identity in 231bp to: <i>Humicola homopilata</i>)	0.2%
f	Nectriaceae (3 OTUs with 100% identity in 196-215bp to: <i>Cylindrocarpon</i> sp. IBL 03149, <i>Dactylonectria pauciseptata</i> , <i>Dialonectria ullevolea</i> , <i>Fusarium merismoides</i> , <i>Fusicolla ossicola</i> , <i>Nectria</i> sp. (in, <i>Neonectria lugdunensis</i> , <i>Neonectria shennongjiana</i> , <i>Neonectria</i> sp., <i>Thelonectria lucida</i>)	0.2%
g	Schizothecium (1 OTU with 94% identity in 222bp to: <i>Schizothecium inaequale</i> , <i>Schizothecium</i> sp.)	0.2%
S	Neocucurbitaria juglandicola (1 OTU with 100% identity in 202bp to: <i>Neocucurbitaria juglandicola</i>)	0.2%
S	Collophorina africana (1 OTU with 74% identity in 257bp to: <i>Collophorina africana</i>)	0.2%
S	Thaumatomonas zhukovi (1 OTU with 99% identity in 314bp to: <i>Thaumatomonas zhukovi</i>)	0.2%
k	Eukaryota (2 OTUs with 100% identity in 213-216bp to: 3 unclassified <i>Davidiella</i> strains, 6 unclassified <i>Cladosporium</i> strains, <i>Cladophialophora minourae</i> , <i>Cladosporium aerium</i> , <i>Cladosporium alcinum</i> , <i>Cladosporium allii</i> , <i>Cladosporium angustiterbarum</i> , <i>Cladosporium antarcticum</i> , <i>Cladosporium cf. herbarum</i> , <i>Cladosporium cladosporioides</i> , <i>Cladosporium cucumerinum</i> , <i>Cladosporium floccosum</i> , <i>Cladosporium herbarum</i> , <i>Cladosporium macrocarpum</i> , <i>Cladosporium ossifragi</i> , <i>Cladosporium parasubtilissimum</i> , <i>Cladosporium sinuosum</i> , <i>Cladosporium subinflatum</i> , <i>Cladosporium variabile</i> , <i>Cladosporium wyomingense</i> , <i>Neobulgaria koningiana</i> , <i>Piromyces</i> sp., <i>Psychrophila antarctica</i> , <i>Yuchengia narymica</i> , aff. <i>Cladosporium</i> sp.)	0.2%
S	Mortierella sp. (1 OTU with 100% identity in 206bp to: <i>Mortierella</i> sp.)	0.2%
S	Helicoubisia coronata (2 OTUs with 87-88% identity in 209bp to: <i>Helicoubisia coronata</i>)	0.2%
g	Lipomyces (1 OTU with 99% identity in 279bp to: <i>Lipomyces starkeyi</i> , <i>Lipomyces tetrasporus</i>)	0.2%
S	Humicola fuscoatra (1 OTU with 99% identity in 230bp to: <i>Humicola fuscoatra</i>)	0.2%
S	Remispora quadri-remis (1 OTU with 84% identity in 257bp to: <i>Remispora quadri-remis</i>)	0.2%
S	Humicola sp. (1 OTU with 98% identity in 228bp to: <i>Humicola</i> sp.)	0.2%
S	Leptodontidium sp. aurim655 (1 OTU with 100% identity in 247bp to: <i>Leptodontidium</i> sp. aurim655)	0.2%
S	Podospora sp. (1 OTU with 98% identity in 217bp to: <i>Podospora</i> sp.)	0.2%
g	Penicillium (2 OTUs with 99-100% identity in 236-238bp to: 8 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium cremeogriseum</i> , <i>Penicillium lagenae</i> , <i>Penicillium oregonense</i> , <i>Penicillium parviverrucosum</i> , <i>Penicillium simplicissimum</i>)	0.2%
O	Diaporthales (1 OTU with 100% identity in 232bp to: 2 unclassified <i>Phomopsis</i> strains, <i>Diaporthe columnaris</i>)	0.2%
S	Mortierella sp. S-24 (1 OTU with 99% identity in 202bp to: <i>Mortierella</i> sp. S-24)	0.2%
S	Lyomyces crustosus (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Lyomyces crustosus</i>)	0.2%
S	Peziza varia (1 OTU with 100% identity in 253bp to: <i>Peziza varia</i>)	0.2%
S	Trichoderma tomentosum (1 OTU with 100% identity in 263bp to: <i>Trichoderma tomentosum</i>)	0.1%
S	Serendipita herbamans (1 OTU with 95% identity in 243bp to: <i>Serendipita herbamans</i>)	0.1%
f	Hyaloscyphaceae (1 OTU with 79% identity in 268bp to: <i>Microscypha</i> sp., <i>Pezizella chrysostigma</i>)	0.1%
C	Leotiomyces (1 OTU with 94% identity in 230bp to: <i>Claussenomyces kirschsteinianus</i> , <i>Cryptosporiopsis</i> sp., <i>Phialocephala virens</i>)	0.1%
S	Kraurogymnocarpa trochleospora (1 OTU with 72% identity in 296bp to: <i>Kraurogymnocarpa trochleospora</i>)	0.1%
S	Humicola cuyabenoensis (1 OTU with 98% identity in 193bp to: <i>Humicola cuyabenoensis</i>)	0.1%
S	Ramophialophora humicola (1 OTU with 93% identity in 195bp to: <i>Ramophialophora humicola</i>)	0.1%
S	Cenococcum sp. (1 OTU with 89% identity in 223bp to: <i>Cenococcum</i> sp.)	0.1%
S	Atractospora reticulata (1 OTU with 88% identity in 193bp to: <i>Atractospora reticulata</i>)	0.1%
S	Glutinomyces vulgaris (2 OTUs with 94% identity in 231bp to: <i>Glutinomyces vulgaris</i>)	0.1%
S	Gliomastix murorum (1 OTU with 100% identity in 237bp to: <i>Gliomastix murorum</i>)	0.1%
S	Russula praetervisa (1 OTU with 100% identity in 276bp to: <i>Russula praetervisa</i>)	0.1%

S	Cladophialophora sp. L359 (1 OTU with 100% identity in 232bp to: Cladophialophora sp. L359)	0.1%
S	Penicillium arenicola (1 OTU with 95% identity in 244bp to: Penicillium arenicola)	0.1%
S	Clonostachys rossmaniae (1 OTU with 99% identity in 219bp to: Clonostachys rossmaniae)	0.1%
S	Peziza moseri (1 OTU with 99% identity in 261bp to: Peziza moseri)	0.1%
	Other (37 OTUs with 2.6%)	2.6%
	Unclassified (3 417 reads)	
	Filtered (0 reads)	

Anche in questa seconda fase, l'analisi di microbiome profiling è stata condotta utilizzando una pipeline avanzata che include la rimozione di sequenze chimeriche, il clustering in OTU tramite Minimum Entropy Decomposition e l'assegnazione tassonomica basata su confronti con database di riferimento. La qualità dei dati è molto elevata: oltre il 99% delle sequenze è stato mantenuto dopo i filtraggi, e circa il 75% è stato assegnato a OTU e a taxa noti.

Nel primo gruppo, composto dai campioni ODA, ODB e ODC, si osservano alcune differenze significative. ODA presenta una composizione microbica dominata da funghi del genere *Mortierella* (8,8%) e da membri della famiglia *Chaetomiaceae* (6,6%), con una forte presenza di *Ascomycota* (8,9%). È interessante notare la rilevanza di gruppi come *Agaricales* (5,1%) e *Furcaterigmium* (4,7%), che indicano una componente ambientale e saprofito. ODB mostra una predominanza di *Ascomycota* (22,9%) e una presenza molto marcata di *Inosperma cookei* (20,7%), un fungo basidiomicete, insieme a *Pseudeurotium* (11,9%) e *Mortierella* (6,7%). Questo profilo suggerisce una comunità microbica ricca e diversificata, con una forte componente fungina. ODC, invece, ha un numero di sequenze molto basso (solo 3), e non presenta assegnazioni significative a OTU o taxa, il che potrebbe indicare un problema tecnico o una bassa quantità di DNA estratto a causa della presenza di sostanze interferenti con il protocollo d'estrazione usato.

Nel secondo gruppo, che include i campioni LA, LB, LC e LD, la composizione è più omogenea e dominata da generi fungini noti per la loro rilevanza agronomica. In tutti e quattro i campioni si osserva una forte presenza di *Fusarium*, con percentuali che variano dal 7% al 13%, e di *Plectosphaerellaceae*, che raggiunge il 14,6% in LC. *Cladosporium* è anch'esso ben rappresentato, con valori fino al 9,2% in LD. *Alternaria alternata* è presente in tutti i campioni, con percentuali tra il 2% e il 6,9%, indicando una possibile esposizione a funghi fitopatogeni. *Mortierella*, *Trichoderma*, *Chaetomium* e *Aspergillus* compaiono in tutti i campioni con percentuali variabili, suggerendo una comunità microbica mista, composta sia da organismi potenzialmente benefici che da patogeni ai fini della coltivazione del tartufo.

Nel complesso, il gruppo ODA–ODB mostra una maggiore diversità e una composizione più eterogenea, con una forte presenza di funghi ambientali e saprofiti, mentre il gruppo LA–LD è caratterizzato da una comunità più tipicamente associata a suoli agricoli o substrati vegetali, con una prevalenza di generi noti per il loro impatto sulla salute delle piante.

In sintesi, i campioni del gruppo ODA–ODB sembrano più promettenti per un impianto tartuficolo, in quanto mostrano una maggiore biodiversità fungina, una minore presenza di patogeni agricoli e una composizione più compatibile con suoli forestali. Al contrario, i campioni LA–LD, pur mostrando

una buona attività microbica, potrebbero richiedere ulteriori interventi correttivi di miglioramento del suolo, soprattutto allo scopo di ridurre la competizione microbica patogena.

Da rilevare però è la totale assenza di micelio di *Tuber aestivum* in tutti i campioni esaminati. Questa assenza potrebbe essere attribuibile a un'errata modalità di campionamento, come prelievi effettuati a distanza eccessiva dalle piante micorrizzate o a una profondità insufficiente. Purtroppo, la mancanza di personale qualificato, dovuta a cause di forza maggiore, ha contribuito a questa situazione.

Trasferimento del micelio ospite-ospite

Un altro aspetto della ricerca ha riguardato il monitoraggio del possibile passaggio del micelio da piante inoculate in vivaio con *Tuber aestivum* e piante ospiti presenti all'interno dei siti di impianto.

Allo scopo sono state prelevati apici radicali da entrambe i gruppi di piante, sottoposte ad un primo screening morfologico e i campioni selezionati sono stati poi sottoposti ad analisi molecolare al fine di determinare sia la presenza di *Tuber aestivum* nelle micorrize che l'identità specifica dell'ospite.

Gli apici raccolti si sono mostrati di qualità scadente, dove la presenza di micorrize morte raggiungeva anche il 100%. I motivi possono essere diversi: dallo stress delle piante ad un campionamento errato, anche in questo caso dovuto all'impossibilità di operare da parte di un tecnico esperto, alla cattiva conservazione dei campioni. Alcuni di questi, come quelli mostrati in figura 5, sono stati comunque processati.



Figura 5: a sinistra ectomicorriza di *Cistus incanus*.; a destra ectomicorriza di *Carya illinoensis*.

Il DNA estratto sottoposto poi amplificazione PCR con i primers specifici per la pianta ospite tramite primers barcode disegnati sulla regione plastidiale trnC–trnD, nella verifica elettroforetica ha dimostrato come effettivamente si trattasse di *Cistus incanus* e *Carya illinoensis*, vale a dire le piante attese (Figura 6).

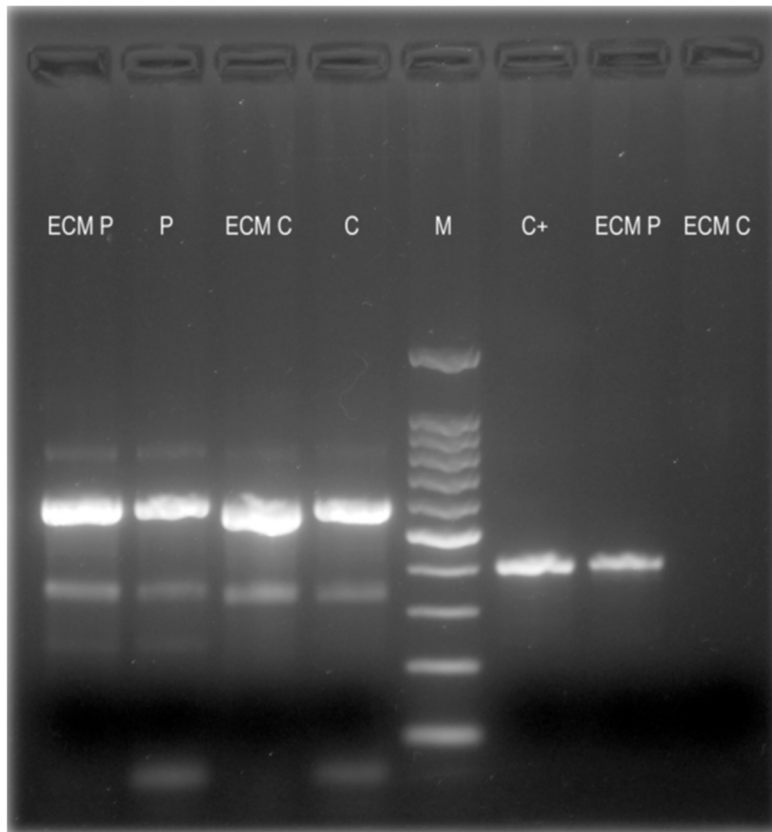


Figura 6: a sinistra rispetto al ladder marker (M), verifica dell'ospite vegetale con primers barcode per la regione trnL plastidiale; a destra verifica della presenza di *Tuber aestivum* nelle micorrize con primers specie specifici della regione ITS. C+ = Controllo positivo (DNA da ascoma di *Tuber aestivum*).

L'analisi mediante primers specie-specifici UncI/UncII (regione ITS) ha confermato la presenza di *Tuber aestivum* nelle micorrize di pecan, dimostrando l'avvenuta colonizzazione radicale da parte del tartufo. La negatività degli apici micorrizati di cisto è invece probabilmente attribuibile alla scarsità e alla qualità subottimale dei campioni disponibili, come precedentemente descritto. Tuttavia, considerando che l'inoculo di tartufo è stato introdotto tramite l'impianto di cisti micorrizati, il

risultato evidenzia comunque una colonizzazione riuscita sulle piante di pecan preesistenti nell'area sperimentale prima dell'intervento forestale.

Caratterizzazione del tartufo autoctono siciliano

Un obiettivo cardine del progetto era identificare marcatori molecolari per la caratterizzazione geografica dei tartufi estivi siciliani, al fine di distinguerli da quelli di altre provenienze.

A questo proposito si è proceduto all'analisi del DNA per mezzo di metodologie PCR ed RFLP su campioni di provenienza da tartufaie naturali di tre diversi siti dell'isola.

In primo luogo, l'estrazione di DNA genomico totale ha mostrato come il protocollo adottato abbia dato successo e ciò è mostrato nelle Figure 7 e 8. Gli unici campioni che hanno mostrato scarse rese d'estrazione sono il campione S5 proveniente dai Monti Sicani ed i campioni i2 e i5 provenienti dai Monti Iblei.

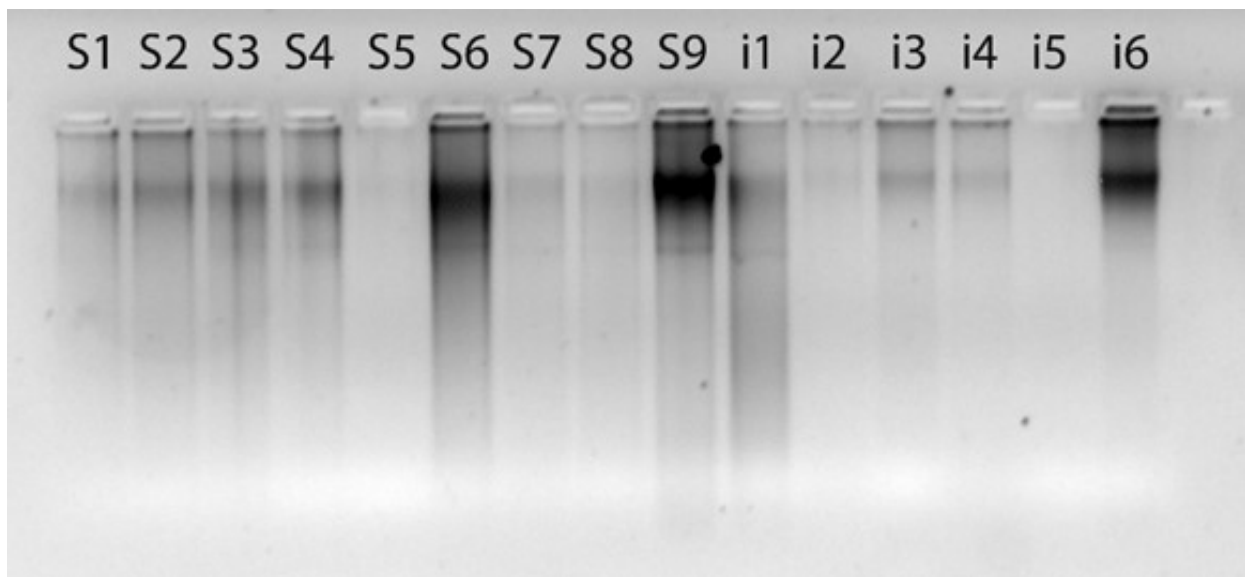


Figura 7: Estrazione DNA tot genomico *Tuber aestivum* Sicilia. S= Monti Sicani; i = Monti Iblei

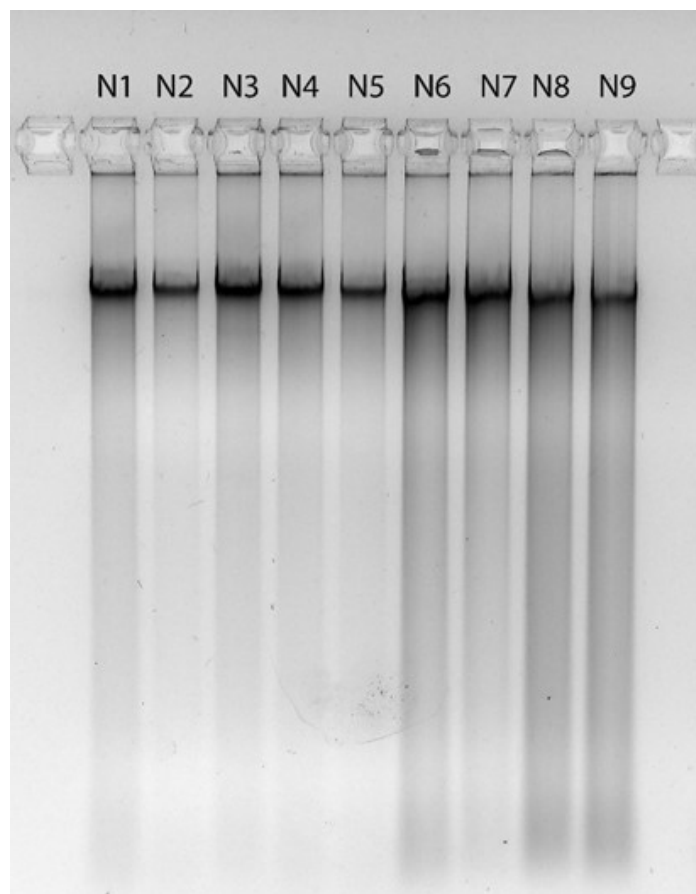


Figura 8: Estrazione DNA tot genomico *Tuber aestivum* Sicilia Monti Nebrodi.

Nella fase successiva, l'appartenenza dei campioni alla specie target è stata verificata mediante primers specie-specifici per *Tuber aestivum*. Questo tartufo, appartenente al clade Aestivum, costituisce infatti un complesso di specie in cui l'analisi basata esclusivamente su caratteri morfologici (macro- e microscopici) può risultare inficiata dalla presenza di caratteri sovrapponibili con sister species dello stesso lineage.

I risultati sono illustrati nelle successive due Figure 9 e 10.

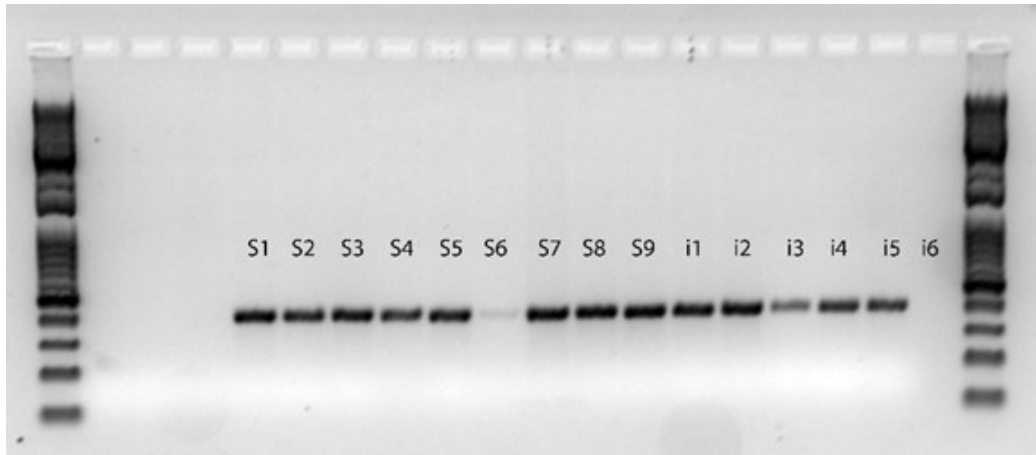


Figura 9: Amplificazione PCR primers specie specifici UncI/II *Tuber aestivum* Sicilia. S= Monti Sicani; i = Monti Iblei

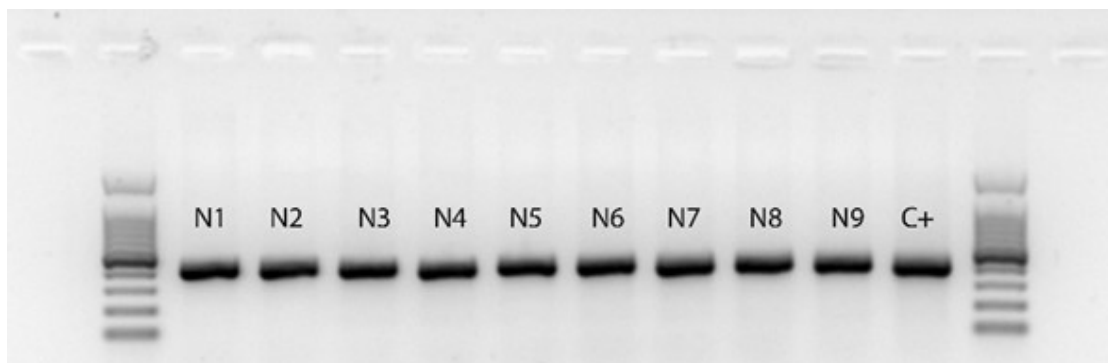


Figura 10: Amplificazione PCR primers specie specifici UncI/II *Tuber aestivum* Sicilia Monti Nebrodi.

Come è possibile notare dalle immagini, infatti, il campione i6 è risultato essere un campione non appartenente alla specie *Tuber aestivum*.

Sulla base di lavori pubblicati allo scopo di individuare popolazioni differenti nell'ambito della specie *T. aestivum* ed in particolare quelli svolti e pubblicati da Molinier et al. (2013), si è proceduto all'analisi di un marcatore mitocondriale del DNA ribosomiale della subunità maggiore (mtLSU) con la coppia di primers ML3 e ML4. I prodotti di amplificazione con questi primers sono stati sottoposti

successivamente ad analisi di restrizione, utilizzando in un primo test l'enzima endonucleasi AluI, allo scopo di produrre una mappa di frammenti in grado di smascherare eventuali polimorfismi (Figura 11).

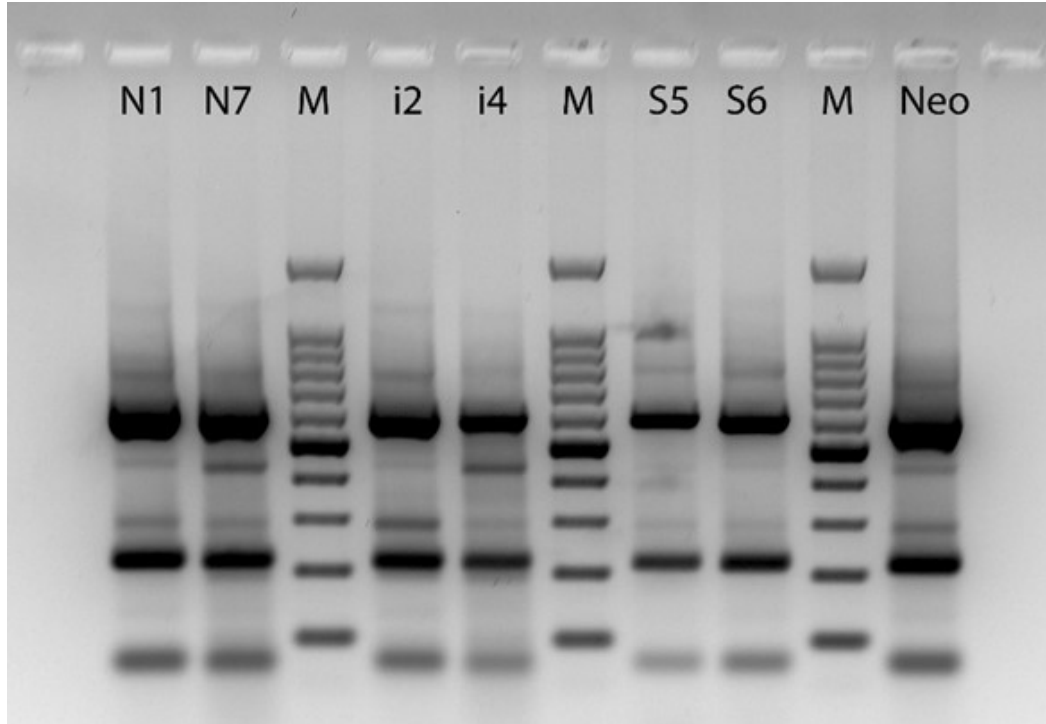


Figura 11: RFLP (Random Fragment Length Polymorphism) AluI - PCR ML3/4 *sensu* Molinier et al. 2013.

Per tutti i campioni analizzati, di tutti i siti di provenienza, in questo test non stati evidenziati delle differenze significative, rispetto anche al controllo positivo MBT 10001890.

Analogamente un'ulteriore verifica è stata fatta sempre su un altro marcatore, il gene MCM7, riconosciuto per la sua utilità negli studi filogenetici all'interno di gruppi fungini come Ascomycota e Basidiomycota, amplificando la regione per PCR con la coppia di primers Mcm7- e Mcm7-1348rev secondo Schmitt et al., (2009) (Figura 12).

Anche in questo caso si è proceduto con un'analisi di restrizione utilizzando la coppia di enzimi di restrizione AluI e HinfI. Il prodotto di PCR è stato sottoposto ad una digestione a 37 °C per tre ore (Figura 13).

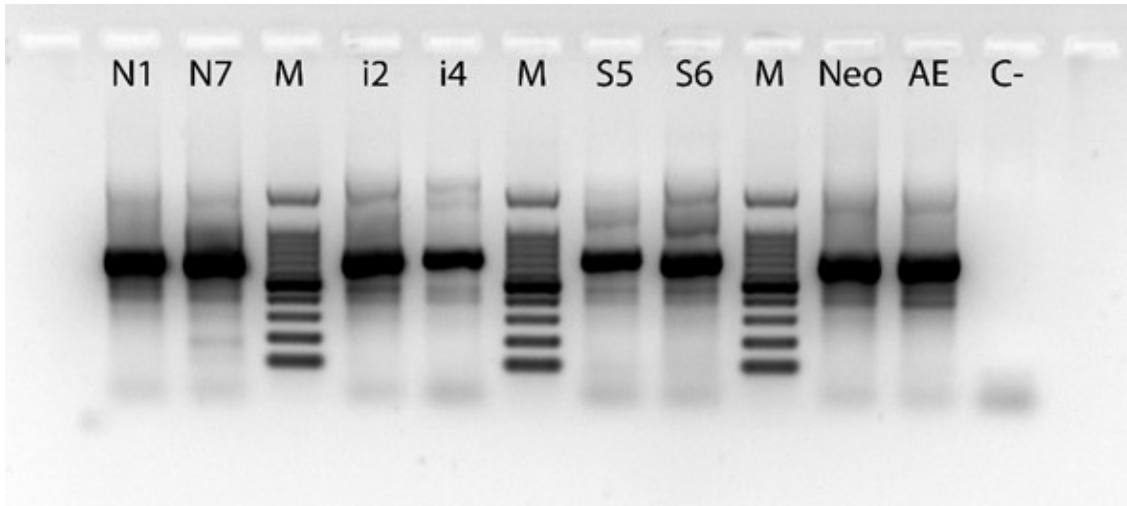


Figura 12: Amplificazione per PCR del gene MCM7; Primers Mcm7-709for/-1348rev.

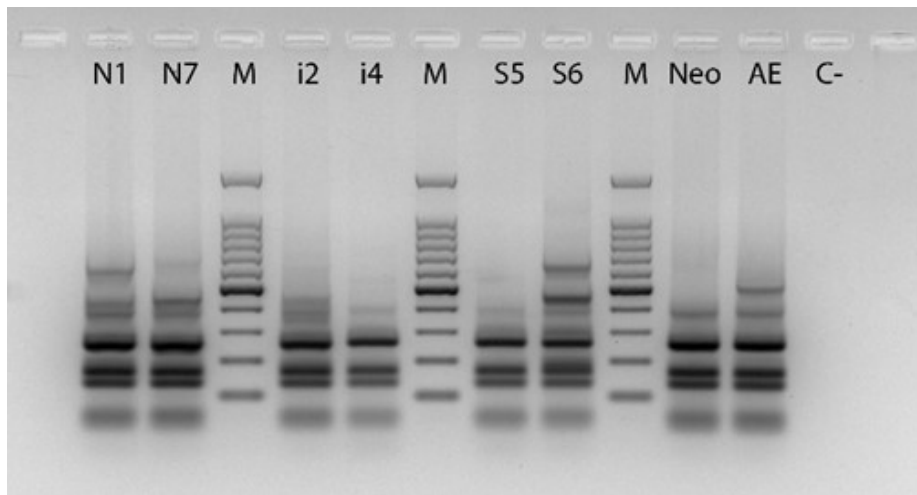


Figura 13: Analisi RFLP AluI/HinfI PCR Mcm7-709for/-1348rev *sensu* Eberhardt (Schmitt et al. 2009).

Anche in questo caso, il pattern associato alla mappa di restrizione prodotta (Figura 13) non ha indicato un marcatore adatto allo scopo della ricerca.

L'ultimo marcatore testato è stato il dominio variabile V6 della subunità minore mitocondriale (SSU) rRNA secondo Gonzalez & Labarère (1998). La conseguente analisi RFLP sempre con la coppia di nucleasi Alul/Hinfl anche in quest'ultimo tentativo non ha fornito il risultato sperato (Figura 14).

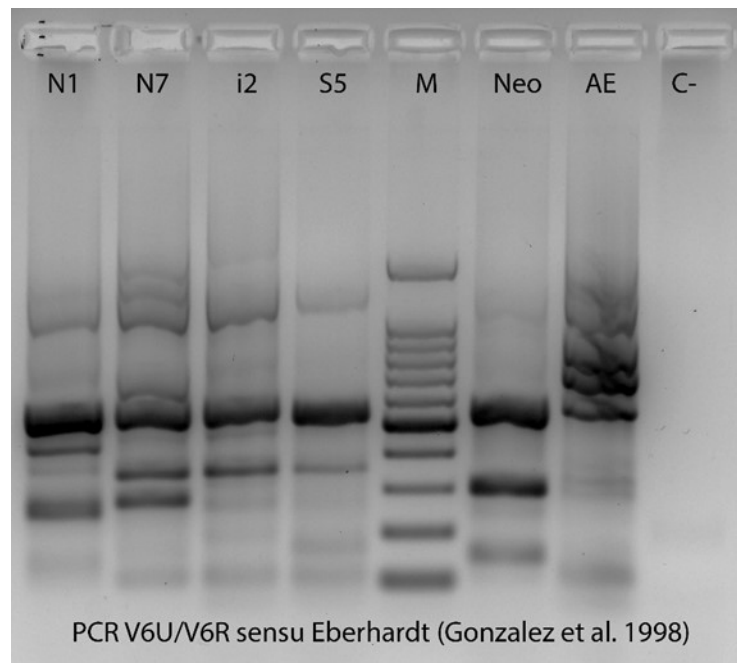


Figura 14: Analisi RFLP Alul/Hinfl PCR V6U/V6R *sensu* Eberhardt (Gonzalez et al. 1998).

Nel corso degli anni, numerosi tentativi di caratterizzare geneticamente i tartufi del genere *Tuber*, e in particolare quelli appartenenti alla specie *Tuber aestivum* (Paolocci et al., 1995; Mello et al., 2002; Molinier et al., 2016a), si sono rivelati inconcludenti, soprattutto quando l'obiettivo era distinguere popolazioni locali cresciute in aree geografiche ristrette. Le ragioni di questi insuccessi sono complesse e affondano le radici tanto nella biologia della specie quanto nelle limitazioni tecniche delle metodologie molecolari finora impiegate.

Tuber aestivum è una specie estremamente variabile dal punto di vista genetico, con una struttura di popolazione che non mostra confini netti né isolamento riproduttivo tra gruppi regionali. Questa elevata plasticità genetica, unita alla capacità di adattarsi a contesti ecologici molto diversi, rende difficile individuare marcatori molecolari che siano realmente discriminanti tra popolazioni locali. Inoltre, la dispersione delle spore e il flusso genico tra aree anche distanti contribuiscono a una continua mescolanza genetica, che ostacola la definizione di identità molecolari stabili.

A complicare ulteriormente il quadro vi è la natura simbiotica del tartufo, che vive in associazione con le radici di piante ospiti e in ambienti ricchi di microrganismi. Questo contesto biologico rende

difficile ottenere DNA puro e rappresentativo del fungo, e spesso i dati molecolari risultano contaminati o poco affidabili (Benucci & Bonito, 2016). Anche le tecniche di sequenziamento più avanzate (Molinier et al., 2016b; Murat et al., 2018; Riccioni et al., 2019), pur offrendo una maggiore risoluzione, non sono ancora riuscite a superare del tutto queste barriere, soprattutto quando si cerca di applicarle su scala locale.

Tuttavia, la possibilità di caratterizzare geneticamente le popolazioni locali di *Tuber aestivum* non è solo una questione scientifica: essa ha implicazioni dirette e profonde sul piano economico e commerciale. La definizione di profili genetici distintivi potrebbe infatti costituire la base per l'attribuzione di marchi di qualità, denominazioni di origine protetta (DOP) o indicazioni geografiche tipiche (IGT), strumenti fondamentali per valorizzare il prodotto locale e tutelarne da imitazioni. In un mercato sempre più attento alla tracciabilità e all'autenticità, la possibilità di associare un tartufo a una specifica area geografica attraverso evidenze molecolari rappresenterebbe un vantaggio competitivo significativo, capace di rafforzare la filiera, sostenere le economie rurali e promuovere il patrimonio agroalimentare del territorio.

In questo contesto, le conclusioni del lavoro di revisione su questa tematica di Creydt e Fischer (2024) offrono qualche spunto importante. Gli autori evidenziano come, nonostante i progressi tecnologici, la determinazione dell'origine geografica dei tartufi rimanga una delle sfide più complesse e ancora non pienamente risolta. Le difficoltà nel reperire campioni autentici e sufficientemente rappresentativi, unite alla riluttanza dei raccoglitori nel rivelare i luoghi di raccolta, limitano la costruzione di banche dati affidabili. Inoltre, anche quando si riesce a distinguere tra specie diverse con elevata accuratezza, la discriminazione tra provenienze geografiche richiede approcci multidimensionali, che integrino genomica, isotopolomica, metabolomica e analisi microbiologiche. Purtroppo, l'assenza di una banca dati molecolare georeferenziata e la scarsità di studi condotti con rigore su scala locale hanno finora impedito di raggiungere questo obiettivo. Inoltre, la controversia tassonomica con *T. uncinatum* — talora considerato una specie distinta, talora un ecotipo adattato a climi più freschi — ha portato a una sovrapposizione di dati e interpretazioni (Paolocci et al., 2004; Mello et al., 2002; Molinier et al., 2013; Molinier et al., 2016a).

In definitiva, la caratterizzazione molecolare delle popolazioni locali di *Tuber aestivum* richiede un cambio di paradigma: non più approcci generalisti e frammentari, ma strategie integrate e multidisciplinari, capaci di coniugare genomica, ecologia, morfologia e geografia. Solo così sarà possibile superare le attuali difficoltà e trasformare la conoscenza scientifica in uno strumento concreto di valorizzazione territoriale e commerciale.

Bibliografia

Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3), 403-410.

Benucci, G. M. N., & Bonito, G. M. (2016). The truffle microbiome: species and geography effects on bacteria associated with fruiting bodies of hypogeous Pezizales. *Microbial Ecology*, 72(1), 4–8.

Calvo, R., Prestifilippo, M., & Venturella, G. (2022). Truffle gathering and trade in the Monti Sicani Regional Park (Sicily, Italy), a new perspective for the local economy and for employment in economically depressed areas. *Plant Biosystems-An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology*, 156(1), 171-179.

Creydt, M., & Fischer, M. (2024). Food profiling: progress in ensuring the authenticity of truffle species and their geographical origin. *Current Opinion in Food Science*, 57, 101171.

Demesure, B., Sodzi, N., & Petit, R. J. (1995). A set of universal primers for amplification of polymorphic non-coding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants. *Molecular ecology*, 4(1).

Gardes, M., & Bruns, T. D. (1993). ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular ecology*, 2(2), 113-118.

Gonzalez, P., & Labarère, J. (1998). Sequence and secondary structure of the mitochondrial small-subunit rRNA V4, V6, and V9 domains reveal highly species-specific variations within the genus *Agrocybe*. *Applied and Environmental Microbiology*, 64(11), 4149-4160.

Henkrar, F., Meyad, C., Oikrim, M., Bouhaddou, N., & Khabar, L. (2023). Updating ecology and distribution of wild truffles in Morocco. *Forests*, 14(5), 952.

Jamali, S. (2017). First report of identification and molecular characterization of *Tuber aestivum* in Iran. *Agroforestry Systems*, 91(2), 335-343.

- Leonardi, M., Iotti, M., Mello, A., Vizzini, A., Paz-Conde, A., Trappe, J., & Pacioni, G. (2021). Typification of the four most investigated and valuable truffles: *Tuber aestivum* Vittad., *T. borchii* Vittad., *T. magnatum* Picco and *T. melanosporum* Vittad. *Cryptogamie, Mycologie*, 42(9), 149-170.
- Le Tacon, F. (2016). Influence of climate on natural distribution of *Tuber* species and truffle production. *True Truffle (Tuber spp.) in the World: Soil Ecology, Systematics and Biochemistry*, 153-167.
- Mello, A., Cantisani, A., Vizzini, A., & Bonfante, P. (2002). Genetic variability of *Tuber uncinatum* and its relatedness to other black truffles. *Environmental Microbiology*, 4(10), 584-594.
- Molinier, V., Van Tuinen, D., Chevalier, G., Gollotte, A., Wipf, D., & Redecker, D. (2013). A multigene phylogeny demonstrates that *Tuber aestivum* and *Tuber uncinatum* are conspecific. *Organisms Diversity & Evolution*, 13(4), 503-512.
- Molinier, V., Peter, M., Stobbe, U., & Egli, S. (2016a). The Burgundy truffle (*Tuber aestivum* syn. *uncinatum*): A truffle species with a wide habitat range over Europe. In *True truffle (tuber spp.) in the world: Soil ecology, systematics and biochemistry* (pp. 33-47). Cham: Springer International Publishing.
- Molinier, V., Murat, C., Peter, M., Gollotte, A., De la Varga, H., Meier, B., ... & Wipf, D. (2016b). SSR-based identification of genetic groups within European populations of *Tuber aestivum* Vittad. *Mycorrhiza*, 26(2), 99-110.
- Murat, C., Payen, T., Noel, B., Kuo, A., Morin, E., Chen, J., ... & Martin, F. M. (2018). Pezizomycetes genomes reveal the molecular basis of ectomycorrhizal truffle lifestyle. *Nature ecology & evolution*, 2(12), 1956-1965.
- Paolocci, F., Angelini, P., Cristofari, E., Granetti, B., & Arcioni, S. (1995). Identification of *Tuber* spp and corresponding ectomycorrhizae through molecular markers. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 69(4), 511-517.
- Paolocci, F., Rubini, A., Riccioni, C., Topini, F., & Arcioni, S. (2004). *Tuber aestivum* and *Tuber uncinatum*: two morphotypes or two species? *FEMS Microbiology Letters*, 235(1), 109-115.

- Riccioni, C., Rubini, A., Türkoğlu, A., Belfiori, B., & Paolocci, F. (2019). Ribosomal DNA polymorphisms reveal genetic structure and a phylogeographic pattern in the Burgundy truffle *Tuber aestivum* Vittad. *Mycologia*, *111*(1), 26-39.
- Robin, C., Goutal-Pousse, N., & Le Tacon, F. (2016). Soil characteristics for *Tuber aestivum* (Syn. *T. uncinatum*). In *True truffle (tuber spp.) in the world: Soil ecology, systematics and biochemistry* (pp. 211-231). Cham: Springer International Publishing.
- Santos-Silva, C., & Brígido, C. (2024). First Record of Summer Truffle (*Tuber aestivum*) in Portugal. *Microbiology Research*, *15*(3), 1494-1504.
- Schmitt, I., Crespo, A., Divakar, P. K., Fankhauser, J. D., Herman-Sackett, E., Kalb, K., ... & Lumbsch, H. (2009). New primers for promising single-copy genes in fungal phylogenetics and systematics. *Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, *23*(1), 35-40.
- Shamekh, S., Grebenc, T., Leisola, M., & Turunen, O. (2014). The cultivation of oak seedlings inoculated with *Tuber aestivum* Vittad. in the boreal region of Finland. *Mycological progress*, *13*(2), 373-380.
- Steidinger, B. S., Büntgen, U., Stobbe, U., Tegel, W., Sproll, L., Haeni, M., ... & Peter, M. (2022). The fall of the summer truffle: Recurring hot, dry summers result in declining fruitbody production of *Tuber aestivum* in Central Europe. *Global Change Biology*, *28*(24), 7376-7390.
- Wedén, C., Chevalier, G., & Danell, E. (2004). *Tuber aestivum* (syn. *T. uncinatum*) biotopes and their history on Gotland, Sweden. *Mycological Research*, *108*(3), 304-310.
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S. J. W. T., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*, *18*(1), 315-322.

Rapporto di prova n°: **24LA08936**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno agricolo PSR-S1-2**
Provenienza: (#) **Suolo siciliano Motta Camastra (ME)**
Produttore: (#) **Orlando Daniele****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **19/07/2024**
Data arrivo campione: **05/11/2024**
Data inizio analisi: **05/11/2024** Data fine analisi: **06/12/2024**
Data RdP: **06/12/2024**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)		
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	308
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	530
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	162
ANALISI CHIMICO-FISICA		
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	54,1
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	6,5
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	5,5
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	6,5

segue Rapporto di prova n°: **24LA08936**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,189
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	35,2
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	24,4
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	5,4
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	930
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,4
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	92,7
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	4,0
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	37,6
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	9,39
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	16
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	7,4
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	0,4
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	10,0
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	8884

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **24LA08936**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.5123 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **24LA08937**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno agricolo PSR-S1-3**
Provenienza: (#) **Suolo siciliano Francavilla di Sicilia (ME)**
Produttore: (#) **Leonardi****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **18/07/2024**
Data arrivo campione: **05/11/2024**
Data inizio analisi: **05/11/2024** Data fine analisi: **06/12/2024**
Data RdP: **06/12/2024**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)		
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	213
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	599
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	188
ANALISI CHIMICO-FISICA		
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	51,8
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,4
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	6,5
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	8,8

segue Rapporto di prova n°: **24LA08937**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,278
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	37,4
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	22,1
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	10,9
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	800
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,9
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	96,0
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	5,3
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	50,8
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	9,66
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	16
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	3,3
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	0,8
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	14,0
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	9627

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **24LA08937**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.5359 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **24LA08938**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno agricolo PSR-S1-4**
Provenienza: (#) **Suolo siciliano Francavilla di Sicilia (ME)**
Produttore: (#) **Leonardi****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **08/10/2024**
Data arrivo campione: **05/11/2024**
Data inizio analisi: **05/11/2024** Data fine analisi: **06/12/2024**
Data RdP: **06/12/2024**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)		
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	679
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	193
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	128
ANALISI CHIMICO-FISICA		
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	1,5
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	8,0
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,1
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	1,9

segue Rapporto di prova n°: **24LA08938**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,251
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	34,6
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	19,4
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	9,0
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	824
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	1,7
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	93,4
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	2,8
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	11,2
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	4,00
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	32
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	3,5
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	0,7
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	31,9
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	19150

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **24LA08938**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.4995 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04450**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - ODA**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Orlando Daniele****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **13/06/2025**
Data RdP: **18/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)			Argilloso-Sabbioso
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	596	
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	336	
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	68	
ANALISI CHIMICO-FISICA			
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1	
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	8,1	
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,4	nd
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	3,0	

segue Rapporto di prova n°: **25LA04450**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,232	
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	25,2	Alta
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	22,0	
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	1,6	
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	156	
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,1	
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	95,8	
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	2,8	
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	17,4	
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	6,15	
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	5	
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	13,7	
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	4,0	
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	38	Poco calcareo
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5	
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	25,7	
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	19597	

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04450**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2707 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04451**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - ODB**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Orlando Daniele****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **13/06/2025**
Data RdP: **18/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)			Argilloso-Sabbioso
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	159	
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	759	
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	82	
ANALISI CHIMICO-FISICA			
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1	
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,6	
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,1	nd
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	4,2	

segue Rapporto di prova n°: **25LA04451**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,361	
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	24,9	Alta
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	20,3	
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	1,5	
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	208	
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,1	
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	90,1	
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	2,3	
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	24,4	
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	10,4	
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	7	
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	13,6	
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	2,8	
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10	Non calcareo
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5	
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	29,8	
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	22268	

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04451**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2374 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04452**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - ODC**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Orlando Daniele****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **13/06/2025**
Data RdP: **18/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)			Argilloso-Sabbioso
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	159	
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	771	
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	70	
ANALISI CHIMICO-FISICA			
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1	
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	8,0	
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	6,7	nd
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	4,4	

segue Rapporto di prova n°: **25LA04452**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,363	
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	19,4	Media
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	16,6	
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	1,4	
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	242	
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,1	
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	96,4	
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	3,1	
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	25,5	
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	8,16	
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	6	
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	11,7	
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	2,3	
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10	Non calcareo
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	6	
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	43,1	
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	29734	

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04452**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2066 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04453**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - LA**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Leonardi****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **13/06/2025**
Data RdP: **18/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)			Argilloso-Sabbioso
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	53	
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	825	
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	122	
ANALISI CHIMICO-FISICA			
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1	
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,8	
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	6,8	nd
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	4,3	

segue Rapporto di prova n°: **25LA04453**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,329	
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	22,6	Alta
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	12,1	
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	6,6	
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	421	
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,7	
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	90,2	
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	3,2	
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	25,1	
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	7,72	
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	54	
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	1,8	
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	6,1	
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10	Non calcareo
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5	
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	44,7	
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	23704	

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04453**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2449 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04454**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - LB**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Leonardi****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **13/06/2025**
Data RdP: **18/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)			
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	743	
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	257	
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	< 1	
ANALISI CHIMICO-FISICA			
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1	
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,8	
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,1	nd
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	1,9	

segue Rapporto di prova n°: **25LA04454**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,307	
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	23,2	Alta
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	13,2	
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	6,8	
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	376	
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,5	
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	92,8	
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	3,0	
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	10,9	
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	3,68	
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	58	
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	1,9	
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	7,1	
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10	Non calcareo
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	< 5	
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	43,6	
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	22717	

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04454**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2634 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04455**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - LC**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Leonardi****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **13/06/2025**
Data RdP: **18/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)			
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	619	
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	381	
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	< 1	
ANALISI CHIMICO-FISICA			
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1	
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	7,9	
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	6,9	nd
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	3,3	

segue Rapporto di prova n°: **25LA04455**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato	Classificazione
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,33	
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	20,4	Alta
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	11,8	
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	6,2	
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	468	
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,4	
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	96,3	
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	3,5	
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	19,3	
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	5,49	
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	44	
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	1,9	
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	5,2	
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	< 10	Non calcareo
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	7	
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	48,0	
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	26423	

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04455**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2051 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.

Rapporto di prova n°: **25LA04456**Spettabile :
Università di L'Aquila
Via Vetoio, 40
67100 L'Aquila (AQ)**Dati del campione**Identificazione campione: (#) **Terreno ad uso agricolo - LD**
Provenienza: (#) **Sicilia**
Produttore: (#) **Leonardi****Dati di campionamento**Data prelievo: (#) **20/05/2025**
Data arrivo campione: **26/05/2025**
Data inizio analisi: **26/05/2025** Data fine analisi: **18/06/2025**
Data RdP: **25/06/2025**
Prelevatore: (#) **Committente**

Il campionamento è stato effettuato da Committente pertanto la Ecopoint srl declina ogni responsabilità sulla modalità di campionamento adottata e sulle informazioni fornite in fase di accettazione. Le prove sono eseguite sul campione così come ricevuto.

Risultati prove

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
Granulometria per setacciatura ad umido e sedimentazione (Tessitura)		
(*) Sabbia (2,0-0,05 mm) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	443
(*) Limo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	357
(*) Argilla <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.5</i>	g/kg	200
ANALISI CHIMICO-FISICA		
(*) Scheletro <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo II.1 + II.3</i>	%	< 1
(*) Grado di reazione (pH) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	8,1
(*) Grado di reazione (pH) in KCl <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo III.1</i>	unità pH	6,9
(*) Sostanza organica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	%	3,4

segue Rapporto di prova n°: **25LA04456**

Prova <i>Metodo</i>	U.M.	Risultato
(*) Conducibilità elettrica (su estratto acquoso 2:1) <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo IV.1</i>	dS/m	0,205
(*) Capacità di scambio cationico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2</i>	meq/100g	19,5
(*) Calcio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	11,1
(*) Magnesio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	6,1
(*) Potassio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	mg/kg	376
(*) Sodio scambiabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	meq/100g	0,5
(*) Saturazione basica <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.2 + XIII.5</i>	%	95,8
(*) Azoto totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIV.2 + XIV.3</i>	g/kg	3,1
(*) Carbonio organico <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo VII.3</i>	g/kg	19,5
(*) Rapporto C/N <i>Calcolo</i>	-	6,23
(*) Fosforo assimilabile <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XV.3</i>	mg/kg	38
(*) Rapporto Ca/Mg <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	1,8
(*) Rapporto Mg/K <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo XIII.5</i>	-	6,4
(*) Calcare totale <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.1</i>	g/kg	179
(*) Calcio carbonato attivo <i>D.M. 13/09/1999 SO GU n° 248 21/10/1999 Metodo V.2</i>	g/kg	66
Rame <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	48,9
Ferro <i>UNI EN 13656:2021 + UNI EN ISO 11885:2009</i>	mg/kg su s.s.	25907

Legenda:

U.M. (unità di misura);

segue Rapporto di prova n°: **25LA04456**

Note tecniche:

Note tecniche UNI EN 13656:2021:

- Tipologia di pretrattamento del campione:
- Metodo di separazione: Filtrazione
- Metodo di digestione: Microonde
- Pesata campione: 0.2118 g
- Volume mineralizzato: 50 ml
- Pretrattamento: Essiccazione e frantumazione meccanica

Note:

(*) = I metodi/prove così contrassegnati, non sono accreditati da Accredia

(#) = Dati forniti da cliente/terzi.

- I risultati contenuti nel presente Rapporto di Prova si riferiscono esclusivamente al campione sottoposto ad analisi.
- Qualora la modalità di campionamento non risulti accreditata (*), l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95% e utilizzando un fattore di copertura $k=2$. In caso contrario, con modalità di campionamento accreditata, l'incertezza estesa è calcolata con livello di fiducia al 95%, utilizzando un fattore di copertura $K=2$, includendo sia l'attività di campionamento sia quella di prova.
- Nella dichiarazione di Conformità, il Laboratorio adotta come regola decisionale il confronto diretto del risultato con il limite applicato senza tenere conto dell'incertezza di misura.
- Nel caso di metodi che prevedono fasi di preparazione del campione (come estrazione, mineralizzazione, preconcentrazione o purificazione), ove non espressamente indicato, il recupero è da intendersi compreso all'interno dei limiti di accettabilità specifici previsti dal metodo di prova o dalla normativa vigente. Ove non espressamente indicato, il recupero non è stato utilizzato nei calcoli.
- Le sommatorie di più composti, ove non espressamente indicato, sono state calcolate con il criterio lower bound; il limite di quantificazione della somma si riferisce al composto meno sensibile.

Il Responsabile di Laboratorio

Dott. Stefano Gallina
Ordine dei Chimici Lazio Umbria Abruzzo Molise
Iscrizione n° 3517

Il Direttore Tecnico

Ing. Edmondo Metildi
Ordine degli Ingegneri della provincia dell'Aquila
Sezione A - n° 2739

Il presente rapporto di prova non può essere riprodotto parzialmente salvo l'approvazione scritta del Laboratorio. Il rapporto di prova originale viene fornito digitalmente e firmato con sistema di firma digitale certificata dal responsabile autorizzato (.p7m). Eventuali copie stampate del suddetto documento digitale non hanno validità legale. La data di RdP sopra riportata rappresenta la data di redazione del presente rapporto di prova. La data di emissione del rapporto di prova corrisponde con la data di apposizione della firma digitale.